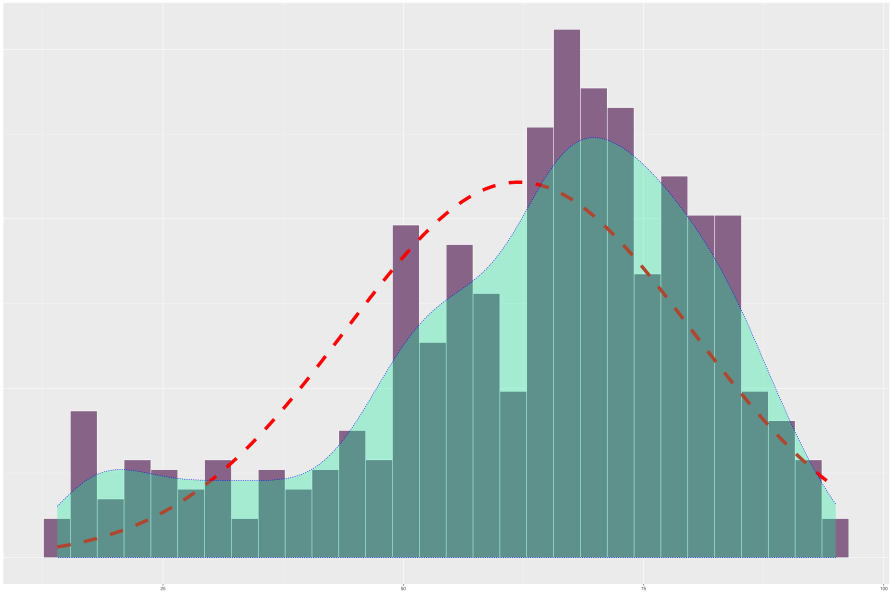
Hochschule Niederrhein
University of Applied Sciences

Gesundheitswesen
Faculty of Health Care

# Statistik mit `R` und `RStudio`



## Ein Nachschlagewerk für Gesundheitsberufe


*zusammengestellt von*

Jörg große Schlarmann



Version vom 02. Jan 2025

Das Nachschlagewerk wird - im Sinne eines *rolling releases* - ständig aktualisiert und erweitert.
Daher hat es keine ISBN- oder DOI-Nummer.
Eine aktuelle PDF-Version dieses Buches finden Sie unter: https://www.produnis.de/R/rbuch.pdf
Eine aktuelle epub-Version dieses Buches finden Sie unter: https://www.produnis.de/R/rbuch.epub
Dieses Buch steht zudem als Webseite bereit unter: https://www.produnis.de/R/
Kritik und Diskussion sind per Mastodon möglich: https://mastodon.social/@rbuch

Zitationsvorschlag:

große Schlarmann, J (2025): „*Statistik mit R und RStudio - Ein Nachschlagewerk für Gesundheitsberufe*“, Hochschule Niederrhein, Krefeld, https://www.produnis.de/R/

```
@book{grSchlR,
  author = {{große Schlarmann}, Jörg},
  title = {Statistik mit R und RStudio - Ein Nachschlagewerk für
Gesundheitsberufe},
  publisher = {Hochschule Niederrhein},
  address = {Krefeld},
  url = {https://www.produnis.de/R},
  copyright = {CC BY-NC-SA 4.0},
  language = {de},
  year = {2025},
}
```

# Inhaltsverzeichnis

## Markdown

# Tidyverse

## data.table



## Hilfsmittel

# Statistik mit R

## Was willst du machen?

# Übungsaufgaben

# 1 Einleitung

Willkommen zu diesem Nachschlagewerk.

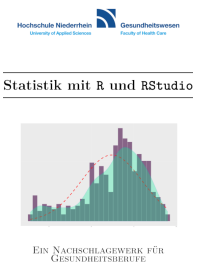
Dieses Buch widmet sich an Studierende und Beschäftigte im Gesundheitswesen und soll als Nachschlagewerk für statistische Fragestellungen bezüglich der freien Software R dienen. Es ist **nicht** dafür geeignet, Einsteigern Statistik zu erklären (hierfür ist das Buch von Grabinger (Grabinger, 2024) sehr gut geeignet), sondern es richtet sich an jene, die ihre statistischen Auswertungen mit R fahren möchten. Das heisst, Sie müssen schon wissen was Sie eigentlich tun wollen.

Dieses Buch möchte Ihnen zeigen, wie Sie Ihre Vorhaben in R umsetzen können.

Dieses Buch ist in vier Teile gegliedert:

- Im ersten Teil (ab Seite 3) geben wir eine kurze Einführung in R und RStudio.
- Im zweiten Teil (ab Seite 238) betreiben wir Statistik mit R.
- Der dritte Teil (ab Seite 448) zeigt konkrete Anwedungsbeispiele. Hierbei folgen wir der Ordnung „Was willst du machen?“ und zeigen an „echten“ Fragen, wie wir das erlernte R-KungFu in der Praxis anwenden können.
- Im vierten Teil (ab Seite 517) kann das Erlernte anhand von Übungsaufgaben überprüft werden.

Eine aktuelle PDF-Version dieses Buches finden Sie unter:
https://www.produnis.de/R/rbuch.pdf
Eine aktuelle epub-Version dieses Buches finden Sie unter:
https://www.produnis.de/R/rbuch.epub
Dieses Buch steht zudem als Webseite bereit unter:
https://www.produnis.de/R/
Kritik und Diskussion sind per Mastodon möglich:
https://mastodon.social/@rbuch



# 2 Installation von `R` und `RStudio`

R ist eine quellfreie Software und kann daher weltweit kostenfrei auf vielen Betriebssystemen, z.B. Windows, Apple und Linux, installiert werden. Gehen Sie hierzu auf die Webseite des Projektes unter https://r-project.org und laden sich das passende Installationspaket für Ihr Betriebssystemen herunter und führen Sie die Installation durch.

Für Windows lautet der Link auf das Installationspaket https://cran.r-project.org/bin/windows/base/

Für MacOSX lautet der Link https://cran.r-project.org/bin/macosx/

Bei fast allen Linuxdistributionen liegt `R` im Repository, so dass es z.B. unter Ubuntu mit `apt-get install r-base` installiert werden kann.

Von `RStudio` steht ebenfalls eine quelloffene (sowie eine kommerzielle) Version für diese Systeme zur Verfügung. Gehen Sie auch hier auf die Projektseite https://rstudio.com/products/rstudio/download/ und laden sich die kostenfreie Variante für Ihr Betriebssystemen herunter. Sie können `RStudio` erst installieren, wenn `R` bereits installiert ist.

Falls Sie nicht wissen, wie sich Software auf Ihrem PC installieren lässt, empfehlen wir dieses Youtube-Video:

https://youtu.be/X_Mxya2Fis0

Es zeigt den gesamten Installtionsprozess von `R` und `RStudio` am Beispiel „Windows“ (weitere Youtube-Videos sammeln wir in Abschnitt 31.2).

# 3 Kurze Einführung in R und RStudio

## 3.1 R

R ist eine Programmiersprache für Statistik (R Core Team, 2023). Mit ihr lassen sich statistische Berechnung durchführen und graphisch darstellen. Die klassische R-Software läuft in einem Terminalfenster (Abbildung 1) über welches die Befehle abgesetzt werden.

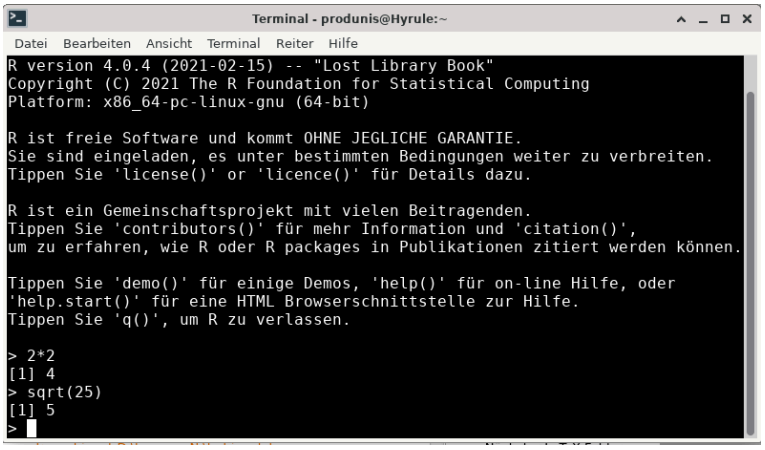



Abbildung 1: R Konsole

Dies kann am Anfang abschreckend wirken, da wir es eher gewöhnt sind, Programme über eine graphische Nutzeroberfläche zu steuern.

Seit 2012 wird dafür RStudio entwickelt, welches eine funktionsreiche Entwicklerumgebung für R bereitstellt. Mittlerweile hat sich RStudio als Open Source Standardanwendung für statistische Analysen durchgesetzt.

Sie werden nicht drum herumkommen, Ihre Befehle weiterhin aufzuschreiben und auszuführen, aber RStudio bietet Ihnen eine sehr hilfreiche und komfortable Arbeitsumgebung, die viele Arbeitsschritte erleichtern wird.

Auch in R hat sich einiges getan, vor allem in den letzten Jahren. Mit der Paketesammlung *Tidyverse* (siehe Abschnitt 25) und dessen strenger Umsetzung der *Tidy Data* sowie kosequenter Nutzung der *Pipe* (siehe Abschnitt 25.2) hat sich ein eigenständiger Dialekt entwickelt, der immer mehr Anhänger findet. Die grundlegenden Schritte der Datenmanipulation und graphischen Darstellung sind im *Tidyverse* viel einfacher als mit klassischen R-Hausmitteln. Die Funktionalität der Pipe wurde mit Version 4.1 ins klassische R übernommen (siehe Abschnitt 12).

In diesem Buch lernen Sie zuerst das „klassische“ R, denn die grundlegenden Konzepte sind immer noch gültig, und auch die Funktionen für statistische Analysen sind immer noch die selben. Die Abschnitte zum Umgang mit Datensätzen sowie zur `plot()`-Funktion sind aber nur rudimentär gehalten, da dies mit den modernen Paketen `dplyr` und `ggplot2` wesentlich einfacher funktioniert.

## 3.2 RStudio

Die Nutzeroberfläche von RStudio besteht aus vier Bereichen (siehe Abbildung 2), die nach ihrer hauptsächlichen Funktion benannte sind. Jeder Bereich bietet aber über seine Reiter weitere Anwendungsmöglichkeiten (die Sie jetzt evtl. noch nicht verstehen).

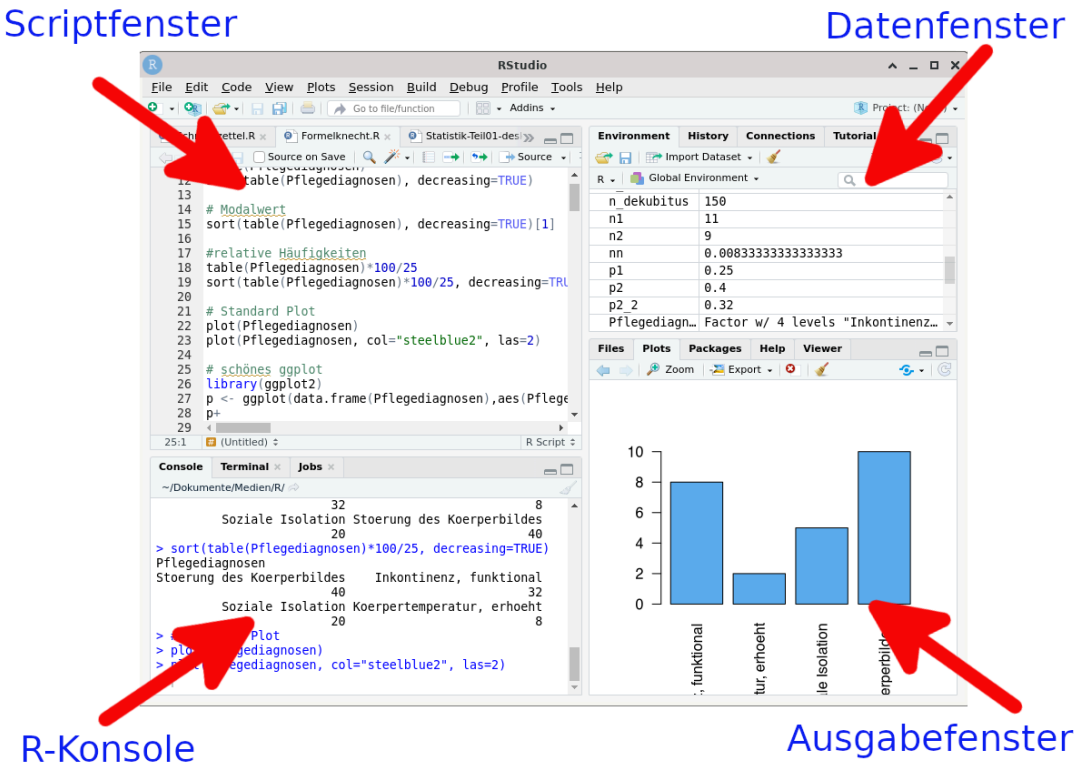



Abbildung 2: RStudio Fenster

Oben links befindet sich das „Scriptfenster“. In diesem Bereich werden Ihre Scriptdateien angezeigt und Sie können sie dort editieren. In den Scriptdateien schreiben Sie Ihre R-Befehle nacheinander auf, je nachdem, welche Auswertungen oder Datentransformationen Sie fahren, oder welche Diagramme Sie plotten möchten (siehe Abschnitt 32). Ihr Code wird dabei von RStudio farblich aufgehübscht, was ihn wesentlich übersichtlicher macht.

Rechts daneben ist das „Datenfenster“. Hier werden alle Variablen und Datenframes angezeigt, die derzeit im Speicher geladen sind. Durch Doppelklick auf einen Datensatz werden die Daten im „Scriptfenster“ angezeigt. Über den Reiter History können Sie alle Befehle, die Sie in der R-Konsole abgesetzt haben, einsehen. Über den Reiter Tutorials haben Sie Zugriff auf zahlreiche Anleitungsangebote zu RStudio.

Unten links befindet sich die R-Konsole. Dieser Bereich entspricht der „normalen“ R-Installation. Hier können Sie von Hand Befehle eingeben, oder aber Befehle aus dem Scriptfenster ausführen lassen. Die Konsole unterscheidet farblich zwischen Eingabe und Ausgabe, was sehr zur Übersicht beiträgt. Der Reiter Terminal öffnet eine Systemkonsole (unter Linux sehr hilfreich), und unter Jobs werden z.B. Installationsprozesse von Zusatzpaketen dargestellt.

Unten rechts ist das „Ausgabefenster“. Hier werden unter anderem Plots und Hilfetexte angezeigt. Das Fenster verfügt zudem über einen Dateibrowser (Reiter Files), von dem aus Sie bequem Dateien oder Datensätze aus Ihrem Arbeitsvereichnis laden können. Über den Reiter Packages können Sie Zusatzpakete aktivieren und deaktivieren.

Für die ersten Schritte in RStudio empfehlen wir folgendes Youtube-Video: https://youtu.be/tyvEHQszZJs

### 3.2.1 RStudio anpassen

RStudio lässt eine Menge an Anpassungen zu, so dass Sie die Software möglichst gut an Ihren Workflow anpassen können. Folgende zwei Einstellungen empfehlen wir nach der Installation vorzunehmen.

- **Arbeitsverzeichnis setzen**: Unter Tools ⇒ Global Options gelangen Sie ins allgemeine Einstellungsmenü. Unter dem Reiter General ⇒ Basic lässt sich das Arbeitsverzeichnis (working directory) festlegen (Abbildung 3). In dieses Verzeichnis legt standardmäßig alle Diagramme, Scripte sowie den aktuellen Workspace (also alle Variablen und Datensätze, die derzeit geladen sind). Es bietet sich an, ein eigenes Verzeichnis für zu erstellen und hier in RStudio auszuwählen.

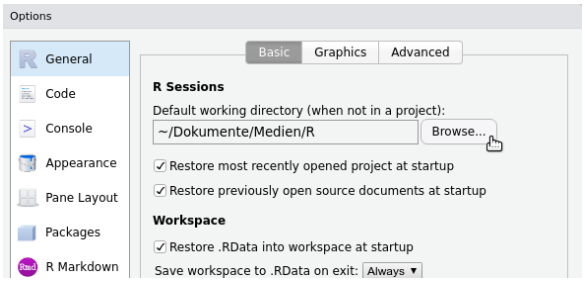



Abbildung 3: Arbeitsverzeichnis

- **Tastaturkürzel**: Unter Tools ⇒ Modify Keayboard Shortcuts öffnet sich das Dialogfenster zum Festlegen der Tastaturkürzel. Hier geben wir im Feld Filter „exec“ ein (Abbildung 4).

  Bei der Aktion Execute Current Line setzen wir das Tastaturkürzel [STRG]+[R] (Abbildung 5). Dies ist ziemlich hilfreich.

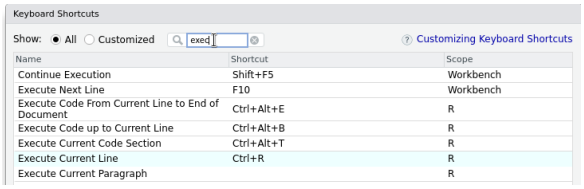



Abbildung 4: Tastaturkürzel

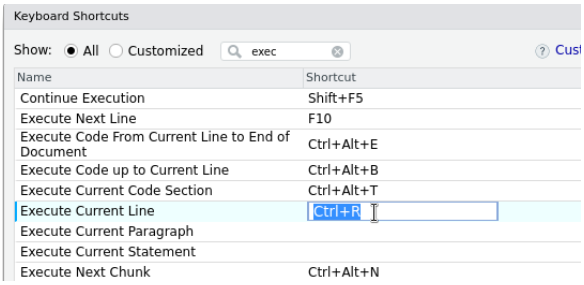



Abbildung 5: Tastaturkürzel

Die Einstellung bewirkt, dass im Scriptfenster die aktuelle Zeile per [STRG]+[R] ausgeführt wird.

An dieser Stelle sei darauf hingewiesen, dass das Aussehen von RStudio angepasst werden kann. Vielleicht möchten Sie auf einen „augenfreundlicheren“ Modus umschalten, in welchem der Hintergrund dunkler ist. Klicken Sie hierfür in der Menüleiste auf Tools ⇒ Global Options klicken. Wählen Sie hier den Bereich Appearance aus (Abbildung 6).

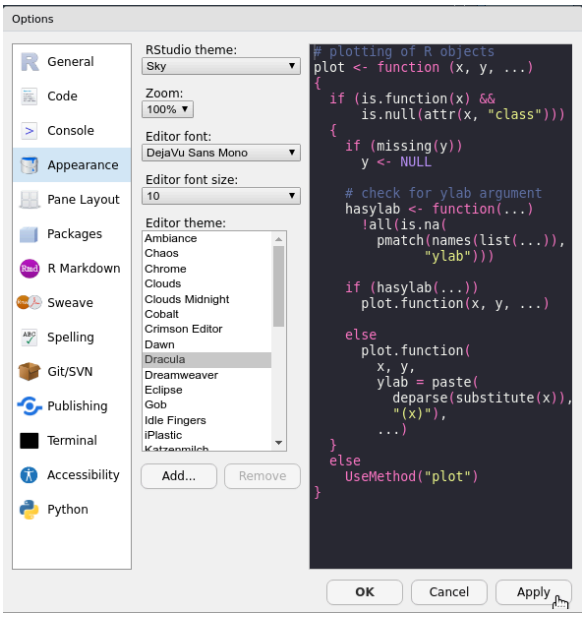



Abbildung 6: Theme wählen

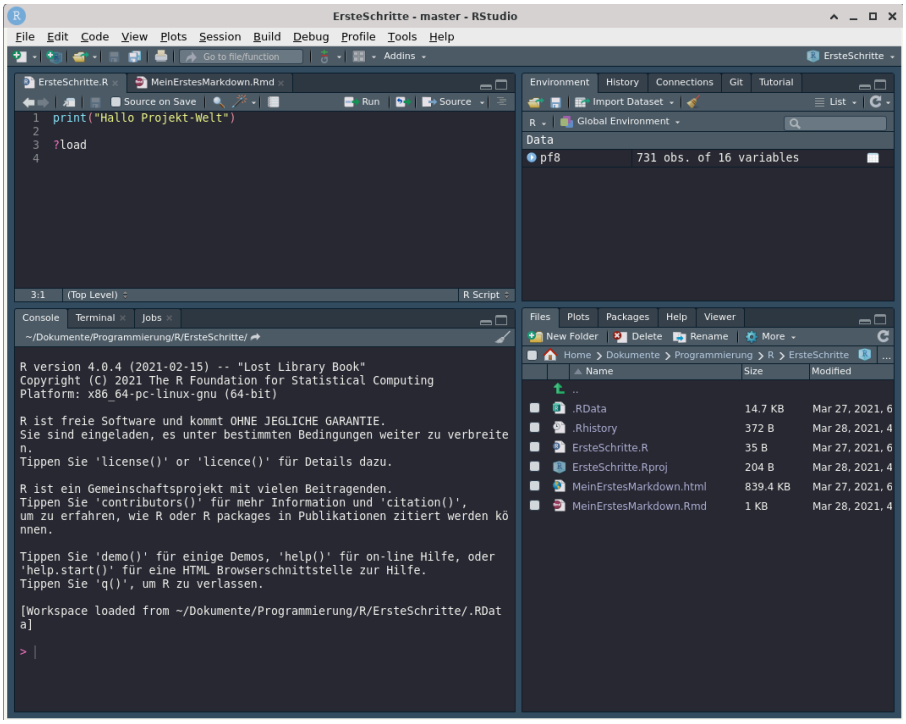



Abbildung 7: Theme Dracula

Es werden Ihnen zahlreiche „Themes“ zur Auswahl gestellt. Probieren Sie alle einmal aus. Als dunkles Theme verwende ich persönlich gerne `Dracula` (Abbildung 7).

### 3.2.2 Eine Sitzung starten

Starten Sie `RStudio`. Es begrüßt Sie die `RStudio` Arbeitsfläche. Das Scriptfenster oben links ist noch geschlossen, so dass der gesamte linke Bereich von der `R`-Konsole eingenommen wird (Abbildung 8).

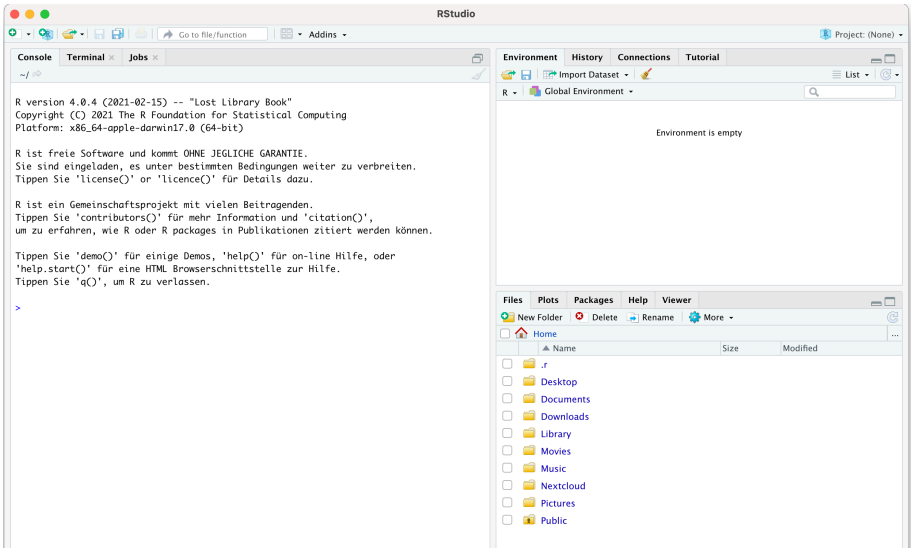



Abbildung 8: Neue Sitzung gestartet

Als erstes legen Sie eine neue Scriptdatei an. Klicken Sie oben links auf das grüne + Zeichen und wählen Sie `R Script` (Abbildung 9).

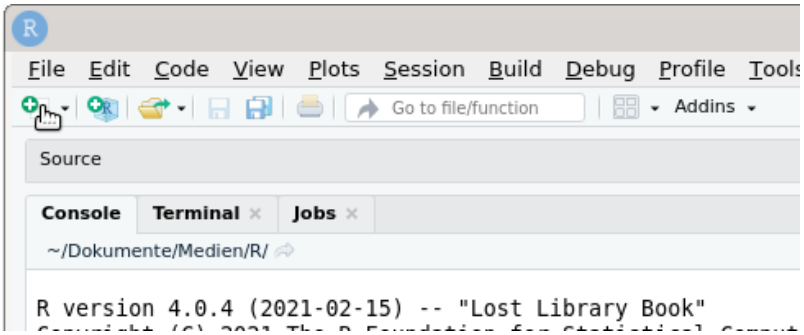



Abbildung 9: neue Scriptdatei anlegen

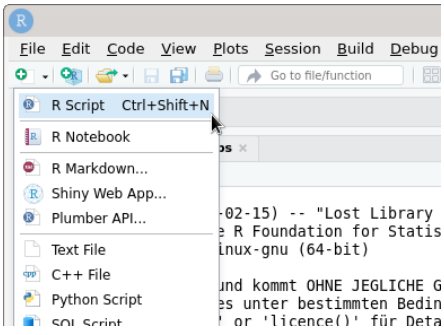



Abbildung 10: Tastenkombination

Wie Abbildung 10 zeigt, können Sie auch die Tastenkombination [STRG] + [SHIFT] + [N] verwenden, um eine neue Scriptdatei zu erzeugen.

In dieser Scriptdatei werden wir alle Befehle hinterlegen. Für gewöhnlich beginnt man bei Programmierübungen mit einem „Hallo Welt“ Beispiel. Schreiben Sie in die Scriptdatei den Befehl:

```
print("Hallo Welt")
```

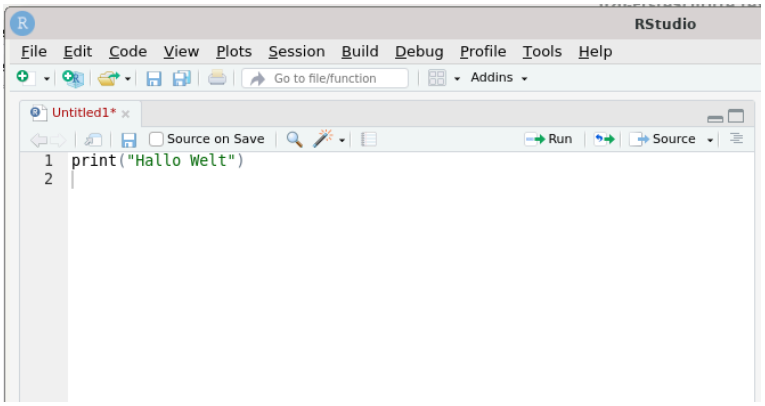



Abbildung 11: Befehl in Scripdatei schreiben

Diesen Befehl wollen wir nun in der R-Konsole ausführen. Das kann auf mehrere Arten geschehen:

- gehen Sie mit dem Cursor in die Zeile des Befehls. Drücken Sie die (vorhin angelegte) Tastenkombination [STRG] + [R].
- oder gehen Sie mit dem Cursor in die Zeile des Befehls und klicken Sie auf den ⇒Run-Knopf (siehe Abbildung 12).
- oder gehen Sie mit dem Cursor in die Zeile des Befehls und drücken Sie die (voreingestellte) Tastenkombination [STRG] + [ENTER].

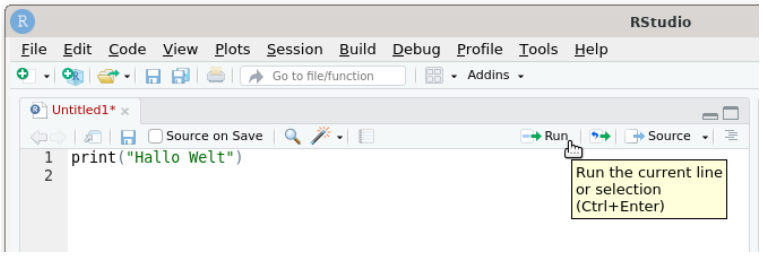



Abbildung 12: run-Knopf

Alle drei Aktionen bewirken, dass der Befehl `print("Hallo Welt")` in der R-Konsole unten links ausgeführt wird (siehe Abbildung 13).

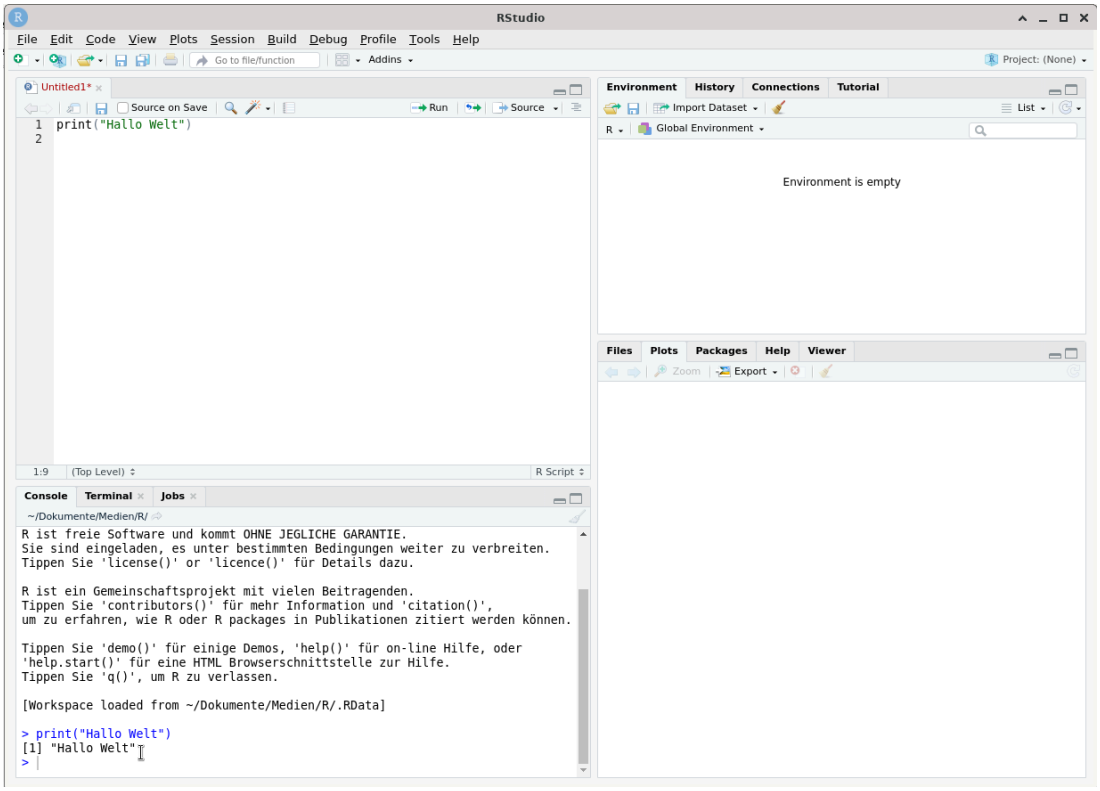



Abbildung 13: Ausgabe in der Konsole unten links

Und R antwortet entsprechend in der Konsole mit

```
[1] "Hallo Welt"
```

Sie können die Befehle auch jederzeit direkt unten in die R-Konsole eingeben und ausführen.

Prinzipiell sollten Sie aber alles in der Scriptdatei aufschreiben und von dort ausführen. So können Sie leicht Ihre Befehle anpassen oder auch komplizierte R-Sprüche nach und nach aufbauen. Manchmal kann es aber auch nützlich sein, ein kurzes `?print` (dazu später mehr) direkt unten in der Konsole einzugeben. Sie werden „den Dreh“ sehr schnell heraus haben.

Wir sollten so häufig wie möglich unsere Scriptdatei abspeichern. Hierzu drücken Sie die Tastenkombination `[STRG]` + `[S]`, oder Sie klicken auf das Diskettensymbol (siehe Abbildung 14).

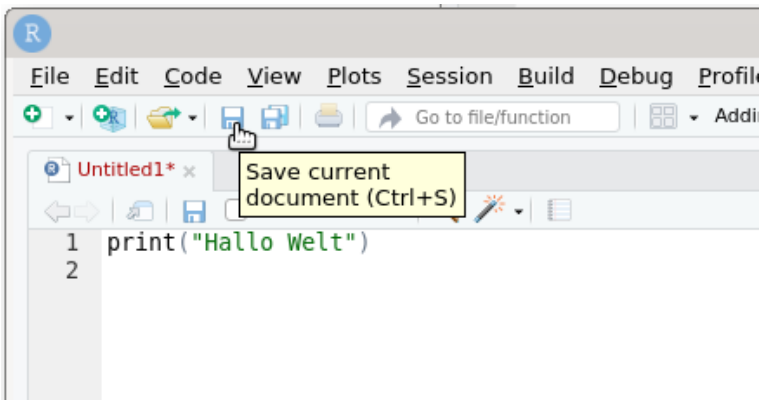



Abbildung 14: Scriptdatei speichern

Derzeit heisst unsere Scriptdatei noch `Untitled1`. Geben Sie Ihrer Scriptdatei einen schönen Dateinamen mit der Dateiendung `.R`, also z.B. `ErsteSchritte.R`

Der neue Dateiname wird nach dem Speichern über dem Script angezeigt (Abbildung 15).

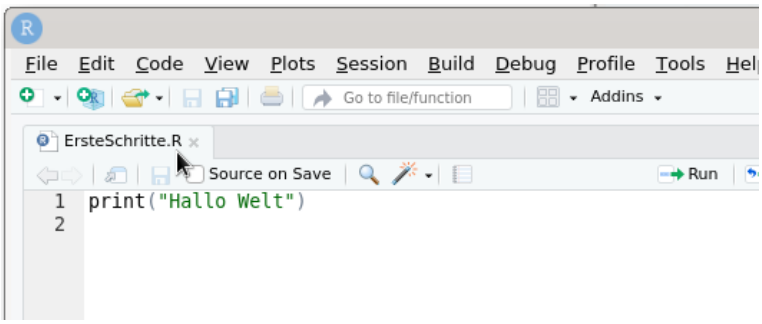



Abbildung 15: neuer Dateiname „`ErsteSchritte.R`“

Mit dem #-Zeichen können Zeilen *auskommentiert* werden. Das bedeutet, dass alles, was hinter einem # steht, von R ignoriert wird (siehe Abbildung 16).

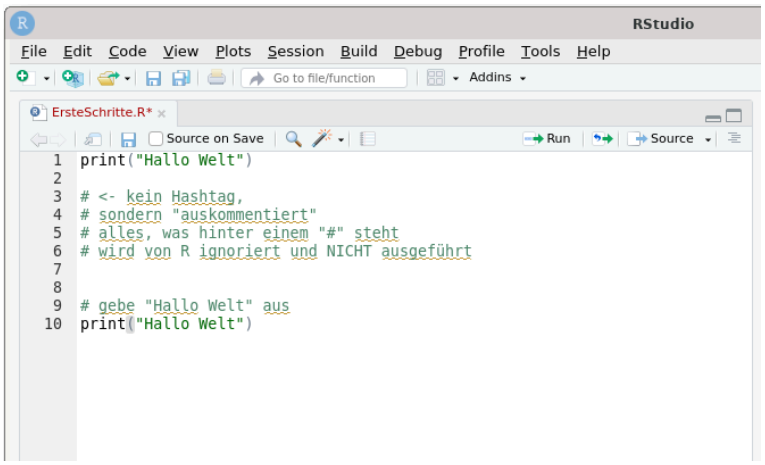



Abbildung 16: Auskommentieren mit #

RStudio hebt auskommentierte Stelle farblich hervor (Abbildung 16), alles Auskommentierte ist hellgrün dargestellt), so dass sie leicht erkannt werden können.

Das Auskommentieren mit # ist hilfreich, um den Code zu *kommentieren*, also zu beschreiben, was die nachfolgenden Zeilen machen sollen. So bleibt Ihr Code verständlich und wird auch für andere nachvollziehbar.

Zum anderen kann es hilfreich sein, einzelne Befehlszeilen mittels # zu „dekativieren“, z.B. wenn man auf Fehlersuche ist.

In Abbildung 16 sehen Sie auch, dass der Dateiname der Scriptdatei ErsteSchritte.R* in rot dargestellt ist und mit einem * endet. Auf diese Weise teilt RStudio Ihnen mit, dass es ungespeicherte Änderungen an der Scriptdatei gibt, die Sie evtl. speichern möchten. Das verwundert nicht, denn wir haben ja gerade jede Menge Kommentare in unser Script geschrieben. Mit der Tastenkombination [STRG] + [S] speichern wir die Scriptdatei. Wie Abbildung 17 zeigt, ist der Dateiname nun nicht mehr rot und hat auch kein * mehr.

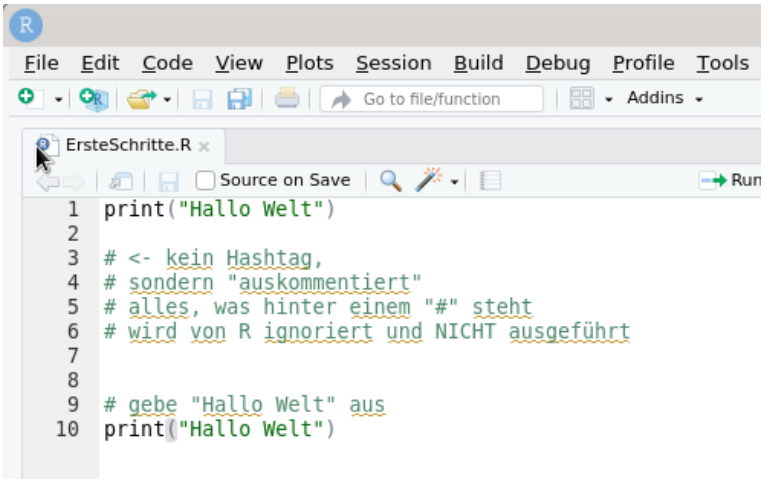



Abbildung 17: alles ist gespeichert

### 3.2.3 Projekte in RStudio

RStudio erlaubt es Ihnen, so genannte „Projekte“ zu erstellen.

Ein neues Projekt startet mit einer leeren R-Konsole und einem (fast) leeren Arbeitsverzeichnis. Sie können wie gewohnt Daten laden, bearbeiten und Ihre Auswertungen fahren. Wenn Sie RStudio schließen, wird Ihr Arbeitsstand im Projektordner gespeichert. Beim nächsten Öffnen steht dann alles wieder so zur Verfügung, wie Sie es verlassen haben.

Es empfiehlt sich sehr, für jedes „Projekt“, das Sie mit R durchführen möchten, ein eigenes RStudio-Projekt zu erstellen. Dies erleichtert die Arbeit ungemein. Da jedes Projekt in seinem eigenen Dateiordner „lebt“, behalten Sie die Übersicht über Daten, Dateien und Diagramme. Sie können zwischen den Projekten wechseln, ohne dass Ihre Arbeitsspeicher durcheinandergeraten, oder Variablen überschrieben werden. Sofern Sie konsequent alle Dateien in den jeweiligen Ordnern gespeichert lassen, können Sie sich lästige Dateipfadangaben sparen, und Sie können den Projektordner einfach mit Kolleginnen und Kollegen teilen (indem Sie ihn kopieren), und in *deren* RStudio wird alles so funktionieren wie bei Ihnen.

Ich persönlich habe in meinem Dokumenteordner einen Unterordner R, in welchem sich alle Projekte befinden. Es ist aber natürlich auch möglich, Ihre einzelnen Projektordner an beliebigen Stellen des Dateisystems zu platzieren. Projektordner können auch „im Nachhinein“ beliebig verschoben werden.

Legen Sie nun ein neues Projekt in RStudio an. Klicken Sie in der Menüleiste auf File ⇒ New Project....

Es öffnet sich ein neus Fenster, in welchem Sie gefragt werden, ob Sie einen neuen Projektordner im Dateisystem anlegen möchten, oder ob Sie einen bestehenden Ordner nutzen möchten. Da Sie (wahrscheilich) noch keine R-Projekte durgeführt haben, klicken Sie auf New Directory (Abbildung 18).

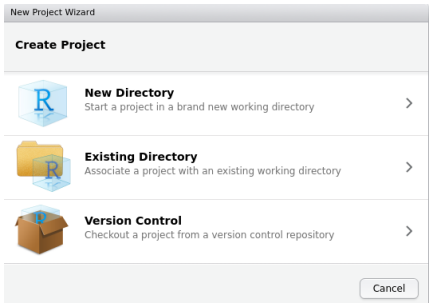



Abbildung 18: Neues Projekt in neuem Verzeichnis

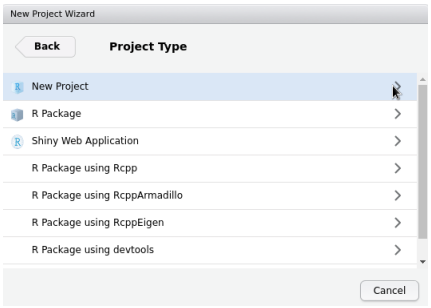



Abbildung 19: Neues Projekt

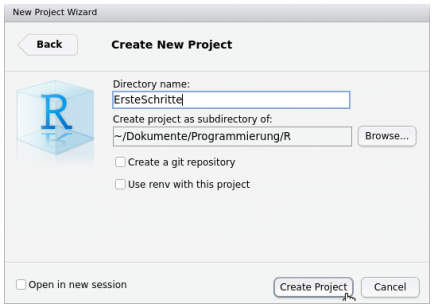



Abbildung 20: Neues Projekt

In RStudio können Sie viel machen, deshalb ist die Auswahlliste des Project Type so lang. Wählen Sie den ersten Eintrag New Project aus. Geben Sie dem Projekt einen Namen. In Abbildung 20 haben ich „ErsteSchritte“ genannt. Darunter wird der Dateipfad angegeben. Ignorieren Sie die weitern Häkchenoptionen und klicken Sie unten auf den Create Project-Knopf.

Es begrüßt Sie ein „frisches“ RStudio-Fenster (Abbildung 21).

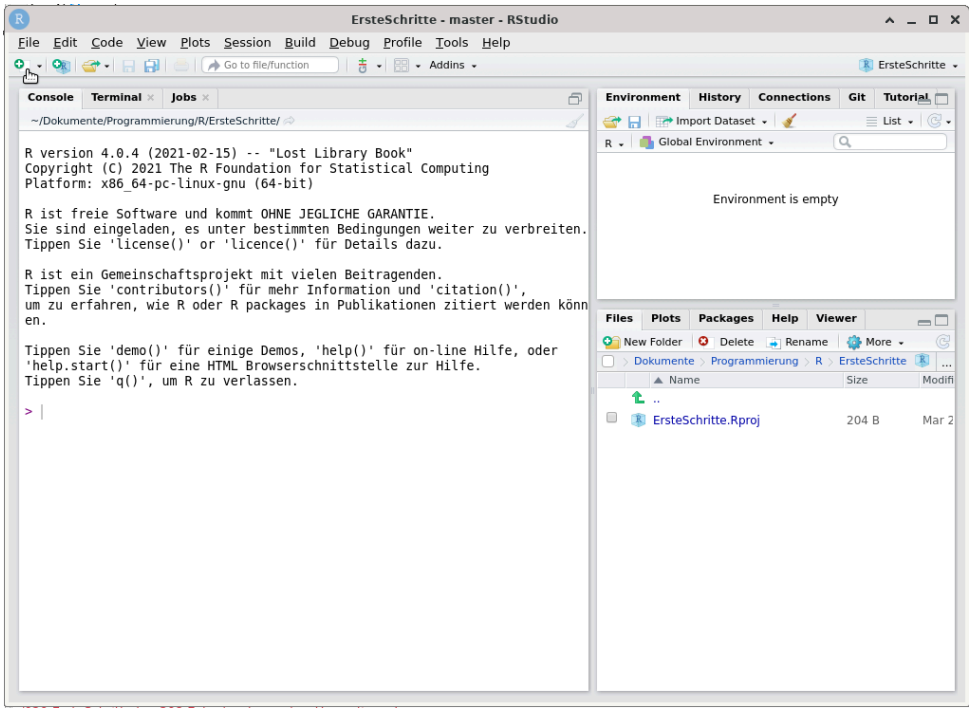



Abbildung 21: Neu erstelltes Projekt

Wiederholen Sie nun die Schritte aus dem „Hallo Welt“-Beispiel. Das heisst, legen Sie eine neue Scriptdatei an, indem Sie auf das grüne + klicken (siehe Mauszeiger in Abbildung 21), und schreiben Sie den Befehl hinein:

```
print("Hallo Projekt-Welt")
```

Führen Sie den Befehl mittel Run-Knopf oder der Tastenkombination [STRG]+[R] aus, und speichern Sie Ihre Scriptdatei anschließend unter dem Namen ErsteSchritte.R ab, indem Sie auf das Diskettensymbol klicken oder [STRG]+[S] drücken.

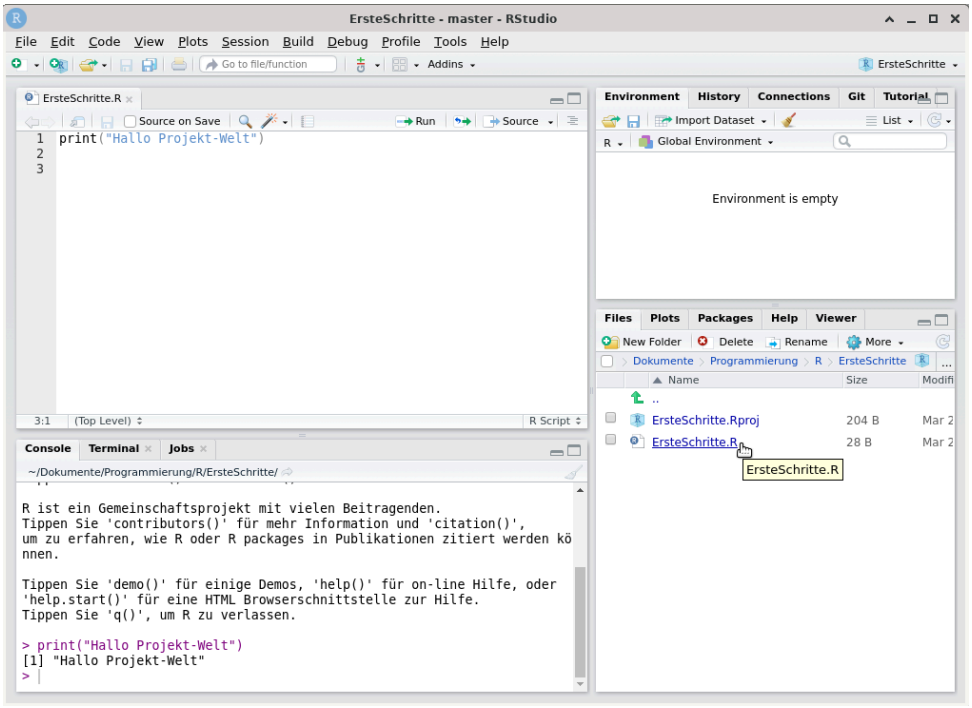



Abbildung 22: Neues Projekt mit Scriptdatei

Wie Sie sehen, wird Ihre Scriptdatei nun im Ausgabefenster angezeigt (Abbildung 22). Daneben sehen Sie die Projektdatei `ErsteSchritte.Rproj`. Wenn Sie aus Ihrem Dateibrowser auf diese Datei klicken, öffnet sich automatisch `RStudio` und es wird der Arbeitsstand des Projektes geladen.

Rechts über dem Datenfenster wird Ihr derzeit aktives Projekt angezeigt (in Abbildung 23) `ErsteSchritte`).

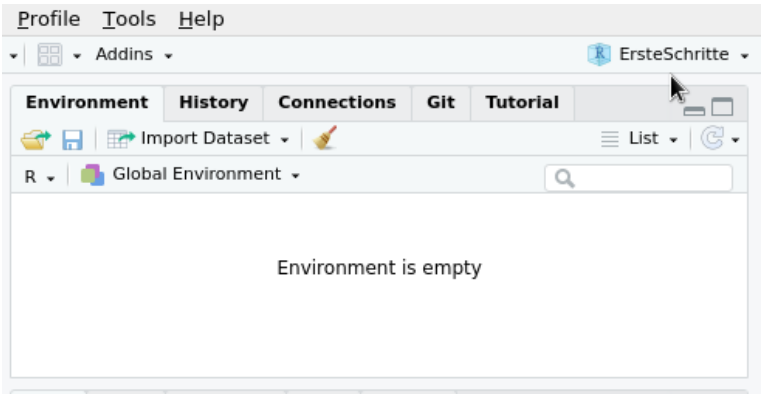



Abbildung 23: Projekte verwalten

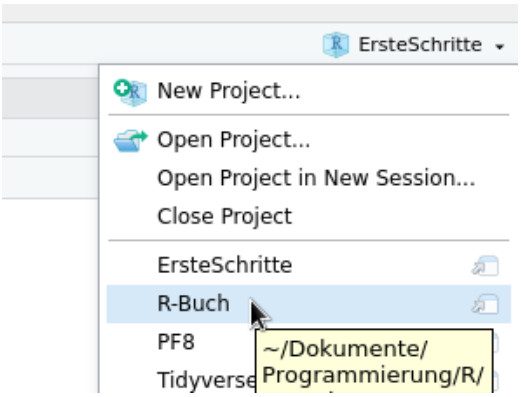



Abbildung 24: letzte Projekte

Wenn Sie hier klicken, können Sie neue Projekte anlegen, und ihre zuletzt geöffneten Projekte werden Ihnen angezeigt. So können Sie bequem zwischen Ihren Projekten wechseln (Abbildung 24).

# 4 Grundlegende Befehle in R

Zu jedem R-Befehl lässt sich eine Hilfeseite anzeigen. Diese gibt grundlegende Informationen über Funktionsweisen des Befehls sowie die zugelassenen Befehlsoptionen. Die meisten Hilfeseiten enden mit ein paar Beispielen. Die Hilfeseiten erreicht man mit dem Befehl `help()` oder kurz `?`, wobei der Befehl, dessen Hilfsseite wir aufrufen möchten, innerhalb der Befehlsklammern stehen muss.

```
# gib Hilfeseite für Funktion "mean" aus
help(mean)

# oder einfach
?mean
```

Wenn Sie den Befehl `help(mean)` z.B. mit `[STRG]` + `[R]` ausführen, oder direkt unten in die R-Konsole eingeben, zeigt RStudio die Hilfeseiten im unteren rechten Viertel an (siehe Abbildung 25).

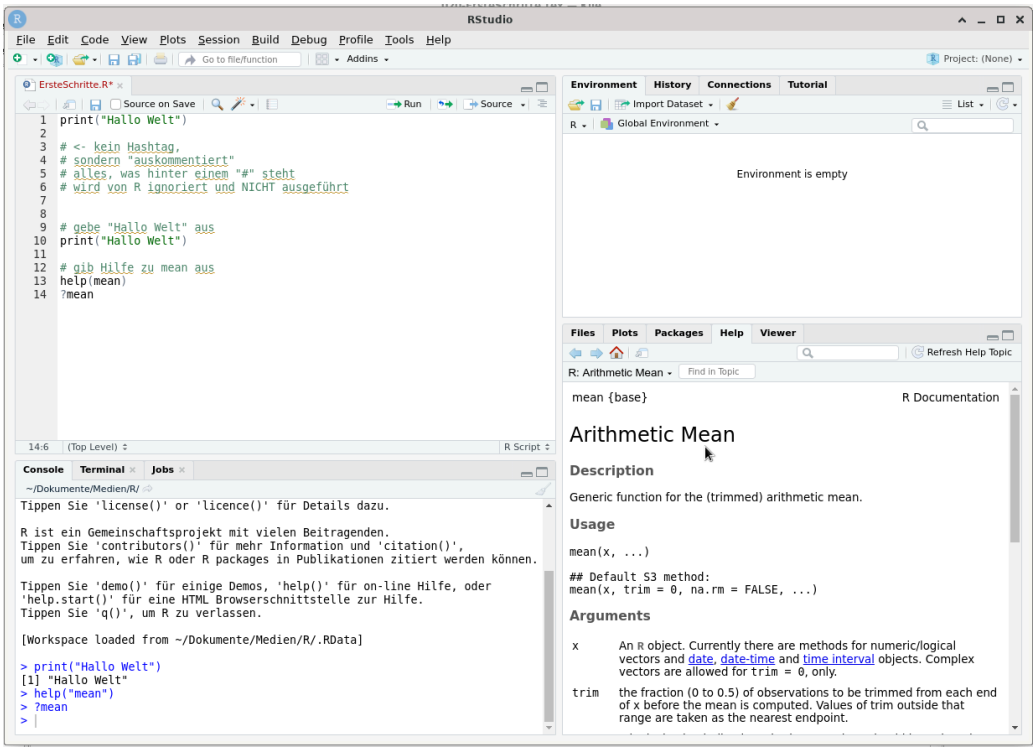



Abbildung 25: Hilfeseite wird unten rechts angezeigt

In diesem Buch werden die R-Befehle nie vollständig mit all ihren Optionen und Einstellungsmöglichkeiten vorgestellt. Daher bietet es sich an, bei jedem „neuen“ Befehl, den man lernt oder verwendet, per `help()` oder `?` die Anleitungsseite zumindest zu überfliegen.

```
# bei help() steht die Funktion in Klammern
# gib Hilfeseite für Funktion "c()" aus
help(c)

# Bei ? wird sie ohne Klammern direkt drangeschrieben
```

```
?c
?mean
?median
```

Mit `quit()` oder kurz `q()` wird die R-Sitzung beendet.

```
# Beende die R-Sitzung
quit()

# Beende die R-Sitzung
q()

# Rufe Hilfeseite auf
?quit
```

Wenn Sie den Befehl `quit()` in der R-Konsole von RStudio ausführen, wird auch RStudio beendet.

# 5 Rechnen mit R

R funktioniert unter anderem wie ein mächtiger Taschenrechner. Folgende grundlegende mathematische Operationen können mit R ausgeführt werden:

| Operation | Symbol |
|---|---|
| Addition | + |
| Subtraktion | - |
| Multiplikation | * |
| Division | / |
| Potenzieren | ^ oder ** |
| Wurzel | sqrt(x) |

Hier ein paar Beispiele:

```
# Addition
2+8
```

```
[1] 10
```

```
# Subtraktion
9-7
```

```
[1] 2
```

```
# Multiplikation
4*4
```

```
[1] 16
```

```
# Division
6/2
```

```
[1] 3
```

```r
# Potenzieren
2^3
```

```
[1] 8
```

```r
# Exponent anders notiert
2**3
```

```
[1] 8
```

```r
# Quadratwurzel
sqrt(25)
```

```
[1] 5
```

```r
# Lange Formel
sqrt( (2*10) / (20/2) ) - 9
```

```
[1] -7.585786
```

Vielleicht haben Sie sich schon gefragt, wieso vor jeder Ausgabe die Zeichenkette `[1]` steht.

Die `[1]` erklärt sich folgendermaßen. In `R` beginnt jede Ausgabezeile mit der Position des Wertes, der als nächstes ausgegeben wird. Da wir derzeit nur Rechenoperationen durchführen, die genau ein Ergebnis haben, ist die Position unseres Ergebniswertes immer `[1]`. Hat man längere Datenreihen, z.B. das Gewicht von 10 Probanden in kg, dann könnte die Ausgabe so aussehen:

```
[1] 102.20  76.83  98.50  86.55  121.93
[6]  89.21 123.22  78.23  98.33   83.37
```

Die zweite Ausgabezeile beginnt mit einer `[6]`, was bedeutet, dass nachfolgend die 6. Position der Wertereihe angezeigt wird.

Das Ziehen einer Wurzel erfolgt über die Funktion `sqrt()`. Damit Funktionen arbeiten können, benötigen sie ein „Argument“. Das Argument ist in unserem Fall die Zahl 25, da wir die Wurzel aus 25 ziehen wollen.

```r
# Wurzel ziehen
sqrt(25)
```

```
[1] 5
```

Argumente werden der Funktion in runden Klammern übergeben. So erklärt sich der Befehl `sqrt(25)`.

```r
# Lange Formel
sqrt( (2*10) / (20/2) ) - 9
```

```
[1] -7.585786
```

```r
# Befehl schlägt fehl!
2,3 - 9
```

```
Error: <text>:2:2: Unerwartete(s) ','
1: # Befehl schlägt fehl!
2: 2,
    ^
```

☠️ **Achtung! Anfängerfehler!** ☠️

An der letzten Ausgabe zeigt sich ein wesentliches Merkmal von R:

**Dezimalstellen werden mit einem Punkt UND NICHT mit einem Komma dargestellt!**

Dies ist ein häufiger Anfängerfehler und meist der Grund, warum am Anfang etwas nicht funktioniert.

```
# Dezimalstellen mit .
4.25 * 6.25
```

```
[1] 26.5625
```

```
# nicht mit Komma!
# schlägt fehl
4,25 * 6,78
```

```
Error: <text>:3:2: Unerwartete(s) ','
2: # schlägt fehl
3: 4,
    ^
```

Weitere mathematische Funktionen sind:

| Funktion | Befehl | Beispiel | Ausgabe |
|---|---|---|---|
| Exponentialfunktion | `exp()` | `exp(1)` | `[1] 2.718282` |
| natürlicher Logarithmus | `log()` | `log(2)` | `[1] 0.6931472` |
| Logarithmus zur Basis 2 | `log2()` | `log2(64)` | `[1] 6` |
| Logarithmus zur Basis 10 | `log10()` | `log10(1000)` | `[1] 3` |
| Logarithmus zur Basis $n$ | `log(x, n)` | `log(343, 7)` | `[1] 3` |
| Sinus | `sin()` | `sin(2)` | `[1] 0.9092974` |
| Kosinus | `cos()` | `cos(2)` | `[1] -0.4161468` |
| Tangens | `tan()` | `tan(2)` | `[1] -2.18504` |
| Absolutwert | `abs()` | `abs(-7)` | `[1] 7` |

## 5.1 Nachkommastellen

R zeigt standardmäßig 6 Nachkommastellen an. Intern rechnet R mit „doppelter Genauigkeit“. Damit sind Nummern mit ca. 17 Stellen (1 Ziffer + 16 Nachkommastellen oder eben eine 17 stellige Zahl ohne Nachkommastellen) repräsentierbar. Möchte man die Nachkommastellen entsprechend angezeigt bekommen, so kann man dies mit der options-Funktion einstellen:

```
# gib ab jetzt 16 Nachkommastellen aus
options(digits=17)
# Wurzel aus 3
sqrt(3)
```

```
[1] 1.7320508075688772
```

Nach dieser Eingabe liefert R Ergebnisse mit bis zu 16 Nachkommastellen.

Wir stellen den Wert wieder zurück auf 6 Nachkommastellen.

```
# gib ab jetzt wieder "nur" 6 Nachkommastellen aus
options(digits=7)
```

## 5.2 Runden

Ziehen wir die Wurzel aus 3, erhalten wir ein Ergebnis mit 6 Nachkommastellen.

```
# Wurzel aus 3
sqrt(3)
```

```
[1] 1.732051
```

Dieses Ergebnis kann mit der Funktion `round()` gerundet werden.

```
# Runde auf 2 Nachkommastellen
round(sqrt(3), digits=2)
```

```
[1] 1.73
```

```
# Runde auf ganze Zahl
round(sqrt(3))
```

```

```

```
[1] 2
```

Bitte beachten Sie, dass R *mathematisch* rundet (gemäß dem IEEE 754 Standard), und **nicht** kaufmännisch. Beim mathematischen Runden[1] wird eine 5 am Ende immer auf die nächste **gerade** Zahl gerundet.

Dies soll folgendes Beispiel verdeutlichen:

```
# mathematisches Runden
round(3.5) # ergibt 4
```

```
[1] 4
```

```
# mathematisches Runden
round(2.5) # ergibt 2
```

```
[1] 2
```

Neben `round()` existieren noch die Spezialfunktionen `ceiling()` und `floor()`. Die Funktion `ceiling()` rundet immer zur nächsten ganzen Zahl **auf**, und die Funktion `floor()` rundet immer zur nächsten ganzen Zahl **ab**. Man kann sich das so vorstellen:

- Sie pflücken Äpfel und legen diese in Körbe. So erhalten Sie 10 volle und einen halbvollen Korb, oder andersgesagt 10,5 Körbe. Leider können Sie nur volle Körbe verkaufen. In diesem Fall würden Sie mittels `floor()` auf die ganze Zahl abrunden, um zu ermitteln, wieviele Körbe Sie verkaufen können.
- Aus den restlichen Äpfeln pressen Sie Saft, den Sie in Flaschen füllen. In jede Flasche passen 100ml, und Sie pressen insgesamt 565ml Saft aus den Äpfeln. Um zu ermitteln, wieviele Flaschen Sie benötigen, runden Sie mittels `ceiling()` auf die nächste Zahl auf, damit nach 5 vollen Flaschen auch die restlichen 65ml aufgefangen werden können (auch wenn die letzte Flasche nicht voll wird).

```
# ceiling rundet immer auf
ceiling(sqrt(3))
```

```
[1] 2
```

```
# ceiling rundet immer auf
ceiling(1.0008)
```

```
[1] 2
```

```
# floor rundet immer ab
floor(sqrt(3))
```

```
[1] 1
```

```
# floor rundet immer ab
floor(1.9999)
```

```
[1] 1
```

[1] https://de.wikipedia.org/wiki/Rundung#Symmetrisches_Runden

R nutzt die wissenschaftliche Schreibweise sehr großer und kleiner Zahlen (so genannte *Zehnerpotenzen*).

```
# erzeuge eine sehr große Zahl
987654321 * 987654321
```

```
[1] 9.754611e+17
```

Um die Ergebniszahl vor der Zehnerpotenz zu runden, kann die Funktion `format()` genutzt werden.

```
# runde vor der Zehnerpotenz
format(987654321 * 987654321, digits=2)
```

```
[1] "9.8e+17"
```

# 6 Variablen

Variablen dienen der Speicherung von Werten oder komplexen Daten (streng genommen spricht man in R aber immer von „Objekten“). Variablen bestehen aus einem Namen und dem zugewiesenen Wert (bzw. Werten). Der Name einer Variable in R darf nicht mit einer Zahl beginnen, das heisst Variablennamen wie `1stTry` sind nicht erlaubt. Ein Wert kann einer Variable auf zwei Weisen zugewiesen werden:

```
# weise Variable "x" den Wert 8 zu
x <- 8
```

Die in R gängige Variante ist das Zuweise mittels „Pfeil“, den man mit < und - nachahmt.

Die Zuweisung per Gleichheitszeichen funktioniert aber ebenso.

```
# weise Variable "x" den Wert 8 zu
x <- 8

# funktioniert auch mit "="
x = 8

# funktioniert auch in die andere Richtung
8 -> x
```

Wir haben nun eine Variable `x` mit dem Wert `8`. Beachten Sie, dass R zwischen Groß- und Kleinschreibung unterscheidet. Unsere Variable heisst `x` und nicht `X`!

In RStudio wird uns nun im Datenfenster (oberes rechtes Viertel) die Variable `x` mit ihrem Wert `8` angezeigt (Abbildung 26).

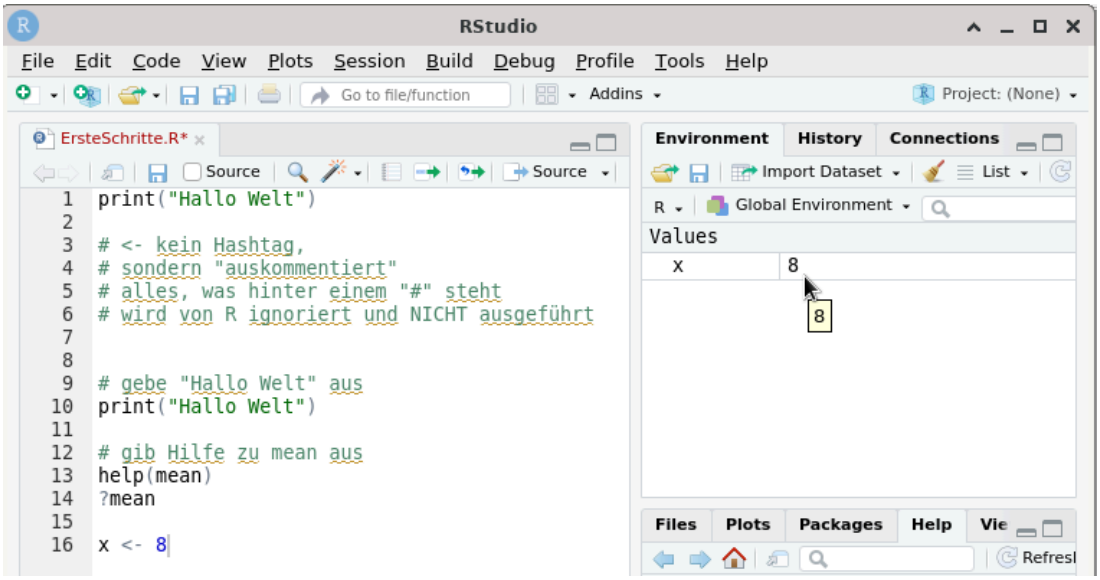



Abbildung 26: Variablen werden oben rechts angezeigt

Den Wert einer Variable können wir ausgeben lassen, indem wir einfach ihren Namen in die R-Konsole schreiben

```
# gib Wert von x aus
x
```

```
[1] 8
```

Wie erwähnt unterscheidet R zwischen Groß- und Kleinschreibung, und so erhalten wir einen Fehler wenn wir eingeben:

```
# großes "X", kein kleines "x"
X
```

```
Error in eval(expr, envir, enclos): Objekt 'X' nicht gefunden
```

Mit Variablen kann auch gerechnet werden:

```
# erzeuge Variable "y" mit Wert 10
y <- 10
# erzeuge Variable "z" mit Wert 5
z <- 5
# rechne ein bisschen
x+y+z
```

```
```

```
[1] 23
```

```
# noch ein bisschen rechnen
x/(y+z)
```

```
[1] 0.5333333
```

```
# speichere Ergebnis in weitere Variable "Dummy"
Dummy <-x+(y^z)
# Gib Wert(e) von Dummy aus
Dummy
```

```
[1] 100008
```

## 6.1 Wertereihen

Wir können einer Variable auch eine Wertereihe (also mehrere Werte) zuweisen - spätestens jetzt sollten wir nicht mehr von einer „Variable“ sprechen, sondern von einem „Objekt“. Dies erfolgt für gewöhnlich mit der Funktion `c()` (für *concatenate*, „aneinanderreihen“), indem man die einzelnen Werte mit einem Komma getrennt der Funktion übergibt.

```
# weise Wertereihe 1 bis 10 mit c() zu
a <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
# Gib Werte von "a" aus
a
```

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

Mit `c()` kann auch Text, also z.B. Wörter, übergeben werden.

```
# es müssen keine Zahlen sein
b <- c("eins", "zwei", "drei", "vier",
       "fünf", "sechs", "sieben", "acht", "neun", "zehn")
# Gib Werte von "b" aus
b
```

```
[1] "eins"   "zwei"   "drei"   "vier"   "fünf"   "sechs"  "sieben" "acht"
[9] "neun"   "zehn"
```

Der Text muss in Anführungszeichen gesetzt werden, da `R` ansonsten nicht das Wort `"fünf"` versteht, sondern nach einem Objekt namens `fünf` sucht. Denn Variablen und Objekte können ebenfalls aneinandergereiht werden.

```
# Variablen aneinanderreihen
c(x, y, z)
```

```
[1]  8 10  5
```

☠ **Achtung! Anfängerfehler!** ☠

Wichtig ist, dass innerhalb der `c()`-Kette nur Werte des selben Typs (entweder Zahlen oder Text) angegeben werden. Mischt man Text mit Zahlen, wandelt `c()` die Wertereihe auf den „kleinsten gemeinsamen Nenner“ um, und das ist immer „Text“.

```
# c() fällt auf den "kleinsten gemeinsamen Nenner" zurück
c(x, y, z, b)
```

```
[1] "8"      "10"     "5"      "eins"   "zwei"   "drei"   "vier"   "fünf"
[9] "sechs"  "sieben" "acht"   "neun"   "zehn"
```

Aus den Zahlen `8`, `10` und `5` sind die *Wörter* `"8"`, `"10"` und `"5"` geworden, und mit denen kann man nun keine Rechenoperationen mehr durchführen.

Das Mischen der Wertetypen ist ein weiterer häufiger Anfängerfehler.

Mit der Funktion `length()` kann die Länge der Wertereihe bestimmt werden

```
# länge von Objekt "a"
length(a)
```

```
[1] 10
```

Objekt `a` besteht aus `10` Werten.

```
# länge von Objekt "Dummy"
length(Dummy)
```

```
[1] 1
```

Objekt `Dummy` besteht aus `1` Wert.

## 6.2 Objekte löschen

Im Datenfenster von RStudio (rechtes oberes Viertel) werden alle Objekte (und somit auch Variablen) angezeigt (Abbildung 27).

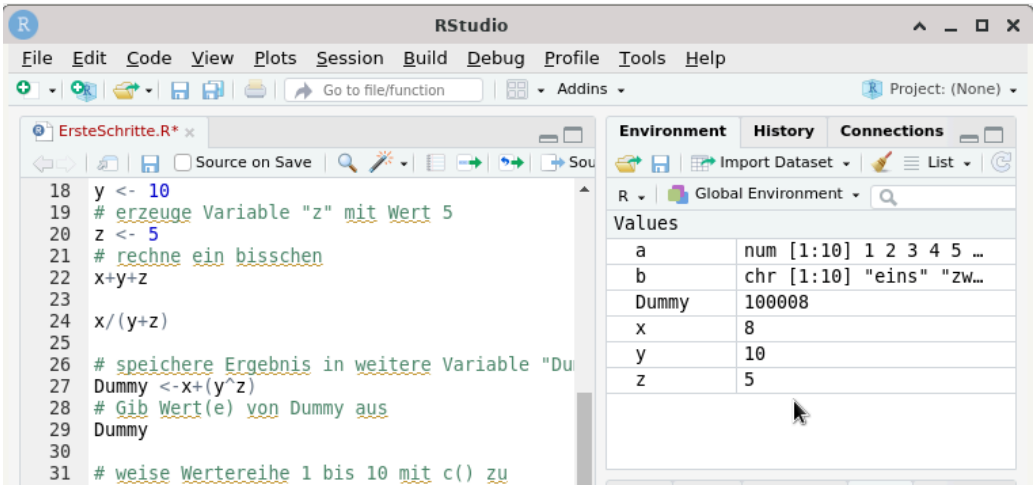



Abbildung 27: Objekte werden oben rechts angezeigt

Wir sehen dort unsere Objekte a, b, Dummy, x, y und z. Rechts daneben zeigt RStudio zusammenfassende Informationen zu den Objekten an. So sieht man direkt, dass der Wert von Dummy = 100008 ist, oder dass a zehn Werte enthält.

In der R-Konsole können alle vorhandenen Objekte mit der Funktion ls() angezeigt werden.

```
# zeige alle Objekte an
ls()
```

```
[1] "a"     "b"     "Dummy" "x"     "y"     "z"
```

Objekte lassen sich mit dem Befehl rm() löschen.

```
# lösche Objekt "Dummy"
rm(Dummy)
# zeige alle Objekte an
ls()
```

```
[1] "a" "b" "x" "y" "z"
```

Um *alle* Objekte zu löschen, verknüpfen wir den ls()-Befehl mit rm(). So änder sich der Befehl in:

```
# lösche ALLE Objekte
rm(list=ls())
```

```
# zeige alle Objekte an
ls()
```

```
character(0)
```

In RStudio löschen Sie alle Objekte aus dem Arbeitsspeicher, indem Sie im Datenfenster auf den kleinen Besen klicken (Abbildung Abbildung 28).

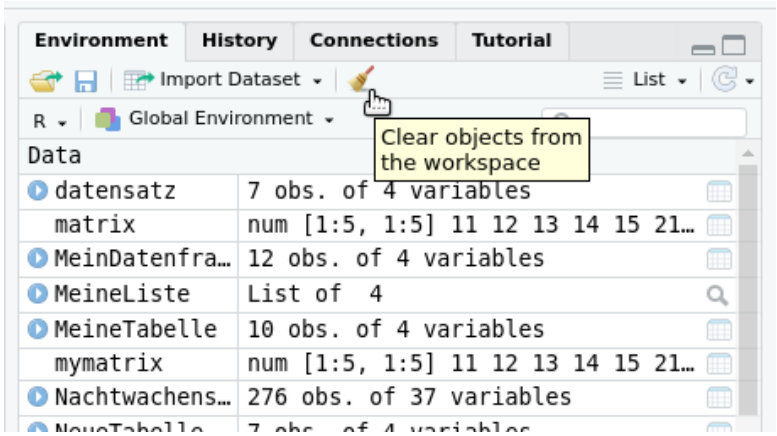



Abbildung 28: alle Variablen löschen

# 7 Wertesequenzen erzeugen

Bislang haben wir unsere Daten von Hand eingeben. Für die Zahlenreihe von 1 bis 10 sah das so aus:

```
# Zahlenreihe von 1 bis 10
zahlen <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 ,10)
# ausgeben
zahlen
```

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

In R lassen sich solch kontinuierliche Reihen mit einem : erzeugen:

```
# auch Zahlenreihe von 1 bis 10
zahlen <- 1:10

# ausgeben
zahlen
```

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

In Kombination mit `c()` geht auch:

```
# neuer Vektor aus 2 Zahlenreihen
zahlen2 <- c(1:10, 100:110)

# ausgeben
zahlen2
```

```
[1]   1   2   3   4   5   6   7   8   9  10 100 101 102 103 104 105 106 107 108
[20] 109 110
```

Mit der Funktion `seq()` lassen sich ***Seq****uenzen* erstellen. Wir übergeben der Funktion Start- und Endpunkt, und in welchen Schritten gezählt werden soll. Eine Zahlenreihe von `1` bis `10` in den Schritten `0.5` erzeugt man so:

```
# eine Sequenz erstellen
sequenz <- seq(from=1, to=10, by=0.5)

# ausgeben
sequenz
```

```
 [1]  1.0  1.5  2.0  2.5  3.0  3.5  4.0  4.5  5.0  5.5  6.0  6.5  7.0  7.5  8.0
[16]  8.5  9.0  9.5 10.0
```

oder schlicht

```
# erstellt die selbe Sequenz
sequenz <- seq(1, 10, 0.5)

# ausgeben
sequenz
```

```
 [1]  1.0  1.5  2.0  2.5  3.0  3.5  4.0  4.5  5.0  5.5  6.0  6.5  7.0  7.5  8.0
[16]  8.5  9.0  9.5 10.0
```

Mit der Funktion `rep()` (für ***rep****eat*) lassen sich wiederholte Werte erzeugen

```
# erzeuge 20 wiederholte Werte,
# 20 mal "weiblich"
geschlecht <- rep("weiblich", 20)

# ausgeben
geschlecht
```

```

```

```
 [1] "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich"
 [7] "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich"
[13] "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich" "weiblich"
[19] "weiblich" "weiblich"
```

In Kombination mit `c()` geht auch:

```
# erzeuge 20 wiederholte Werte,
# 10 mal "weiblich" und 10 mal "maennlich"
geschlecht <- c(rep("weiblich", 10), rep("maennlich", 10))
# ausgeben
geschlecht
```

```
 [1] "weiblich"  "weiblich"  "weiblich"  "weiblich"  "weiblich"  "weiblich"
 [7] "weiblich"  "weiblich"  "weiblich"  "weiblich"  "maennlich" "maennlich"
[13] "maennlich" "maennlich" "maennlich" "maennlich" "maennlich" "maennlich"
[19] "maennlich" "maennlich"
```

Oder anders verschachtelt:

```
# erzeuge 20 wiederholte Werte, anders verschachtelt
# 10 mal das Paar "weiblich" "maennlich"
geschlecht <- rep(c("weiblich", "maennlich"), 10)
# ausgeben
geschlecht
```

```
 [1] "weiblich"  "maennlich" "weiblich"  "maennlich" "weiblich"  "maennlich"
 [7] "weiblich"  "maennlich" "weiblich"  "maennlich" "weiblich"  "maennlich"
[13] "weiblich"  "maennlich" "weiblich"  "maennlich" "weiblich"  "maennlich"
[19] "weiblich"  "maennlich"
```

## 7.1 Zufallszahlen

In `R` lassen sich auch Zufallszahlen generieren. Hierfür steht die Funktion `sample()` zur Verfügung.

```
# erzeuge 20 Zufallswerte
sample(20)
```

```
[1] 13 12  5  6 15 16  4 17  9 18 11  8  7 10  2  3 20 19  1 14
```

Der Bereich, aus welchem die Zahlen gezogen werden sollen, kann ebenfalls angegeben werden.

```
```

```
# erzeuge 20 Zufallswerte zwischen 150 und 250
sample(150:250, 20)
```

```
 [1] 193 210 183 219 212 153 248 184 238 235 192 156 181 202 247 158 171 159 242
[20] 244
```

Über die Option `replace` kann angegeben werden, ob Werte auch doppelt vorkommen können (so genanntes *zurücklegen*).

```
# erzeuge 20 Zufallswerte zwischen 150 und 250
# MIT zurücklegen
sample(150:250, 20, replace=TRUE)
```

```
 [1] 166 201 205 171 244 150 219 183 200 195 214 174 186 157 182 245 232 241 177
[20] 197
```

Zudem bieten die in `R` implementierten Wahrscheinlichkeitsverteilungen über ihre `r`-Funktionen (für ***r****andom*, siehe Abschnitt 19) die Möglichkeit, zufällige Werte zu erzeugen.

Die Funktion `runif()` erzeugt Zufallswerte aus der „stetigen Gleichverteilung“. Standardmäßig liegen die Zufallswerte zwischen `0` und `1`.

```
# erzeuge 20 Zufallswerte zwischen 0 und 1
runif(20)
```

```
 [1] 0.46598719 0.39003139 0.02006522 0.37697093 0.55991284 0.85708359
 [7] 0.38480971 0.52791704 0.60063752 0.26137136 0.29005016 0.48007517
[13] 0.92000555 0.40072018 0.21317271 0.67176682 0.05861411 0.99706914
[19] 0.14903547 0.51855664
```

Man kann aber (ähnlich wie bei `sample()`) den Bereich festlegen, aus welchem die Werte gezogen werden sollen.

```
# erzeuge 20 Zufallswerte zwischen 30 und 150
runif(20, min=30, max=150)
```

```
 [1] 131.53441 116.19237  58.95768  95.64520 130.17622  33.35472  86.32612
 [8] 126.68160 127.68616  78.46932  56.21172  80.20337 110.26449  90.91803
[15] 109.24312  91.41496 130.26629 115.05374 134.90471  31.37754
```

Für ganzzahlige Werte können die Rundungsfunktionen `round()`, `floor()` und `ceiling()` eingeschoben werden.

```r
# erzeuge 20 GANZZAHLIGE Zufallswerte zwischen 30 und 150
floor(runif(20, min=30, max=150))
```

```
 [1] 136 149  90  73 122 100 106 133  98  60 140 134  59  78 122  44  53  49 109
[20] 132
```

Um Zufallszahlen aus der Standardnormalverteilung zu generieren eignet sich die Funktion `rnorm()`.

```r
# erzeuge 40 zufällige Werte aus der Standardnormalverteilung
normal <- rnorm(40)

# ausgeben
normal
```

```
 [1]  1.4505432  0.1943924 -0.6912054  1.3398599  2.7361084 -0.9441017
 [7] -1.7810619 -0.7160587  0.9110785 -0.7721921 -0.7820777 -0.4321952
[13] -0.6675648  1.3895059  0.9118739  0.2053894  2.5844322 -0.7893881
[19]  0.5880771 -0.7112873  1.5849968  0.6763896 -0.2327618  0.6374729
[25] -1.3707612 -1.4256595 -1.2461920 -0.6832669 -0.9796754 -0.4625191
[31]  1.2145097 -1.2778199  0.7478688  3.3915088  1.6193896 -1.8508898
[37]  1.0554223 -0.8053435  1.5961720  0.7759900
```

Somit erzeugt `rt()` zufällige Werte aus der t-Verteilung.

```r
# erzeuge 40 zufällige Werte aus der t-Verteilung bei 10 Freiheitsgraden
t <- rt(40, df=10)

# ausgeben
t
```

```
 [1]  0.80816081  0.63464272 -1.04867067  0.28763708  1.46970112 -1.67681763
 [7]  0.76374895  0.35673699  0.43852070  0.02057365 -0.31623317 -0.60273538
[13]  0.71802180 -0.26756381  1.17957855  0.62269651 -0.21301326 -0.75593568
[19]  0.21687205 -1.16856330  0.43970628 -1.38123836 -0.20136631  1.64734295
[25] -1.64091019 -0.30674880 -2.31814854  0.57115467  0.55923590  0.16815230
[31]  0.26530835 -0.71421268 -1.60675413  0.07215224 -0.72087588  2.21050387
[37]  2.16195314  0.95226057 -0.51923006  0.84492165
```

# 8 Datentypen

`R` ist eine objektorientierte Sprache und kann verschiedene Formen von Datenklassen und -typen verarbeiten. Die für uns wichtigsten Datentypen sind:

- numerisch (Zahlen, mit denen man rechnen kann)

- character (Zeichenkette, also Text und Wörter)
- logisch (Wahr/Falsch, bzw. `TRUE` und `FALSE`)

Wir haben in Abschnitt 6 schon zwei Daten*typen* kennengelernt, zum einen den Typ `numerisch`, denn wir haben den Variablen `x`, `y` und `z` jeweils Zahlenwerte zugeordnet, mit denen wir rechnen konnten.

```
# numerischer Datetyp
v_num <- c(0, 8, 15)

# rechnen ist möglich
v_num * 100
```

```
[1] 0  800 1500
```

Zum anderen hatten wir der Variable `b` Wörter zugewiesen. Dies entspricht dem Datentyp „character“.

```
v_char <- c("Hallo", "ihr", "lieben", "Leute")

# rechnen ist nicht möglich
v_char * 100
```

```
Fehler in v_char * 100 : nicht-numerisches Argument für binären Operator
```

Variablen vom Typ `logisch` enthalten die logischen Aussagen `TRUE` und `FALSE` bzw. deren Abkürzungen `T` und `F`.

Eine logische Aussage kann zum Beispiel durch einen Vergleich erzeugt werden

```
# ist 50 = 100
50==100
```

```
[1] FALSE
```

Da `50` eben nicht gleich `100` ist, erhalten wir die logische Aussage `FALSE` zurück.

```
# ist 50 kleiner als 100
50<100
```

```
[1] TRUE
```

Die Zahl `50` ist kleiner als `100`, darum erhalten wir die logische Antwort `TRUE` zurück.

Das kann man auch auf Wertereihen anwenden.

```
# erzeuge 20 werte
reihe <- seq(1, 100, 5)
# ausgeben
reihe
```

```
[1]  1  6 11 16 21 26 31 36 41 46 51 56 61 66 71 76 81 86 91 96
```

```
# Prüfe jeden Wert in "reihe", ob er kleiner als 75 ist
reihe<75
```

```
 [1]  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
[13]  TRUE  TRUE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

```
# Prüfe jeden Wert in "reihe", ob er kleiner als 75 ist
# und speichere das Ergebnis in Variable "logical"
logical <- reihe<75

# zeige den 7. und 18. Wert von "logical" an
logical[c(7,18)]
```

```
[1]  TRUE FALSE
```

Mit der Funktion `class()` kann der Datentyp (und auch die Datenklasse, dazu später mehr) angezeigt werden.

```
# welcher Datentyp ist Variable "logical"
class(logical)
```

```
[1] "logical"
```

```
# welcher Datentyp ist Variable "v_char"
class(v_char)
```

```
[1] "character"
```

```
# welcher Datentyp ist Variable "v_num"
class(v_num)
```

```
[1] "numeric"
```

Mit den Funktionen `is.numeric()`, `is.logical()` und `is.character()` können wir den Datentyp ebenfalls überprüfen. Als Antwort erhalten wir ein logisches `TRUE` oder `FALSE`.

```
# ist Variable "v_num" numerisch?
is.numeric(v_num)
```

```
[1] TRUE
```

```
# ist Variable "v_num" logical?
is.logical(v_num)
```

```
[1] FALSE
```

```
# ist Variable "v_num" character?
is.character(v_num)
```

```
[1] FALSE
```

```
# ist Variable "logical" character?
is.character(logical)
```

```
[1] FALSE
```

```
# ist Variable "v_char" numerisch?
is.numeric(v_char)
```

```
[1] FALSE
```

```
# ist Variable "v_char" logical?
is.logical(v_char)
```

```
[1] FALSE
```

```
# ist Variable "v_char" character?
is.character(v_char)
```

```
[1] TRUE
```

```
# ist Variable "logical" logical?
is.logical(logical)
```

```
[1] TRUE
```

# 9 Datenklassen

Die Datentypen können wiederum in Daten*klassen* gespeichert werden. Für uns wichtige Datenklassen sind:

- Vektoren
- Matrizen
- Faktoren (Gruppen, Rangfolge)
- Datenframes
- Listen

## 9.1 Vektoren

Vektoren haben wir schon kennengelernt. Ein Vektor ist eine einfache Wertereihe vom selben Datentyp. So erzeugt die Funktion `c()` einen Datenvektor. Alle Werte der Datenklasse `Vektor` müssen Werte des selben

Werte*typs* enthalen. Kombinieren wir `numerische`, `character` und `logische` Werte in einem Vektor, so wandeln sich alle Werte in den kleinsten gemeinsamen Datentyp (nämlich `character`) um.

```
# c() fällt auf den "kleinsten gemeinsamen Nenner" zurück
c(1, 2, 3, 4, "fünf", "sechs", TRUE, TRUE, FALSE)
```

```
[1] "1"     "2"     "3"     "4"     "fünf"  "sechs" "TRUE"  "TRUE"  "FALSE"
```

Alle Werte sind nun vom Datentyp `character`, erkennbar an den Anführungszeichen.

Auf die Werte kann man zugreifen, indem man den Variablennamen eingibt:

```
 # erzeuge einen Vektor
vektor <- seq(1, 20, 1)

# anzeigen
vektor
```

```
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20
```

Auf die einzelnen Werte des Vektors kann man Zugreifen, indem man die gewünschte Position in eckigen Klammern an den Variablennamen anhgängt.

```
# Zeige den ersten Wert von "vektor"
vektor[1]
```

```
[1] 1
```

Auch hier können wir Positions*bereiche* mit einem `:` angeben

```
# Zeige die Werte an Position 4 bis 15
vektor[4:15]
```

```
 [1]  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15
```

Mit einem Minuszeichen können auch bestimmte Werte oder Wertbereiche ausgelassen werden.

```
# Zeige "vektor" OHNE den ersten Wert
vektor[-1]
```

```
 [1]  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20
```

```
# Zeige "vektor" OHNE die Werte 10 bis 14
vektor[-(10:14)]
```

```
[1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 15 16 17 18 19 20
```

Wieviele Werte ein Vektor enthält erfährt man mit der Funktion `lenght()`.

```
# wieviele Werte hat "vektor"?
length(vektor)
```

```
[1] 20
```

Der Vektor `vektor` beinhaltet 20 Werte.

Mit der Funktion `is.vector()` kann geprüft werden, ob ein Objekt ein Vektor ist.

```
# ist "vektor" ein Vektor?
is.vector(vektor)
```

```
[1] TRUE
```

## 9.2 Matrizen

Matrizen sind zweidimensionale Strukturen (Tabellen) und werden von `R`-intern durch Vektoren dargestellt. Dies impliziert, dass alle Werte der Matrix vom selben Datentyp (z.B. `numerisch`) sein müssen, genau so wie bei Vektoren.

Um besser zu erklären, wie Matrizen funktionieren, erzeugen wir zunächst ein paar Beispielvektoren.

```
# Erzeuge Testwertereihen
a <- c(11, 12, 13, 14, 15)
b <- c(21, 22, 23, 24, 25)
c <- c(31, 32, 33, 34, 35)
d <- c(41, 42, 43, 44, 45)
e <- c(51, 52, 53, 54, 55)
f <- c("eins", "zwei", "drei", "vier", "fünf")

# Füge alle Zahlen zu einem Vektor zusammen
alle <- c(a, b, c, d, e)

# anzeigen
alle
```

```
[1] 11 12 13 14 15 21 22 23 24 25 31 32 33 34 35 41 42 43 44 45 51 52 53 54 55
```

Die Funktoin `martix()` setzt aus einem Vektor eine Matrix zusammen. Lässt man alle Parameter im Funktionsaufruf `matrix()` leer, wird eine Matrix mit `1` Spalte erzeugt.

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektor "a"
matrix(a)
```

```
     [,1]
[1,]   11
[2,]   12
[3,]   13
[4,]   14
[5,]   15
```

Mit dem Parameter `ncol` kann die gewünschte Anzahl an Spalten übergeben werden:

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektoren "a" und "b"
# mit 2 Spalten
matrix(c(a,b), ncol=2)
```

```
     [,1] [,2]
[1,]   11   21
[2,]   12   22
[3,]   13   23
[4,]   14   24
[5,]   15   25
```

Mit dem Parameter `nrow` kann die gewünschte Anzahl an Zeilen übergeben werden:

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektoren "a" und "b"
# mit 2 Zeilen
matrix(c(a,b), nrow=2)
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]   11   13   15   22   24
[2,]   12   14   21   23   25
```


Achten Sie auf die Reihenfolge, in der die Werte in der Matrix angelegt wurden. Das ist wahrscheinlich nicht das Ergebnis, das Sie erwartet haben. Die Funktion `matrix()` arbeitet standardmäßig die Werte pro Spalte (*spaltenorientiert*) ab. Wir können das mit dem Parameter `byrow` ändern:

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektoren "a" und "b"
# mit 2 Zeilen, diesmal zeilenorientiert
matrix(c(a,b), nrow=2, byrow=TRUE)
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]   11   12   13   14   15
[2,]   21   22   23   24   25
```

Sobald eine Matrix mit `2` oder mehr Spalten angelegt werden soll, muss der Datenvektor so viele Werte enthalten, dass die gewünschte Matrix vollständig erstellt werden kann. Sollten zu wenige Werte vorhanden sein, gibt `R` eine Warnmeldung aus. Für eine Matrix mit `2` Spalten muss also eine `gerade` Anzahl an Werten vorhanden sein.

```
# Matrix mit 2 Spalten benötigt gerade Anzahl an Werten
# daher gibt R (mit nur 9 Werten) eine Warnmeldung aus
matrix(1:9, nrow=2)
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    3    5    7    9
[2,]    2    4    6    8    1
```

Wie Sie sehen versucht `R` selbstständig die Matrix zu vervollständigen. Hierfür wiederholt `R` die angegebenen Werte so lange, bis die Matrix „voll“ ist. Im obigen Beispiel wurde nach der `9` wieder eine `1` eingetragen.

Wie bereits erwähnt müssen die Werte vom selben Datentyp sein. Mischt man `numeric` mit `character`, fällt auch Matrix auf den kleinsten gemeinsamen Datentyp (`character`) zurück.

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektoren "a" und "f"
# fällt auch Typ "char" zurück
matrix(c(a,f), nrow=2, byrow=TRUE)
```

```
     [,1]   [,2]   [,3]   [,4]   [,5]
[1,] "11"   "12"   "13"   "14"   "15"
[2,] "eins" "zwei" "drei" "vier" "fünf"
```

Neben `matrix()` können auch die Befehle `rbind()` (für ***r**owbind*) und `cbind()` (für ***c**olumnbind*) verwendet werden, um eine Matrix zu erzeugen.

Der Befehl `cbind()` fügt die übergebenen Vektoren *spaltenorientiert* zu einer Matrix zusammen.

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektoren "c" und "d"
# spaltenorientiert
cbind(c, d)
```

```
      c  d
[1,] 31 41
[2,] 32 42
[3,] 33 43
[4,] 34 44
[5,] 35 45
```

Der Befehl `rbind()` fügt die übergebenen Vektoren *zeilenorientiert* zu einer Matrix zusammen.

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektoren "c" und "d"
# zeilenorientiert
rbind(c, d)
```

```
  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
c   31   32   33   34   35
d   41   42   43   44   45
```

Wir speichern eine Matrix in einer Variable:

```
# Erzeuge eine Matrix aus Vektor "alle"
# mit 5 Spalten
mymatrix <- matrix(alle, ncol=5)

# ausgeben
mymatrix
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]   11   21   31   41   51
[2,]   12   22   32   42   52
[3,]   13   23   33   43   53
[4,]   14   24   34   44   54
[5,]   15   25   35   45   55
```

An der Ausgabe der Spalten- und Zeilentitel lässt sich erahnen, wie die einzelnen Werte einer Matrix refenziert werden können. Bei Vektoren können die einzelnen Werte abgerufen werden, indem in eckigen Klammern die gewünschte Position angegeben wird. Dies funktioniert bei Matrizen ähnlich, jedoch muss innerhalb der eckigen Klammer zwischen *Zeilen* und *Spalten* unterschieden werden. Dies geschieht mit einem Komma, wobei vor dem Komma die Zeilen, und nach dem Komma die Spalten referenziert werden.

```
# zeige die 1. Zeile der Matrix
# die Zahl vor dem Komma repräsentiert die Zeilen
mymatrix[1,]
```

```
[1] 11 21 31 41 51
```

```
# zeige die 1. Spalte der Matrix
# die Zahl nach dem Komma repräsentiert die Spalten
mymatrix[,1]
```

```
[1] 11 12 13 14 15
```

Wie in einem Koordinatensystem können nun gezielt einzelne Werte oder Wertbereiche referenziert werden.

```
# zeige den Wert in Zeile 3 und Spalte 2
mymatrix[3,2]
```

```
[1] 23
```

```
# zeige die Werte aus Zeile 2 bis 4
# und Spalte 1 bis 3
mymatrix[2:4,1:3]
```

```
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   12   22   32
[2,]   13   23   33
[3,]   14   24   34
```

Mit der Funktion `t()` kann die Matrix transponiert werden, das beduetet, es werden Zeilen und Spalten diagonal gespiegelt.

```
# zeige meine Matrix
mymatrix
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]   11   21   31   41   51
[2,]   12   22   32   42   52
[3,]   13   23   33   43   53
[4,]   14   24   34   44   54
[5,]   15   25   35   45   55
```

```
# transponiere meine Matrix
t(mymatrix)
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]   11   12   13   14   15
```

```
[2,]   21   22   23   24   25
[3,]   31   32   33   34   35
[4,]   41   42   43   44   45
[5,]   51   52   53   54   55
```

Mit den Funktionen `colnames()` und `rownames()` können Spalten und Zeilen noch betitelt werden.

Wir benennen unsere Spalten von „a“ bis „e“:

```
# benenne Spalten der Matrix
colnames(mymatrix) <- c("a", "b", "c", "d", "e")

# anzeigen
mymatrix
```

```
      a  b  c  d  e
[1,] 11 21 31 41 51
[2,] 12 22 32 42 52
[3,] 13 23 33 43 53
[4,] 14 24 34 44 54
[5,] 15 25 35 45 55
```

Wir benennen unsere Zeilen von römisch `I` bis `V`:

```
# benenne Spalten der Matrix
rownames(mymatrix) <- c("I", "II", "III", "IV", "V")

# anzeigen
mymatrix
```

```
     a  b  c  d  e
I   11 21 31 41 51
II  12 22 32 42 52
III 13 23 33 43 53
IV  14 24 34 44 54
V   15 25 35 45 55
```

Mit der Funktion `class()` kann die Datenklasse angezeigt werden.

```
# welcher Datentyp ist Variable "mymatrix"
class(mymatrix)
```

```
[1] "matrix" "array"
```

Mit der Funktion `is.matrix()` kann zudem geprüft werden, ob ein Objekt eine Matrix ist.

```
# ist "mymatrix" eine Matrix?
is.matrix(mymatrix)
```

```
[1] TRUE
```

```
# ist "vector" eine Matrix?
is.matrix(vector)
```

```
[1] FALSE
```

Als Übung können wir nun beispielsweise die Anzahl der Beschäftigten in Pflegeberufen aus dem „Pflegethermometer 2018“ (Isfort et al., 2018) (siehe Abbildung 29), als Matrix in R übertragen.

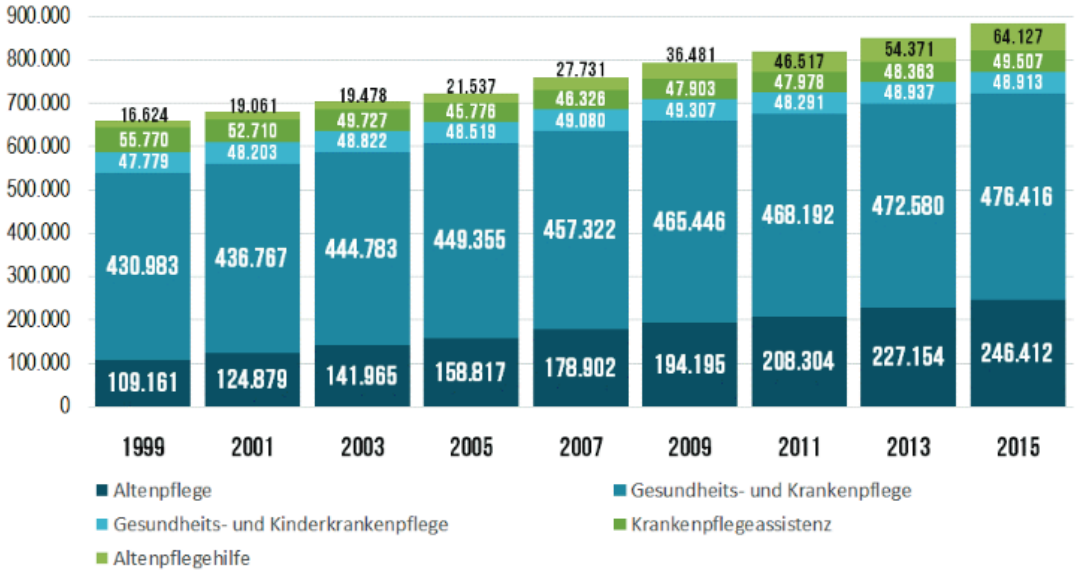



Abbildung 29: Anzahl Beschäftigter in Pflegeberufen (*Isfort et al. 2018*)

```
# Schreibe die Zahlen reihenweise aus der Grafik ab
Pflegeberufe <- c(16624, 19061, 19478, 21537, 27731, 36481, 46517, 54371, 64127,
                  55770,52710, 49727, 45776, 48326, 47903, 47978, 48363, 49507,
                  47779, 48203, 48822, 48519, 49080, 49307, 48291, 48937, 48913,
                  430983, 436767, 444783, 449355, 457322, 465446, 468192, 472580, 476416,
                  109161, 124879, 141965, 158817, 178902, 194195, 208304, 227154, 246412 )
# überführe in Matrix mit 9 Spalten
# Die Werte kommen reihenweise
Pflegeberufe <- matrix(Pflegeberufe, byrow=T,ncol=9)

# benenne die Spalten
colnames(Pflegeberufe) <- c(1999, 2001, 2003, 2005, 2007, 2009, 2011, 2013, 2015)

# benenne die Reihen
```

```
rownames(Pflegeberufe) <- c("Krankenpflegeassistenz", "Altenpflegehilfe",
                            "Kinderkrankenpflege", "Krankenpflege", "Altenpflege")

# zeige Tabelle
Pflegeberufe
```

```
                        1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011   2013
Krankenpflegeassistenz  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371
Altenpflegehilfe        55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363
Kinderkrankenpflege     47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937
Krankenpflege          430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580
Altenpflege            109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154
                        2015
Krankenpflegeassistenz  64127
Altenpflegehilfe        49507
Kinderkrankenpflege     48913
Krankenpflege          476416
Altenpflege            246412
```

Wir werden auf diese Matrix später noch zurückkommen.

## 9.3 Faktoren

Die Datenklasse `factor` beschreibt gruppierte (nominale) oder ranggeordnete (ordinale) Werte. Gruppierte Werte sind beispielsweise „Beruf“, „Konfession“, „Familienstand“ oder „Geschlecht“. Es liegt keine Reihenfolge unter den Gruppen vor. Sie werden mit der Funktion `factor()` erstellt.

```
# nominalen Faktoren erstellen
v_fac1 <- factor(c("maennlich", "weiblich", "divers"))
# ausgeben
v_fac1
```

```
[1] maennlich weiblich  divers
Levels: divers maennlich weiblich
```

Unsere Variable `v_fac1` besteht aus 3 Gruppen, nämlich `divers`, `maennlich` und `weiblich` mit je einem Wert. Erzeugen wir die Daten erneut, diesmal mit mehr Werten und einer abgekürzten Schreibweise für das Geschlecht.

```
# Faktoren neu erstellen, mit mehr Werten
v_fac1 <- factor(c("m", "w", "d","m", "w", "d","m", "w", "d","m", "w", "d"))

# ausgeben
v_fac1
```

```
[1] m w d m w d m w d m w d
Levels: d m w
```

In der ersten Zeile sehen wir unsere Datenreihe, in der zweiten Zeile alle `Gruppen` (Levels), in diesem Falle `d`, `m` und `w`.

Für ordninale (also ranggeordnete) Werte nehmen wir ebenfalls die `factor()`-Funktion. Versuchen wir also, klassiche Schulnoten abzubilden. Wir stellen uns eine virtuelle Liste mit Schulnoten von 100 SchülerInnen vor. Wir übertragen die Noten von der virtuellen Liste in `R`, und zwar in der Reihenfolge, wie sie auf unserer virtuellen Notenliste stehen könnten (sprich: *unsortiert*).

```
# Faktoren aus Notenliste erstellen
v_fac2 <- factor(c("gut", "ausreichend", "sehr gut", "ausreichend", "befriedigend",
                   "magelhaft", "ungenügend", "gut", "gut", "sehr gut"))

# ausgeben
v_fac2
```

```
 [1] gut          ausreichend  sehr gut     ausreichend  befriedigend
 [6] magelhaft    ungenügend   gut          gut          sehr gut
Levels: ausreichend befriedigend gut magelhaft sehr gut ungenügend
```

In der ersten Zeile sehen wir unsere Datenreihe, in der letzten Zeile alle `Ränge` (Levels). Ein Blick auf die Levels zeigt aber auch, dass diese in einer falschen Reihehnfolge angelegt wurden. Der erste Rang ist hier `ausreichend`, und der zweite `befriedigend` (es sollte ja eigentlich so sein, dass `sehr gut` der erste Rang ist, und `gut` der zweite, usw). Das liegt daran, dass wir die Noten unsortiert aneinandergereiht haben.


**`R` erstellt die Reihenfolge der Levels anhand der Reihenfolge, in der sie eintreffen.** Dies ist ein häufiger Anfängerfehler bei der Erstellung von Faktoren!

Um unsere Schulnoten in der richtigen Levelreihenfolge anzulegen, müssen wir dem Befehl `factor()` eben diese Reihenfolge über die Option `levels` mitgeben (mehr Informationen erhalten Sie über die Hilfeseite `?factor`). Konkret übergeben wir per `levels=c()` die Levelnamen von `sehr gut` bis `ungenügend`.

```
# Faktoren aus Notenliste erstellen # diesmal Levelreihenfolge mit "levels=" vorgeben
v_fac2 <- factor(c("gut", "ausreichend", "sehr gut", "ausreichend", "befriedigend",
                   "mangelhaft", "ungenügend", "gut", "gut", "sehr gut"),
                 levels=c("sehr gut", "gut", "befriedigend",
                          "ausreichend","mangelhaft", "ungenügend"))

# ausgeben
v_fac2
```

```
 [1] gut          ausreichend  sehr gut     ausreichend  befriedigend
 [6] mangelhaft   ungenügend   gut          gut          sehr gut
Levels: sehr gut gut befriedigend ausreichend mangelhaft ungenügend
```

Die Levels sind nun in der korrekten Reihenfolge.

Wir hätten die Daten aber gar nicht neu eingeben müssen. Der Befehl lässt sich verkürzen, indem man einfach die bestehende Variable als Input nutzt und neu überschreibt:

```
# Levelreihenfolge in "v_fac2" reparieren und überschreiben
v_fac2 <- factor(v_fac2,
                 levels=c("sehr gut", "gut", "befriedigend", "ausreichend",
                          "mangelhaft", "ungenügend"))

# ausgeben
v_fac2
```

```
 [1] gut          ausreichend  sehr gut     ausreichend  befriedigend
 [6] mangelhaft   ungenügend   gut          gut          sehr gut
Levels: sehr gut gut befriedigend ausreichend mangelhaft ungenügend
```

So kann man auch nachträglich die Levelreihenfolge korrigieren.

Mit dem Befehl `revalue()` aus dem `plyr`-Zusatzpaket lassen sich die Werte und Levels von Faktoren umändern. Wir ändern unsere Schulnoten von den ausgeschriebenen Noten hin zu Zahlenwerten. Hierfür erzeugen wir eine neue Variable `v_fac3`.

```
# Lade Zusatzpaket "plyr"
library(plyr)
# Ändere Levelnamen
v_fac3 <- revalue(v_fac2, c("sehr gut"="1", "gut"="2","befriedigend"="3",
                            "ausreichend"="4","mangelhaft"="5","ungenügend"="6"))

# Werte ausgeben
v_fac3
```

```
 [1] 2 4 1 4 3 5 6 2 2 1
Levels: 1 2 3 4 5 6
```

Beachten Sie, dass die „Zahlen“werte nur nominaler Natur sind. Wir können mit ihnen nicht rechnen!

```
# rechnen ist mit factor nicht möglich!
v_fac3 * 100
```

```
```

```
Warning in Ops.factor(v_fac3, 100): '*' ist nicht sinnvoll für Faktoren
[1] NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA
```

Die Werte innerhalb einer Faktorenreihe refenziert man so wie bei Vektoren, indem man die gewünschte Position in eckigen Klammern an den Variablennamen anhgängt.

```
# zeige die Werte von 3 bis 7 von "v_fac3"
v_fac3[3:7]
```

```
[1] 1 4 3 5 6
Levels: 1 2 3 4 5 6
```

Welche Levels in einem Faktor existieren erfährt man mit der Funktion `levels()`.

```
# welche Levels hat "v_fac3"?
levels(v_fac3)
```

```
[1] "1" "2" "3" "4" "5" "6"
```

Durch Kombimation mit der Funktion `length()` können wir die Anzahl der Levels erfahren.

```
# wieviele Levels hat "v_fac3"?
length(levels(v_fac3))
```

```
[1] 6
```

Die Variable hat `6` Levels.

Welche Level welche Häufigkeit hat erfahren wir mit der Funktion `table()`.

```
# welche Level hat welche Häufigkeit?
table(v_fac2)
```

```
v_fac2
  sehr gut          gut befriedigend  ausreichend   mangelhaft   ungenügend
         2            3            1            2            1            1
```

Mit der Funktion `class()` kann die Datenklasse angezeigt werden.

```
# welcher Datentyp ist Variable "v_fac2"
class(v_fac2)
```

```
[1] "factor"
```

Mit der Funktion `is.factor()` kann zudem geprüft werden, ob ein Objekt ein Faktor ist.

```
# ist "v_fac2" ein Faktor?
is.factor(v_fac2)
```

```
[1] TRUE
```

```
# ist "mymatrix" ein Faktor?
is.factor(mymatrix)
```

```
[1] FALSE
```

### 9.3.1 ordinale Faktoren

Die bislang von uns erzeugten Faktoren haben zwar „scheinbar“ eine korrekte Levelreihenfolge. Für `R` handelt es sich dabei aber weiterhin um „einfache“ Faktoren, also *nominale* Daten. Um die Faktoren in *ordinale* Faktoren umzuwandeln kann die Funktion `ordered()` verwendet werden. Nutzen wir hierfür unsere Variable `v_fac2` mit den Schulnoten.

```
# wandle in ordinalen Faktor um
ordered(v_fac2)
```

```
[1] gut          ausreichend  sehr gut     ausreichend  befriedigend
[6] mangelhaft   ungenügend   gut          gut          sehr gut
6 Levels: sehr gut < gut < befriedigend < ausreichend < ... < ungenügend
```

Die Levels haben nun eine Rangfolge, welche durch das Kleinerzeichen `<` dargestellt wird. Leider sind die Levelränge genau verkehrt herum, denn im obigen Falle ist „sehr gut“ die kleinste und „ungenügend“ die größte Note. Wir ändern also nochmal die Levelreihenfolge. Hierzu übergeben wir die Levelnamen in einen Vektor, und kehren mit der Funktion `rev()` dessen Reihenfolge um (die Funktion `fct_rev()` aus dem `forcats`-Paket dreht die Levelreihenfolge ebenfalls um, aber derzeit wissen wir ja noch nicht, wie man Zusatzpakete installiert (siehe Abschnitt 17).

```
# zeige Levelnamen an
levels(v_fac2)
```

```
[1] "ungenügend"   "mangelhaft"   "ausreichend"  "befriedigend" "gut"
[6] "sehr gut"
```

```
# kehre den Vektor um
rev(levels(v_fac2))
```

```
[1] "ungenügend"   "mangelhaft"   "ausreichend"  "befriedigend" "gut"
[6] "sehr gut"
```

In Kombination mit `ordered()` erhalten wir so die korrekte ordinale Darstellung.

```
# überführe die ordinale Reihenfolge in Variable 'v_ord'
v_ord <- ordered(factor(v_fac2,
                        levels= rev(levels(v_fac2))))

v_ord
```

```
[1] gut          ausreichend  sehr gut     ausreichend  befriedigend
[6] mangelhaft   ungenügend   gut          gut          sehr gut
6 Levels: ungenügend < mangelhaft < ausreichend < befriedigend < ... < sehr gut
```

Die Funktion `factor()` nimmt zudem den Parameter `ordered=TRUE` entgegen, der direkt ein ordinales Objekt erzeugt:

```
# erzeuge direkt einen ordinalen factor
# mit Parameter 'ordered=TRUE'
v_ord <- factor(v_fac2,
                levels=rev(levels(v_fac2)),
                ordered=TRUE)

v_ord
```

```
[1] gut          ausreichend  sehr gut     ausreichend  befriedigend
[6] mangelhaft   ungenügend   gut          gut          sehr gut
6 Levels: ungenügend < mangelhaft < ausreichend < befriedigend < ... < sehr gut
```

## 9.4 Datenframes

Die Datenklasse *Datenframe* (Datensatz) ist wohl die wichtigste in `R`. Datenframes sind ebenso wie Matrizen zweidimensional. Im Unterschied zu einer Matrix können in einem Datenframe unterschiedliche Daten*typen*, also z.B. `numeric`, `character` und `factor`, zusammengeführt werden. Das Datenframe folgt dabei der Logik „ein Fall pro Zeile“ (so genanntes *tidy data* Format, siehe Abschnitt 25). Das bedeutet, dass jede Beobachtung (auch Wiederholungen) in einer eigenen Zeile stehen und die jeweiligen Variablen durch die Spalten repräsentiert werden.

Erzeugen wir uns ein paar Beispielvektoren unterschiedlichen Typs mit je 12 Werten.

```
# erzeuge Testvektoren "factor", "char", "numeric", "logical"
geschlecht <- factor(rep(c("m", "w", "d"), 4))
spitzname <- c("Hasi", "Ide", "Momsi", "Ryu", "Dave", "Zoid", "Adu", "Efi",
               "Ole", "Ray", "Sam", "Emi")
hausnummer <- 1:12
angemeldet <- c(TRUE, TRUE, FALSE, T, F, F, F, T, T, T, F, T)
```

Aus den Variablen setzen wir nun mit der Funktion `data.frame()` ein Datenframe zusammen.

```
# erzeuge ein Datenframe aus den Testvektoren
data.frame(geschlecht, spitzname, hausnummer, angemeldet)
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
1           m      Hasi          1       TRUE
2           w       Ide          2       TRUE
3           d     Momsi          3      FALSE
4           m       Ryu          4       TRUE
5           w      Dave          5      FALSE
6           d      Zoid          6      FALSE
7           m       Adu          7      FALSE
8           w       Efi          8       TRUE
9           d       Ole          9       TRUE
10          m       Ray         10       TRUE
11          w       Sam         11      FALSE
12          d       Emi         12       TRUE
```

Alternativ können die Werte auch direkt dem Datenframe übergeben werden.

```
## Wir schreiben die Werte direkt ins Datenframe
## Das Ergebnis ist das selbe
data.frame(geschlecht = factor(rep(c("m", "w", "d"), 4)),
           spitzname  = c("Hasi", "Ide", "Momsi", "Ryu", "Dave", "Zoid",
                         "Adu", "Efi", "Ole", "Ray", "Sam", "Emi"),
           hausnummer = 1:12,
           angemeldet = c(TRUE, TRUE, FALSE, T, F, F, F, T, T, T, F, T)
)
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
1           m      Hasi          1       TRUE
2           w       Ide          2       TRUE
3           d     Momsi          3      FALSE
4           m       Ryu          4       TRUE
5           w      Dave          5      FALSE
6           d      Zoid          6      FALSE
7           m       Adu          7      FALSE
8           w       Efi          8       TRUE
9           d       Ole          9       TRUE
```

```
10          m       Ray         10       TRUE
11          w       Sam         11      FALSE
12          d       Emi         12       TRUE
```

Das Datenframe speichern wir in die Variable `MeinDatenframe`.

```
# speicher Datenframe in Variable
MeinDatenframe <- data.frame(geschlecht, spitzname, hausnummer, angemeldet)

# zeige Datenklasse an
class(MeinDatenframe)
```

```
[1] "data.frame"
```

Die Funktion `class()` weist unsere Variable als Datenframe aus.

Ähnlich wie bei Matrizen müssen die Vektoren jeweils die selbe Anzahl an Werten (die selbe *Länge*) besitzen, damit das Datenframe vollständig aufgebaut werden kann. Entfernen wir z.B. einen Wert aus der Reihe `hausnummer`, schlägt der Befehl fehl.

```
# Datenframe, "hausnummer" ist einen Wert kürzer
data.frame(geschlecht, spitzname, hausnummer[-1], angemeldet)
```

```
Fehler in data.frame(geschlecht, spitzname, hausnummer[-1], angemeldet) :
  Argumente implizieren unterschiedliche Anzahl Zeilen: 12, 11
```

### 9.4.1 Fälle (Reihen) hinzufügen

Wenn zwei Datenframes mit den `selben` Spaltennamen exisiteren, können diese per `rbind()` zusammengefasst werden. In unserem Beispiel verdoppeln wir einfach unser Datenframe.

```
# füge 2 Datenframes mittels rbind() zusammen
rbind(MeinDatenframe, MeinDatenframe)
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
1           m      Hasi          1       TRUE
2           w       Ide          2       TRUE
3           d     Momsi          3      FALSE
4           m       Ryu          4       TRUE
5           w      Dave          5      FALSE
6           d      Zoid          6      FALSE
7           m       Adu          7      FALSE
8           w       Efi          8       TRUE
```

```
9           d       Ole          9       TRUE
10          m       Ray         10       TRUE
11          w       Sam         11      FALSE
12          d       Emi         12       TRUE
13          m      Hasi          1       TRUE
14          w       Ide          2       TRUE
15          d     Momsi          3      FALSE
16          m       Ryu          4       TRUE
17          w      Dave          5      FALSE
18          d      Zoid          6      FALSE
19          m       Adu          7      FALSE
20          w       Efi          8       TRUE
21          d       Ole          9       TRUE
22          m       Ray         10       TRUE
23          w       Sam         11      FALSE
24          d       Emi         12       TRUE
```

Es funktioniert **nicht**, wenn eine neue Zeile mit einem Datenvektor übergeben wird, denn in einem Vektor können nur Werte des selben Datentyps vorkommen.

```
# füge einzelne Zeile mit rbind() hinzu
rbind(MeinDatenframe, c("m", "Joe", 99, TRUE))
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
1           m      Hasi          1       TRUE
2           w       Ide          2       TRUE
3           d     Momsi          3      FALSE
4           m       Ryu          4       TRUE
5           w      Dave          5      FALSE
6           d      Zoid          6      FALSE
7           m       Adu          7      FALSE
8           w       Efi          8       TRUE
9           d       Ole          9       TRUE
10          m       Ray         10       TRUE
11          w       Sam         11      FALSE
12          d       Emi         12       TRUE
13          m       Joe         99       TRUE
```


Zwar sieht es so aus, als sei die neue Zeile korrekt eingetragen worden, wenn wir jedoch das neue Datenframe in einer Variable abspeichern und die Datenklassen überprüfen, stellen wir fest, was falsch gelaufen ist.

```
# füge einzelne Zeile mit rbind() hinzu
new <- rbind(MeinDatenframe, c("m", "Joe", 99, TRUE))
```

```
# überprüfe Datentyp für Spalte "hausnummer"
class(new$hausnummer)
```

```
[1] "character"
```

Der Datentyp in Spalte `hausnummer` ist auf den „kleinsten gemeinsamen Nenner“ (`character`) zurückgefallen. Das liegt daran, dass zunächst der Vektor in `c()` auf `character` zurückfällt. Somit sind alle Werte in der `c()`-Funktion vom Typ `character`. Bei `hausnummer` zieht nun dieser neue Wert die gesamte Spalte auf den Typ `character` zurück. Ebenso verhält es sich bei Variable `angemeldet`, die eigentlich mal vom Typ `logical` war.

```
# überprüfe Datentyp für Spalte "geschlecht"
class(new$angemeldet)
```

```
[1] "character"
```

Wenn wir mit der Spalte `hausnummer` rechnen wollen, schlägt dies fehl.

```
# multipliziere Spalte "hausnummer" mit 2
new$hausnummer * 2
```

```
Fehler in new$hausnummer * 2 : nicht-numerisches Argument für binären Operator
```

**Ein falscher `rbind()`-Befehl kann Ihnen also das gesamte Datenframe „zerschießen“.**

Dies ist ein häufiger Anfängerfehler, **seien Sie sorgsam**, wenn Sie einem Datenframe neue Zeilen hinzufügen!

Um also eine neue Zeile korrekt dem Datenframe hinzuzufügen, muss diese neue Zeile ebenfalls als Datenframe in der selben Struktur (also mit den selben Variablen (Spalten) vorliegen.

```
# neue Zeile
neuezeile <- data.frame( factor("m"), "Joe", 99, TRUE)

# übergebe die Spaltennamen an die neue Zeile
colnames(neuezeile) <- colnames(MeinDatenframe)

# füge zu Datenframe hinzu
new <- rbind(MeinDatenframe, neuezeile)

# anzeigen
new
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
1           m      Hasi          1       TRUE
```

```
2           w       Ide          2       TRUE
3           d     Momsi          3      FALSE
4           m       Ryu          4       TRUE
5           w      Dave          5      FALSE
6           d      Zoid          6      FALSE
7           m       Adu          7      FALSE
8           w       Efi          8       TRUE
9           d       Ole          9       TRUE
10          m       Ray         10       TRUE
11          w       Sam         11      FALSE
12          d       Emi         12       TRUE
13          m       Joe         99       TRUE
```

### 9.4.2 Variablen (Spalten) hinzufügen

Mit dem Befehl `cbind()` können dem Datenframe neue Spalten hinzugefügt werden. Hierbei ist wichtig, dass die neue Spalte die selbe Anzahl an Werten aufweist wie die anderen Spalten des Datenframes. Wir erzeugen eine neue Variable und fügen diese als neue Spalte dem Datenframe hinzu.

```
# neue Variable mit 12 Werten
kinder <- c(1, 4, 3, 1, 2, 3, 2, 1, 4, 2, 3, 4)

# neues Datenframe mit dieser Spalte
new <- cbind(MeinDatenframe, kinder)

# anzeigen
new
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet kinder
1           m      Hasi          1       TRUE      1
2           w       Ide          2       TRUE      4
3           d     Momsi          3      FALSE      3
4           m       Ryu          4       TRUE      1
5           w      Dave          5      FALSE      2
6           d      Zoid          6      FALSE      3
7           m       Adu          7      FALSE      2
8           w       Efi          8       TRUE      1
9           d       Ole          9       TRUE      4
10          m       Ray         10       TRUE      2
11          w       Sam         11      FALSE      3
12          d       Emi         12       TRUE      4
```

Wir könnten aber auch einfach schreiben:

```
MeinDatenframe$kinder <- kinder
```

### 9.4.3 Datenframes zusammenführen

Wenn die Variablen (Spalten) von zwei Datensätzen zusammengefügt werden sollen, kann alternativ auch die Funktion `merge()` verwendet werden. Die Funktion schaut in beiden Datenframes nach einer ID-Variable, anhand derer sie die Daten einander zuordnen kann. In unserem Beispiel kann das die Variable `spitzname` sein. Ein weiteres Test-Datenframe könnte so aussehen:

```
## Wir schreiben die Werte direkt ins Datenframe
## Das Ergebnis ist das selbe
test <- data.frame(kinder = c(1, 4, 3, 1, 2, 3, 2, 1, 4, 2, 3, 4),
           spitzname  = c( "Emi", "Dave", "Sam", "Hasi", "Zoid",
                           "Ray", "Ide", "Momsi", "Ryu", "Adu", "Efi", "Ole")
)
# anzeigen
test
```

```
   kinder spitzname
1       1       Emi
2       4      Dave
3       3       Sam
4       1      Hasi
5       2      Zoid
6       3       Ray
7       2       Ide
8       1     Momsi
9       4       Ryu
10      2       Adu
11      3       Efi
12      4       Ole
```

Wie Sie sehen können, ist die Reihenfolge der Spitznamen eine andere als in `MeinDatenframe`. Mittels `merge()` können die beiden Datenframes nun dennoch zusammengefügt werden. Über die Parameter `by.x` und `by.y` legen wir fest, anhand welcher Spalten das Zusammenführen ausgerichtet werden soll. In beiden Datensätzen ist dies die Variable `spitzname`. Daher lautet der Funktionsaufruf:

```
## Vereine MeinDatenframe und test
## anhand der Spalte spitzname
merge(MeinDatenframe, test,
      by.x = "spitzname", by.y = "spitzname")
```

Die Daten wurden korrekt anhand der Spitznamen zusammengefügt.

### 9.4.4 Fälle und Variablen auswählen

Ebenso wie bei der Matrix lassen sich die einzelnen Spalten und Zeilen referenzieren, indem wir in eckigen Klammern die gewünschte Position angeben.

```
```

```
# Zeige nur die erste Spalte
MeinDatenframe[,1]
```

```
[1] m w d m w d m w d m w d
Levels: d m w
```

Die einzelnen Spalten des Datenframes lassen sich auch über ihren Namen referenzieren. Hierfür schreiben wir ein Dollarzeichen `$` und hängen den Spaltennamen daran.

```
# Zeige nur Spalte "geschlecht"
MeinDatenframe$geschlecht
```

```
[1] m w d m w d m w d m w d
Levels: d m w
```

```
# Zeige nur Spalte "angemeldet"
MeinDatenframe$angemeldet
```

```
[1]  TRUE  TRUE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE  TRUE FALSE  TRUE
```

So können wir auch die jeweiligen Datentypen der Spaltenwerte überprüfen.

```
# welcher Datentyp liegt in Spalte "angemeldet" vor?
class(MeinDatenframe$angemeldet)
```

```
[1] "logical"
```

```
# welcher Datentyp liegt in Spalte "spitzname" vor?
class(MeinDatenframe$spitzname)
```

```
[1] "character"
```

```
# welcher Datentyp liegt in der 1. Spalte vor?
class(MeinDatenframe[, 1])
```

```
[1] "factor"
```

Möchten wir uns die *Fälle* (also die Zeilen) ausgeben lassen, erfolgt dies mit

```
# Zeige Fall Nummer 4
MeinDatenframe[4,]
```

```
  geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
4          m       Ryu          4       TRUE
```

oder für Fallserien per

```
# Zeige Fälle Nummer 2 bis 5
MeinDatenframe[2:5,]
```

```
  geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
2          w       Ide          2       TRUE
3          d     Momsi          3      FALSE
4          m       Ryu          4       TRUE
5          w      Dave          5      FALSE
```

Wir können auch bedingte Ausgaben erzeugen.

```
# Zeige nur die Fälle mit "hausnummer" kleiner als 5
MeinDatenframe[MeinDatenframe$hausnummer<5, ]
```

```
  geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
1          m      Hasi          1       TRUE
2          w       Ide          2       TRUE
3          d     Momsi          3      FALSE
4          m       Ryu          4       TRUE
```

```
# Zeige nur die Fälle mit "angemeldet" = TRUE
MeinDatenframe[MeinDatenframe$angemeldet==T, ]
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
1           m      Hasi          1       TRUE
2           w       Ide          2       TRUE
4           m       Ryu          4       TRUE
8           w       Efi          8       TRUE
9           d       Ole          9       TRUE
10          m       Ray         10       TRUE
12          d       Emi         12       TRUE
```

Dies kann auch verknüpft werden:

```
# Zeige nur die Fälle mit "angemeldet" = TRUE # und "hausnummer" größer 6
MeinDatenframe[(MeinDatenframe$angemeldet==T) & (MeinDatenframe$hausnummer>6),]
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
8           w       Efi          8       TRUE
9           d       Ole          9       TRUE
10          m       Ray         10       TRUE
12          d       Emi         12       TRUE
```

**☠ Achtung! Anfängerfehler! ☠**

Beachten Sie, dass wir jedes Mal, wenn wir auf eine Spalte des Datenframes referenzieren möchten, den Datenframe-Namen mit einem Dollarzeichen `$` schreiben müssen. Tun wir das nicht, sucht `R` nach einer Variable im Workspace, und nutzt dann *deren* Werte. Dies ist ein häufiger Anfängerfehler!

Die ständige Angabe des Datenframes macht die Befehle recht lang.

Mit der Funktion `with()` können wir uns die Referenzierung mit `$` sparen. Wir übergeben der Funktion `with()` unser Datenframe, und sagen dann, was damit getan werden soll.

```
# mit Funktion with() wird es leichter
with(MeinDatenframe, MeinDatenframe[hausnummer>4 & angemeldet==F, ])
```

```
   geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
5           w      Dave          5      FALSE
6           d      Zoid          6      FALSE
7           m       Adu          7      FALSE
11          w       Sam         11      FALSE
```

```
# mit Funktion with() wird es leichter
with(MeinDatenframe, spitzname[hausnummer>4 & angemeldet==F])
```

```
[1] "Dave" "Zoid" "Adu"  "Sam"
```

Das funktioniert in Kombination mit jeder anderen Funktion.

```
# Summe der Hausnummern
with(MeinDatenframe, sum(hausnummer))
```

```
[1] 78
```

```r
# Häufigkeit von geschlecht
with(MeinDatenframe, table(geschlecht))
```

```
geschlecht
d m w
4 4 4
```

Ähnlich wie bei Matrizen können wir die Zeilen- und Spaltentitel anpassen. Mit `colnames()` können wir die Spalten umbenennen.

```r
# benenne Spalten des Datenframes
colnames(MeinDatenframe) <- c("Sex", "Nickname", "House", "confirmed")

# anzeigen
MeinDatenframe
```

```
   Sex Nickname House confirmed
1    m     Hasi     1      TRUE
2    w      Ide     2      TRUE
3    d    Momsi     3     FALSE
4    m      Ryu     4      TRUE
5    w     Dave     5     FALSE
6    d     Zoid     6     FALSE
7    m      Adu     7     FALSE
8    w      Efi     8      TRUE
9    d      Ole     9      TRUE
10   m      Ray    10      TRUE
11   w      Sam    11     FALSE
12   d      Emi    12      TRUE
```

Dementsprechend können mit `rownames()` die Zeilen umbenannt werden.

```r
# benenne Spalten des Datenframes
rownames(MeinDatenframe) <- c("Eins", "Zwei", "Drei", "Vier", "Fünf", "Sechs",
                              "Sieben", "Acht", "Neun", "Zehn", "Elf", "Zwölf")

# anzeigen
MeinDatenframe
```

```
       Sex Nickname House confirmed
Eins     m     Hasi     1      TRUE
Zwei     w      Ide     2      TRUE
Drei     d    Momsi     3     FALSE
Vier     m      Ryu     4      TRUE
Fünf     w     Dave     5     FALSE
Sechs    d     Zoid     6     FALSE
```

```
Sieben   m      Adu     7     FALSE
Acht     w      Efi     8      TRUE
Neun     d      Ole     9      TRUE
Zehn     m      Ray    10      TRUE
Elf      w      Sam    11     FALSE
Zwölf    d      Emi    12      TRUE
```

Das sollte bei einem Datenframe nach dem *Tidy Data* Prinzip (siehe Abschnitt 25) aber niemals notwendig sein.

Mit der Funktion `class()` kann die Datenklasse angezeigt werden.

```
# welcher Datentyp ist "MeinDatenframe"
class(MeinDatenframe)
```

```
[1] "data.frame"
```

Mit der Funktion `is.data.frame()` kann zudem geprüft werden, ob ein Objekt ein Faktor ist.

```
# ist "MeinDatenframe" ein Datenframe?
is.data.frame(MeinDatenframe)
```

```
[1] TRUE
```

```
# ist "mymatrix" ein Datenframe?
is.data.frame(mymatrix)
```

```
[1] FALSE
```

In `RStudio` werden die Variablen und Datensätze im Datenfenster oben rechts angezeigt (Abbildung 30).

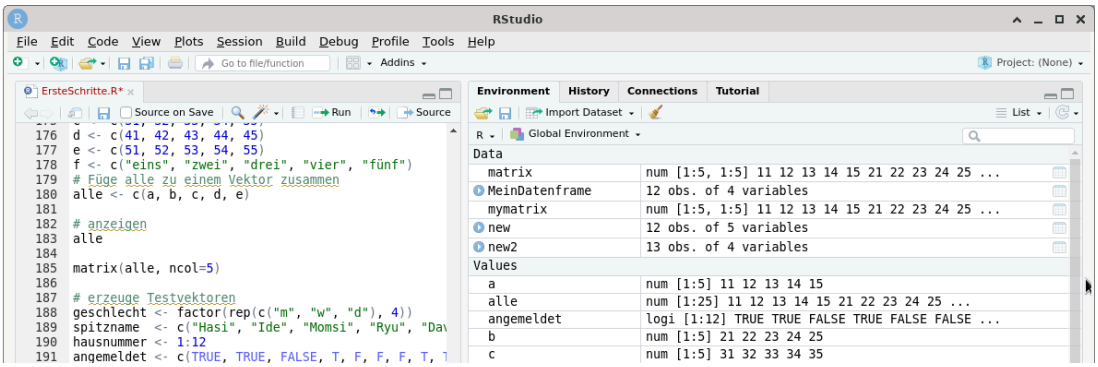



Abbildung 30: Datenfenster rechts oben

Wenn Sie hier auf einen Datensatz klicken, z.B. auf `MeinDatenframe`, so werden Ihnen die *Inhalte* (also die Werte) des Datensatzes im Scriptfenster angezeigt (Abbildung 31).

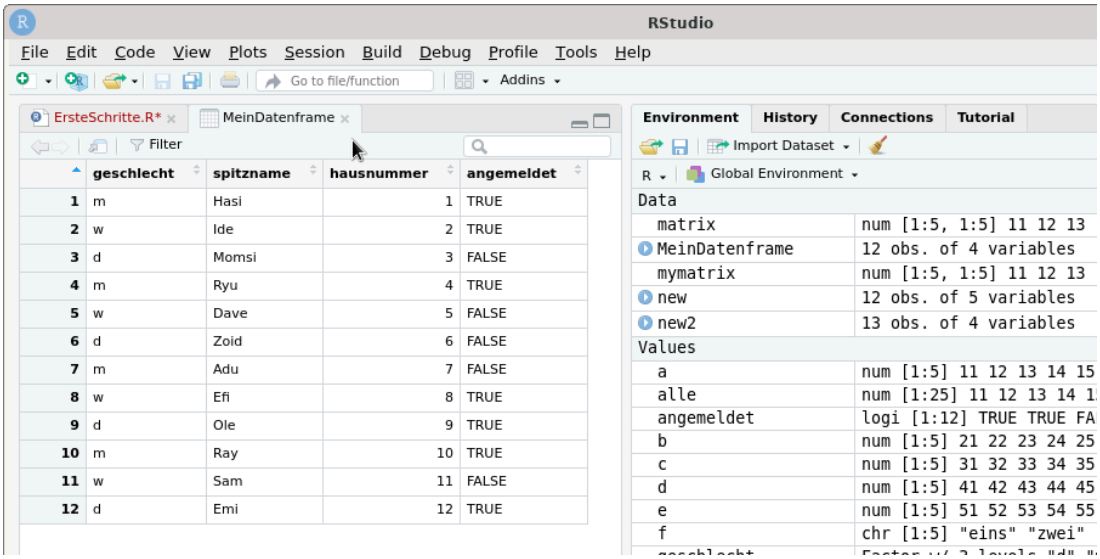



Abbildung 31: Datensatz ansehen

Wir können mit der Funktion `as.data.frame()` Objekte in ein Datenframe umwandeln. Schauen wir uns erneut die auf Seite erzeugte Matrix der Beschäftigten in den Pflegeberufen an.

```
# zeige Matrix
Pflegeberufe
```

```
                       1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011   2013
Krankenpflegeassistenz  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371
Altenpflegehilfe        55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363
Kinderkrankenpflege     47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937
Krankenpflege          430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580
Altenpflege            109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154
                        2015
Krankenpflegeassistenz  64127
Altenpflegehilfe        49507
Kinderkrankenpflege     48913
Krankenpflege          476416
Altenpflege            246412
```

Mit der Funktion `as.data.frame()` wandeln wir die Matrix in ein Datenframe um.

```
# wandle Matrix in Datenframe um
Pflegeframe <- as.data.frame(Pflegeberufe)

# anzeigen
Pflegeframe
```

```
                       1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011   2013
Krankenpflegeassistenz  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371
Altenpflegehilfe        55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363
```

```
Kinderkrankenpflege     47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937
Krankenpflege          430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580
Altenpflege            109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154
                         2015
Krankenpflegeassistenz  64127
Altenpflegehilfe        49507
Kinderkrankenpflege     48913
Krankenpflege          476416
Altenpflege            246412
```

Kommen wir noch einmal auf das Konzept *Tidy Data* zurück (siehe Abschnitt 25). Ein Datenframe sollte möglichst so aufgebaut sein, dass jeweils ein Fall pro Zeile abgebildet wird. Das ist bei unserem Datenframe `Pflegeframe` aber nicht der Fall.

Ein *Datenframe* würde sich aus der Matrix jede Beschäftigtenzahl einzeln vornehmen, um dann zu fragen „*aus welchem Jahr stammt diese Zahl?*“ und „*aus welcher Berufsgruppe stammt diese Zahl?*“. Das heisst, es würde hinterher dieser Struktur folgen:

```
    Jahr    Berufsgruppe     Wert
1   1999    Krankenpflege    430983
2   2001    Krankenpflege    436767
3   2001    Altenpflege      124879
4   2003    Altenpflegehilfe 49727
            ( . . . )
```

Man spricht in diesem Zusammenhang von `long table` und `wide table`. Die Matrix der Pflegeberufe stellt dabei die *wide table*, die *breite* Tabelle dar. „Breit“ bedeutet, dass die Tabelle, wenn wir ihr nun 10 weitere Jahrgänge hinzufügen würden, immer breiter und breiter werden würde.

Unser angestrebtes Tidy-Data-Datenframe ist vom Typ *long table*, da die Tabelle, wenn wir ihr Daten hinzufügen würden, immer *länger* und länger werden würde.

Wie formen wir unsere Matrix in ein *Tidy Data*-Datenframe, also in eine *long table*, um?

Mit der Funktion `expand.grid()` kann ein Datenframe mit Wertepaaren erzeugt werden. Für unser Beispiel mit den Pflegeberufen brauchen wir im Datenframe je eine Zeile für alle möglichen Kombinationen aus `Jahr` und `Berufsgruppe`. Die Funktion `expand.grid()` erzeugt genau solche Paarungen. Idealerweise sind die benötigten Werte (alle `Jahre` und alle `Berufsgruppen`) als Zeilen- und Spaltennamen in der Matrix `Pflegeberufe` vorhanden.

```
# erzeuge ein Tidy-Data-Dataframe mit allen möglichen Kombinationen
# aus Jahren und Berufsgruppen
new <- expand.grid( colnames(Pflegeberufe), rownames(Pflegeberufe))

# anzeigen
new
```

```

```

```
   Var1                  Var2
1  1999 Krankenpflegeassistenz
2  2001 Krankenpflegeassistenz
3  2003 Krankenpflegeassistenz
4  2005 Krankenpflegeassistenz
5  2007 Krankenpflegeassistenz
6  2009 Krankenpflegeassistenz
7  2011 Krankenpflegeassistenz
8  2013 Krankenpflegeassistenz
9  2015 Krankenpflegeassistenz
10 1999       Altenpflegehilfe
11 2001       Altenpflegehilfe
12 2003       Altenpflegehilfe
13 2005       Altenpflegehilfe
(...)
```

Mit der Funktion `cbind()` können wir nun die Zahlenwerte aus der Matrix als neue Spalte an das Datenframe anhängen. Dafür müssen die Werte in Form eines Vektors vorliegen.

Um die Matrix als Vektor auszugeben nutzen wir die Funktion `as.vector()`.

```
# stelle die Matrix als Vektor dar
as.vector(Pflegeberufe)
```

```
 [1]  16624  55770  47779 430983 109161  19061  52710  48203 436767 124879
[11]  19478  49727  48822 444783 141965  21537  45776  48519 449355 158817
[21]  27731  48326  49080 457322 178902  36481  47903  49307 465446 194195
[31]  46517  47978  48291 468192 208304  54371  48363  48937 472580 227154
[41]  64127  49507  48913 476416 246412
```

Wie Sie sehen, überführt `R` die Matrix spaltenweise in den Vektor. Für unser neues Datenframe bräuchten wir aber einen zeilenorientierten Vektor, damit er mit der Reihenfolge der Einträge (Paarung aus `Jahr` und `Berufsgruppe`) übereinstimmt. Um einen reihenorientierten Vektor zu erzeugen muss die Matrix mit der Funktion `t()` transpoiniert werden.

```
# stelle die Matrix als Vektor dar
# zeilenorientiert
as.vector(t(Pflegeberufe))
```

```
 [1]  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371  64127  55770
[11]  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363  49507  47779  48203
[21]  48822  48519  49080  49307  48291  48937  48913 430983 436767 444783
[31] 449355 457322 465446 468192 472580 476416 109161 124879 141965 158817
[41] 178902 194195 208304 227154 246412
```

Diesen Vektor fügen wir nun per `cbind()` dem Datenframe als neue Spalte hinzu

```
# füge Spalte hinzu
Pflegeframe <- cbind(new, as.vector(t(Pflegeberufe)))

# benenne die Spalten neu
colnames(Pflegeframe) <- c("Jahr", "Berufsgruppe", "Anzahl")
# zeige an
Pflegeframe
```

```
   Jahr           Berufsgruppe Anzahl
1  1999 Krankenpflegeassistenz  16624
2  2001 Krankenpflegeassistenz  19061
3  2003 Krankenpflegeassistenz  19478
4  2005 Krankenpflegeassistenz  21537
5  2007 Krankenpflegeassistenz  27731
6  2009 Krankenpflegeassistenz  36481
7  2011 Krankenpflegeassistenz  46517
8  2013 Krankenpflegeassistenz  54371
9  2015 Krankenpflegeassistenz  64127
10 1999       Altenpflegehilfe  55770
11 2001       Altenpflegehilfe  52710
12 2003       Altenpflegehilfe  49727
13 2005       Altenpflegehilfe  45776
14 2007       Altenpflegehilfe  48326
(...)
```

Der vollständige Code, ohne Hilfsdatenframe `new`, zur Überführung der Matrix `Pflegeberufe` in das Tidy-Data-Datenframe `Pflegeframe` sieht also so aus:

```
# füge Spalte hinzu
Pflegeframe <- cbind(expand.grid( colnames(Pflegeberufe), rownames(Pflegeberufe)),
as.vector(t(Pflegeberufe)))

# benenne die Spalten neu
colnames(Pflegeframe) <- c("Jahr", "Berufsgruppe", "Anzahl")
# zeige erste 12 Fälle an
head(Pflegeframe, 12)
```

```
   Jahr           Berufsgruppe Anzahl
1  1999 Krankenpflegeassistenz  16624
2  2001 Krankenpflegeassistenz  19061
3  2003 Krankenpflegeassistenz  19478
4  2005 Krankenpflegeassistenz  21537
5  2007 Krankenpflegeassistenz  27731
6  2009 Krankenpflegeassistenz  36481
7  2011 Krankenpflegeassistenz  46517
8  2013 Krankenpflegeassistenz  54371
9  2015 Krankenpflegeassistenz  64127
10 1999       Altenpflegehilfe  55770
```

```
11 2001       Altenpflegehilfe  52710
12 2003       Altenpflegehilfe  49727
```

## 9.5 Listen

In der Datenklasse Listen können beliebige Datenobjekte (Vektor, Faktor, Datenframe, Matrizen) zusammengefasst werden. Listen sind also eine Ansammlung an Datenobjekten, ähnlich wie ein Schrank oder ein Koffer, in welchem man „sein Zeug“ ablegt. Wir generieren testweise eine Liste aus den Datenobjekten, die wir bislang erzeugt haben. Dies erfolgt in mit der Funktion `list()`.

```
# erzeuge eine Liste aus den Datenobjekten
# "MeinDatenframe", "mymatrix", "geschlecht" und "logical"
MeineListe <- list(MeinDatenframe, mymatrix, geschlecht, logical)

# anzeigen
MeineListe
```

```
[[1]]
       geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Eins            m      Hasi          1       TRUE
Zwei            w       Ide          2       TRUE
Drei            d     Momsi          3      FALSE
Vier            m       Ryu          4       TRUE
Fünf            w      Dave          5      FALSE
Sechs           d      Zoid          6      FALSE
Sieben          m       Adu          7      FALSE
Acht            w       Efi          8       TRUE
Neun            d       Ole          9       TRUE
Zehn            m       Ray         10       TRUE
Elf             w       Sam         11      FALSE
Zwölf           d       Emi         12       TRUE

[[2]]
     a  b  c  d  e
I   11 21 31 41 51
II  12 22 32 42 52
III 13 23 33 43 53
IV  14 24 34 44 54
V   15 25 35 45 55

[[3]]
 [1] m w d m w d m w d m w d
Levels: d m w

[[4]]
function (length = 0L)
.Internal(vector("logical", length))
```

```
<bytecode: 0x6235e93fc498>
<environment: namespace:base>
```

Wie Sie sehen, werden die einzelnen Positionen der Datenobjekte durch doppelte eckige Klammer angezeigt (`[[1]]` ist unser Datenframe, `[[2]]` unsere Matrix, usw.) und können über diese auch referenziert werden.

```
# zeige Objekt 1 (= unser Datenframe)
MeineListe[[1]]
```

```
       geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Eins            m      Hasi          1       TRUE
Zwei            w       Ide          2       TRUE
Drei            d     Momsi          3      FALSE
Vier            m       Ryu          4       TRUE
Fünf            w      Dave          5      FALSE
Sechs           d      Zoid          6      FALSE
Sieben          m       Adu          7      FALSE
Acht            w       Efi          8       TRUE
Neun            d       Ole          9       TRUE
Zehn            m       Ray         10       TRUE
Elf             w       Sam         11      FALSE
Zwölf           d       Emi         12       TRUE
```

```
# zeige Objekt 3 (= variable "geschlecht")
MeineListe[[3]]
```

```
[1] m w d m w d m w d m w d
Levels: d m w
```

Die Werte der jeweiligen Objekte können anschließend wie gewohnt referenziert werden.

```
# zeige Objekt 3, aber nur den 5. Wert
MeineListe[[3]][5]
```

```
[1] w
Levels: d m w
```

```
# zeige Objekt 2, aber nur die 3. Spalte
MeineListe[[2]][, 3]
```

```

```

```
  I  II III  IV   V
 31  32  33  34  35
```

# 10 Fehlende Daten

Fehlende Daten werden in R mit dem Ausdruck NA (für „not available“) dargestellt. Angenommen Sie erfragen von zehn Personen das Alter, und zwei Personen geben keine Auskunft, dann könnten man das wie folgt in einem Vektor darstellen.

```
# Alter von 10 Personen
alter <- c(28, 30, NA, 21, 27, 43, NA, 35, 22, 18)
# anzeigen
alter
```

```
[1] 28 30 NA 21 27 43 NA 35 22 18
```

Möchten wir nun die Summe der Alterswerte bestimmen, meldet R uns NA zurück

```
# Summe der Altersangaben
sum(alter)
```

```
[1] NA
```

Die Berechnung wird nicht durchgeführt, da fehlende Werte in der Reihe vorkommen. Möchte man die Berechnung erzwingen, kann (bei fast jeder -Funktion) der Parameter na.rm (für *NA* ***rem****ove*; entferne NA) auf TRUE gesetzt werden. So werden alle fehlenden Daten ignoriert und die Berechnungen nur mit der Restmenge durchgeführt.

```
# Summe der Altersangaben OHNE NA
sum(alter, na.rm=TRUE)
```

```
[1] 224
```

Mit der Funktion is.na() kann geprüft werden, ob fehlende Werte enthalten sind

```
# sind Werte in "alter" NA?
is.na(alter)
```

```
[1] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE
```

Möchten wir wissen, an welcher Position sich die `NA`-Einträge befinden können wir die Funktion `which()` mit `is.na()` kombinieren

```
# welche Position haben die NAs in "alter"
which(is.na(alter))
```

```
[1] 3 7
```

Sind *keine* `NA`s enthalten, meldet `R` ein `integer(0)` zurück

```
# keine NAs in "Pflegeframe"
which(is.na(Pflegeframe))
```

```
 integer(0)
```

# 11 Umgang mit Datensätzen

Mit der Funktion `str()` (für ***str****ucture*) erhalten wir eine erste Beschreibung des Datensatzes.

```
# Übersicht von "MeinDatenframe"
str(MeinDatenframe)
```

```
'data.frame':    12 obs. of  4 variables:
 $ geschlecht: Factor w/ 3 levels "d","m","w": 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 ...
 $ spitzname : chr  "Hasi" "Ide" "Momsi" "Ryu" ...
 $ hausnummer: int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
 $ angemeldet: logi  TRUE TRUE FALSE TRUE FALSE FALSE ...
```

Das Datenframe `MeinDatenframe` enthält 12 Beobachtungen von 4 Variablen. Varibale `geschlecht` ist ein Faktor mit 3 Ausprägungen, usw.

In `RStudio` werden diese Informationen im Datenfenster angezeigt (Abbildung 32).

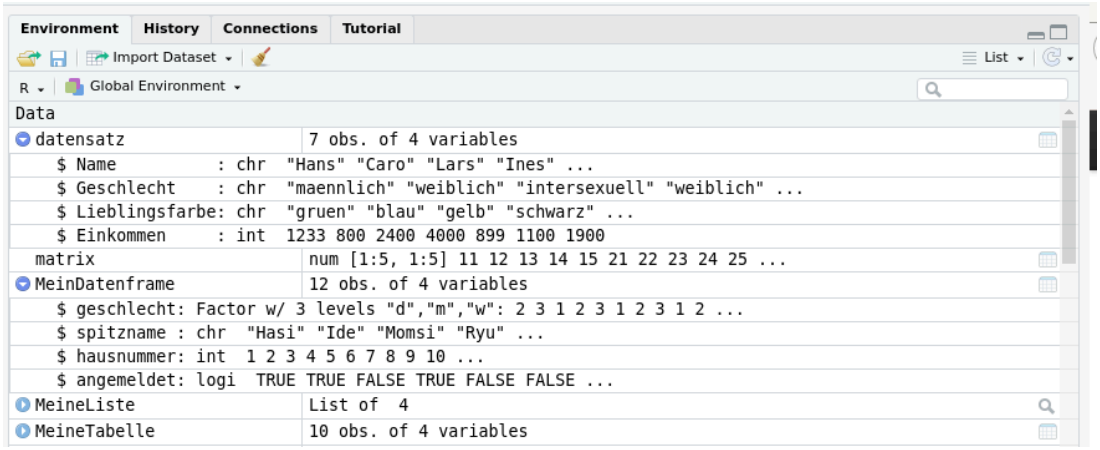



Abbildung 32: `str()` im Datenfenster

Mit der Funktion `head()` können Sie sich einen weiteren Überblick über den Datensatz verschaffen. Die Funktion `head()` gibt die ersten 6 Zeilen des Datensatzes aus.

```
# zeige die ersten 6 Reihen von "MeinDatenframe"
head(MeinDatenframe)
```

```
      geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Eins           m      Hasi          1       TRUE
Zwei           w       Ide          2       TRUE
Drei           d     Momsi          3      FALSE
Vier           m       Ryu          4       TRUE
Fünf           w      Dave          5      FALSE
Sechs          d      Zoid          6      FALSE
```

Möchten wir mehr als 6 Einträge sehen, können wir dies an `head()` übergeben:

```
# zeige die ersten 10 Reihen von "MeinDatenframe"
head(MeinDatenframe, 10)
```

```
       geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Eins            m      Hasi          1       TRUE
Zwei            w       Ide          2       TRUE
Drei            d     Momsi          3      FALSE
Vier            m       Ryu          4       TRUE
Fünf            w      Dave          5      FALSE
Sechs           d      Zoid          6      FALSE
Sieben          m       Adu          7      FALSE
Acht            w       Efi          8       TRUE
Neun            d       Ole          9       TRUE
Zehn            m       Ray         10       TRUE
```

Im Gegensatz dazu zeigt `tail()` die letzten Reihen des Datenframes an.

```
# zeige die letzten 5 Reihen von "MeinDatenframe"
tail(MeinDatenframe, 5)
```

```
      geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Acht           w       Efi          8       TRUE
Neun           d       Ole          9       TRUE
Zehn           m       Ray         10       TRUE
Elf            w       Sam         11      FALSE
Zwölf          d       Emi         12       TRUE
```

## 11.1 Sortieren

Mit der Funktion `sort()` können Datenreihen auf- und absteigend sortiert werden. Standardmäßig wird aufsteigend sortiert.

```
# sortiere "hausnummer" von "MeinDatenframe" aufsteigend
sort(MeinDatenframe$hausnummer)
```

```
[1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12
```

Um absteigend zu sortieren, muss der Parameter `decreasing` auf `TRUE` gesetzt werden

```
# sortiere "spitzname" von "MeinDatenframe" absteigend
sort(MeinDatenframe$spitzname, decreasing=T)
```

```
 [1] "Zoid"  "Sam"   "Ryu"   "Ray"   "Ole"   "Momsi" "Ide"   "Hasi"  "Emi"
[10] "Efi"   "Dave"  "Adu"
```

Mit der Funktion `order()` werden die Zeilen*positionen* ausgegeben, an deren Stelle sich die von `sort()` sortierten Daten befinden.

```
# sortiere "spitznamen" von "MeinDatenframe"
# aufsteigend, und zeige Positionen an
order(MeinDatenframe$spitzname)
```

```
[1]  7  5  8 12  1  2  3  9 10  4 11  6
```

Das kann man nun verwenden, um den kompletten Datensatz in dieser Ordnung anzuzeigen. Wir können ja durch Anhängen von eckigen Klammern die gewünschten Zeilen und Spalten des Datenframes referenzieren. Also übergeben wir die Positionsreihenfolge von `order()` als Argument in die eckige Klammer.

```
# sortiere "spitznamen" von "MeinDatenframe"
# aufsteigend, zeige ganzes Datenframe an
MeinDatenframe[ order(MeinDatenframe$spitzname), ]
```

```
##        geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Sieben          m       Adu          7      FALSE
Fünf            w      Dave          5      FALSE
Acht            w       Efi          8       TRUE
Zwölf           d       Emi         12       TRUE
Eins            m      Hasi          1       TRUE
Zwei            w       Ide          2       TRUE
Drei            d     Momsi          3      FALSE
Neun            d       Ole          9       TRUE
Zehn            m       Ray         10       TRUE
Vier            m       Ryu          4       TRUE
Elf             w       Sam         11      FALSE
Sechs           d      Zoid          6      FALSE
```

Oder andersherum

```
# sortiere "spitznamen" von "MeinDatenframe"
# absteigend, zeige ganzes Datenframe an
MeinDatenframe[order(MeinDatenframe$spitzname, decreasing=T), ]
```

```
       geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Sechs           d      Zoid          6      FALSE
Elf             w       Sam         11      FALSE
Vier            m       Ryu          4       TRUE
Zehn            m       Ray         10       TRUE
Neun            d       Ole          9       TRUE
Drei            d     Momsi          3      FALSE
Zwei            w       Ide          2       TRUE
Eins            m      Hasi          1       TRUE
Zwölf           d       Emi         12       TRUE
Acht            w       Efi          8       TRUE
Fünf            w      Dave          5      FALSE
Sieben          m       Adu          7      FALSE
```

## 11.2 Teilgruppen erstellen

Mit der Funktion `subset()` können Teilgruppen aus einem Datenframe erstellt werden.

```
# erstelle eine Teilgruppe aus MeinDatenframe
# für "geschlecht" = d
subset(MeinDatenframe, geschlecht=="d")
```

```
      geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Drei           d     Momsi          3      FALSE
Sechs          d      Zoid          6      FALSE
Neun           d       Ole          9       TRUE
Zwölf          d       Emi         12       TRUE
```

```r
# nur männliche Probanden
subset(MeinDatenframe, geschlecht=="m")
```

```
       geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Eins            m      Hasi          1       TRUE
Vier            m       Ryu          4       TRUE
Sieben          m       Adu          7      FALSE
Zehn            m       Ray         10       TRUE
```

```r
# nur solche mit hausnummer kleiner 6
subset(MeinDatenframe, hausnummer < 6)
```

```
     geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Eins          m      Hasi          1       TRUE
Zwei          w       Ide          2       TRUE
Drei          d     Momsi          3      FALSE
Vier          m       Ryu          4       TRUE
Fünf          w      Dave          5      FALSE
```

Hierbei können mehrere Bedingungen mittels `&` und `|` verknüpft werden

```r
# mehr Bedingungen
subset(MeinDatenframe, (geschlecht=="m" | geschlecht=="d") &
                        angemeldet==FALSE & hausnummer > 3)
```

```
       geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Sechs           d      Zoid          6      FALSE
Sieben          m       Adu          7      FALSE
```

Über den Parameter `select` kann angegeben werden, welche Spalten übernommen werden sollen.

```r
# erstelle eine Teilgruppe aus MeinDatenframe
# für "geschlecht" = d
# aber nur Spalte "spitzname" und "angemeldet"
subset(MeinDatenframe, geschlecht=="d", select = c(spitzname, angemeldet))
```

```
      spitzname angemeldet
Drei      Momsi      FALSE
Sechs      Zoid      FALSE
Neun        Ole       TRUE
Zwölf       Emi       TRUE
```

Eine andere Möglichkeit zur Erstellung von Teilgruppen kann über die Referenzierung der Zeilen und Spalten des Datenframes (eckige Klammern) erfolgen

```
# erstelle eine Teilgruppe aus MeinDatenframe
# für "geschlecht" = w
MeinDatenframe[ MeinDatenframe$geschlecht == "w", ]
```

```
     geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Zwei          w       Ide          2       TRUE
Fünf          w      Dave          5      FALSE
Acht          w       Efi          8       TRUE
Elf           w       Sam         11      FALSE
```

Auf diese Weise können die Bedingungen auch mit einem & kombiniert werden.

```
# erstelle eine Teilgruppe aus MeinDatenframe
# für "geschlecht" = w und "hausnummer" größer 5
MeinDatenframe[(MeinDatenframe$geschlecht=="w") & (MeinDatenframe$hausnummer > 5) ,]
```

```
     geschlecht spitzname hausnummer angemeldet
Acht          w       Efi          8       TRUE
Elf           w       Sam         11      FALSE
```

Über Angabe der Spaltennummern können wir das Teilset noch weiter zusammenschrumpfen lassen.

```
# erstelle eine Teilgruppe aus MeinDatenframe
# für "geschlecht" = w und "angemeldet" = TRUE
# aber nur Spalte "spitzname" und "hausnummer"
MeinDatenframe[(MeinDatenframe$geschlecht == "w") & (MeinDatenframe$angemeldet== T),
               c(2,3)]
```

```
     spitzname hausnummer
Zwei       Ide          2
Acht       Efi          8
```

Möchte man auf die Referenzierung per Dollarzeichen `$` verzichten, kann die Funktion `with()` verwendet werden.

```
# with() macht es leichter
with(MeinDatenframe,
     MeinDatenframe[(geschlecht == "w") & (angemeldet == T),
     c(2,3)])
```

```
     spitzname hausnummer
Zwei       Ide          2
Acht       Efi          8
```

## 11.3 Klassen für Variablen bilden (klassieren)

Angenommen, eine Variable enthält Werte zwischen 0 und 500, und wir möchten diese Werte in die Gruppen „0-70“, „71-200“, „201-400“, „>400“ klassieren.

Erstellen wir zunächst zufällige Zahlen zwischen 0 und 500.

```
# erzeuge 200 Zufallszahlen von 0 bis 500
dummy <- sample(0:500, 200)
# bzw. direkt als Dataframe
dummy <- data.frame(x = sample(0:500, 200))
```

Nun erzeugen wir die neue Variable `xKAT`, in welcher die Klassierung angegeben werden soll. Dies kann auf mehreren Wegen erfolgen.

### 11.3.1 Klassieren „von Hand“

Zunächst erzeugen wir die Kategorien „von Hand“.

```
# wir bilden Kategorien
#      "0-70"
#      "71-200"
#      "201-400"
#      "> 400"
# und speichern das in die neue Variable xKAT
dummy$xKAT[dummy$x <71] <- "0-70"
dummy$xKAT[dummy$x <201 & dummy$x > 70] <- "71-200"
dummy$xKAT[dummy$x <401 & dummy$x > 200] <- "201-400"
dummy$xKAT[dummy$x >400] <- "größer 400"
```

Anschließend wandeln wir die neue Variable in einen ordinalen Faktor mit korrekter Levelreihenfolge.

```
dummy$xKAT <- factor(dummy$xKAT,
                     levels=c("0-70", "71-200",
                              "201-400", "größer 400"),
                     ordered=TRUE)
head(dummy$xKAT)
```

```
[1] 201-400 0-70    201-400 201-400 0-70    0-70
Levels: 0-70 < 71-200 < 201-400 < größer 400
```

### 11.3.2 Klassieren mittels `cut()`

Mit Hilfe der `cut()`-Funktion kann die Klassierung ebenfalls vorgenommen werden. Sie unterteilt kontinuierliche (numerische) Werte in Kategorien oder Intervalle. Über den Parameter `breaks` können die Klassengrenzen festgelegt werden.

```
# bilde Klassen mittels "cut()"
cut(dummy$x, breaks=c(0, 70, 200, 400, Inf))
```

```
  [1] (200,400] (0,70]    (200,400] (200,400] (0,70]    (0,70]    (200,400]
  [8] (70,200]  (70,200]  (0,70]    (200,400] (200,400] (200,400] (200,400]
 [15] (400,Inf] (0,70]    (400,Inf] (200,400] (70,200]  (0,70]    (200,400]
 [22] (0,70]    (200,400] (400,Inf] (0,70]    (70,200]  (200,400] (70,200]
 [29] (200,400] (70,200]  (0,70]    (70,200]  (70,200]  (200,400] (400,Inf]
 [36] (70,200]  (0,70]    (0,70]    (200,400] (70,200]  (400,Inf] (70,200]
 [43] (0,70]    (70,200]  (200,400] (200,400] (200,400] (200,400] (200,400]
 [50] (70,200]  (70,200]  (400,Inf] (200,400] (400,Inf] (200,400] (0,70]
 [57] (200,400] (400,Inf] (70,200]  (200,400] (200,400] (70,200]  (200,400]
 [64] (200,400] (70,200]  (400,Inf] (200,400] (0,70]    (200,400] (400,Inf]
 [71] (400,Inf] (200,400] (70,200]  (400,Inf] (200,400] (200,400] (70,200]
 [78] (70,200]  (0,70]    (0,70]    (70,200]  (0,70]    (200,400] (70,200]
 [85] (70,200]  (0,70]    (200,400] (70,200]  (200,400] (70,200]  (400,Inf]
 [92] (200,400] (400,Inf] (70,200]  (200,400] (400,Inf] (0,70]    (70,200]
 [99] (0,70]    (200,400] (0,70]    (200,400] (200,400] (400,Inf] (70,200]
[106] (200,400] (70,200]  (0,70]    (200,400] (400,Inf] (70,200]  (70,200]
[113] (70,200]  (400,Inf] (400,Inf] (70,200]  (0,70]    (200,400] (70,200]
[120] (200,400] (400,Inf] (200,400] (70,200]  (400,Inf] (200,400] (70,200]
[127] (70,200]  (0,70]    (70,200]  (400,Inf] (0,70]    (0,70]    (200,400]
[134] (400,Inf] (400,Inf] (0,70]    (70,200]  (200,400] (0,70]    (200,400]
[141] (70,200]  (0,70]    (70,200]  (200,400] (0,70]    (70,200]  (200,400]
[148] (70,200]  (200,400] (70,200]  (70,200]  (400,Inf] (400,Inf] (0,70]
[155] (0,70]    (200,400] (200,400] (400,Inf] (0,70]    (200,400] (400,Inf]
[162] (200,400] (200,400] (200,400] (200,400] (0,70]    (200,400] (200,400]
[169] (200,400] (400,Inf] (70,200]  (0,70]    (400,Inf] (200,400] (0,70]
[176] (0,70]    (400,Inf] (200,400] (200,400] (400,Inf] (200,400] (200,400]
[183] (200,400] (200,400] (0,70]    (200,400] (200,400] (200,400] (200,400]
[190] (200,400] (200,400] (400,Inf] (70,200]  (200,400] (200,400] (400,Inf]
[197] (70,200]  (70,200]  (400,Inf] (400,Inf]
Levels: (0,70] (70,200] (200,400] (400,Inf]
```

Die erzeugten Werte werden als Factor wiedergegeben. Die Factorlevels entsprechen dabei den Kategorien (Klassen). Die `cut()`-Funktion benennt die Klassen mit der üblichen „`()`“-Notation. Die eckigen Klammern geben an, dass die nebenstehende Zahl in der Klasse eingeschlossen wird. Runde Klammern hingegen schließen die nebenstehende Zahl aus.

- Eine Klasse mit der Notation `(10,20]` schließt die 10 **nicht** mit ein, sondern jede höhere Zahl. Sie endet bei der Zahl 20, wobei 20 in der Klasse enthalten ist.
- Eine Klasse mit der Notation `[10,20)` schließt die 10 mit ein. Sie endet bei der Zahl 20, wobei 20 **nicht** in der Klasse enthalten ist, sondern zur nächst-höheren Klasse zählt.

Über den Parameter `right` kann bestimmt werden, ob die Zahlen an der rechten Klassengrenze mit eingeschlossen werden sollen, oder nicht.

```
# erzeuge Dummy-Werte
x <- 1:20

# cut-Beispiele für Parameter "right"
# die rechte Grenze wird mit eingeschlossen. Entspricht "(]"
cut(x, breaks=c(0,5,10,15,20))
```

```
 [1] (0,5]   (0,5]   (0,5]   (0,5]   (0,5]   (5,10]  (5,10]  (5,10]  (5,10]
[10] (5,10]  (10,15] (10,15] (10,15] (10,15] (10,15] (15,20] (15,20] (15,20]
[19] (15,20] (15,20]
Levels: (0,5] (5,10] (10,15] (15,20]
```

```
# die rechte Grenze wird NICHT mit eingeschlossen. Entspricht "[)"
cut(x, breaks=c(0,5,10,15,20),
    right=FALSE)
```

```
 [1] [0,5)   [0,5)   [0,5)   [0,5)   [5,10)  [5,10)  [5,10)  [5,10)  [5,10)
[10] [10,15) [10,15) [10,15) [10,15) [10,15) [15,20) [15,20) [15,20) [15,20)
[19] [15,20) <NA>
Levels: [0,5) [5,10) [10,15) [15,20)
```

Über den Parameter `labels` können eigene Bezeichnungen für die Klassen gesetzt werden.

```
cut(x, breaks=c(0,5,10,15,20),
    labels=c("0 bis 5", "6 bis 10", "11 bis 15", "16 bis 20"))
```

```
 [1] 0 bis 5   0 bis 5   0 bis 5   0 bis 5   0 bis 5   6 bis 10  6 bis 10
 [8] 6 bis 10  6 bis 10  6 bis 10  11 bis 15 11 bis 15 11 bis 15 11 bis 15
[15] 11 bis 15 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20
Levels: 0 bis 5 6 bis 10 11 bis 15 16 bis 20
```

Auch hier kann man sich etwas Schreibarbeit sparen. Wir speichern die Klassengrenzen in das Objekt `mybreaks`. Innerhalb des `labels`-Parameter greifen wir darauf zurück. Für die unteren Grenzen nehmen wir die `mybreaks`-Einträge (ohne den letzten) und addieren jeweils 1. Für die oberen Grenzen nehmen wir `mybreaks` ohne den ersten Eintrag. Mittels `paste()` können die Grenzwerte aneinander geklebt werden.

```
# erzeuge eigenes Objekt für "breaks"
mybreaks <- c(0,5,10,15,20)

# eigene Klassenbezeichnung
cut(x, breaks=mybreaks,
    labels = paste(mybreaks[-length(mybreaks)]+1, "bis", mybreaks[-1]))
```

```
 [1] 1 bis 5   1 bis 5   1 bis 5   1 bis 5   1 bis 5   6 bis 10  6 bis 10
 [8] 6 bis 10  6 bis 10  6 bis 10  11 bis 15 11 bis 15 11 bis 15 11 bis 15
[15] 11 bis 15 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20
Levels: 1 bis 5 6 bis 10 11 bis 15 16 bis 20
```

Über den Parameter `ordered_result` kann die Ausgabe als ordinaler Factor erfolgen.

```
cut(x, breaks=mybreaks,
    labels = paste(mybreaks[-length(mybreaks)]+1, "bis", mybreaks[-1]),
    ordered_result = TRUE)
```

```
 [1] 1 bis 5   1 bis 5   1 bis 5   1 bis 5   1 bis 5   6 bis 10  6 bis 10
 [8] 6 bis 10  6 bis 10  6 bis 10  11 bis 15 11 bis 15 11 bis 15 11 bis 15
[15] 11 bis 15 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20 16 bis 20
Levels: 1 bis 5 < 6 bis 10 < 11 bis 15 < 16 bis 20
```

# 12 Pipe

Ein wichtiger Operator für den Umgang mit Datensätzen ist die `Pipe`. Diese ist fester Bestandteil des Tidyverse (siehe Abschnitt 25.2) und hat sich dort so bewährt, dass sie seit R Version 4.1 ebenfalls im „Standard“-R implementiert ist.

Die `Pipe` erlaubt es, *Datenströme* weiterzuleiten.

Hierfür wurde ein eigener Operator implementiert, die Zeichenkette `|>`

Sie bedeutet so viel wie „*und dann*“.

Zur Eklärung sei der „klassische Weg“ der Arbeitsschritte in `R` aufgezeigt:

```
# wir machen etwas, und speichern es in ein Objekt
habe.getan <- mache.etwas(Datensatz)

# dann machen wir etwas weiteres,
# und speichern wieder in ein Objekt
habe.weiteres.getan <- mache.weiteres(habe.getan)

# und kommen schließlich zum Endergebnis
endergebnis <- mache.noch.letzte.Sache(habe.weiteres.getan)
```

Mit Einsatz der `Pipe` wird dieser Prozess quasi umgekehrt in

```
# Speichere Endergebnis
endergebnis <- Datensatz |>
               gruppiere.nach.geschlecht() |>
                 sortiere Alter aufsteigend() |>
                   nimm die letzten 4 Werte()
```

Die liest sich in etwa so:

- „Speichere etwas ins Objekt `endergebnis`, und das geht so…
- nimm den `Datensatz` *und dann*
- gruppiere die Daten nach `geschlecht` *und dann*
- sortiere nach `Alter` aufsteigend *und dann*
- nimm die letzten 4 Werte. „

Die `Pipe` reicht das jeweilige Ergebnis (den *Datenstrom*) an die nächste Code-Zeile weiter. Erst wenn die letzte Zeile durchgelaufen ist, wird das Resultat in `endergebnis` gespeichert.

Dies liest sich zu Beginn evtl. etwas ungewohnt, aber Sie können erkennen, dass die Befehle so wesentlich übersichtlicher und die einzelnen *Manipulations*schritte nachvollziehbarer geworden sind. Auch kann man sich diese Art der „Grammatik“ relativ leicht merken.

Standardmäßig übergibt die Pipe das Objekt auf der linken Seite an das erste Argument der Funktion auf der rechten Seite, so dass `x |> f(y)` äquivalent zu `f(x, y)` ist, und `x |> f(y) |> g(z)` äquivalent zu `g(f(x, y), z)`.

Mehr über die „Original“-Pipe `%>%` des Tidyverse sowie zu den Unterschieden zur Standard-Pipe `|>` finden Sie in Abschnitt 25.2.

In RStudio können Sie einstellen, ob Sie mit der Tastenkombination `[STRG]` + `[SHFIT]` + `[M]` die Tidyverse-Pipe oder die Standard-Pipe erzeugen möchten. Wählen Sie hierzu im Menü „Tools“ ⇒ „Global Option“ ⇒ „Code“ aus, siehe Abbildung 33

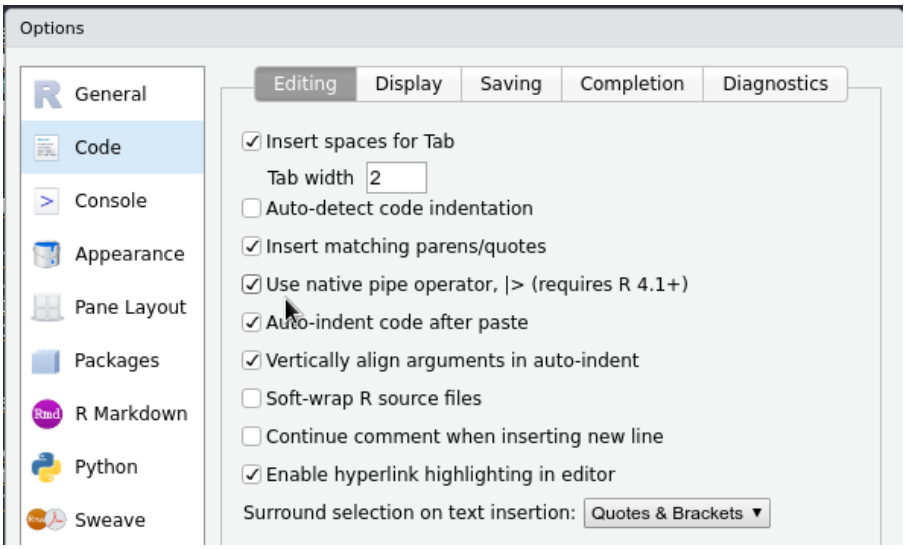



Abbildung 33: Tastenkombination für Pipe

Sie sollten die Standard-Pipe nutzen, weil sie Teil von Base R ist und Ihnen immer zur Verfügung steht, auch wenn Sie Tidyverse nicht verwenden. Zudem ist `|>` um einiges schneller als `%>%`.

# 13 Daten laden und speichern

In `R` können Daten leicht geladen und gespeichert werden. Eine `R`-Datei hat die Dateiendung `.RData`. In der Datei können „beliebig“ viele Objekte (Variablen, Datenframes, usw.) enthalten sein.

Mit der Funktion `save.image()` werden alle Objekte im Speicher, also die aktuelle „Worksession“, als „unsichtbare“ Datei `.RData` ins aktuelle Arbeitsverzeichnis geschrieben.

```
# speichere die aktuelle Sitzung
save.image()
```

In `RStudio` können Sie im Ausgabefenster (unten rechts) auf den Reiter `Files` klicken. Sie sehen Ihr aktuelles Arbeitsverzeichnis, und darin die `R`-Datei `.RData` (siehe Abbildung 34).

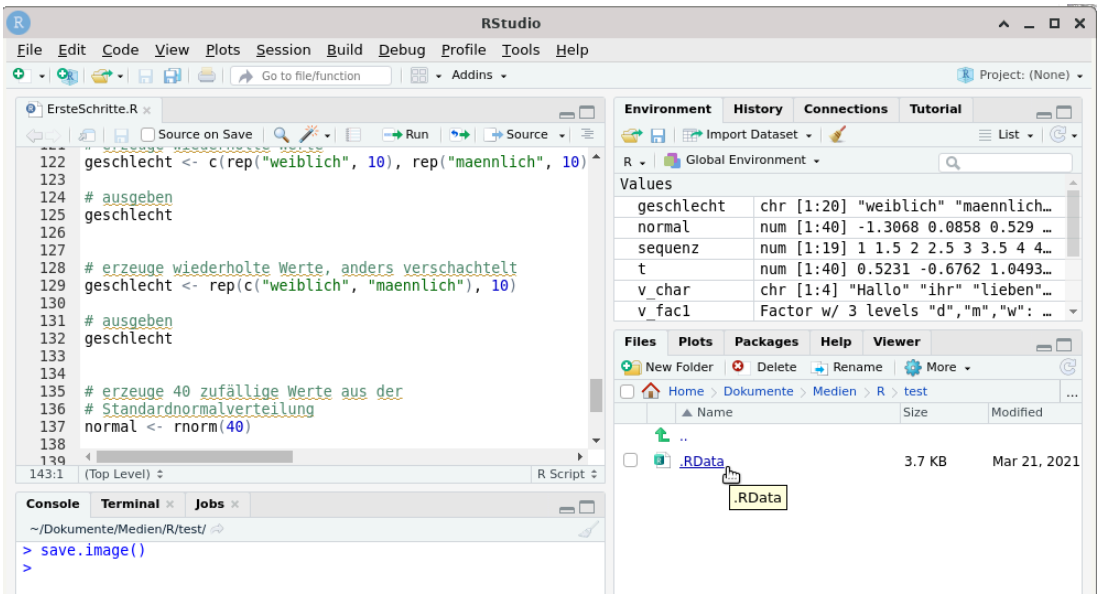



Abbildung 34: Datei `.RData` im Arbeitsverzeichnis

Das ist übrigens die selbe Datei, die angelegt wird, wenn Sie `RStudio` beenden, und „speichere Arbeitsspeicher“ klicken. Das heisst, dass diese Datei unter Umständen bald wieder überschrieben wird.

Der Funktion `save.image()` kann auch ein gewünschter Dateiname übergeben werden.

```
# speichere die aktuelle Sitzung in Datei "MeineSitzung.RData"
save.image("MeineSitzung.RData")
```

Die Datei `MeineSitzung.RData` wird in `RStudio` im Ausgabefenster angezeigt (siehe Abbildung 35).


Abbildung 35: Datei `MeineSitzung.RData` im Arbeitsverzeichnis

Wenn nur einzelne Objekte gespeichert werden sollen, wird die `save()`-Funktion angewandt. Mit dem `file`-Parameter wird die gewünschte Zieldatei angegeben.

```
# speichere nur die Variable "sequenz" in Datei "Sequenz.RData"
save(sequenz, file="Sequenz.RData")
```

```
# speichere die Objekte "sequenz" "normal" und "geschlecht"
# in Datei "MeineVariablen.RData"
save(sequenz, normal, geschlecht, file="MeineVariablen.RData")
```

Daten können mit dem `load()`-Befehl geladen werden.

```
# lade Datei "MeineVariablen.RData"
load("MeineVariablen.RData")
```

In `RStudio` kann im Ausgabefenster unter dem Reiter `Files` einfach auf eine `R`-Datei geklickt werden, um diese zu laden (Abbildung 36).

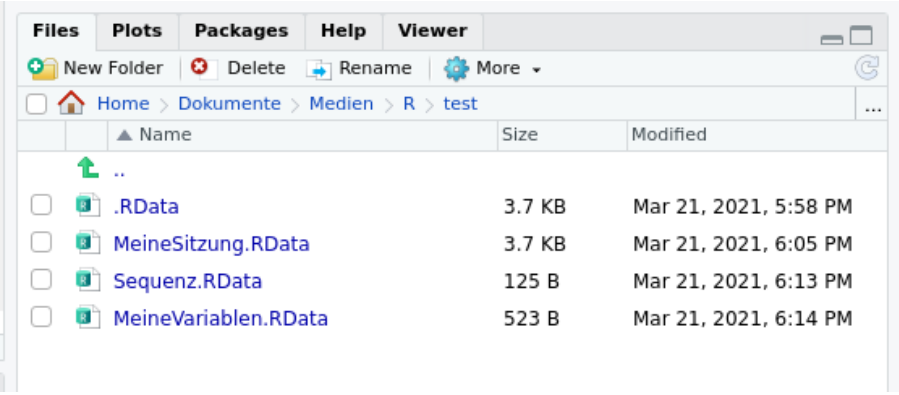



Abbildung 36: Dateien im Arbeitsverzeichnis

Wenn die Datei im Internet liegt, muss sie mit Hilfe der `url()`-Funktion geladen werden

```
# Test-Datensatz aus dem Internet laden # (dieser enthält das Datenframe "ordinalSample")
load(url("https://www.produnis.de/R/data/OrdinalSample.RData"))
```

```
# Daten anschauen mit head(ordinalSample)
head(ordinalSample)
```

# 14 Arbeitsverzeichnis

Das aktuelle Arbeitsverzeichnis kann per `getwd()` angezeigt werden.

```
# Arbeitsverzeichnis ausgeben
getwd()
```

Mit dem Befehl `dir()` werden die Dateien des aktuellen Arbeitsverzeichnisses angezeigt.

```
# Inhalt des Arbeitsverzeichnis ausgeben
dir()
```

Mit dem Befehl `setwd()` kann das aktuelle Arbeitsverzeichnis gewechselt werden.

```
# Arbeitsverzeichnis wechseln
setwd("/tmp/R/")
```

Auf Dauer kann es einfacher sein, ein eigenes Arbeitsverzeichnis beim Startvorgang einzustellen (siehe Abschnitt 3.2.1).

# 15 Daten importieren

In `R` können Daten auf vielfältige Weise importiert werden. Das Grundproblem beim „Tausch“ von Daten zwischen verschiedenen Anwendungen (z.B. `SPSS` oder `Statistica`) liegt im verwendeten Format. So können native `SPSS`-Dateien nur mit einem Zusatzpaket importiert werden, für `Statistica` gibt es ein solches Zusatzpaket (derzeit) nicht. In beiden Fällen ist es aber möglich, die Daten über das `CSV`-Format zu tauschen. Hierfür speichert man in `SPSS` den Datensatz als `CSV`-Datei ab und liest diese in `R` ein.

Bedenken Sie ebenfalls, dass `R` Dezimalstellen mit einem Punkt angibt, und nicht mit einem Komma. So kann es zu Fehlern kommen, wenn die zu importierenden Werte nicht ebenfalls die Dezimalstellen mit einem Punkt angeben! Dies ist ein weiterer häufiger Anfängerfehler!

## 15.1 Import aus Textdateien

In einer Textdatei (mit Dateiendung `.txt`) liegen unsere Daten wie folgt vor:

```
m 28 80 170
w 18 55 174
w 25 74 183
m 29 101 190
m 21 84 185
w 19 74 178
```

```
w 27 65 169
w 26 56 163
m 31 88 189
m 22 78 184
```

Angenommen, diese Textdatei hieße `Datentabelle.txt`, und läge in unserem Arbeitsverzeichnis, dann können wir die Daten mit der Funktion `read.table()` in `R` einlesen.

```
# importiere Daten aus "Datentabelle.txt"
MeineTabelle <- read.table("data/Datentabelle.txt", header=TRUE)

# ausgeben
MeineTabelle
```

```
   Geschlecht Alter Gewicht Groesse
1           m    28      80     170
2           w    18      55     174
3           w    25      74     183
4           m    29     101     190
5           m    21      84     185
6           w    19      74     178
7           w    27      65     169
8           w    26      56     163
9           m    31      88     189
10          m    22      78     184
```

Liegt die Datei im Internet, kann die Adresse mit der Funktion `url()` übergeben werden.

```
# importiere Daten aus "Datentabelle.txt"
MeineTabelle <- read.table(url("https://www.produnis.de/R/data/Datentabelle.txt"),
                           header=TRUE)

# ausgeben
MeineTabelle
```

```
   Geschlecht Alter Gewicht Groesse
1           m    28      80     170
2           w    18      55     174
3           w    25      74     183
4           m    29     101     190
5           m    21      84     185
6           w    19      74     178
7           w    27      65     169
8           w    26      56     163
9           m    31      88     189
10          m    22      78     184
```

Der Parameter `header=TRUE` gibt an, dass in der ersten Zeile der Textdatei die Spaltennamen (Variablennamen) angegeben sind.

Da wir sonst keine Parameter übergeben haben, geht R davon aus, dass die Werte durch ein Leerzeichen getrennt sind, was in unserem Beispiel auch stimmt. Sollte die Tabelle in diesem Format vorliegen (die Daten sind mit einem Komma getrennt) …

```
m,28,80,170
w,18,55,174
w,25,74,183
m,29,101,190
m,21,84,185
w,19,74,178
w,27,65,169
w,26,56,163
m,31,88,189
m,22,78,184
```

…dann müssen wir mit der Option `sep` (für *Daten**sep**arator*) angeben, dass die Daten mit einem Komma getrennt sind.

```
# importiere Daten aus "Datentabelle.txt"
# Daten sind mit Komma getrennt
MeineTabelle <- read.table("Datentabelle.txt", sep=",", header=TRUE)
```

In beiden Fällen wurde die Texttabelle als Datenframe in R importiert. Die Funktion `class()` bestätigt uns dies.

```
# welche Datenklasse wurde erzeugt?
class(MeineTabelle)
```

```
[1] "data.frame"
```

Aber welche Datentypen wurden in den *Spalten* erzeugt?

```
# welcher Datentyp liegt in Spalte 1 vor?
class(MeineTabelle[,1])
```

```
[1] "character"
```

```
# welcher Datentyp liegt in Spalte "Alter" vor?
class(MeineTabelle$Alter)
```

```
[1] "integer"
```

Die Spalte `Geschlecht` wurde als `character` angelegt, die Variable `Alter` ist `numerisch`.

Möchten wir `Geschlecht` in einen Faktor umwandeln, überschreiben', wir einfach die Spalte entsprechend:

```
# "Geschlecht" soll factor werden
MeineTabelle$Geschlecht <- factor(MeineTabelle$Geschlecht)

# überprüfen, ob es geklappt hat
class(MeineTabelle$Geschlecht)
```

```
[1] "factor"
```

## 15.2 Import aus CSV-Datei

Das CSV-Format (für **c**omma-**s**eparated-**v**alues) wird von vielen Anwendungen unterstützt. So können auch Tabellen, die in LibreOffice oder Excel angelegt wurden, als CSV-Datei gespeichert werden. Wenn Sie eine Datei im CSV-Format speichern, fragt Sie Ihre Anwendung nach dem gewünschten **Datenseparator**, also nach dem Zeichen, durch welches die Werte voneinander getrennt sind. Standardmäßig wird hier ein Komma „,“ verwendet (wie der Name **C**SV vermuten lässt, und was zusätzlich sicherstellt, dass die zu importierenden Daten ihre Dezimalstellen mit einem **Punkt** abbilden, denn sonst würde nach jedem Dezimalkomma ein neuer Wert beginnen!) oder ein Semikolon „;“ . Ich persönlich verwende gerne das Semikolon.

Der Import in R erfolgt ebenfalls über die Funktion `read.table()`. Neben dem Parameter `header` muss ihr der eingestellte *Datenseparator* übergeben werden.

Angenommen, die CSV-Datei hieße `DieDaten.csv`, läge in unserem Arbeitsverzeichnis und hätte den Datenseparator „;“, dann erfolgt der Import per `read.table()` mit dem Befehl:

```
# importiere Daten aus "DieDaten.csv"
NeueTabelle <- read.table("data/DieDaten.csv", sep=";", header=TRUE)
```

Liegt die Datei im Internet, kann die Adresse per `url()` Funktion übergeben werden.

```
# importiere Daten aus dem Internet
NeueTabelle <- read.table(url("http://www.produnis.de/R/data/DieDaten.csv"),
                          sep=";", header=TRUE)

# anzeigen
NeueTabelle
```

```
    Name   Geschlecht Lieblingsfarbe Einkommen
1   Hans    maennlich          gruen      1233
2   Caro     weiblich           blau       800
3   Lars intersexuell           gelb      2400
4   Ines     weiblich        schwarz      4000
5 Samira     weiblich           gelb       899
6  Peter    maennlich          gruen      1100
7  Sarah     weiblich           blau      1900
```

Sollte die CSV-Datei mit dem Datenseparator TAB (für *Tabulator*) erstellt worden sein, lautet der Befehl:

```
# importiere Daten
# Daten sind mit TAB separiert!
NeueTabelle <- read.table("DieDaten.csv", sep="\t", header=TRUE)
```

(Separieren Sie Ihre eigenen Daten möglichst niemals mittels Tabulator, da es hier zu ungewollten Effekten kommen kann.)

Sollte `read.table()` keine brauchbaren Daten erzeugen (z.B. wegen Sonderzeichen in den Daten oder wenn die Daten per TAB separiert wurden), kann auf die Funktion `read.csv()` zurückgegriffen werden. Letztendlich ruft diese Funktion intern auch „nur“ `read.table()` auf, jedoch mit jeder Menge voreingestellter Parameter.

```
# importiere Daten mit read.csv() # Daten sind mit TAB separiert!
NeueTabelle <- read.csv("DieDaten.csv", sep="\t", header=TRUE)
```

## 15.3 Import aus SPSS-Datei

Um native SPSS-Dateien in R zu importieren, müssen zunächste Zusatzpakete installiert werden, siehe hierzu Abschnitt 17.

Zum Import von SPSS-Dateien installieren und aktivieren wir das Paket `haven`.

```
# installiere das Zusatzpaket "haven"
install.packages("haven")
# aktiviere das Paket "haven"
library("haven")
```

Das Paket `haven` bietet für jeden SPSS-Dateityp die passende Funktion an. Angenommen, die SPSS-Datei hieße „`alteDaten.sav`“ und läge in unserem Arbeitsverzeichnis, dann kann sie mit der Funktion `read_sav()` in R importiert werden.

```
# importiere SPSS-Datei "alteDaten.sav"
alteDaten <- read_sav("alteDaten.sav")
```

In SPSS werden kategoriale Daten häufig mit *Labels* versehen.

```
# Lade Test-SPSS-Datei mit Labels
spss <- haven::read_sav(url("https://www.produnis.de/R/data/alteDaten-lang.sav"))
head(spss)
```

```
# A tibble: 6 × 4
  Frage_1             Frage_2        Frage_3             Frage_4
  <dbl+lbl>           <dbl+lbl>      <dbl+lbl>           <dbl+lbl>
1 4 [stimme zu]       4 [stimme zu]  4 [stimme zu]       0 [nicht vorhanden]
2 4 [stimme zu]       4 [stimme zu]  4 [stimme zu]       0 [nicht vorhanden]
3 4 [stimme zu]       4 [stimme zu]  4 [stimme zu]       0 [nicht vorhanden]
```

```
4 4 [stimme zu]       3 [weiß nicht] 3 [weiß nicht]      4 [stimme zu]
5 3 [weiß nicht]      3 [weiß nicht] 2 [stimme nicht zu] 2 [stimme nicht zu]
6 2 [stimme nicht zu] 3 [weiß nicht] 3 [weiß nicht]      2 [stimme nicht zu]
```

Wir sehen, dass die Werte der Spalten gelabelt sind (4=*stimme nicht zu*, 3=*weiß nicht*, usw.). Die Labels stehen in eckigen Klammern neben dem eingentlichen Wert der Variable.

Die enthaltenen Labels kann man sich mit der Funktion `attr()` anzeigen lassen.

```
# Namen der Variablen
attr(spss, "names")
```

```
[1] "Frage_1" "Frage_2" "Frage_3" "Frage_4"
```

Das Label einer Variable wird angezeigt mit

```
# Label der Variablen
attr(spss$Frage_1, "label")
```

```
[1] "Statistik ist mein Lieblingsfach?"
```

Die Labels innerhalb einer Variable mit

```
# Label der Variablenwerte für "Frage_1"
attr(spss$Frage_1, "labels")
```

```
nicht vorhanden stimme gar nicht zu     stimme nicht zu          weiß nicht
              0                     1                     2                   3
      stimme zu      stimme voll zu
              4                     5
```

In `R` ist die Verwendung von Wertelabels eher untypisch. Es empfiehlt sich, die Ausprägungsstufen *so wie sie sind* als Werte einzutragen, also z.B. direkt „`männlich`“ - „`weiblich`“ - „`divers`“ anstatt `0` - `1` - `2` und anschließender Labelung. So werden die Ausprägungen auch auf den Grafiken entsprechend „aussagekräftig“ angezeigt.

Wir wandeln die Variablen in Faktoren um, welche die Labels als Levelnamen nutzen (die Funktion `mutate()` wird später im Abschnitt Tidyverse (siehe Abschnitt 25) genauer erläutert. Der Punkt innerhalb der `as_factor()`-Funktion bedeutet, dass der Datenstrom der `Pipe` verwendet werden soll).

```
library(tidyverse)
spss %>%
  mutate(haven::as_factor(.))
```

```
# A tibble: 1,000 × 4
  Frage_1         Frage_2    Frage_3         Frage_4
  <fct>           <fct>      <fct>           <fct>
1 stimme zu       stimme zu  stimme zu       nicht vorhanden
2 stimme zu       stimme zu  stimme zu       nicht vorhanden
3 stimme zu       stimme zu  stimme zu       nicht vorhanden
4 stimme zu       weiß nicht weiß nicht      stimme zu
5 weiß nicht      weiß nicht stimme nicht zu stimme nicht zu
6 stimme nicht zu weiß nicht weiß nicht      stimme nicht zu
# ℹ 994 more rows
```

Weitere Informationen zum Umgang mit gelabelten Datensätzen erhalten Sie im Tidyverse-Abschnitt zum Datenimport (siehe Abschnitt 26.1).

## 15.4 Import aus Excel-Datei

Um xlsx-Dateien in R zu importieren, muss das Zusatzpakete readxl installiert werden. Der Datenimport erfolgt dann mit der Funktion read_excel():

```
# installiere das Zusatzpaket "readxl"
install.packages("readxl")

# aktiviere das Paket "readxl"
library("readxl")

# importiere Excel-Datei "alteDaten.xlsx"
alteDaten <- read_excel("alteDaten.xlsx")
```

Soll ein bestimmtes Tabellenblatt der xlsx-Datei importiert werden, kann diese mit dem Parameter sheet übergeben werden.

```
# importiere Tabelle "Tabelle1" aus Excel-Datei "alteDaten.xlsx"
alteDaten <- read_excel("alteDaten.xlsx", sheet="Tabelle1")
```

Soll nur ein bestimmter Bereich der Tabelle importiert werden, kann diese mit dem Parameter range übergeben werden.

```
# importiere aus Excel-Datei "alteDaten.xlsx"
# Tabellenblatt "Tabelle1"
# im Bereich A2 bis D3
alteDaten <- read_excel("alteDaten.xlsx", sheet="Tabelle1", range="A2:D3")
```

## 15.5 Import aus .ods-Datei

Um ods-Dateien (z.B. aus Libreoffice oder OpenOffice) in R zu importieren, muss das Zusatzpakete readODS installiert werden. Der Datenimport erfolgt dann mit der Funktion read_ods():

```
# installiere das Zusatzpaket "readODS"
install.packages("readODS")

# aktiviere das Paket "readODS"
library("readODS")

# importiere ods-Datei "tolleDaten.ods"
tolleDaten <- read_ods("tolleDaten.ods")
```

Soll ein bestimmtes Tabellenblatt der `ods`-Datei importiert werden, kann diese mit dem Parameter `sheet` übergeben werden.

```
# importiere Tabelle "Tabelle1" aus ods-Datei "cooleDaten.ods"
cooleDaten <- read_ods("cooleDaten.ods", sheet="Tabelle1")
```

Soll nur ein bestimmter Bereich der Tabelle importiert werden, kann diese mit dem Parameter `range` übergeben werden.

```
# importiere aus ods-Datei "cooleDaten.ods"
# Tabellenblatt "Tabelle1"
# im Bereich A2 bis D3
alteDaten <- read.ods("cooleDaten.ods", sheet="Tabelle1", range="A2:D3")
```

## 15.6 Import mit `RStudio`

Mit `RStudio` können Daten sehr leicht importiert werden. Im Datenfenster klicken Sie oben auf `Import Dataset`.

Es öffnet sich ein kleines Fenster, in welchem Sie das gewünschte Import-Format auswählen können (Abbildung 37). Wie Sie sehen, werden native Dateien aus `Excel`, `SPSS`, `SAS` und `Stata` unterstützt.

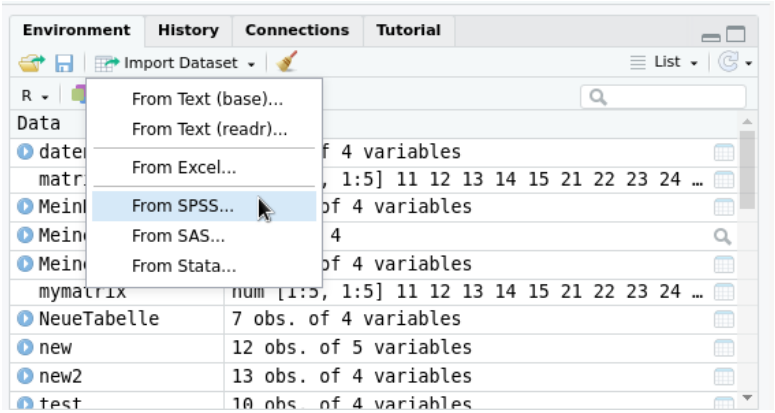



Abbildung 37: importiere Daten

Wir nehmen in diesem Beispiel `From SPSS`.

Da der Datenimport das Zusatzpaket `haven` erfordert, wird es zur Installation vorgeschlagen, sofern es noch nicht installiert ist (Abbildung 38). Wir bestätigen in diesem Fall mit `Yes`.

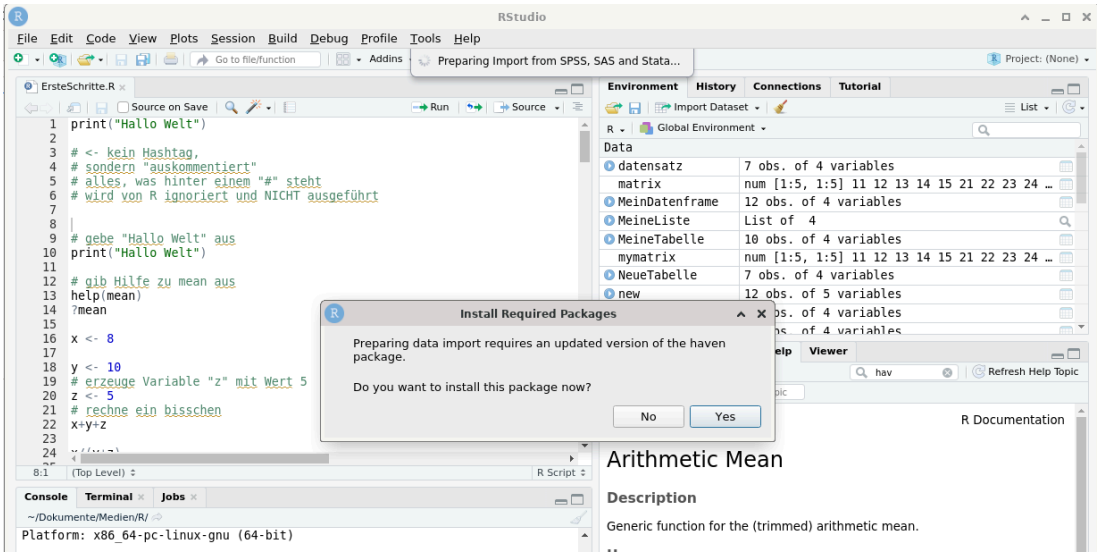



Abbildung 38: Zusatzpakete installieren

Nun öffnet sich das eigentliche Importierfenster (Abbildung 39).

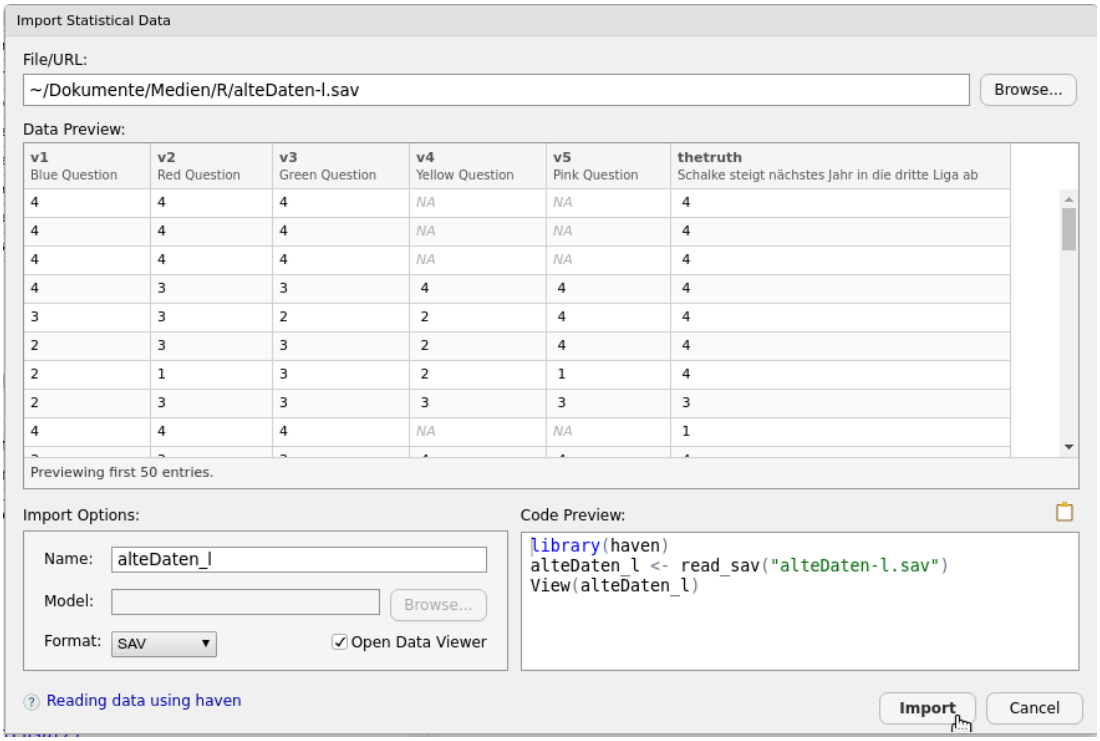



Abbildung 39: Importfenster

Klicken Sie oben rechts auf den `Browse`-Knopf und wählen Sie die `SPSS`-Datei aus, die Sie importieren möchten. Für Abbildung 39 habe ich die Datei `alteDaten-I.sav` in meinem Arbeitsverzeichnis ausgewählt. Sobald Sie eine Datei ausgewählt haben, wird unter `Data Preview` eine Vorschau des zu importierenden Datensatzes angezeigt. Wie Sie sehen hat mein alter Datensatz die Variablen `v1`, `v2`, `v3` , usw.

Darunter sehen Sie die Ausprägungen der Variablen.

Unter dem Vorschaufenster können Sie im linken Abschnitt (`Import Options`) den Objektnamen eintragen, den der Datensatz in `R` haben soll. Ich habe in Abbildung 39 den Namen `alteDaten_l` gewählt. Das `Format` ist

schon automatisch auf SAV eingestellt (denn der Dateiname endet mit .sav). Der Haken bei Open Data Viewer bewirkt, dass der Datensatz nach dem Import im Scritpfenster angezeigt wird.

Im rechten Abschnitt (Code Preview) sehen Sie die R-Befehle, die in der Konosle ausgeführt werden, um den Import durchzuführen.

Klicken Sie unten rechts auf Import.

## 15.7 Importierte Daten ins richtige Format bringen

In R werden Dezimalstellen mit einem Punkt angegeben. Dies kann beim Importieren von Daten Probleme bereiten, insbesondere dann, wenn die zu importierenden Daten ihre Dezimalstelle mit einem Komma angeben.

Als Beispiel soll folgende CSV-Tabelle[2] dienen. Sie enthält die beiden Variablen Anwesenheit und Note (mehr Informationen gibt es hier im Blogpost[3]).

Mittels read.table() in Kombination mit url() lesen wir die CSV-Datei in unsere R-Session.

```
# einlesen
df <- read.table(url("http://www.produnis.de/R/data/anwesenheitnoten.csv"),
            sep=";",
            header=TRUE)
# anzeigen
df
```

```
   Anwesenheit Note
1         90,9  1,7
2         40,9    5
3          100    1
4         81,8
5            0    5
6          100    2
7         27,3  3,7
8         27,3    5
9         54,5  3,3
10        54,5
11        45,5    4
12         100  1,3
13          50  3,3
14        27,3    4
15        68,2  2,3
16         100
17         100    1
18          50    2
19        63,6  2,7
20        16,7
21        31,8    4
22        72,7  3,3
```

[2] http://www.produnis.de/R/data/anwesenheitnoten.csv
[3] https://www.produnis.de/blog/posts/2023-09-29-AnwesenheitNoten/

```
23        27,3    4
24        31,8    3
25        18,2    4
26          80  1,7
27        90,9  1,3
```

```
# Datentyp
str(df)
```

```
'data.frame':    27 obs. of  2 variables:
 $ Anwesenheit: chr  "90,9" "40,9" "100" "81,8" ...
 $ Note       : chr  "1,7" "5" "1" "" ...
```

Die Daten sind als `chr` eingelesen worden. Mit der Funktion `as.numeric()` können wir solche Daten in `numeric` umwandlen, eigentlich…

```
dummy <-c("1", "5", "9", "18")
# anzeigen
dummy
```

```
[1] "1"  "5"  "9"  "18"
```

```
# wandle chr in numeric um:
as.numeric(dummy)
```

```
[1]  1  5  9 18
```

Bei den zuvor importierten Daten funktioniert dies aber nicht:

```
as.numeric(df$Anwesenheit)
```

```
 [1]  NA  NA 100  NA   0 100  NA  NA  NA  NA  NA 100  50  NA  NA 100 100  50  NA
[20]  NA  NA  NA  NA  NA  NA  80  NA
```

Das liegt an der Dezimaltrennung per Kommata. Wir müssen zunächst alle Kommata in Punkte umwandeln. Dies erfolgt mit der Funktion `gsub()`, die als Parameter den zu suchenden Wert gefolgt vom zu ersetzenden Wert entgegennimmt.

```

```

```
# ersetze alle Kommata durch Punkte
# in df$Note
gsub(",", ".", df$Note)
```

```
 [1] "1.7" "5"   "1"   ""    "5"   "2"   "3.7" "5"   "3.3" ""    "4"   "1.3"
[13] "3.3" "4"   "2.3" ""    "1"   "2"   "2.7" ""    "4"   "3.3" "4"   "3"
[25] "4"   "1.7" "1.3"
```

Jetzt bauen wir die beiden Funktionen zusammen:

```
as.numeric(gsub(",", ".", df$Note))
```

```
 [1] 1.7 5.0 1.0  NA 5.0 2.0 3.7 5.0 3.3  NA 4.0 1.3 3.3 4.0 2.3  NA 1.0 2.0 2.7
[20]  NA 4.0 3.3 4.0 3.0 4.0 1.7 1.3
```

Genau so wollten wir es haben. Ändern wir nun das Datenframe entsprechend:

```
df$Anwesenheit <- as.numeric(gsub(",", ".", df$Anwesenheit))
df$Note <- as.numeric(gsub(",", ".", df$Note))
#anzeigen
df
```

```
   Anwesenheit Note
1         90.9  1.7
2         40.9  5.0
3        100.0  1.0
4         81.8   NA
5          0.0  5.0
6        100.0  2.0
7         27.3  3.7
8         27.3  5.0
9         54.5  3.3
10        54.5   NA
11        45.5  4.0
12       100.0  1.3
13        50.0  3.3
14        27.3  4.0
15        68.2  2.3
16       100.0   NA
17       100.0  1.0
18        50.0  2.0
19        63.6  2.7
20        16.7   NA
21        31.8  4.0
22        72.7  3.3
23        27.3  4.0
```

```
24        31.8  3.0
25        18.2  4.0
26        80.0  1.7
27        90.9  1.3
```

```
# Datentyp
str(df)
```

```
'data.frame':    27 obs. of  2 variables:
 $ Anwesenheit: num  90.9 40.9 100 81.8 0 100 27.3 27.3 54.5 54.5 ...
 $ Note       : num  1.7 5 1 NA 5 2 3.7 5 3.3 NA ...
```

Jetzt ist alles richtig eingelesen.

# 16 Daten exportieren

In Abschnitt 13 wird beschrieben, wie Sie Ihre R-Objekte im .RData-Format abspeichern können.

Es ist aber natürlich ebenso möglich, die Daten in anderen Formaten zu exportieren.

## 16.1 Export als CSV-Datei

Mit dem CSV-Format kommen die meisten Anwendungen zurecht. Daher empfehlen wir, dieses zum Tausch zwischen Anwendungen zu verwenden. Wir benutzen hierfür die Funktion write.csv() und speichern das Datenframe MeinDatenframe in die Datei MeinDatenframe.csv. Als Datenseparator wird standardmäßig ein Leerzeichen verwendet. Soll ein anderer Separator verwendet werden, kann dies über den Parameter sep angegeben werden.

```
# exportiere "MeinDatenframe" als CSV-Datei mit "," als Separator
write.csv(MeinDatenframe, "MeinDatenframe.csv", sep=",")
```

## 16.2 Export als Textdatei-Datei

Mit der Funktion write.table() können die Daten als simple Textdatei gespeichert werden. Als Datenseparator wird auch hier standardmäßig ein Leerzeichen verwendet. Soll ein anderer Separator verwendet werden, kann dies über den Parameter sep angegeben werden.

```
# exportiere "MeinDatenframe" als Text-Datei mit "," als Separator
write.table(MeinDatenframe, "MeinDatenframe.txt", sep=",")
```

Sollen die Daten an eine bestehende Datei angehängt werden, muss der Parameter append auf TRUE gesetzt werden.

### 16.3 Export als SPSS-Datei

Mit dem Zusatzpaket haven können R-Objekte als SPSS-Datei abgespeichert werden.

Wir benutzen hierfür die Funktion write_sav() und speichern das Datenframe MeinDatenframe in die Datei MeinDatenframe.sav.

```
# exportiere "MeinDatenframe" als SPSS-Datei
write_sav(MeinDatenframe, "MeinDatenframe.sav")
```

Um eine komprimierte .zsav-Datei zu erstellen, setzen wir den Parameter compress auf TRUE.

```
# exportiere "MeinDatenframe" als komprimierte SPSS-Datei
write_sav(MeinDatenframe, "MeinDatenframe.sav", compressp=TRUE)
```

## 17 Zusatzpakete installieren

In R stehen viele Zusatzpakete bereit, die den Funktionsumfang erweitern. Über das ***C**omprehensive **R** **A**rchive **N**etwork*, kurz CRAN, können diese mit dem Befehl install.packages() installiert werden. Möchte man beispielsweise „ggplot“ (siehe Abschnitt 36) installieren, lautet der Befehl entsprechend (Achtung, das Paket für ggplot heisst ggplot2 !)

```
# ggplot installieren, ACHTUNG, das Paket heisst ggplot2 !!!
install.packages("ggplot2")
```

Manche Pakete benötigen weitere Zusatzpakete, um vollständig laufen zu können. Man spricht hier von „Abhängigkeiten“, da das eine Paket vom anderen abhängt. Möchte man das gewünschte Paket inklusive aller Abhängigkeiten installieren, ändert sich der Befehl in:

```
# Paket ggplot mit allen Abhängigkeiten installieren
install.packages("ggplot2", dependencies=TRUE)
```

Sollen mehrere Pakete auf einmal installiert werden, können diese mit der c()-Funktion übergeben werden.

```
# Pakete ggplot, wikibooks, pwr mit allen Abhängigkeiten installieren
install.packages(c("ggplot2", "wikibooks", "pwr"), dependencies=TRUE)
```

Um die installierten Zusatzpakete benutzen zu können, müssen sie in einer R-Sitzung zunächst geladen bzw. aktiviert werden. Dies erfolgt mit dem Befehl library().

```
# aktiviere das ggplot2 Paket
library(ggplot2)
```

Mit dem Befehl detach() können die Zusatzpakete wieder deaktiviert werden.

```
# de-aktiviere das ggplot2 Paket
detach("package:ggplot2")
```

Ein anderer Weg besteht darin, den Paketnamen mit zwei Doppelpunkten getrennt vor die Funktion zu schreiben.

```
# nutze Funktion "read_sav" aus dem Paket "haven"
haven::read_sav("SPSSdaten.sav")
```

Die beiden Doppelpunkte weisen `R` an, die Funktion `read_sav()` aus dem Paket `haven` zu nutzen. So kann man sich den `library(haven)`-Aufruf sparen. Dies bietet sich an, wenn man „nur mal kurz“ eine bestimmte Funktion eines bestimmten Pakets nutzen möchte. Hat man mehrere Funktionsaufrufe, kann das Laden per `library()` die Schreibarbeit verkürzen.

In `RStudio` lassen sich Pakete auf mehrere Arten installieren. Zum einen kann man in der Menüzeile auf `Tools` ⇒ `Install packages` klicken. Es öffnet sich ein neues Fenster, in welches wir einfach die Paketnamen eintragen können (Abbildung 40).

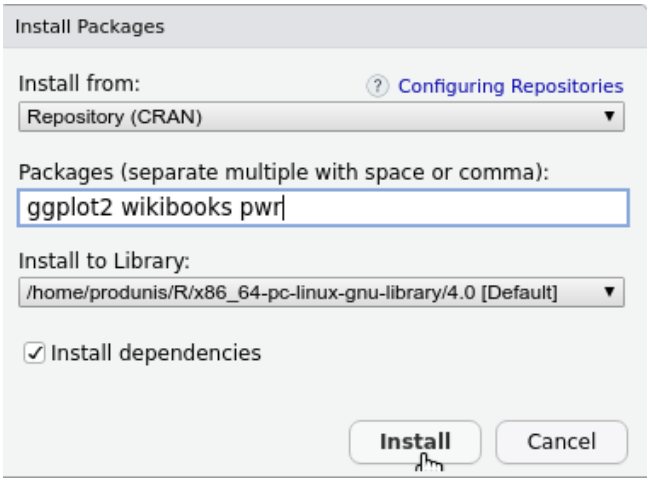



Abbildung 40: Zusatzpakete installieren

`RStudio` bietet eine weitere recht einfache und nützliche Methode zur Installation von Zusatzpaketen. Die Software durchsucht Ihre Scriptdatei nach dem Befehl `library()`. Ist das dort referenzierte Paket noch nicht installiert, schlägt `RStudio` die Installation vor (siehe gelber Balken in Abbildung Abbildung 41).

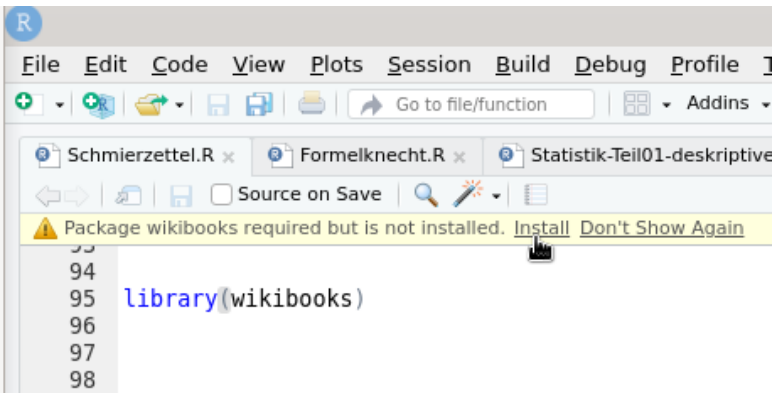



Abbildung 41: Zusatzpakete per `library()`

Klicken Sie im gelben Balken auf `Install` um das Paket zu installieren. Dies ist nützlich, wenn man z.B. an einem „neuen“ PC *alte* R-Scriptdateien öffnet, oder z.B. *fremde* R-Scripte verwendet. Nach dem Öffnen schlägt `RStudio` alle fehlenden Pakete zur Installation vor.

Natürlich können Sie auch einfach `install.packages("ggplot2")` (oder jeden anderen Paketnamen) in Ihre Scriptdatei schreiben und diese dann in der `R`-Konsole ausführen lassen.

Das Aktivieren von installierten Zusatzpaketen wird von `RStudio` ebenfalls ermöglicht. Klicken Sie im Ausgabefenster auf den Reiter `Packages`. So werden Ihnen alle installierten Zusatzpakete angezeigt (Abbildung 42).

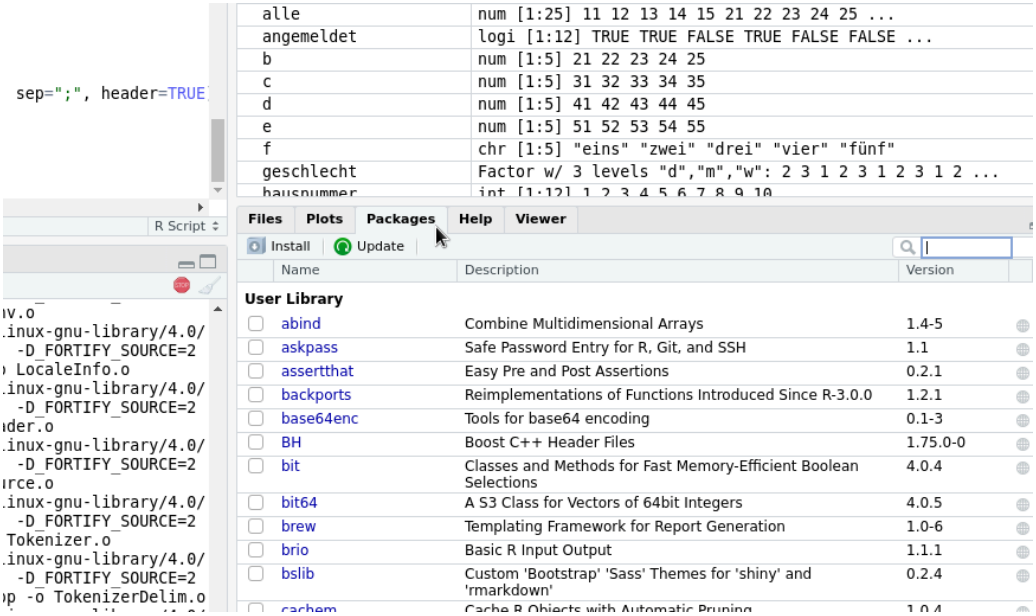



Abbildung 42: alle installierten Pakete

Wenn Sie ein Paket aktivieren möchten, klicken Sie einfach dessen Häkchen an.

Wie Abbildung Abbildung 43 zeigt, wurde durch den Klick automatisch der Befehl `library(haven)` in die `R`-Konsole übertragen und ausgeführt (linke Seite). Zum Deaktivieren müssen Sie einfach wieder auf das Kästchen klicken und den Haken entfernen.

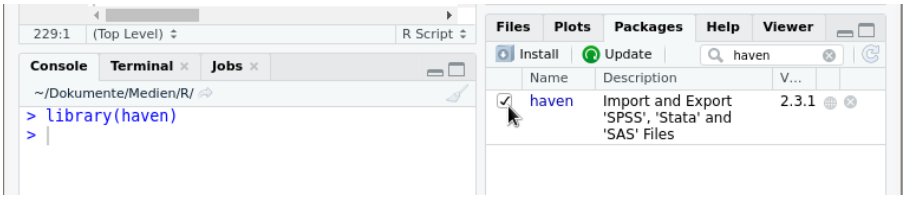
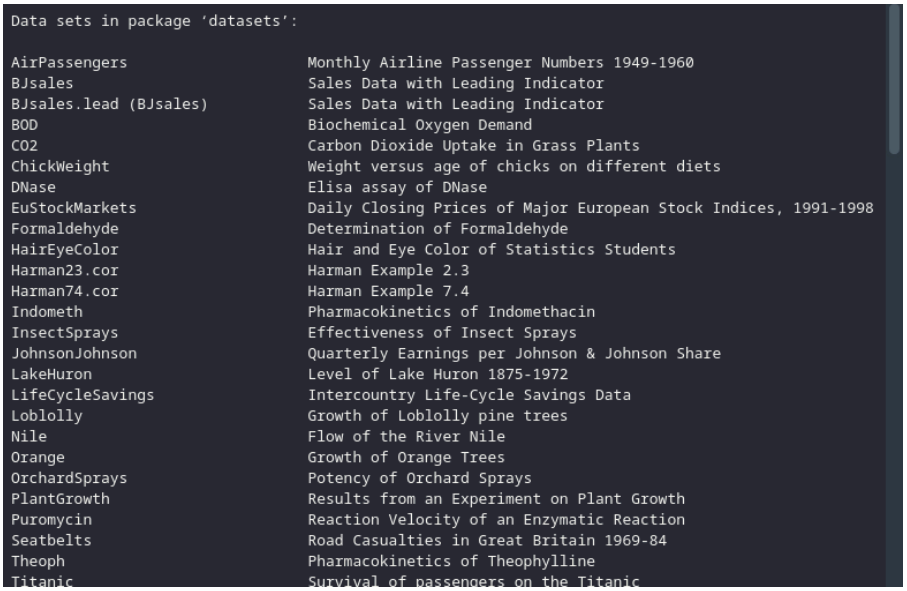



Abbildung 43: Paket aktivieren

Viele Paket enthalten Datensätze, die für Übungs- und Auswertungsbeispiele genutzt werden können.

Die enthaltenen Datensätze lassen sich mit dem Befehl `data(package="PAKETNAME")` auflisten. In `R` ist das Basispaket `datasets` enthalten, dessen Inhalte sich anzeigen lassen per:

```
# zeige die Datensätze des Pakets "datasets" an
data(package = "datasets")
```



```
Data sets in package 'datasets':

AirPassengers               Monthly Airline Passenger Numbers 1949-1960
BJsales                     Sales Data with Leading Indicator
BJsales.lead (BJsales)      Sales Data with Leading Indicator
BOD                         Biochemical Oxygen Demand
CO2                         Carbon Dioxide Uptake in Grass Plants
ChickWeight                 Weight versus age of chicks on different diets
DNase                       Elisa assay of DNase
EuStockMarkets              Daily Closing Prices of Major European Stock Indices, 1991-1998
Formaldehyde                Determination of Formaldehyde
HairEyeColor                Hair and Eye Color of Statistics Students
Harman23.cor                Harman Example 2.3
Harman74.cor                Harman Example 7.4
Indometh                    Pharmacokinetics of Indomethacin
InsectSprays                Effectiveness of Insect Sprays
JohnsonJohnson              Quarterly Earnings per Johnson & Johnson Share
LakeHuron                   Level of Lake Huron 1875-1972
LifeCycleSavings            Intercountry Life-Cycle Savings Data
Loblolly                    Growth of Loblolly pine trees
Nile                        Flow of the River Nile
Orange                      Growth of Orange Trees
OrchardSprays               Potency of Orchard Sprays
PlantGrowth                 Results from an Experiment on Plant Growth
Puromycin                   Reaction Velocity of an Enzymatic Reaction
Seatbelts                   Road Casualties in Great Britain 1969-84
Theoph                      Pharmacokinetics of Theophylline
Titanic                     Survival of passengers on the Titanic
```

Abbildung 44: Datensätze im Paket `datasets`

Um einen Datensatz eizubinden, wird er mit der `data()`-Funktion aufgerufen.

```r
# aktiviere den Datensatz "iris"
data(iris)

# zeige den Inhalt von 'iris'
head(iris)
```

```
  Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
1          5.1         3.5          1.4         0.2  setosa
2          4.9         3.0          1.4         0.2  setosa
3          4.7         3.2          1.3         0.2  setosa
4          4.6         3.1          1.5         0.2  setosa
5          5.0         3.6          1.4         0.2  setosa
6          5.4         3.9          1.7         0.4  setosa
```

Eine alternative Zugriffsweise besteht darin, die Datensätze per `paketname::datensatz` einem Objekt zuzuweisen.

```r
# weise den Datensatz psych::bfi dem Objekt testdf zu
testdf <- psych::bfi

# zeige erste Zeilen an
head(testdf)
```

```
      A1 A2 A3 A4 A5 C1 C2 C3 C4 C5 E1 E2 E3 E4 E5 N1 N2 N3 N4 N5 O1 O2 O3 O4
61617  2  4  3  4  4  2  3  3  4  4  3  3  3  4  4  3  4  2  2  3  3  6  3  4
61618  2  4  5  2  5  5  4  4  3  4  1  1  6  4  3  3  3  3  5  5  4  2  4  3
61620  5  4  5  4  4  4  5  4  2  5  2  4  4  4  5  4  5  4  2  3  4  2  5  5
```

```
61621  4  4  6  5  5  4  4  3  5  5  5  3  4  4  4  2  5  2  4  1  3  3  4  3
61622  2  3  3  4  5  4  4  5  3  2  2  2  5  4  5  2  3  4  4  3  3  3  4  3
61623  6  6  5  6  5  6  6  6  1  3  2  1  6  5  6  3  5  2  2  3  4  3  5  6
      O5 gender education age
61617  3      1        NA  16
61618  3      2        NA  18
61620  2      2        NA  17
61621  5      2        NA  17
61622  3      1        NA  17
61623  1      2         3  21
```

## 17.1 Zusatzpaket zu diesem Lehrbuch

Zu diesem Lehrbuch existiert ein eigenes Zusatzpaket, in welchem alle verwendeten Datensätze und Zusatzfunktionen enthalten sind.

Das Paket heisst `{jgsbook}`[4] und kann über das `CRAN`[5] installliert werden, siehe :

```
# installiere das Zusatzpaket dieses Lehrbuchs
install.packages("jgsbook")
```

Die enthaltenen Datensätze lassen sich mit dem Befehl `data()` auflisten:

```
# zeige die Datensätze des Pakets "jgsbook" an
data(package = "jgsbook")
```

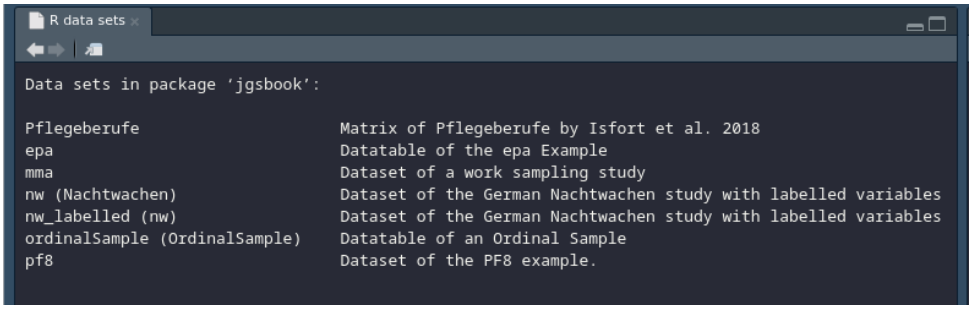



Abbildung 45: Datensätze im Paket `jgsbook`

…und in die Arbeitsumgebung laden:

```
# aktiviere jgsbook
library(jgsbook)

# aktiviere den Datensatz "epa"
data(epa)
```

[4] https://cran.r-project.org/package=jgsbook
[5] https://cran.r-project.org/package=jgsbook

```
# zeige die ersten 6 Datenreihen von "epa"
head(epa)
```

```
  age sex cms risk expert decu
1  50   m  40    0      0    0
2  75   m  40    0      0    0
3  86   w  13    1      1    0
4  77   w  24    1      1    0
5  66   w  40    0      0    0
6  51   m  37    0      0    0
```

Sie können auch über die Kombination `paketname::datensatz` auf die Datensätze zugreifen. So muss das Paket nicht erst per `library()` aktiviert werden.

```
# Datensatz "epa" aus dem Paket "jgsbook"
epa <- jgsbook::epa

# zeige die ersten 6 Datenreihen von "epa"
head(epa)
```

```
  age sex cms risk expert decu
1  50   m  40    0      0    0
2  75   m  40    0      0    0
3  86   w  13    1      1    0
4  77   w  24    1      1    0
5  66   w  40    0      0    0
6  51   m  37    0      0    0
```

# 18 Ausgabe in Datei umleiten

Das Umleiten der `R`-Ausgabe in eine Textdatei ist evtl. ein etwas angestaubtes Verfahren, welches vor allem in Zeiten **vor** `RStudio` Anwendung gefunden hat. Heutzutage steht mit `quarto` eine komfortable Lösung zur Verfügung, hübsche `R`-Auswertungen z.B. in einem ansprechenden `html`-Dokument (sprich einer Webseite) zu präsentieren (siehe hierzu Abschnitt 24).

Standardmäßig schreibt `R` seine Ausgaben in das Konsolfenster. Manchmal kann es aber auch vorteilhaft sein, die Ausgaben in eine Datei umzulenken. Dies kann mit der Funktion `sink()` erreicht werden. Der folgende Befehl leitet alle Ausgaben in die Textdatei `Ausgabe.txt` im Arbeitsverzeichnis um.

```
# leite ab jetzt alle Ausgaben in die Datei "Ausgabe.txt" um
sink("Ausgabe.txt")
```

Soll die Umleitung aufgehoben werden, erfolgt dies mit einem leeren Funktionsaufruf.

```
# beende die Umleitung
sink()
```

So kann man in der Scriptdatei genau festlegen, ab wann die Ausgaben in eine Datei geschrieben werden sollen, und wann nicht. Beachten Sie, dass `R` die Textdatei immer wieder überschreiben wird, z.B. wenn der `sink()` Aufruf beendet und dann erneut gestartet wird. Um die Ausgabe an eine bestehende Datei *anzuhängen* (ohne diese zu überschreiben) muss der Parameter `append` auf `TRUE` gesetzt werden.

```
# hänge ab jetzt alle Ausgaben an die Datei "Ausgabe.txt" an
sink("Ausgabe.txt", append=TRUE)
```

An dieser Stelle sei auf die Befehle `print()` und `cat()` hingewiesen. Wenn Sie die `R`-Ausgabe in eine Textdatei umleiten, möchten Sie evtl. ebenfalls Kommentare oder anderen Text in die Textdatei schreiben lassen, z.B. bevor Sie Befehle ausführen (oder nachdem).

Der Befehl `print()` gibt den Text dabei in der `R`-bekannten Weise aus.

```
# schreibe mit print() in die Textdatei
print("Guten Tag, beginnen wir mit der Analyse.")
```

In die Textdatei wird geschrieben:

```
[1] "Guten Tag, beginnen wir mit der Analyse."
```

Mit dem Befehl `cat()` wird tatsächlich nur der Text ausgegeben (ohne den Positionsanzeiger `[1]`).

```
# schreibe mit cat() in die Textdatei
cat("Guten Tag, beginnen wir mit der Analyse.\n Los geht es!")
```

In die Textdatei wird geschrieben:

```
Guten Tag, beginnen wir mit der Analyse.
Los geht es!
```

Der Parameter `\n` gibt an, dass eine neue Zeile beginnen soll.

# 19 Verteilungsfunktionen

In `R` sind zahlreiche Verteilungsfunktionen implementiert. Wir beschränken uns in diesem Buch auf die für uns wichtigen Wahrscheinlichkeisverteilungen.

Eine vollständige Liste aller implementierten Verteilungen findet sich unter https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/stats/html/Distributions.html.

Der Funktionsumfang folgt dabei einer gewissen Logik, für jede Verteilung existiert je eine `d`, `p`, `q` und `r`-Funktion. Für die Normalverteilung (siehe Näheres in Abschnitt 19.1) sind das `dnorm()`, `pnorm()`, `qnorm()` und `rnorm()`. Für die t-Verteilung (siehe Abschnitt 19.2) heißen die Equivalente `dt()`, `pt()`, `qt()` und `rt()`, für $\chi^2$ entsprechend `dchisq()`, `pchisq()`, `qchisq()` und `rchisq()`.

- `d`: ist jeweils die Dichtefunktion der Verteilung
- `p`: berechnet die Werte der Verteilungsfunktion (kumulierte Dichte)
- `q`: bestimmt die Quantile der Verteilung
- `r`: erzeugt Zufallswerte aus der Verteilung

Dies möchten wir am Beispiel der Normalverteilung verdeutlichen.

## 19.1 Normalverteilung

Die **Normalverteilung** ist mit den oben beschriebenen Funktionen in `R` implementiert.

Mit der Funktion `dnorm()` berechnet man die Werte der Wahrscheinlichkeitsdichte. Möchte man beispielsweise die Wahrscheinlichkeitsdichte für $x = 2$ aus der Standardnormalverteilung berechnen lautet der Befehl:

```
# Wahrscheinlichkeitsdichte für x=2
# in der Standardnormalverteilung
dnorm(2)
```

```
[1] 0.05399097
```

Standardmäßig stammen diese Werte aus der Standardnormalverteilung, sie streuen also mit einer Standardabweichung von $s = 1$ um den Mittelwert $\bar{x} = 0$.

Möchte man dies ändern, können der Funktion entsprechende Werte für Mittelwert und Standardabweichung übergeben werden:

```
# Wahrscheinlichkeitsdichte für x=4
# aus einer Verteilung mit Mittelwert 8 und Standardabweichung 2
dnorm(4, mean=8, sd=2)
```

```
[1] 0.02699548
```

Die Werte der Verteilungsfunktion lassen sich mit `pnorm()` berechnen. Die Funktion gibt die Wahrscheinlichkeit an, dass ein Zufallsvariable einen Wert von $\leq x$ (= „*höchstens*“ $x$) annimmt.

```
# Wahrscheinlichkeit dass Wert kleiner-gleich 2
# in Standardnormalverteilung
pnorm(2)
```

```
[1] 0.9772499
```

Für andere Normalverteilungen ändert sich der Befehl entsprechend:

```
# Wahrscheinlichkeit dass Wert kleiner-gleich 8
# in Normalverteilung mit xquer=12 und s=3
pnorm(8, mean=12, s=3)
```

```
[1] 0.09121122
```

Quantile lassen sich mit der Funktion `qnorm()` berechnen. Quantile stellen Grenzen dar, die ein zufälliger Wert mit einer vorgegebenen Wahrscheinlichkeit nicht *überschreiten* wird. Wenn das 95%-Quantil beispielsweise den Wert 5 hat, wird eine zufällig gezogene Zahl mit 95% Sicherheit *kleiner* als 5 sein.

```
# Grenze des 95% Quantils
# in Standardnormalverteilung
qnorm(p=0.95)
```

```
[1] 1.644854
```

Auch `qnorm()` können Werte für andere Normalverteilungen übergeben werden.

```
# Grenze des 95% Quantils
# in Normalverteilung mit xquer=9 und sd=5
qnorm(p=0.95, mean=9, sd=5)
```

```
[1] 17.22427
```

Mit `rnorm()` lassen sich normalverteilte Zufallswerte erzeugen:

```
# erzeuge "zufällig" 10 Werte # aus der Standardnormalverteilung
rnorm(10)
```

```
[1] -1.400043517  0.255317055 -2.437263611 -0.005571287  0.621552721
[6]  1.148411606 -1.821817661 -0.247325302 -0.244199607 -0.282705449
```

Auch mit `rnorm()` können wir andere Normalverteilungen für unsere Zufallszahlen angeben:

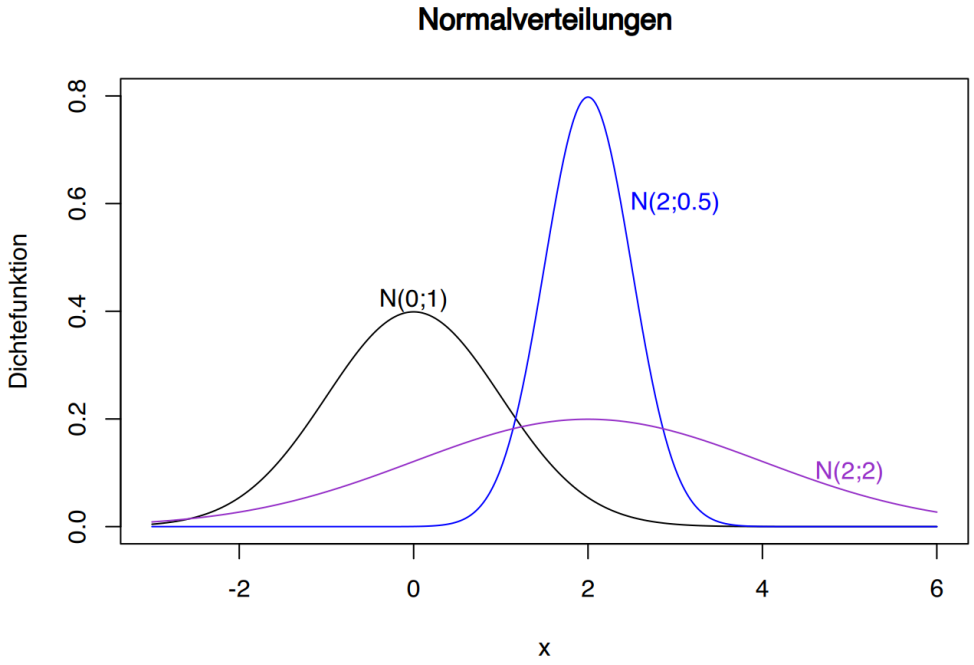
```
# erzeuge "zufällig" 10 normalverteilte Werte
# mit Mittelwert 8 und Standardabweichung 2
rnorm(10, mean=8, sd=2)
```

```

```

```
[1]  6.892601  9.257964 12.130050  4.738021  9.024854  4.273977  6.955975
[8]  7.894796  9.085993  6.171850
```

Plot-Beispiel mit der `plot()`-Funktion (siehe Abschnitt 35).

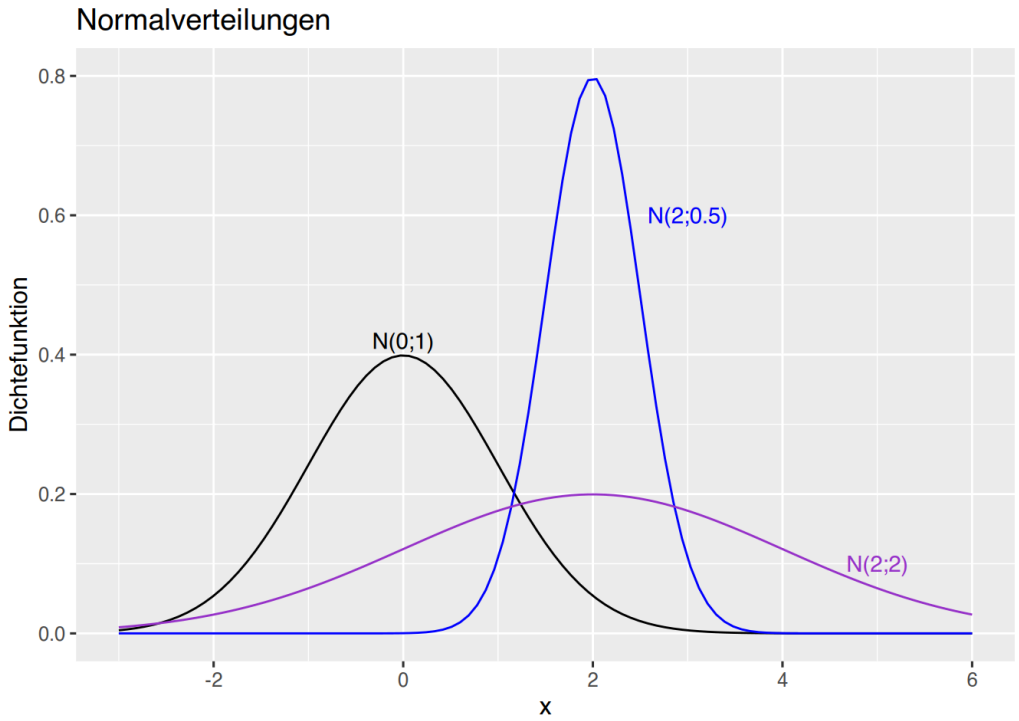
```r
# Erzeuge Werte von -3 bis 6
x <- seq(-3, 6, by = 0.005)

# Plot erstellen
plot(x, dnorm(x, mean = 0, sd = 1),
     type = "l", xlim = c(-3, 6), ylim = c(0, 0.8),
     xlab = "x", ylab = "Dichtefunktion", main = "Normalverteilungen")
lines(x, dnorm(x, mean = 2, sd = 0.5), col = "blue")
lines(x, dnorm(x, mean = 2, sd = 2), col = "darkorchid")

# Annotationen hinzufügen
text(0, 0.42, "N(0;1)", col = "black")
text(3, 0.6, "N(2;0.5)", col = "blue")
text(5, 0.1, "N(2;2)", col = "darkorchid")
```




Beispiel mit `ggplot()` (siehe Abschnitt 36).

```r
# erzeuge Werte von -3 bis 6
x <- seq(-3,6, by=0.005)
# übergebe in ein data.frame
df <- data.frame(x)
```

```
# ggplot erstellen
library(ggplot2)
p <- ggplot(data=df, aes(x)) + xlim(-3,6) + ylim(0, 0.8) + xlab("x") +
      ylab("Dichtefunktion") + ggtitle("Normalverteilungen")
p +
      stat_function(fun=dnorm, args=(c(mean=0,sd=1)), colour="black")+
      annotate(geom="text", x=0, y=0.42, label="N(0;1)", color="black")+
      stat_function(fun=dnorm, args=(c(mean=2,sd=0.5)), colour="blue") +
      annotate(geom="text", x=3, y=0.6, label="N(2;0.5)", color="blue")+
      stat_function(fun=dnorm, args=(c(mean=2,sd=2)), colour="darkorchid") +
      annotate(geom="text", x=5, y=0.1, label="N(2;2)",
      color="darkorchid")
```




Für weitere Plot-Beispiele zur Normalverteilung siehe Abschnitt 38.2.

## 19.2 t-Verteilung

Die „kleine Schwester“ der Standardnormalverteilung ist die **Student-t-Verteilung** (oder einfach kurz **t-Verteilung**). Für sie stehen die selben Funktionstypen zur Verfügung wie für die Normalverteilung (siehe Abschnitt 19.1). Diese heissen entsprechend `dt()`, `pt()`, `qt()` und `rt()` und funktionieren genau wie ihre Pendants der Standardnormalverteilung. Jedoch muss ihnen noch die Anzahl der Freiheitsgrade (df) übergeben werden:

```
# Wahrscheinlichkeitsdichte für x=2
# in der t-Verteilung mit 4 Freiheitsgraden
dt(2, df=4)
```

```
[1] 0.06629126
```

```
# Wahrscheinlichkeit dass Wert kleiner-gleich 2
# in der t-Verteilung mit 3 Freiheitsgraden
pt(2, df=3)
```

```
[1] 0.930337
```

```
# Grenze des 95% Quantils # in der t-Verteilung mit 3 Freiheitsgraden
qt(p=0.95, df=3)
```

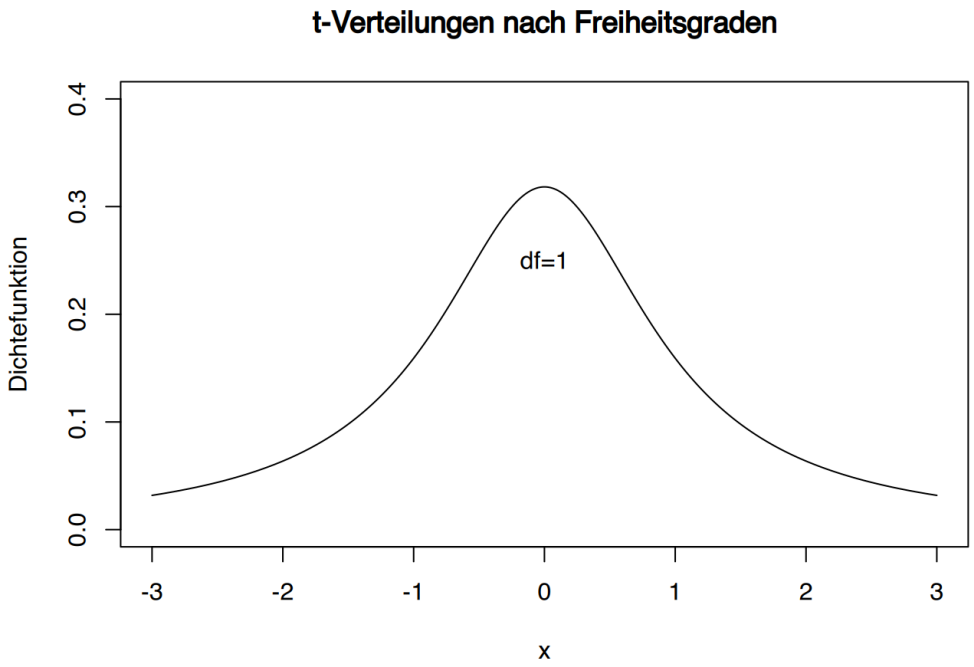
```
[1] 2.353363
```

```
# erzeuge "zufällig" 10 Werte
# aus der t-Verteilung mit 13 Freiheitsgraden
rt(10, df=13)
```

```
[1]  0.45366019 -1.18009245  2.00550964  0.07126229  0.63480028  0.17499076
[7]  1.65206115 -0.22859755 -2.07243796 -0.28974980
```

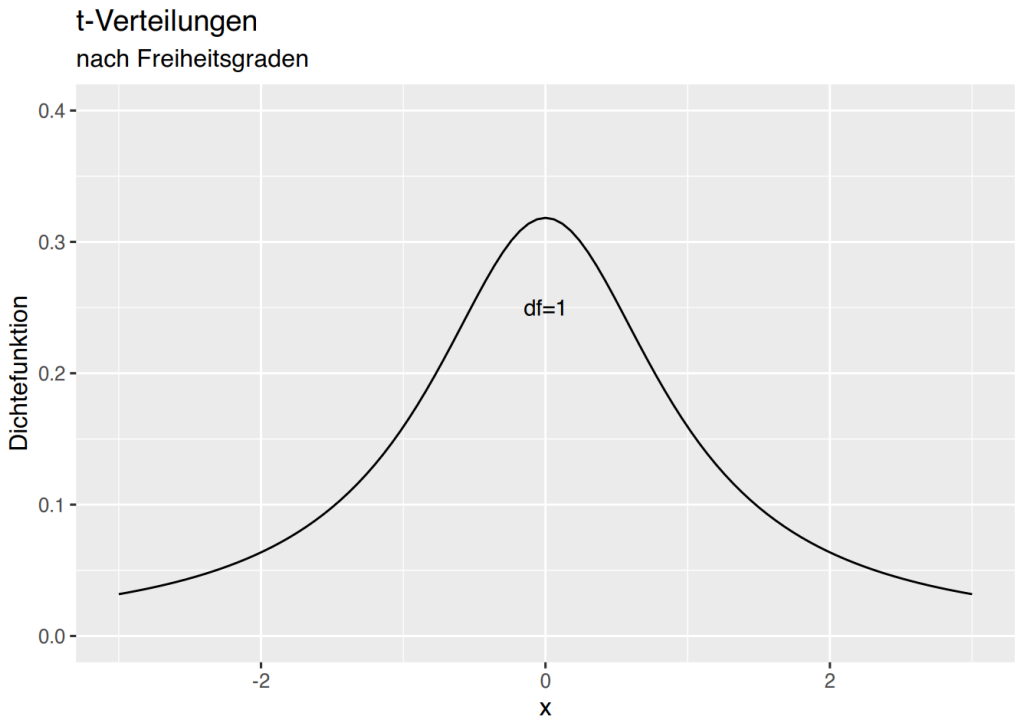
Möchte man die t-Verteilung plotten, kann das mittels `plot()` (siehe Abschnitt 35) beispielsweise so geschehen:

```
# Erzeuge x-Werte
x <- seq(-3, 3, by = 0.005)

# Plot erstellen
plot(x, dt(x, df = 1), type = "l",
     xlim = c(-3, 3), ylim = c(0, 0.4),
     xlab = "x", ylab = "Dichtefunktion",
     main = "t-Verteilungen nach Freiheitsgraden")

# Text hinzufügen
text(0, 0.25, "df=1", col = "black")
```




…oder mittels mit `ggplot` (siehe Abschnitt 36) wie folgt.

```
# Erzeuge x-werte
df <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))

# Grundlegene Plotangaben
p <- ggplot(data=df, aes(x)) +
  # begrenze die Achsen
  xlim(-3,3) + ylim(0, 0.4) +
  # Achsen-Titel
  xlab("x") +   ylab("Dichtefunktion") +
  # Plot-Titel
  ggtitle("t-Verteilungen", subtitle = "nach Freiheitsgraden")

# t-Verteilung plotten
p + stat_function(fun=dt, args=list(df=1), col="black") +
  # Textfeld hinzufügen
  annotate(geom="text", x=0, y=0.25, label="df=1", color="black")
```




Für weitere Plot-Beispiele zur Normalverteilung siehe Abschnitt 38.3.

## 19.3 $\chi^2$-Verteilung

Die $\chi^2$-Verteilung ist mit den oben beschriebenen Funktionen in `R` implementiert. Diese heissen entsprechend `dchisq()`, `pchisq()`, `qchisq()` und `rchisq()` und funktionieren genau wie ihre Pendants der Standardnormalverteilung. Jedoch muss ihnen (wie bei der t-Verteilung) noch die Anzahl der Freiheitsgrade (df) übergeben werden:

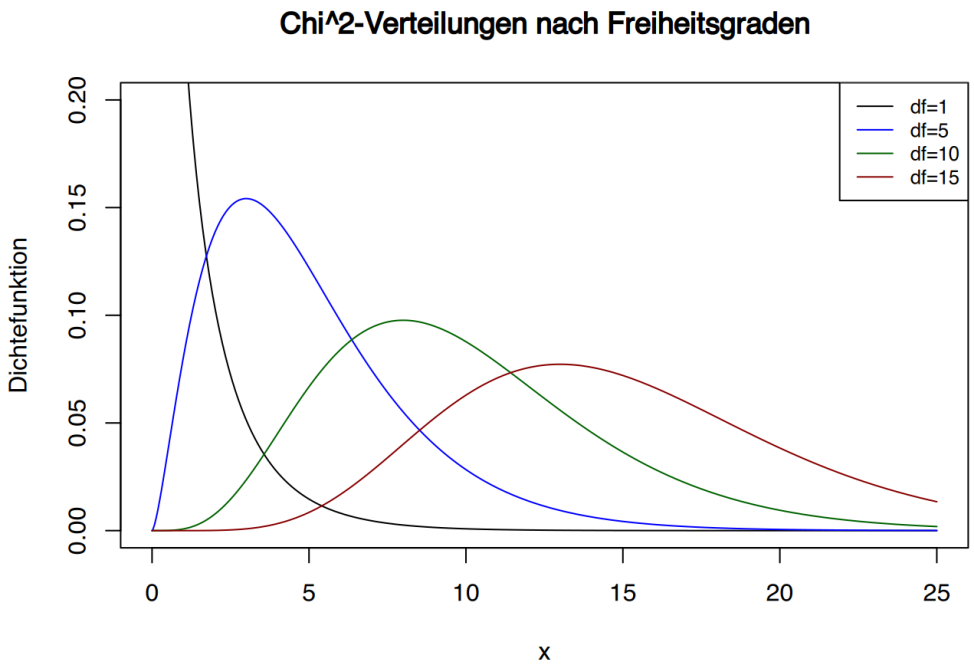
```
# Wahrscheinlichkeitsdichte für x=2
# in der Chi^2-Verteilung mit 4 Freiheitsgraden
dchisq(2, df=4)
```

```
[1] 0.1839397
```

Möchte man die $\chi^2$-Verteilung plotten, kann das mit der `plot()`-Funktion (siehe Abschnitt 35) so umgesetzt werden:

```
# Erzeuge x-Werte
x <- seq(0, 25, by = 0.005)

# Dichte-Funktionen berechnen
df01 <- dchisq(x, df = 1)
df05 <- dchisq(x, df = 5)
df10 <- dchisq(x, df = 10)
```

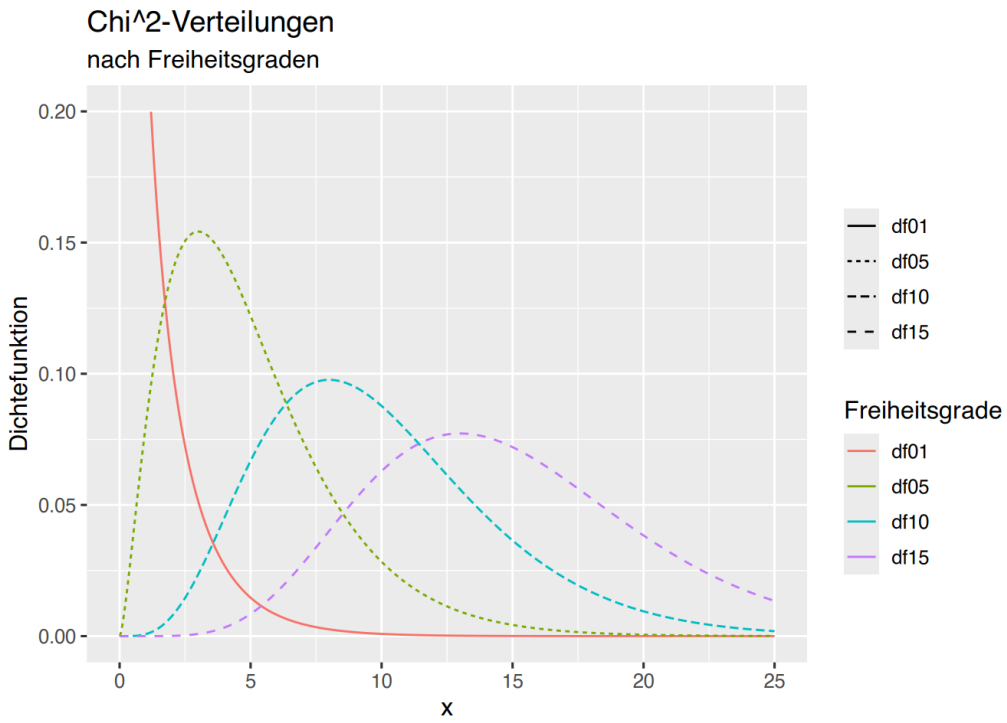
```
df15 <- dchisq(x, df = 15)

# Plot erstellen
plot(x, df01, type = "l",
     xlim = c(0, 25), ylim = c(0, 0.2),
     xlab = "x", ylab = "Dichtefunktion",
     main = "Chi^2-Verteilungen nach Freiheitsgraden")

# Linien für andere Freiheitsgrade hinzufügen
lines(x, df05, col = "blue")
lines(x, df10, col = "darkgreen")
lines(x, df15, col = "darkred")

# Legende hinzufügen
legend("topright", legend = c("df=1", "df=5", "df=10", "df=15"),
       col = c("black", "blue", "darkgreen", "darkred"),
       lty = 1, cex = 0.8)
```




… oder mittels `ggplot` (siehe Abschnitt 36) wie folgt.

```
# Erzeuge x-werte
x=seq(0,25, by=0.005)
df <- data.frame(  x,
  df01 = dchisq(x, df=1),
  df05 = dchisq(x, df=5),
  df10 = dchisq(x, df=10),
  df15 = dchisq(x, df=15)
)
```

```
# erzeuge long-table
df <- pivot_longer(df, cols=c(df01, df05, df10, df15))

p <- ggplot(data=df, aes(x, value, fill=name)) +
  xlim(0,25) + ylim(0, 0.2) +
  xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("Chi^2-Verteilungen", subtitle = "nach Freiheitsgraden")
p + geom_line(aes(col=name,linetype=name))+
labs(col="Freiheitsgrade",linetype="")
```




Für weitere Plot-Beispiele zur $\chi^2$-Verteilung siehe Abschnitt 38.4.

## 19.4 Poisson-Verteilung

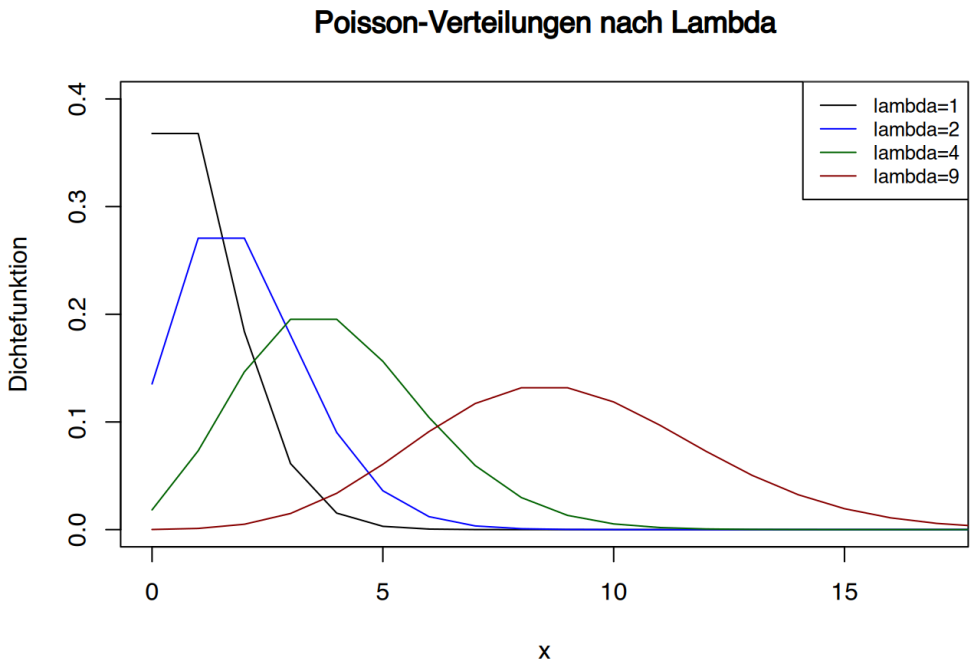
Die Poisson-Verteilung ist mit den oben beschriebenen Funktionen in `R` implementiert. Diese heissen entsprechend `dpois()`, `ppois()`, `qpois()` und `rpois()` und funktionieren genau wie ihre Pendants der Standardnormalverteilung. Jedoch muss ihnen der Wert für $\lambda$ übergeben werden.

```
# Wahrscheinlichkeitsdichte für x=2
# in der Poisson-Verteilung mit Lambda=4
dpois(2, lambda=4)
```

```
[1] 0.1465251
```

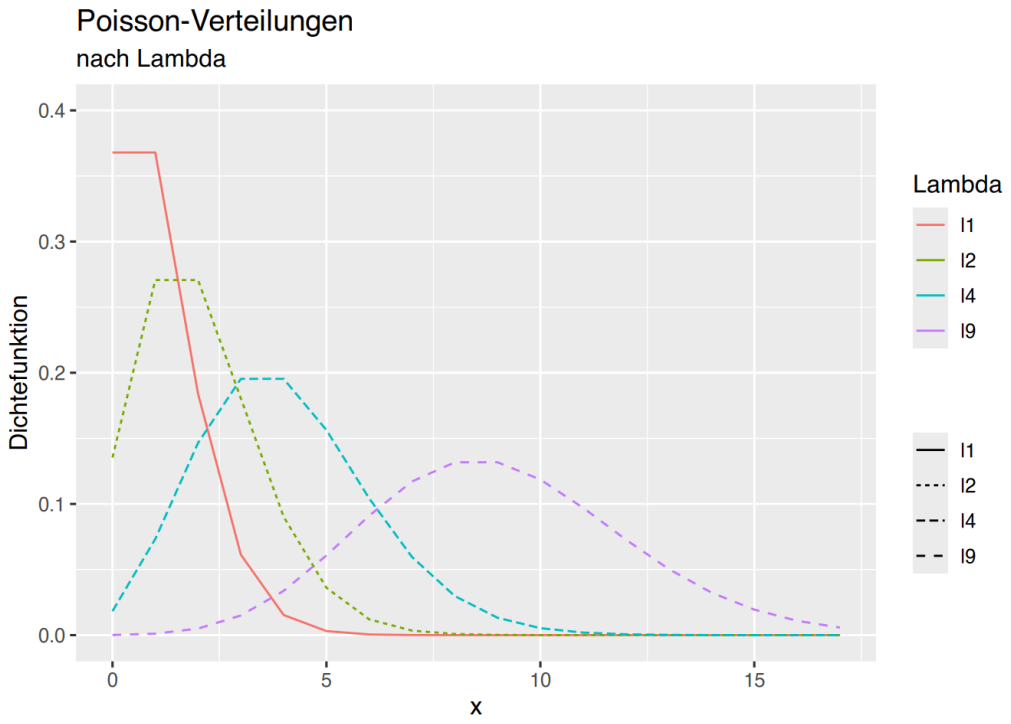
Möchte man die Poisson-Verteilung plotten, kann dies mittels `plot()` (siehe Abschnitt 35) z.B. so erfolgen:

```r
# Erzeuge x-Werte
x <- seq(0, 25)

# Dichtefunktionen berechnen
l1 <- dpois(x, lambda = 1)
l2 <- dpois(x, lambda = 2)
l4 <- dpois(x, lambda = 4)
l9 <- dpois(x, lambda = 9)

# Plot erstellen
plot(x, l1, type = "l",
     xlim = c(0, 17), ylim = c(0, 0.4),
     xlab = "x", ylab = "Dichtefunktion",
     main = "Poisson-Verteilungen nach Lambda")

# Linien für andere Lambdas hinzufügen
lines(x, l2, col = "blue")
lines(x, l4, col = "darkgreen")
lines(x, l9, col = "darkred")

# Legende hinzufügen
legend("topright", legend = c("lambda=1", "lambda=2", "lambda=4", "lambda=9"),
       col = c("black", "blue", "darkgreen", "darkred"),
       lty = 1, cex = 0.8)
```




oder mittels `ggplot` (siehe Abschnitt 36) wie folgt.

```
#| warning: false
# Erzeuge x-Werte
x=seq(0,25)
df <- data.frame(  x,
                   l1 = dpois(x, 1),
                   l2 = dpois(x, 2),
                   l4 = dpois(x, 4),
                   l9 = dpois(x, 9)
)

# erzeuge eine long-table
df <- pivot_longer(df, cols=c(l1, l2, l4, l9))

# plot vorbereiten
p <- ggplot(data=df, aes(x, value, fill=name)) +
  xlim(0,17) + ylim(0, 0.4) +
  xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("Poisson-Verteilungen", subtitle = "nach Lambda")
p + geom_line(aes(col=name,linetype=name))+
  labs(col="Lambda",linetype="")
```




Für weitere Plot-Beispiele zur Poisson-Verteilung siehe Abschnitt 38.5.

## 19.5 Binomial-Verteilung

Die Binomial-Verteilung ist mit den oben beschriebenen Funktionen in `R` implementiert. Diese heissen entsprechend `dbinom()`, `pbinom()`, `qbinom()` und `rbinom()` und funktionieren genau wie ihre Pendants der Standardnormalverteilung.

Als Parameter werden übergeben:

- `x` = *günstige* Werte
- `n` = Anzahl der Beobachtungen
- `prob` = Wahrscheinleichkeit des Ereignisses

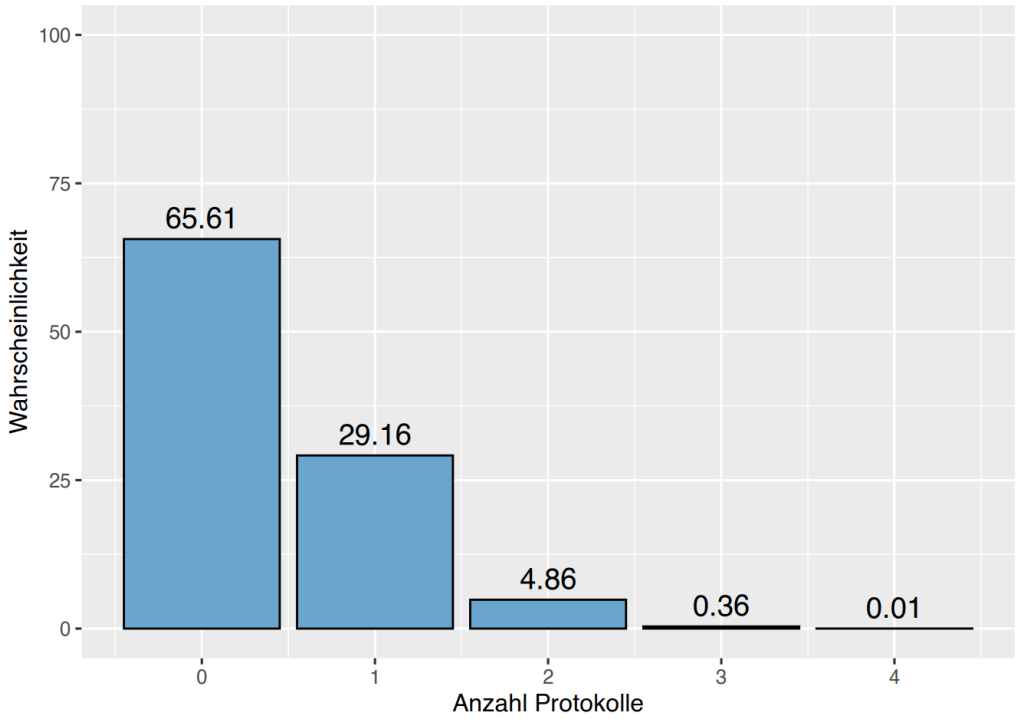
Die Wahrscheinlichkeit, dass ich in einem 4-tägigen Seminar mit insgesamt 10 Teilnehmern 2mal das Tagesprotokoll schreiben muss (aus (Kuckartz et al., 2013)) errechnet sich wie folgt:

```
# Wahrscheinlichkeit, insgesamt 2mal das Tagesprotokoll schreiben zu müssen,
# bei 10 Teilnehmern und 4 Seminartagen
dbinom(x=2, size=4, prob=0.1)
```

```
[1] 0.0486
```

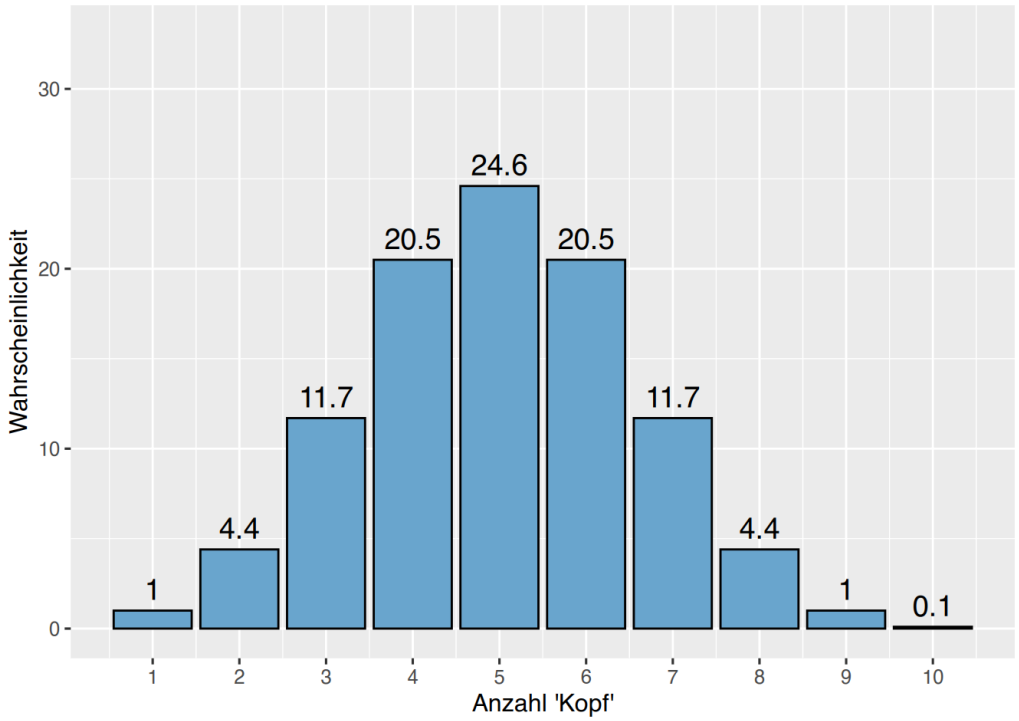
Die Wahrscheinlichkeitswerte können für jedes Ereignis „`Protokoll schreiben`“ errechnet und geplottet werden:

```
# Erzeuge Ereignisraum
protokoll <- c(0:4)

# überführe in Datenframe und berechne alle Wahrscheinlichkeiten, das Tagesprotokoll
schreiben zu müssen,
# bei 10 Teilnehmern an 4 Seminartagen
df <- data.frame(protokoll, y=dbinom(x=protokoll, size=4, prob=0.1)*100)

# plotten
ggplot(df,       aes(x=protokoll,       y=y))       +       geom_bar(stat="identity",
col="black",fill="skyblue3")+
  geom_text(aes(label = y),size = 5,vjust = -0.5)+
  xlab("Anzahl Protokolle")+
  ylab("Wahrscheinlichkeit")+ ylim(0,100)
```




Die Wahrscheinlichkeit, bei 10 Münzwürfen **k**-mal `Kopf` zu werfen, errechnet sich wie folgt:

```
# Ereignisraum erzeugen
münze <- c(1:10)

# überführe in Datenframe und berechne
# alle Wahrscheinlichkeiten, k-mal "Kopf" zu werfen
df <- data.frame(münze, y=round(dbinom(x=münze, size=10, prob=0.5)*100,1))

# plotten
ggplot(df, aes(x=münze, y=y)) +
  geom_bar(stat="identity", col="black",fill="skyblue3")+
  geom_text(aes(label = y),size = 5,vjust = -0.5)+
  xlab("Anzahl 'Kopf'")+
  ylab("Wahrscheinlichkeit")+ ylim(0,33) +
  scale_x_continuous(breaks = 0:10)
```


30
20
10
0
Wahrscheinlichkeit
24.6
20.5
20.5
11.7
11.7
4.4
4.4
1
1
0.1
1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
Anzahl 'Kopf'

# 20 Eigene Funktionen programmieren

In R lassen sich auch eigene Funktionen integrieren. Die wohl „einfachste“ Methode hierbei ist, die Funktionen in der R-Sprache selber zu schreiben. Es besteht aber auch die Möglichkeit, neue Funktionen in Programmiersprachen wie z.B. C++ zu programmieren.

Zum Erstellen einer eigenen Funktion steht der Befehl `function()` zur Verfügung. Dieser ist wie folgt aufzurufen:

```
function(Parameter1, Parameter2, ...) {
        FUNKTIONSWEISE
        }
```

In den Klammern direkt nach function können Parameter benannt werden, welche dann beim Funktionsaufruf der Funktion zur Verfügung stehen. Innerhalb der geschweiften Klammern wird die eigentliche Funktionsweise geschrieben.

Um eine neue Funktion in R aufrufen zu können, wird die Funktionsweise einem neuen Objekt (z.b. `myfunc`) zugeordnet.

```
myfunc <- function(x,y){ # Neue Funktion mit den Parametern x und y
          z <- x+y       # Die Summe von x und y wird in z gespeichert
          return(z)      # z wird zurückgemeldet
          }
```

Der obigen Dummy-Funktion werden im Funktionsaufruf die Parameter `x` und `y` übergeben. Innerhalb der Funktion wird die Summe aus `x` und `y` gebildet, und per `return()` an die R-Konsole zurückgemeldet. Jetzt können wir diese Funktion aufrufen:

```
myfunc(4,6)
```

```
[1] 10
```

Es besteht ferner die Möglichkeit, Standardwerte für die Parameter zu setzen, welche verwendet werden, falls der Funktionsaufruf ohne Parameter erfolgt.

```
myfunc <- function(x=3,y=7){ # Neue Funktion mit Standardwerten für die Parameter x und y
          z <- x+y           # Die Summe von x und y wird in z gespeichert
          return(z)          # z wird zurückgemeldet
          }
```

Rufen wird die Funktion ohne Parameter auf, so werden die Standardwerte genutzt.

```
# Funktionsaufruf OHNE Parameter
myfunc()
```

```
[1] 10
```

Rufen wir die Funktion mit Parametern auf, werden diese verwendet.

```
myfunc(12,4)
```

```
[1] 16
```

## 20.1 Beispiele

Alle Funktionen (und Datensätze) dieses Lehrbuches sind auch im Zusatzpaket `jgsbook` enthalten (siehe Abschnitt 17.1).

### 20.1.1 z-Transformation

Zwar ist in R bereits die Funktion `scale()` integriert, aber zu edukativen Zwecken programmieren wir unsere eigene Funktion `ztrans()`. Mit dieser Funktion wird die z-Transformation für gegebene Werte errechnet. Die Funktion folgt der Formel

$$z_i = \frac{x_i - \mu}{\sigma}$$

Als Standardparameter werden die Werte der Standardnormalverteilung gesetzt.

```
ztrans <- function(x, mu=0, sd=1){
  z = (x-mu)/sd
  return(z)
}
```

```
# x ist 120, aus einer normalverteilten Reihe mit
# Mittelwert 118 und Standardabweichung 20
ztrans(120,mu=118,sd=20)
```

```
[1] 0.1
```

### 20.1.2 Sensitivität

Die folgende Funktion errechnet Sensitivität, Spezifität sowie positiv- und negativ-prädiktive Werte für gegebene Werte.

```
sens.spec <- function(rp, rn, fp, fn){
    x <- data.frame(
```

```
              sens=round(rp/(rp+fn)*100, 2),
              spec=round(rn/(rn+fp)*100, 2),
              ppw =round(rp/(rp+fp)*100, 2),
              npw =round(rn/(rn+fn)*100, 2)
              )
   return(x)
 }
```

Die zu übergebenden Parameter sind

- `rp` = Anzahl richtig positive
- `rn` = Anzahl richtig negative
- `fp` = Anzahl falsch positive
- `fn` = Anzahl falsch negative

```
sens.spec(40, 17, 85, 4)
```

```
   sens  spec ppw   npw
1 90.91 16.67  32 80.95
```

### 20.1.3 Kenngrößen

Die folgende Funktion gibt die gebräuchlichsten Kenngrößen einer Wertereihe zurück:

```
kenngroessen <- function(werte){
  bla <- data.frame(0)
  bla$modus=paste(as.character(statip::mfv(werte)), collapse="|")
  bla$mean=mean(werte, na.rm=T)
  bla$median=median(werte, na.rm=T)
  bla$p25=quantile(werte,0.25,type=6)
  bla$p75=quantile(werte,0.75,type=6)
  bla$iqr=IQR(werte,type=6)
  bla$sd=sd(werte, na.rm=T)
  bla$var=var(werte, na.rm=T)
  bla$VK= (sd(werte, na.rm=T)/mean(werte,na.rm=T))
  return(bla[-1])
}
```

```
# erzeuge zufällige Werte
x <- ceiling(rnorm(100, 10,5))

# Kenngrößen anzeigen
kenngroessen(x)
```

```
  modus  mean median p25 p75 iqr       sd      var       VK
1     9 10.84     11   9  14   5 5.304315 28.13576 0.489328
```

### 20.1.4 Häufigkeitstabellen

Die folgende Funktion gibt eine vollständige Häufigkeitstabelle mit absoluten und relativen Häufigkeiten sowie kummulierten Werten zurück.

```
freqTable <- function(werte){
  x <- table(werte)
  tabelle <- data.frame(x)
  tabelle$freqcum <- cumsum(x)
  tabelle$relfreq <- round(x/length(werte)*100,2)
  tabelle$relcum  <- cumsum(round(x/length(werte)*100,2))
  colnames(tabelle) <- c("Wert", "Häufig", "Hkum", "Relativ", "Rkum")
  tabelle$Wert <- as.numeric(as.vector(tabelle$Wert))
  return(tabelle)
}
```

```
x <- ceiling(rnorm(13, 10,2))
freqTable(x)
```

```
  Wert Häufig Hkum Relativ  Rkum
1    7      1    1    7.69  7.69
2    8      2    3   15.38 23.07
3    9      5    8   38.46 61.53
4   10      2   10   15.38 76.91
5   11      2   12   15.38 92.29
6   12      1   13    7.69 99.98
```

## 20.2 Bedingungen

Innerhalb der Funktion können Variablenbedingungen mit dem `if()`-Befehl abgefragt werden. Der Aufruf erfolgt etwa so:

```
if(VARIABLENBEDINGUNG) {FUNKTIONSWEISE}
```

Innerhalb der Klammern des `if()`-Befehls werden die Variablenbedingungen gesetzt. Falls diese Bedingungen erfüllt sind, wird der Code innerhalb der geschweiften Klammern ausgeführt. Folgende Bedingungen können abgefragt werden

| Zeichen | Bedingung |
|---|---|
| == | gleich |
| != | ungleich |

| | |
|---|---|
| < | kleiner |
| <= | kleiner-gleich |
| > | größer |
| >= | größer-gleich |
| & | UND |
| \| | ODER |

Innerhalb von Funktionen kann man dies wie folgt anwenden

```
myfunc <- function(x=3,y=7){
          z <- x+y                      # Die Summe von x und y wird in z gespeichert
          if(z>20) {                    # Abfrage, ob die Summer größer als 20 ist
              z <- "wow, bist du gross"  # wenn ja, dann schreibe einen Text in das
Objekt z
             }
          return(z)                     # z wird zurückgemeldet
          }
```

Mehrere Bedingungen können verknüpft werden, z.B. so:

```
myfunc <- function(x=3,y=7){
          if(x<0 & y<0) {          # Abfrage, ob x und y negativ sind
             x <- x*(-1)           # wenn ja, dann mache beide positiv
             y <- y*(-1)
             }
          z <- x+y                 # Die Summe von x und y wird in z gespeichert
          if(z==0 | z>50)  {       # Abfrage, ob z gleich 0 oder größer 50 ist
            z <- "Summe ist 0 oder größer 50" # wenn ja, schreibe einen Text...
            }
          return(z)                # z wird zurückgemeldet
          }
```

### 20.2.1 Beispiel Zusatzpakete

Die folgende Funktion installiert die vorgegebenen Pakete, sofern sie noch nicht installiert sind. Dies ist hilfreich, wenn z.B. auf eine höhere R-Version geupdatet wurde, und alle Zusatzpakete neu installiert werden müssen.

```
install.my.packages <- function(){
  # Liste meiner favorisierten Pakete
  my_packages <- c("blogdown", "bookdown",
                   "car",
                   "foreign",
                   "gghighlight", "ggplot2",
                   "haven",
                   "likert",
                   "prettyR", "psych",
```

```
                "reshape", "reshape2",
                "samplingbook", "scales", "statip",
                "tidyverse",
                "VGAM",
                "xtable"
)

#--------------
# Überprüfe, ob die Pakete bereits installiert sind
not_installed <- my_packages[!(my_packages %in% installed.packages()[ , "Package"])]
# installiere solche, die noch nicht installiert sind
if(length(not_installed)) install.packages(not_installed, dependencies = TRUE)
return(paste(length(not_installed), "Pakete wurden installiert (plus dependencies)."))
}
```

Die Funktion kann dann wie folgt aufgerufen werden:

```
install.my.packages()
```

Bei mir ist alles up-to-date, so dass kein Paket installiert werden muss.

Mit einer leichten Änderung können weitere Pakete an den Parameter `p` übergeben werden:

```
install.my.packages <- function(p=""){
  # Liste meiner favorisierten Pakete
  my_packages <- c("blogdown", "bookdown",
                "car",
                "foreign",
                "gghighlight", "ggplot2",
                "haven",
                "likert",
                "prettyR", "psych",
                "reshape", "reshape2",
                "samplingbook", "scales", "statip",
                "tidyverse",
                "VGAM",
                "xtable"
)

# Falls Pakete über den Parameter "p" übergeben wurden,
# füge sie der Liste hinzu
if(p!=""){
  my_packages <- c(p, my_packages)
    }
#--------------
# Überprüfe, ob die Pakete bereits installiert sind
not_installed <- my_packages[!(my_packages %in% installed.packages()[ , "Package"])]
# installiere solche, die noch nicht installiert sind
if(length(not_installed)) install.packages(not_installed, dependencies = TRUE)
```

```
return(paste(length(not_installed), "Pakete wurden installiert (plus dependencies)."))
}
```

Der Funktion kann so ein Vektor weiterer Pakete übergeben werden, die zusätzlich zur vorgegebenen Liste installiert werden, falls sie noch nicht installiert sind:

```
install.my.packages(c("ggpubr", "qqplotr"))
```

```
[1] "2 Pakete wurden installiert (plus dependencies)."
```

### 20.2.2 Beispiel verschiedene lineare Modelle vergleichen

Wir programmieren eine Funktion, welche verschiedene lineare Modelle vergleicht. Hierbei sollen die Modelle mittels Bestimmtheitsmaß ($R^2$) verglichen werden, und auf Wunsch können Vorhersagewerte erzeugt werden.

```
compare.lm <- function(dep, ind, predict=FALSE, steps=0.01){
  # erzeuge lineares Modell
  lin <- lm(dep ~ ind)
  # erzeuge quadratisches Modell
  q <- lm(dep ~ ind + I(ind^2))
  # erzeuge kubisches Modell
  c <- lm(dep ~ ind + I(ind^2) + I(ind^3))
  # erzeuge exponentielles Modell
  e <- lm(log(dep) ~ ind)
  # erzeuge logarithmisches Modell
  l <- lm(dep ~ log(ind))
  # erzeuge sigmoidales Modell
  s <- lm(log(dep) ~ I(1/ind))
  # erzeuge Potenzmodell
  p <- lm(log(dep) ~ log(ind))

  # Speichere die R²-Ergebnisse in einem Datenframe
  result <- data.frame(Modell = c("linear", "quadratisch", "kubisch", "exponentiell",
                                  "logarithmisch", "sigmoidal", "potenz"),
                       R.square = c(summary(lin)$r.squared,
                                    summary(q)$r.squared,
                                    summary(c)$r.squared,
                                    summary(e)$r.squared,
                                    summary(l)$r.squared,
                                    summary(s)$r.squared,
                                    summary(p)$r.squared))
  # Sollen Vorhersagewerte erzeugt werden?
  if(predict==TRUE){
    # x-Werte
    pred.x <- seq(min(ind), max(ind), steps)
    # lineare Vorhersagewerte
    pred.lin <- predict(lin, list(ind=pred.x))
    # quadratische Vorhersagewerte
```

```
    pred.q <- predict(q, list(ind=pred.x))
    # kubische Vorhersagewerte
    pred.c <- predict(c, list(ind=pred.x))
    # exponentielle Vorhersagewerte
    pred.e <- exp(predict(e, list(ind=pred.x)))
    # logarithmische Vorhersagewerte
    pred.l <- predict(l, list(ind=pred.x))
    # sigmoidale Vorhersagewerte
    pred.s <- predict(s, list(ind=pred.x))
    pred.s[-1] <- exp(pred.s[-1])
    # potenzvorhersagewerte
    pred.p <- exp(predict(p, list(ind=pred.x)))

    # Vorhersagewerte zurückgeben
    return(data.frame(x = pred.x,
                      line = pred.lin,
                      quad = pred.q,
                      cube = pred.c,
                      expo = pred.e,
                      loga = pred.l,
                      sigm = pred.s,
                      power = pred.p))
  } else {
    return(result[order(result$R.square, decreasing = TRUE),])
  }
}
```

Probieren wir die Funktion aus:

```
# Dummy-Daten
x <- c(6, 9, 12, 14, 30, 35, 40, 47, 51, 55, 60)
y <- c(14, 28, 50, 70, 89, 94, 90, 75, 59, 44, 27)
# Modellvergleich
compare.lm(y, x)
```

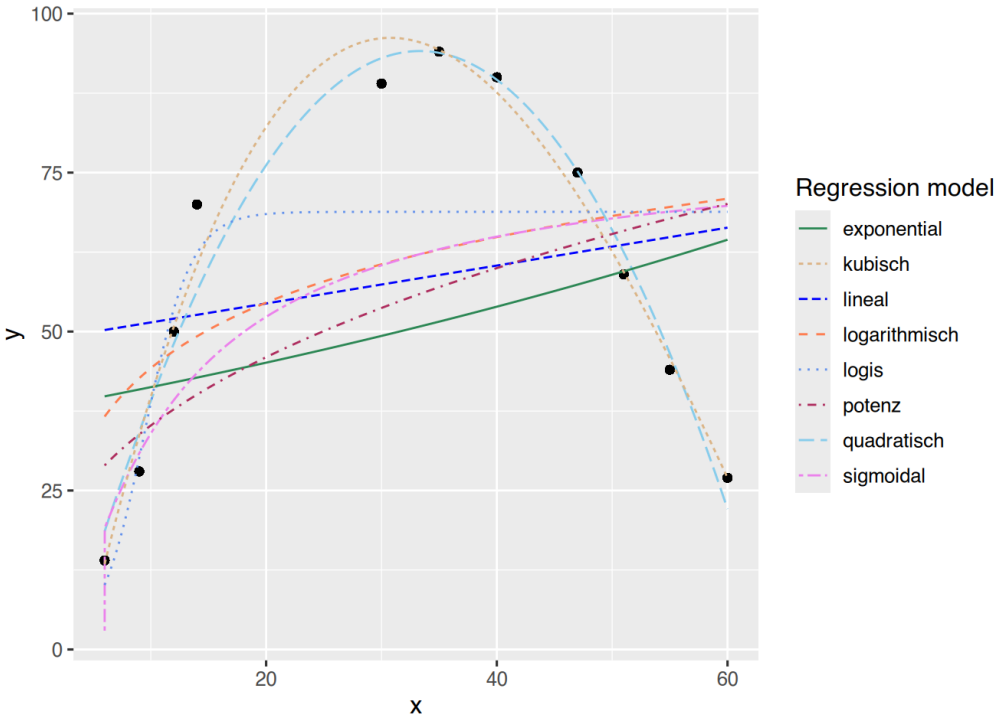
```
         Modell   R.square
3       kubisch 0.97480010
2   quadratisch 0.96019615
6     sigmoidal 0.47930323
7        potenz 0.26118539
5 logarithmisch 0.18835564
4  exponentiell 0.08309738
1        linear 0.04459826
```

```
# Vorhersagewerte
head(compare.lm(y, x, predict=TRUE))
```

```
     x     line     quad     cube     expo     loga      sigm    power
1 6.00 50.24169 18.56932 13.44564 39.81109 36.63143  2.949079 28.94804
2 6.01 50.24467 18.62461 13.51854 39.81464 36.65621 19.134154 28.96656
3 6.02 50.24765 18.67988 13.59140 39.81820 36.68095 19.179906 28.98506
4 6.03 50.25063 18.73513 13.66423 39.82175 36.70564 19.225615 29.00354
5 6.04 50.25361 18.79036 13.73702 39.82530 36.73029 19.271282 29.02200
6 6.05 50.25660 18.84557 13.80977 39.82885 36.75491 19.316905 29.04044
```

Mit den Vorhersagedaten können alle Modelle in eine Punktwolke geplottet werden.

```
df <- compare.lm(y, x, predict=TRUE)

ggplot(df) +
  scale_linetype("Regression model") +
  geom_line(aes(x=x, y=line, linetype="lineal"), col="blue") +
  geom_line(aes(x=x, y=quad, linetype="quadratisch"), col="skyblue") +
  geom_line(aes(x=x, y=expo, linetype="exponential"), col="seagreen") +
  geom_line(aes(x=x, y=loga, linetype="logarithmisch"), col="coral") +
  geom_line(aes(x=x, y=sigm, linetype="sigmoidal"), col="violet") +
  geom_line(aes(x=x, y=cube, linetype="kubisch"), col="burlywood") +
  geom_line(aes(x=x, y=power, linetype="potenz"), col="maroon")
```




Die Funktion ist auch im `jgsbook` Zusatzpaket enthalten.

### 20.3 Funktionen in Dateien speichern

Eigene Funktionen sind Objekte wie alle anderen Variablen im Workspace. Wenn sie nicht abgespeichert werden, stehen Sie u.U. nach einem Neustart (oder wenn der Workspace überschrieben oder geleert wird) nicht mehr zur Verfügung.

Es bietet sich an, die eigenen Funktionen in einer `.R`-Datei zu speichern. Mit dem `source()`-Befehl kann die Datei dann in neuen Projekten eingelesen werden, und die Funktionen stehen zur Verfügung.

```
source("/Pfad/zu/MeineFunktionen.R")
```

## 21 Funktionen über Datenreihen anwenden

### 21.1 apply()

Eine wichtige Funktion zur Datenmanipulation ist die Funktion `apply()` (wie auch ihre Tochterfunktionen `lapply()`, `sapply()` und `tapply()`). Mit ihr können beliebige Funktionen auf die Reihen und/oder Spalten eines Datenframes (oder einer Matrix) angewendet werden. Dadurch erlaubt sie es in vielen Fällen, Loop-Schleifen und Redundanzen zu vermeiden.

Zur Verdeutlichung sei folgendes Beispiel gegeben:

```
# erzeuge Testdatensatz
df <- data.frame(Name = c("Hans", "Gerda", "Kurt", "Maria"),
                 Alter = c(56, 59, 58, 58),
                 Groesse = c(178, 172, 181, 166),
                 Gewicht = c(105, 67, 95, 89))
# anzeigen
df
```

```
   Name Alter Groesse Gewicht
1  Hans    56     178     105
2 Gerda    59     172      67
3  Kurt    58     181      95
4 Maria    58     166      89
```

Angenommen, wir wollen die Mittelwerte der drei numerischen Variablen bestimmen, dann könnten wir so vorgehen:

```
mean(df$Alter)
```

```
[1] 57.75
```

```

```

```
mean(df$Groesse)
```

```
[1] 174.25
```

```
mean(df$Gewicht)
```

```
[1] 89
```

Die Funktion `apply()` erlaubt es, die Werte in nur einem Aufruf zu erzeugen, indem die Funktion `mean()` auf die Werte jeder Spalte angewendet wird.

```
apply(df[,-1], MARGIN=2, FUN=mean)
```

```
 Alter Groesse Gewicht
 57.75  174.25   89.00
```

Wir übergeben der Funktion zunächst das Datenframe `df` ohne die Spalte `Name` (`df[,-1]`). Mit dem Parameter `MARGIN` wird festgelegt, wie `apply()` auf das Datenframe schauen soll:

- `MARGIN=1` - Reihe für Reihe
- `MARGIN=2` - Spalte für Spalte
- `MARGIN=3` - beides zusammen

Über den Parameter `FUN` wird die zu verwendende Funktion (in diesem Falle `mean()`) **ohne Klammern** angegeben.

Möchten wir nun die Standardabweichung der drei Variablen berechnen, lautet der Aufruf entsprechend:

```
apply(df[,-1], MARGIN=2, FUN=sd)
```

```
    Alter   Groesse   Gewicht
 1.258306  6.652067 16.083117
```

Es ist wichtig, die nicht-numerische Variable `Name` vor dem `apply()`-Aufruf herauszufiltern. Denn wenn die zu verwendende Funktion bei nur einer Reihe fehl schlägt, liefert `apply()` nur eine Reihe `NA`s und Warnmeldungen zurück.

```
# aufruf mit Spalte "Name" schlägt fehl
apply(df, MARGIN=2, FUN=mean)
```

```

```

```
Warning in mean.default(newX[, i], ...): Argument ist weder numerisch noch
boolesch: gebe NA zurück
Warning in mean.default(newX[, i], ...): Argument ist weder numerisch noch
boolesch: gebe NA zurück
Warning in mean.default(newX[, i], ...): Argument ist weder numerisch noch
boolesch: gebe NA zurück
Warning in mean.default(newX[, i], ...): Argument ist weder numerisch noch
boolesch: gebe NA zurück

   Name   Alter Groesse Gewicht
     NA      NA      NA      NA
```

Möchten wir die Werte der Probanden beispielsweise aufaddieren, lassen wir per `apply()` die Funktion `sum()` reihenweise über die Daten laufen. Hierzu setzen wir den Parameter `MARGIN=1`.

```
# laufe pro-Reihe über die Daten
apply(df[,-1], MARGIN=1, FUN=sum)
```

```
[1] 339 298 334 313
```

Wir können jede Funktion per `apply()` auf die Variablen loslassen:

```
# Wurzel aus jedem Wert ziehen
apply(df[,-1], MARGIN=2, sqrt)
```

```
        Alter  Groesse   Gewicht
[1,] 7.483315 13.34166 10.246951
[2,] 7.681146 13.11488  8.185353
[3,] 7.615773 13.45362  9.746794
[4,] 7.615773 12.88410  9.433981
```

Da wir wissen, dass der Parameter `MARGIN` an zweiter Stelle kommt, müssen wir ihn dort nicht immer ausschreiben, sondern können einfach `1`, `2` oder `3` schreiben.

```
# Häufigkeitstabelle für jede Variable
# MARGIN=2 muss nicht ausgeschrieben werden
apply(df[,-1], 2, FUN=jgsbook::freqTable)
```

```
$Alter
  Wert Haeufig Hkum Relativ Rkum
1   56       1    1      25   25
2   58       2    3      50   75
3   59       1    4      25  100
```

```
$Groesse
  Wert Haeufig Hkum Relativ Rkum
1  166       1    1      25   25
2  172       1    2      25   50
3  178       1    3      25   75
4  181       1    4      25  100

$Gewicht
  Wert Haeufig Hkum Relativ Rkum
1   67       1    1      25   25
2   89       1    2      25   50
3   95       1    3      25   75
4  105       1    4      25  100
```

### 21.1.1 Funktionsparameter spezifizieren

Parameter für die auszuführende Funktion können einfach mit einem Komma angehängt werden.

```
# Führen quantile(x, type=6) aus
apply(df[,-1], MARGIN=2, FUN=quantile, type=6)
```

```
Alter Groesse Gewicht
0%   56.00  166.00    67.0
25%  56.50  167.50    72.5
50%  58.00  175.00    92.0
75%  58.75  180.25   102.5
100% 59.00  181.00   105.0
```

Das funktioniert auch mit mehreren Parametern.

```
# Führen quantile(x, type=6) aus
apply(df[,-1], MARGIN=2, FUN=quantile, type=6, probs=c(0.1, 0.6, 0.8))
```

```
    Alter Groesse Gewicht
10%    56     166      67
60%    58     178      95
80%    59     181     105
```

Es ist möglich, die Parameter, welche an die auszuführende Funktion übergeben werden müssen, aus dem Datenframe selbst zu ziehen. Erzeugen wir zur Verdeutlichung folgendes Datenframe:

```
# Testdaten
df <- data.frame(Name = c("Jerome", "Nadine", "Dominik", "Ella"),
                 Geschwindigkeit = c(120, 25, 32, 80),
                 Strecke = c(200, 34, 50, 100))
```

```
# anzeigen
df
```

```
     Name Geschwindigkeit Strecke
1  Jerome             120     200
2  Nadine              25      34
3 Dominik              32      50
4    Ella              80     100
```

Jetzt programmieren wir die Funktion `zeit()`, welche ausrechnet, wie lange die Personen für die Strecke mit der angegebenen Geschwindigkeit benötigt haben. Die Funktion nimmt die Werte `velo` (Geschwindigkeit) und `dist` (Strecke) entgegen.

```
# Funktion programmieren
zeit <- function(velo, dist){
  # rechne Distanz / Geschwindigkeit
  # runde auf 2 Stellen
  zeit <- round(dist/velo, 2)
  return(zeit)
}
```

Um die Funktion `zeit()` auf jede Reihe des Datenframes anzuwenden, wobei die Werte von `Geschwindigkeit` und `Strecke` jeweils als Parameter übergeben werden, müssen wir zunächst per `MARGIN=1` angeben, dass `apply()` die Daten Reihe-für-Reihe verarbeiten soll.

Der Trick besteht darin, im Paramter `FUN` eine temporäre Funktion `function(line)` anzugeben. Diese ruft ihrerseits die Funktion `zeit()` (diesmal **mit** Klammern) auf, und übergibt die Parameter per `line("SPALTENNAME")`.

```
# Übergebe die Werte an die Funktion zeit()
apply(df[,-1], MARGIN=1, function(line) zeit(line["Geschwindigkeit"],
                                             line["Strecke"]))
```

```
[1] 1.67 1.36 1.56 1.25
```

Wenn die Parameter `dist` und `velo` mit ihrem Namen angegeben werden, ist die Reihenfolge der Parameter egal.

```
# Parameter dist und velo direkt angeben
apply(df[,-1], MARGIN=1, FUN=function(line) zeit(dist=line["Strecke"],
                                                 velo=line["Geschwindigkeit"]))
```

```
[1] 1.67 1.36 1.56 1.25
```

Als temporäre Hilfsfunktionen können verschiedene Arten verwendet werden:

- `function(x)` - übergibt jeden Wert einzeln und nacheinander jeweils als Parameter an die Funktion, wobei `x` für spezifische Parameter referenziert werden kann (siehe Abschnitt 21.2 für ein Beispiel).
- `function(line)` - übergibt die Werte der gesamte Datenreihe als Parameter an die Funktion, wobei die einzelnen Variablenwerte per `line["SPALTENNAME"]` referenziert werden können.

In einem weiteren Beispiel wollen wir Fallzahlen für spezifische Werte von `e`, `P` und dem Konfidenzlevel berechnen (siehe Abschnitt 34.12.2). Hierzu nutzen wir die Funktion `samplingbook::sample.size.prop()`, wobei die Erweiterung `samplingbook::sample.size.prop()$n` nur die Fallzahlen zurückgibt.

```
# beispielhafter Funktionsaufruf
samplingbook::sample.size.prop(e=0.05, P=0.65, level=0.95, N=1500)$n
```

```
[1] 284
```

```
# Erzeuge Kombinationen von e, P und level
df <- data.frame(e = c(0.05, 0.04, 0.03),
                 P = c(0.65, 0.6, 0.5),
                 level = c(0.9, 0.95, 0.99))
# anzeigen
df
```

```
     e    P level
1 0.05 0.65  0.90
2 0.04 0.60  0.95
3 0.03 0.50  0.99
```

```
# Berechne Fallzahlen für jede Reihe (Kombination)
apply(df, 1, function(line) samplingbook::sample.size.prop(
                                          e = line["e"],
                                          P = line["P"],
                                          level = line["level"])$n
      )
```

```
[1]  247  577 1844
```

## 21.2 sapply()

Die Tochterfunktion `sapply()` kann auf Vektoren angewendet werden.

```
# erzeuge einen Vektor mit 3 Werten für N
N <- c(10, 30, 100)
```

```
# ziehe für jeden Wert die Wurzel
sapply(N, sqrt)
```

```
[1]  3.162278  5.477226 10.000000
```

Wenn die verwendete Funktion Wertereihen zurückgibt, wird das Ergebnis als Liste zurückgegeben.

```
# erzeuge jewils N Zufallszahlen
sapply(N, sample)
```

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

[[2]]
 [1] 17 21 20 11  3 26 22 15  7  1 14 18 27 13 16 23 24  4  9  2 28  5 30 10 29
[26] 25  6  8 12 19

[[3]]
  [1]  87  92  79   4  97  10  86  16  98  13  84  80  35  33  47  37   9  67
 [19]  39  40  19 100  17  43  15  90  62  44  83  50  71  28  54  29  64  14
 [37]  66  38   2  11  51  74  56  36  20  63  89  32   3  94  70  93  48  96
 [55]  82  57  18  23  77   6  69  41   1  99  73  76  22  53  85  26  78  49
 [73]  95  27  75   7  42  68  45   8  60  91  81  61  12  52  59  88   5  34
 [91]  58  55  65  21  31  30  72  46  25  24
```

Da die Funktion `sample()` jeweils einen Datenvektor zurückgibt, liegt das Ergebnis als Liste vor.

Auch bei `sapply()` werden Funktionsparameter per Komma angehängt.

```
# erzeuge jewils N Zufallszahlen
# mit doppelten
sapply(N, sample, replace=TRUE)
```

```
[[1]]
 [1] 8 9 2 2 7 1 7 4 9 2

[[2]]
 [1] 24 11 14 12 26 26 18 12 19 25  4  1  9 18 21 25 13 18 13  1 14 21 12 27  8
[26] 25 23 17 12 14

[[3]]
  [1]  74  77  40  93  92  29  82  50   5  99   1  75  89  54  14  62  97  84
 [19]  23  48  66  11  77  93  91  49  51  39  39  33  65  17  15  59  99  32
 [37]  65  23  33   8  18  71   8  91  65 100  56  42   4  35  90  79  10   5
 [55]  44  86  42  71  80  77  45  88  35  99  22  56  28 100  73  73  13  93
```

```
 [73]  14  33  27  68  63  64  22  80  81  14  37  81  36  41  38  29  44  75
 [91]  46  89  92  76  34  85  96  88  98  18
```

Sollen die Werte des Ausgangsvektors als spezifischer Parameter der auszuführenden Funktion übergeben werden, muss wieder auf eine temporäre Hilfsfunktion `function(x)` zurückgegriffen werden. Im folgenden Aufruf sollen die Werte des Vektors `N` jeweils als Paramenter `N` an die Funktion `samplingbook::sample.size.mean()` übergeben werden.

```
# Rufe für jeden Wert x im Vektor N die Funktion auf,
# wobei Parameter N=x ist
sapply(N, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.mean(
                                          e=0.05,
                                          S=0.3,
                                          level=0.90,
                                          N=x)
       )
```

```
     [,1]   [,2]   [,3]
call list,4 list,4 list,4
n    10     23     50
```

Per `samplingbook::sample.size.mean()$n` wird nur die benötigte Fallzahl zurückgegeben. Diese Anweisung können wir auch auf `sapply()` übertragen:

```
# mit $n nur Fallzahlen
sapply(N, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.mean(e=0.05,
                                                         S=0.3,
                                                         level=0.90,
                                                         N=x)$n
       )
```

```
[1] 10 23 50
```

## 21.3 lapply()

Die Funktion `lapply()` liefert ihr Ergebnis immer als Liste zurück, wobei für jedes `x` ein eigener Listeneintrag erzeugt wird.

```
# erzeuge einen Vektor mit 3 Werten für N
N <- c(10, 30, 100)

# ziehe für jeden Wert die Wurzel
lapply(N, sqrt)
```

```
[[1]]
[1] 3.162278

[[2]]
[1] 5.477226

[[3]]
[1] 10
```

Mit der Funktion `unlist()` kann die Liste in Vektoren überführt werden.

```
unlist(lapply(N, sqrt))
```

```
[1]  3.162278  5.477226 10.000000
```

## 21.4 tapply()

Mit der Tochterfunktion `tapply()` lassen sich gruppierte Auswertungen erzeugen. Die Gruppierung erfolgt anhand eines Factors im Datenframe.

```
# erzeuge Testdaten
df <- data.frame(Geschlecht = factor(c("m", "w", "m", "m", "w", "w", "d", "d", "d")),
                 Alter = c(45, 34, 46, 41, 31, 29, 24, 25, 26))
# anzeigen
df
```

```
  Geschlecht Alter
1          m    45
2          w    34
3          m    46
4          m    41
5          w    31
6          w    29
7          d    24
8          d    25
9          d    26
```

Angenommen, wir möchten nun die Mittelwerte des Alters in Abhängigkeit zum Geschlecht bestimmen, so können wir `tapply()` verwenden.

```
tapply(df$Alter, df$Geschlecht, mean)
```

```

```

```
       d        m        w
25.00000 44.00000 31.33333
```

Wie bei den Schwesterfunktionen lassen sich weitere Parameter per Komma übergeben.

```
# Berecne IQR so wie SPSS (type=6)
tapply(df$Alter, df$Geschlecht, IQR, type=6)
```

```
d m w
2 5 5
```

# 22 Markdown

Markdown ist eine „Auszeichnungssprache“, die es erlaubt, mit einer recht einfachen Syntax ansprechende Dokumente zu erstellen. Sie wurde dabei so konzipiert, dass schon der Quellcode leicht lesbar ist.

In Kombination mit `RMarkdown` oder `quarto` lassen sich Berichte, Artikel, Präsentationen und Bücher erstellen, die `R`-Code und -Diagramme verwenden.

Mehr Informationen erhalten Sie hier: https://quarto.org/docs/authoring/markdown-basics.html

# 23 RMarkdown

Im Sommer 2022 wurde `RMarkdown` durch den Nachfolger `quarto` abgelöst, weshalb dieses Kapitel eher historische Informationen enthält. Wenn Sie `RMarkdown` noch nie benutzt haben, sollten Sie dieses Kapitel überspringen und direkt mit `quarto` einsteigen, siehe Abschnitt 24.

`RMarkdown` ermöglicht es, `R`-Code, -Output und -Diagramme, sowie Formeln und externe Quellen (z.B. Bilder aus dem Internet) in ansprechenden Dokumenten (z.B. Webseite, Word, Powerpoint, PDF) zu exportieren. Es ist sehr gut dafür geeignet, die eigenen statistischen Auswertungen und Ergebnisse für *Endanwender* (z.B. Auftragsgeber oder Dozenten) darzustellen.

Die Funktionalität hat sich so sehr weiterentwickelt, dass mittlerweile auch Abschlussarbeiten (Bachelor, Master) komplett mit `RMarkdown` geschrieben werden.

Tatsächlich ist Abschnitt 34.5 zur Ordinalen Regression zunächst mit `RMarkdown` erstellt und veröffentlicht worden[6], das ist aber schon sehr lange her.

Wir erstellen in unserem Projekt `ErsteSchritte` nun das erste Markdown-Dokument. Klicken Sie hierzu wieder oben im Scriptfenster auf das grüne `+` Symbol und wählen Sie `R Markdown...` (Abbildung 57).

[6] https://rpubs.com/produnis/oreg

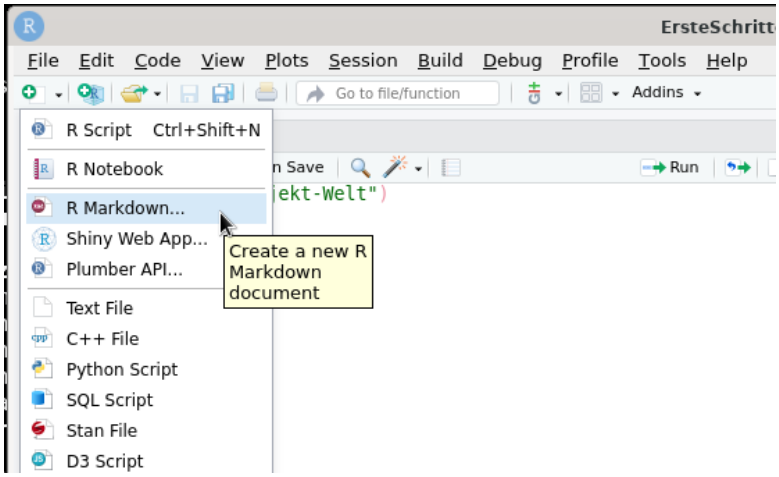



Abbildung 57: neues `RMarkdown` Dokument

Falls Sie dies zum ersten Mal tun, schlägt `RStudio` die notwendigen Zusatzpaket zur Installation vor (Abbildung 58).

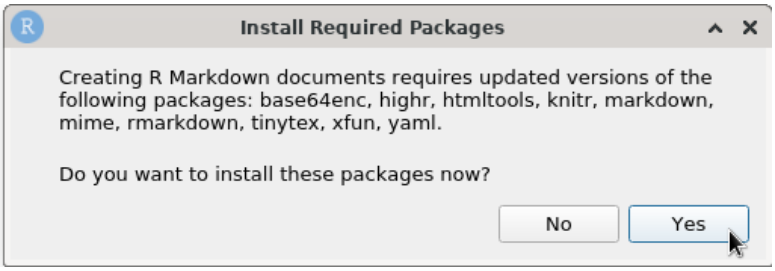



Abbildung 58: Zusatzpakete für `RMarkdown` installieren

Die Installation dauert ein paar Minuten, und Sie können den Prozess unten im Konsolfenster verfolgen (Abbildung 59, siehe grüner Balken).


Abbildung 59: Installationsprozess

Es öffnet sich ein neus Fenster (Abbildung 60). Wir erstellen hier ein `Dokument`. Sie sehen aber schon, dass `RMarkdown` weitere Formate (z.B. Präsentationen) ebenfalls unterstützt.

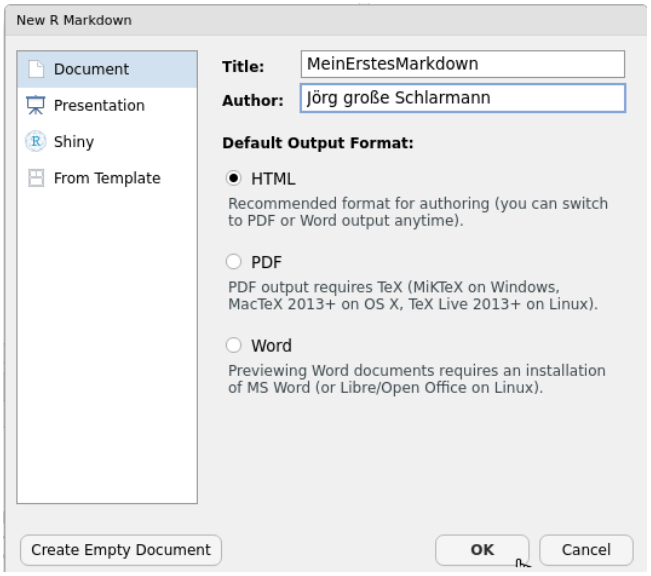



Abbildung 60: neues `HTML` Dokument

Tragen Sie den Titel des Dokumentes sowie den Autoren ein. Wir belassen in diesem Beispiel die `Default Output Option` auf `HTML`. Sie können aber auch `Word` oder `PDF` wählen.

Es wird nun eine Standardvorlage des Dokumentes erzeugt (Abbildung 61). Bevor wir uns dem Inhalt zuwenden speichern wir das Dokument zunächst ab. Klicken Sie hierzu auf das Diskettensymbol (Mauszeiger in Abbildung 61) oder drücken Sie die Tastenkombination `[STRG]` + `[S]`. Geben Sie Ihrem Dokument einen Dateinamen mit der Endung `.Rmd` (für ***RMarkdown***). Ich habe meine Datei `MeinErstesMarkdown.Rmd` genannt.

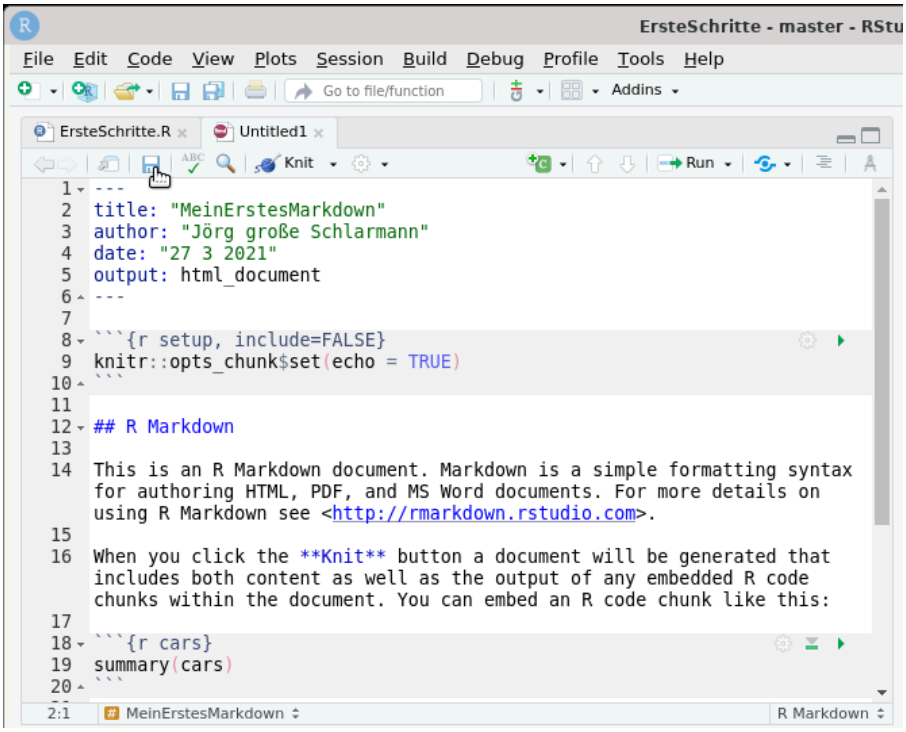



Abbildung 61: speichern über Diskettensymbol

Die Datei ist nun ebenfalls im Dateiverzeichnis zu sehen (Abbildung 62) und kann von dort aus geöffnet werden.

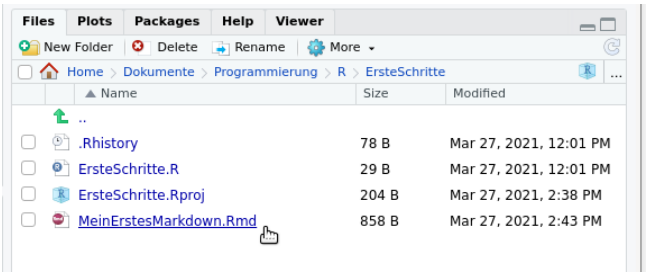



Abbildung 62: `RMarkdown` Dokument im Arbeitsverzeichnis

Über dem Scriptfenster befindet sich der `Knit`-Knopf (Abbildung 63, Mauszeigen).

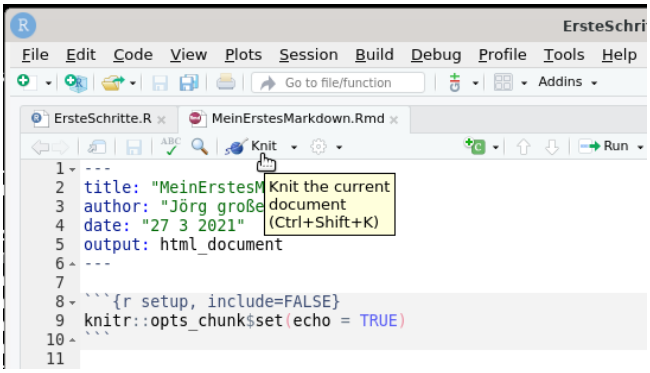



Abbildung 63: `Knit`-Knopf

Wenn Sie hier klicken, oder die Tastenkombination `[STRG]` + `[SHIFT]` + `[K]` benutzen, wird aus Ihrem `RMarkdown` die gewünschte Ausgabedatei (in diesem Beispiel `html`, also eine Webseite) erzeugt und im Arbeitsverzeichnis gespeichert.

Da die Standardvorlage alle wichtigen Dinge enthält können wir direkt auf den `Knit`-Knopf klicken. Das `RMarkdown`-Dokument wird nun „übersetzt“, und Sie können den Prozess im Konsolenfenster verfolgen (Abbildung 64).

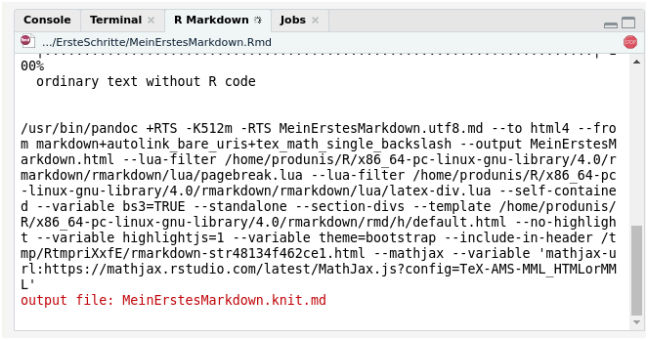



Abbildung 64: `Knit`-Prozess

Ist dieser Schritt erfolgreich, öffnet sich ein neues Fenster mit dem Endresultat (Abbildung 65).

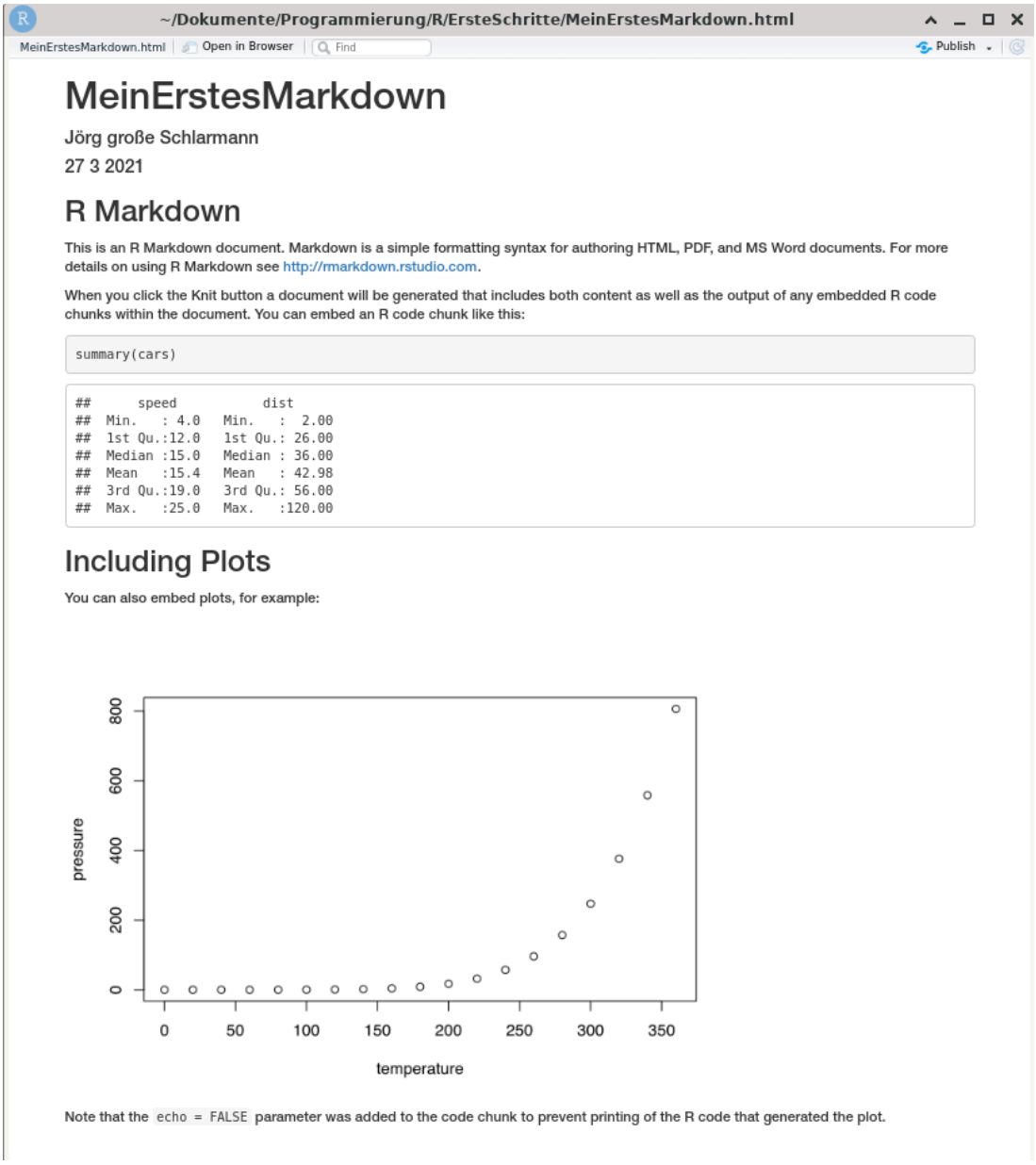



Abbildung 65: fertiges `RMarkdown` Dokument

In unserem Arbeitsverzeichnis sehen wir ebenfalls die soeben erzeugte Ausgabedatei, in Abbildung 66 ist das `MeinErstsMarkdown.html`.

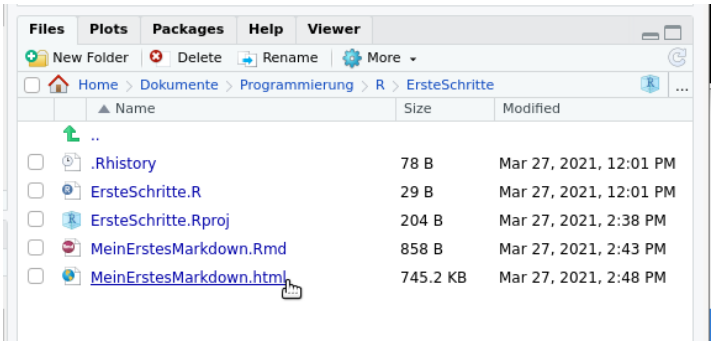



Abbildung 66: fertige `HTML` Datei

Beachten Sie, dass in der `html`-Datei bereits alle nötigen Ressourcen (z.B. alle Bilder) gespeichert sind. Möchten Sie Ihr `html`-Dokument mit Kolleginnen und Kollegen teilen, brauchen Sie keine weiteren Dateien kopieren oder versenden. Die `html`-Webseite wird auf allen Geräten „gleich“ aussehen, und es werden z.B. keine Grafiken oder Bilder fehlen.

## 23.1 Syntax

Die Syntax von `RMardown` ist recht leicht, und es existiert zudem ein Cheatsheet (siehe Abschnitt 31.1) unter

https://raw.githubusercontent.com/rstudio/cheatsheets/master/rmarkdown-2.0.pdf.

Schauen wir uns unsere eben erzeugte Markdowndatei noch einmal an. Wir löschen alles, bis auf die ersten Zeilen, und beginnen ganz von vorne.

```
---
title: "Ein neuer Titel"
author: "Jörg große Schlarmann"
date: "27 3 2021"
output: html_document
---
```

Dies ist die *Kopfzeile* des Dokuments. Wir können hier den Titel, Autor und das Datum ändern. Unter den drei Strichen – beginnen wir unser Dokument. Schreiben Sie folgende Zeilen.

```
---
title: "Dies ist ein Test"
author: "Timm Thaler"
date: "27 3 2021"
output: html_document
---

# Überschrift

Willkommen zu meinem RMarkdown-Dokument

- dies ist ein Punkt
- dies ein weitere

1. erstens
2. zweitens
3. drittens

## Unter-Überschrift

Dies ist **fett**, dies *kursiv*, dies ~~durchgestrichen~~.
```

Drücken Sie den `Knit`-Knopf und erzeugen so einen Testoutput.

Das Zeichen # steht für Überschriften und deren Hierarchie. Die Anzahl der # legt die Überschriftenhierarchie fest. Aus den Spiegelstrichen ist eine Liste geworden, die Zahlen wurden in eine nummerierte Aufzählungsliste

umgewandelt. Schauen Sie im RMarkdown-Cheatsheet nach, welche weiteren Zeichen für welchen Effekt stehen.

In RStudio gibt es auch einen visuellen Markdown-Modus, der so ähnlich funktioniert wie Word oder LibreOffice. So können Sie Ihren Text „wie gewohnt“ gestalten. Klicken Sie hierzu auf das A-Symbol rechts oben (siehe Mauszeiger in Abbildung 67).

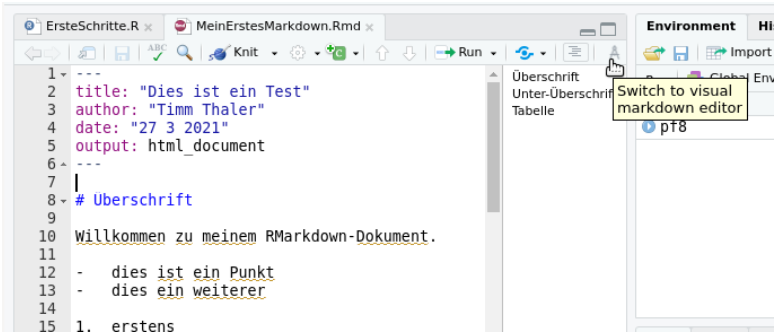



Abbildung 67: visueller Modus über A

Der Text sieht nun „fast“ schon so aus, wie auf dem Endoutput (Abbildung 68).

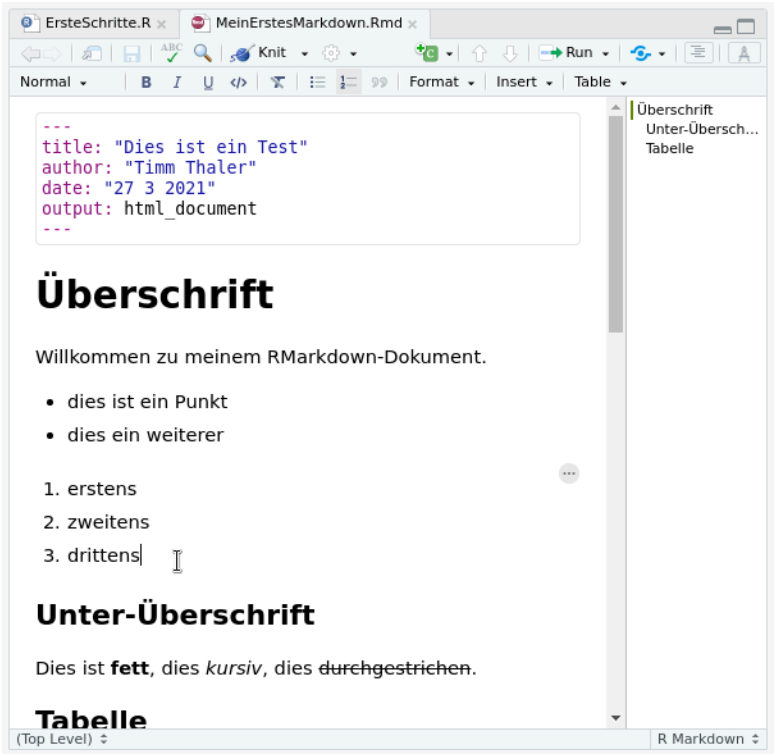



Abbildung 68: visueller Editiermodus

Sie haben zudem oben eine Menüzeile, mit der Sie die Schriftart wechseln, externe Bilder einbinden oder Tabellen erzeugen können.

Durch Klick auf das A-Symbol wechseln Sie zwischen visueller und „klassischer“ Ansicht.

Denken Sie daran, in die *klassische* Ansicht zurück zu wechseln, bevor Sie Markdown-Code kopieren und einfügen. Dies ist ein häufiger Anfgängerfehler, und der visuelle Editor kann mit dem Code nichts anfangen.

In Markdown können sehr leicht Tabellen erzeugt werden. Versuchen Sie diesen Code aus (vorher vom visuellen Editor zurückwechseln!), und beachten Sie, wie „gut lesbar“ und „leicht zu merken“ das ist.

```
## Tabelle

| Name   | Beruf       | Alter |
|--------|-------------|-------|
| Heinz  | Kraftfahrer | 46    |
| Lisa   | Professorin | 32    |
| Jürgen | Klemptner   | 48    |

: Meine Tabelle
```

Alles weitere finden Sie auf den erwähnten Cheatsheets.

Kommen wir nun zum eigentlichen Kernpunkt: der Darstellung von `R`-Code und -Output.

Hierfür muss im Markdowndokument der Bereich für den `R`-Code festgelegt werden. Dies erfolgt über die Zeichenkette ```` ``` ```` , die den Codebereicht einschließt.

````
```{r}
# hier steht der R-Code
```
````

Die Anführungsstriche grenzen den Codebereich ein. Dieser wird **Chunk** genannt. Das `{r}` bedeutet, dass `R`-Code verwendet wird.

**Achtung! Anfängerfehler!**

Achten Sie auf die korrekten Anführungszeichen!

Achten Sie darauf, die korrekten ```` ``` ```` zu verwenden, und nicht etwa `'''` oder ´´´.

Dies ist ein häufiger Anfängerfehler.

In `RStudio` können Sie einfach die Tastenkombination `[STRG]` + `[ALT]` + `[i]` drücken, oder im Scriptfenster oben auf das grüne `c` klicken (Abbildung 69).

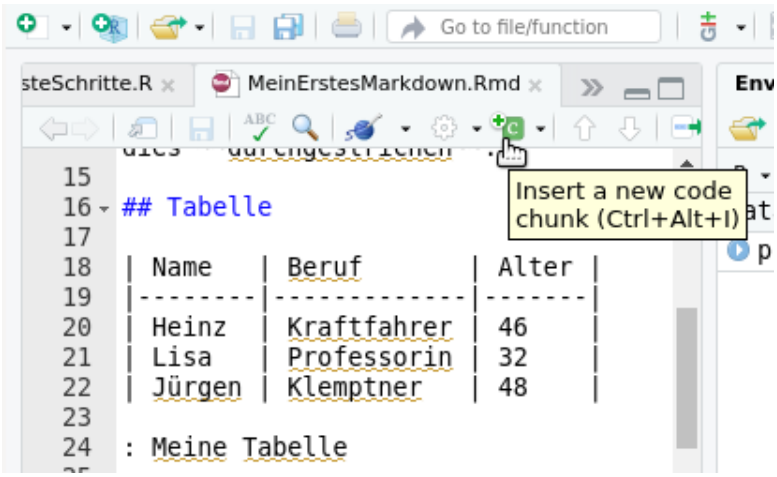



Abbildung 69: erstellt neuen Chunk

Beides fügt einen neuen *Chunk* (Codeblock) ein.

Schreiben Sie in Ihr Dokument:

````
Ich lade den pf8-Datensatz mit:
```{r}
load(url("https://www.produnis.de/R/pf8.RData"))
```
````

Wenn Sie den `Knit`-Knopf drücken, wird der `load()`-Befehl im Dokument angezeigt und in der Konsole ausgeführt.

Ergänzen Sie jeweils die nun folgende Zeilen, und schauen Sie sich das Ergebnis nach einem `Knit` an.

````
Ich lade den pf8-Datensatz, der Befehl wird aber im Dokument nicht angezeigt.
``` {r include=FALSE}
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))
```
````

Durch den Parameter `include: false` wird der Befehl zwar *intern* ausgeführt, jedoch nicht im Dokument angezeigt. Sollte der Befehl einen Output erzeugen, wird dieser ebenfalls nicht angezeigt.

Wenn Sie nur das Ergebnis anzeigen möchten, aber nicht die `R`-Befehle, setzen Sie den Parameter `echo: false`.

````
Wir plotten Alter und gewicht aus dem pf8-Datensatz
```{r echo=FALSE}
plot(pf8$Alter, pf8$Gewicht)
```
````

In der „Standardeinstellung“ werden immer Befehl und Output des Chunks im Dokument angezeigt. Sie können dieses Verhalten auch erzwingen durch den Parameter `echo=TRUE`

````
Wir plotten Alter und gewicht aus dem pf8-Datensatz

```{r echo=TRUE}
plot(pf8$Alter, pf8$Gewicht)
```
````

| **Verhalten** | **Code** |
|---|---|
| nur Code, kein Output | `results="hide"` |
| nur Code, nicht ausführen | `eval=false` |
| kein Code, nur Output | `echo=false` |
| zeige beides | `echo=true` |
| zeige nichts | `include=false` |
| mache auch nichts | `eval=false, include=false` |

Tabelle 1: Darstellungsoptionen der Chunks

Die **Chunks** werden im Editorfenster farblich hervorgehoben (Abbildung 70).


Abbildung 70: Chunk ausführen

Sie haben hier die Möglichkeit, den Code „ohne `Knit`“ auszuführen und sich das Ergebnis anzeigen zu lassen. Klicken Sie dazu rechts auf das grüne Dreieck.

In diesem Beispiel wird der Plot nun direkt im Markdownfenster angezeigt (Abbildung 71). Dies ist wirklich hilfreich beim Erstellen des Dokuments, denn Sie müssen nicht immer erst das gesamte Dokument knitten oder überhaupt geöffnet haben, um zu sehen, was `R` an dieser Stelle ausgeben würde.

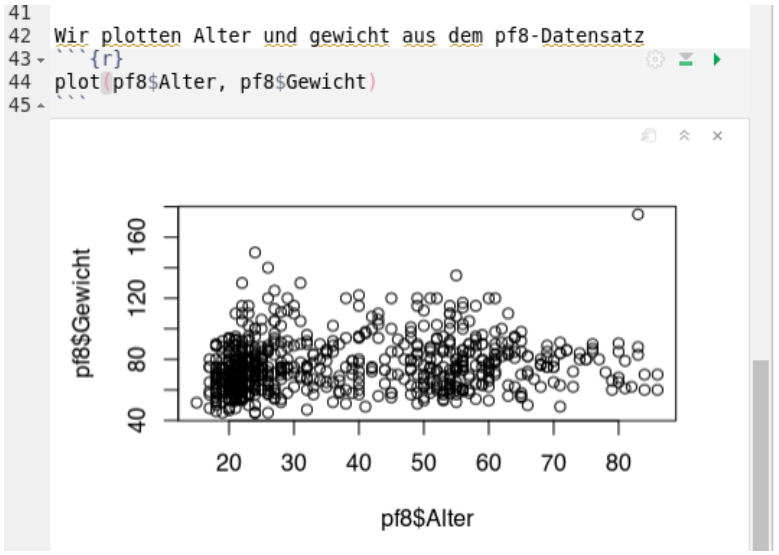



Abbildung 71: Der Chunk-Output wird bereits im Editor angezeigt

Über das Zahnrad gelangen Sie zu weiteren Einstellungsmöglichkeiten. So können Sie die Chunks internet mit Namen versehen, so dass Sie später im Dokument darauf referenzieren können.

Die vielen weiteren Möglichkeiten von `RMarkdown` werden in diesem Buch nicht weiter behandelt, weitere Informationen erhalten Sie im `RMarkdown`-Cheatsheet (siehe Abschnitt 31.1) oder im frei verfügbaren Buch *R Markdown: The Definitive Guide*, welches Sie unter https://bookdown.org/yihui/rmarkdown/ lesen können.

Grundsätzlich sollten Sie es so halten, dass Sie in den Scriptdateien Ihre Auswertungen ausprobieren und mit den Befehlen „herumspielen“. Die Quintessenz Ihrer Analyseschritte können Sie dann in „aufgräumter“ Form in einem RMarkdowndokument festhalten und mit anderen teilen.

# 24 quarto

`quarto` ermöglicht es, `R`-Code, -Output und -Diagramme, sowie Formeln und externe Quellen (z.B. Bilder aus dem Internet) in ansprechenden Dokumenten (z.B. Webseite, Word, Powerpoint, PDF) zu exportieren. Es ist sehr gut dafür geeignet, die eigenen statistischen Auswertungen und Ergebnisse für Endanwender (z.b. Auftragsgeber oder Dozenten) darzustellen.

`quarto` ist der Nachfolger von RMarkdown und wurde 2022 veröffentlicht. Basierend auf den Erkenntnissen der letzten 10 Jahre mit RMarkdown wurde es von Grund auf neu aufgebaut, um mehr Sprachen und Umgebungen zu unterstützen.

`quarto` unterstützt die Publikationsformate

- Artikel, Berichte
- Präsentationen
- Webseiten, Blogs
- Bücher

in den Ausgabeformaten HTML, PDF, ePub und Office.

Dieses Buch wurde jahrelang mit `RMarkdown` (`{bookdown}`[7]) erzeugt und ist im September 2022 auf `quarto` umgezogen.

Mehr Infos erhalten Sie unter https://www.quarto.org.

## 24.1 Installation

In einer aktuellen Installation von `RStudio` ist `quarto` bereits enthalten.

Unter Linux muss zusätzlich das Paket `quarto-cli` installiert werden. Für Ubuntu steht ein `.deb`-Paket unter https://quarto.org/docs/get-started/ bereit, unter Archlinux lautet der Befehl:

```
yay -S quarto-cli-bin
```

## 24.2 Dokument erstellen

Wir erstellen in unserem Projekt ErsteSchritte nun das erste Markdown-Dokument. Klicken Sie hierzu wieder oben im Scriptfenster auf das grüne `+` Symbol und wählen Sie `Quarto Document`, siehe Abbildung 72.

[7] https://bookdown.org/

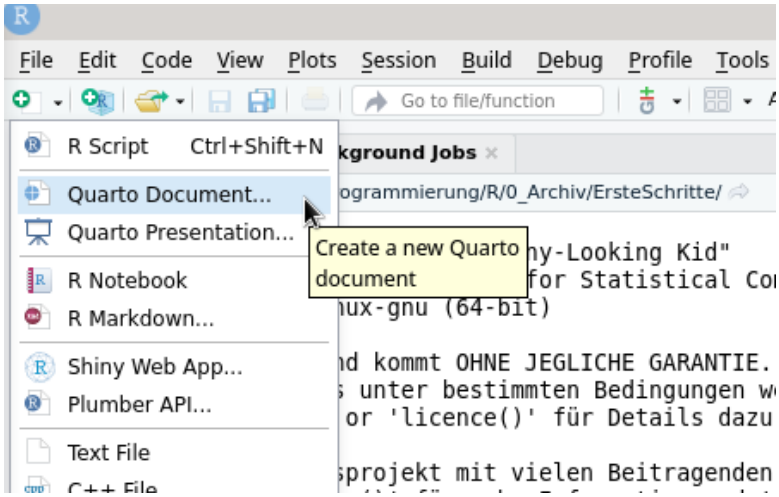



Abbildung 72: neues Quarto Dokument

Falls Sie dies zum ersten Mal tun, schlägt `RStudio` die notwendigen Zusatzpaket zur Installation vor. Die Installation dauert ein paar Minuten, und Sie können den Prozess unten im Konsolfenster verfolgen.

Es öffnet sich ein neues Fenster (Abbildung 73). Wir erstellen hier ein Dokument, Sie sehen aber schon, dass `quarto` weitere Formate (z.B. Präsentationen) ebenfalls unterstützt.

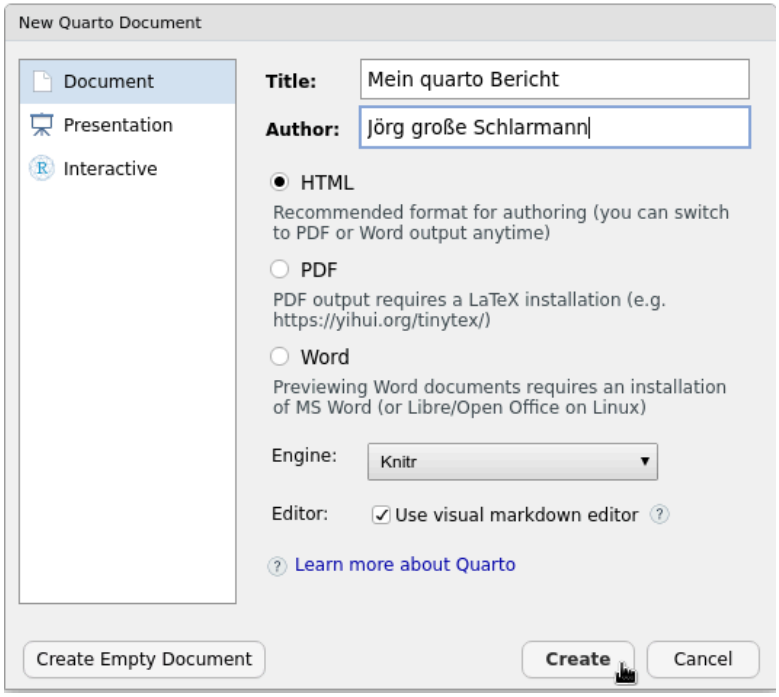



Abbildung 73: neues HTML Dokument

Tragen Sie den Titel des Dokumentes sowie den Autoren ein. Wir belassen in diesem Beispiel die Default Output Option auf `HTML`.

Es wird nun eine Standardvorlage des Dokumentes erzeugt (Abbildung 74). Bevor wir uns dem Inhalt zuwenden speichern wir das Dokument zunächst ab. Klicken Sie hierzu auf das Diskettensymbol (Mauszeiger in Abbildung 74) oder drücken Sie die Tastenkombination `[STRG]` + `[S]`. Geben Sie Ihrem Dokument einen Dateinamen mit der Endung `.qmd` (für ***quarto-Markdown***). Ich habe meine Datei `Mein-quarto-Dokument.qmd` genannt.

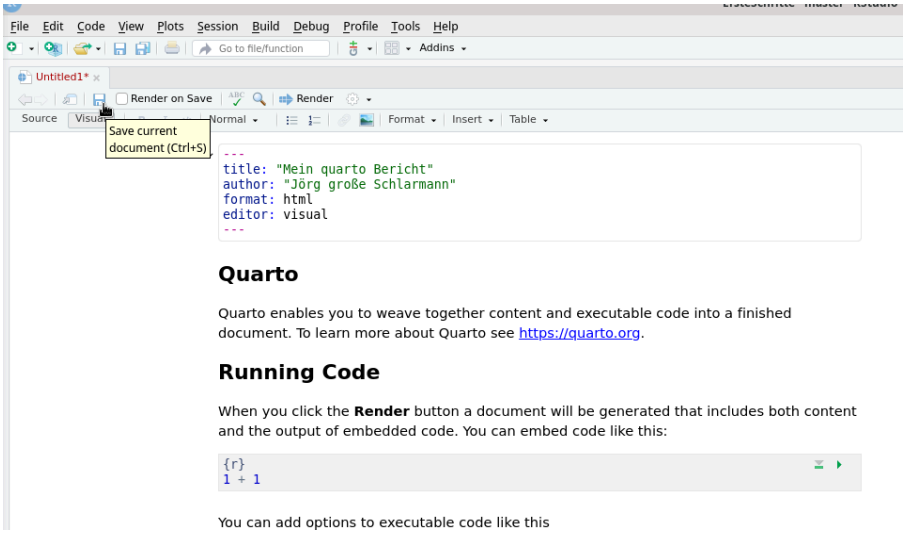



Abbildung 74: speichern über Diskettensymbol

Die Datei ist nun ebenfalls im Dateiverzeichnis zu sehen (Abbildung 75) und kann von dort aus geöffnet werden.

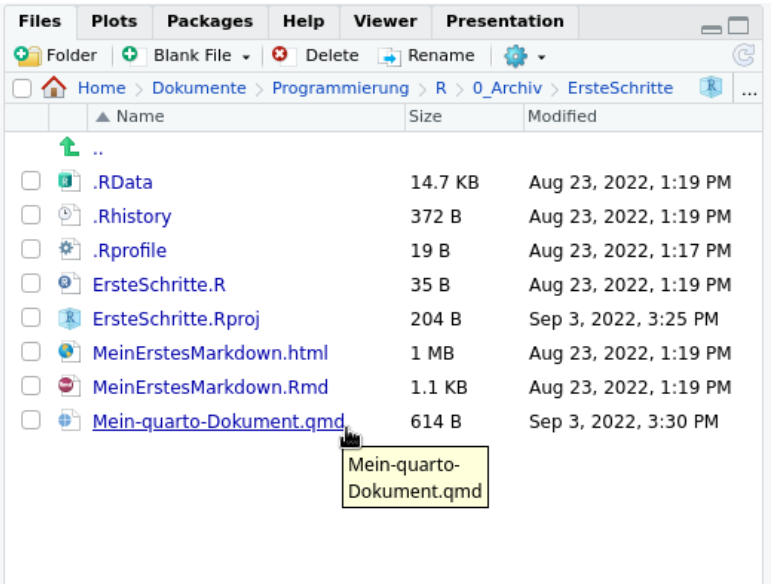



Abbildung 75: quarto-Dokument im Arbeitsverzeichnis

Über dem Scriptfenster befindet sich der `Render`-Knopf (Abbildung 76, Mauszeiger).

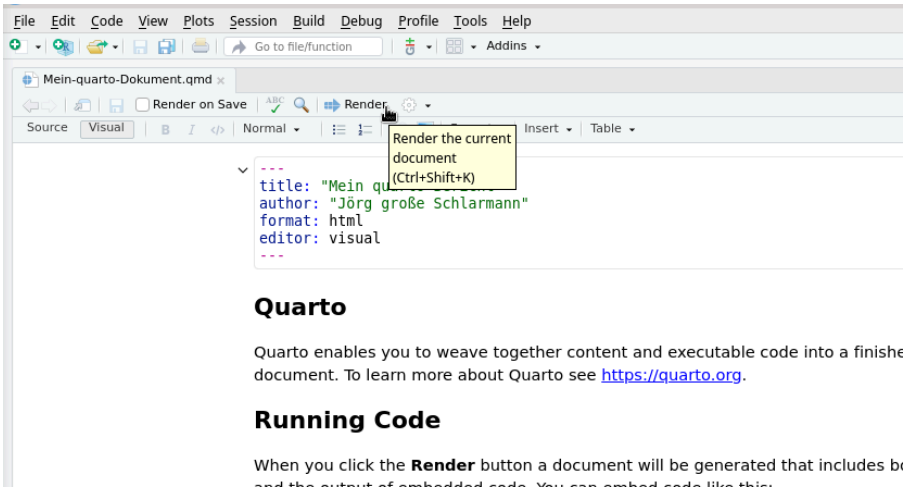



Abbildung 76: `Render`-Knopf

Wenn Sie hier klicken, oder die Tastenkombination `[STRG]` + `[SHIFT]` + `[K]` benutzen, wird aus Ihrem `quarto`-Markdown die gewünschte Ausgabedatei (in diesem Beispiel `html`, also eine Webseite) erzeugt und im Arbeitsverzeichnis gespeichert.

Da die Standardvorlage alle wichtigen Dinge enthält können wir direkt auf den `Render`-Knopf klicken. Das `quarto`-Dokument wird nun „übersetzt“, und Sie können den Prozess im Konsolenfenster verfolgen (Abbildung 77).

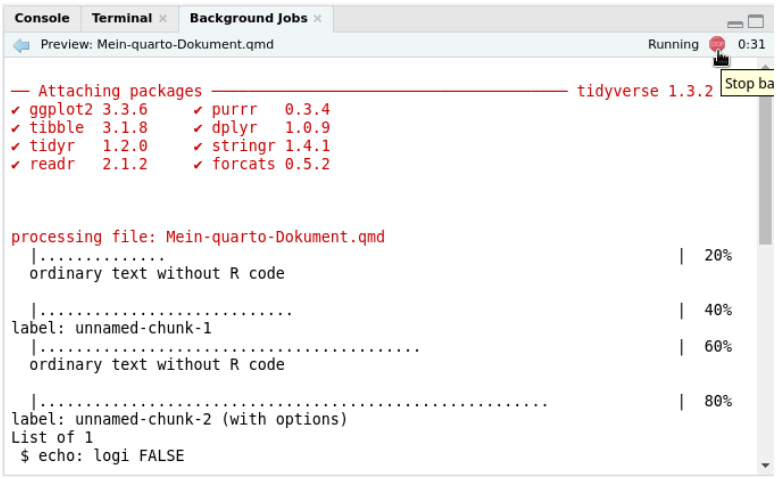



Abbildung 77: `Render`-Prozess

Ist dieser Schritt erfolgreich, öffnet sich ein neues Fenster mit dem Endresultat (Abbildung 78).

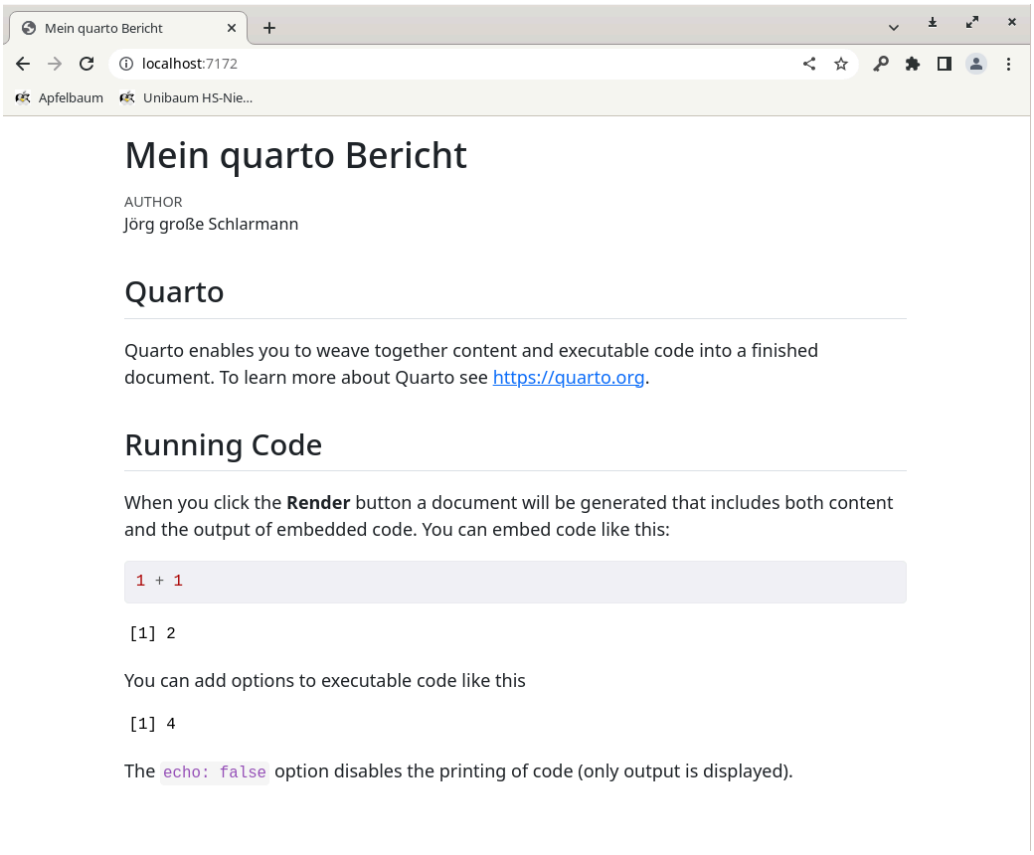



Abbildung 78: fertiges `quarto` Dokument

In unserem Arbeitsverzeichnis sehen wir ebenfalls die soeben erzeugte Ausgabedatei, in Abbildung 79 ist das `Mein-quarto-Dokument.html`.

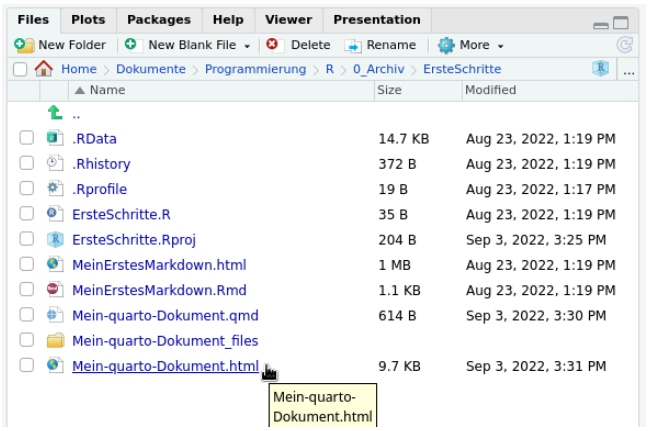



Abbildung 79: fertige `HTML`-Datei

## 24.3 Editor-Ansicht

Das `quarto`-Dokument startet im „visuellen Editor“, der so ähnlich funktioniert wie Word oder LibreOffice. So können Sie Ihren Text „wie gewohnt“ gestalten. Sie haben zudem oben eine Menüzeile, mit der Sie die Schriftart wechseln, externe Bilder einbinden oder Tabellen erzeugen können.

Auf der linken Seite können Sie zwischen dem visuellen Editor und der Code-Ansicht wechseln.

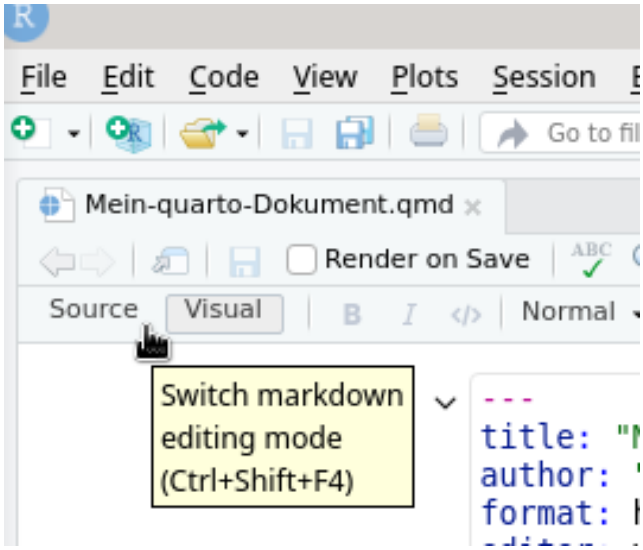



Abbildung 80: Source-Editor

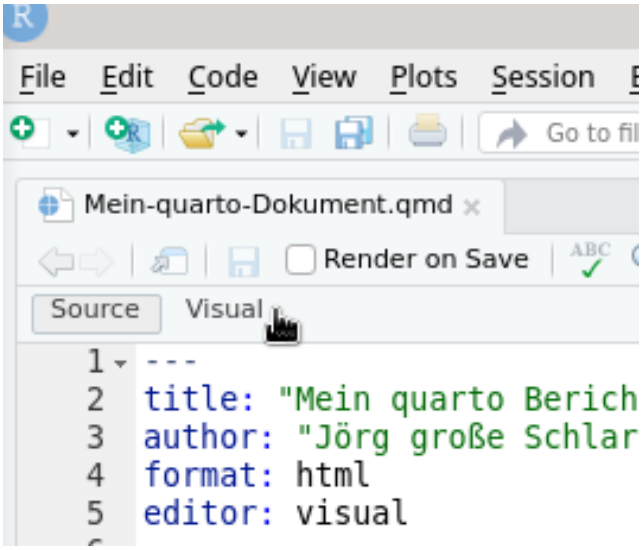



Abbildung 81: Visueller Editor

**Achtung! Anfängerfehler!**

**Denken Sie daran, in die klassische Code-Ansicht zurück zu wechseln, bevor Sie Markdown-Code kopieren und einfügen.**

Dies ist ein häufiger Anfgängerfehler, und der visuelle Editor kann mit dem Code nichts anfangen.

## 24.4 Dokumentenaufbau

Schauen wir uns unsere eben erzeugte Markdowndatei noch einmal an. Wechseln Sie hierzu in die Code-Ansicht.

```
---
title: "Mein quarto Bericht"
author: "Jörg große Schlarmann"
format: html
editor: visual
---
```

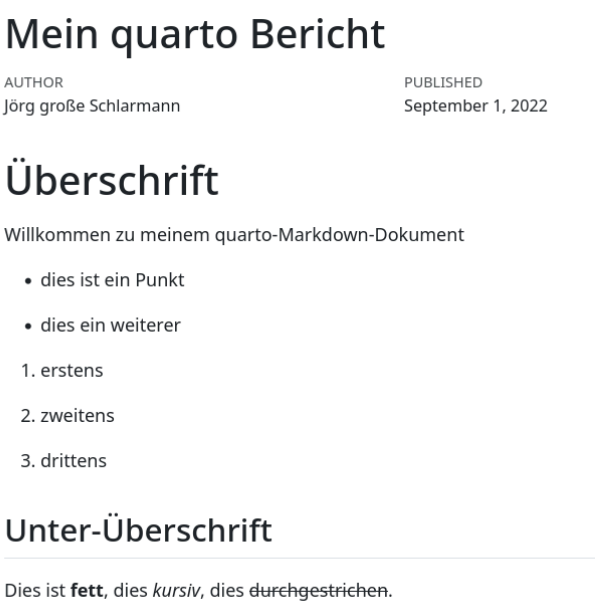
Dies ist die *Kopfzeile* des Dokuments, die im `yaml`-Format angegeben ist (so genannter *yaml-Header*). Wir können hier den Titel, Autor und das Datum ändern. Alle Parameter des Headers finden Sie unter https://quarto.org/docs/reference/formats/html.html.

Unter den drei Strichen `---` beginnen wir unser eigentliches Dokument. Schreiben Sie folgende Zeilen in Ihr Dokument:

```
---
title: "Mein quarto Bericht"
author: "Jörg große Schlarmann"
date: "01 09 2022"
```

```
format: html
editor: visual
---

# Überschrift

Willkommen zu meinem quarto-Markdown-Dokument

- dies ist ein Punkt

- dies ein weiterer

1. erstens

2. zweitens

3. drittens

## Unter-Überschrift

Dies ist **fett**, dies *kursiv*, dies ~~durchgestrichen~~.
```

Drücken Sie den `Render`-Knopf und erzeugen so einen Testoutput.



Mein quarto Bericht

AUTHOR
Jörg große Schlarmann

PUBLISHED
September 1, 2022

Überschrift

Willkommen zu meinem quarto-Markdown-Dokument

- dies ist ein Punkt
- dies ein weiterer

1. erstens
2. zweitens
3. drittens

Unter-Überschrift

Dies ist **fett**, dies *kursiv*, dies ~~durchgestrichen~~.

Abbildung 82: fertig gerendertes Testdokument

Das Zeichen # steht für Überschriften und deren Hierarchie. Die Anzahl der # legt die Überschriftenhierarchie fest. Aus den Spiegelstrichen ist eine Liste geworden, die Zahlen wurden in eine nummerierte Aufzählungsliste umgewandelt.

## 24.5 Markdown-Syntax

Die Syntax von `Markdown` ist recht leicht, die folgenden Beispiele wurden aus dem Quarto-Guide[8] hierhin übernommen:

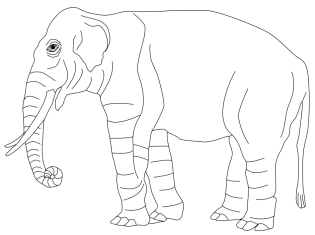
### 24.5.1 Textformat

| Markdown Syntax | Output |
|---|---|
| `*italics* and **bold**` | *italics* and **bold** |
| `superscript^2^ / subscript~2~` | superscript$^2$ / subscript$_2$ |
| `~~strikethrough~~` | ~~strikethrough~~ |
| `` `verbatim code` `` | `verbatim code` |

### 24.5.2 Überschriften

| Markdown Syntax | Output |
|---|---|
| `# Header 1` | Überschrift 1 |
| `## Header 2` | Überschrift 2 |
| `### Header 3` | Überschrift 3 |
| `#### Header 4` | Überschrift 4 |
| `##### Header 5` | Überschrift 5 |
| `###### Header 6` | Überschrift 6 |

### 24.5.3 Links & Bilder

| Markdown Syntax | Output |
|---|---|
| `<https://quarto.org>` | https://quarto.org |
| `[Quarto](https://quarto.org)` | Quarto |
| `![Caption](images/elephant.png)` |  Abbildung 83: Caption |

[8] https://quarto.org/docs/authoring/markdown-basics.html

### 24.5.4 Tabellen

In Markdown können sehr leicht Tabellen erzeugt werden. Versuchen Sie diesen Code aus (vorher vom visuellen Editor zurückwechseln!), und beachten Sie, wie "gut lesbar" und "leicht zu merken" das ist.

#### 24.5.4.1 Markdown Syntax

```
| Right | Left | Default | Center |
|------:|:-----|---------|:------:|
|    12 | 12   | 12      |   12   |
|   123 | 123  | 123     |  123   |
|     1 | 1    | 1       |   1    |
```

#### 24.5.4.2 Output

| Right | Left | Default | Center |
|---:|---|---|:---:|
| 12 | 12 | 12 | 12 |
| 123 | 123 | 123 | 123 |
| 1 | 1 | 1 | 1 |

### 24.5.5 Gleichungen

Mit `$` können In-Text-Formeln erzeugt werden, mit `$$` schließt man Matheumgebungen ein:

| Markdown Syntax | Output |
|---|---|
| inline math: `$E = mc^{2}$` | inline math: $E = mc^2$ |
| display math: `$$E = mc^{2}$$` | display math: $$E = mc^2$$ |

## 24.6 R-Code integrieren

Kommen wir nun zum eigentlichen Kernpunkt: der Darstellung von `R`-Code und -Output.

Hierfür muss im Markdowndokument der Bereich für den `R`-Code festgelegt werden. Dies erfolgt über die Zeichenkette ```` ``` ````, die den Codebereicht einschließt.

````
markdown
```{r}
# hier steht der R-Code
```
````

Die Anführungsstriche grenzen den Codebereich ein. Dieser wird *Chunk* genannt. Das `{r}` bedeutet, dass `R`-Code verwendet wird.

## Achtung! Anfängerfehler!

**Achten Sie auf die korrekten Anführungszeichen!**

Achten Sie darauf, die korrekten ``` zu verwenden, und nicht etwa ''' oder ´´´. Dies ist ein häufiger Anfängerfehler.

In RStudio können Sie einfach die Tastenkombination [STRG] + [ALT] + [i] drücken, oder im Scriptfenster oben auf das grüne c klicken, siehe Mauszeiger in Abbildung 84.

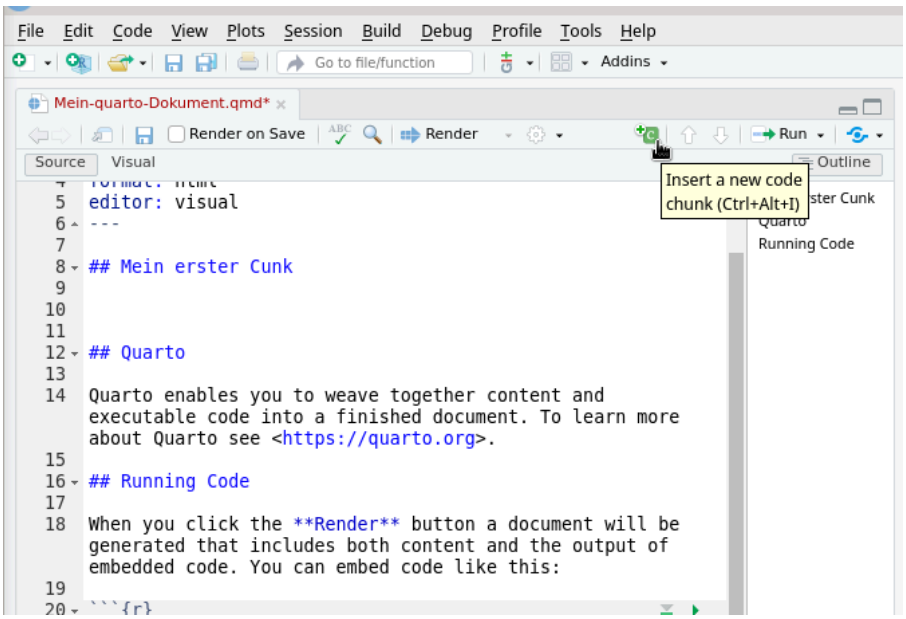



Abbildung 84: einen neuen Chunk erstellen

Beides fügt einen neuen *Chunk* (Codeblock) ein.

Die *Chunks* werden im Editorfenster farblich hervorgehoben.

Tragen Sie folgenden Code in den Chunk ein:

```
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))
plot(pf8$Alter, pf8$Gewicht)
```

Wenn Sie den Render-Knopf drücken, wird der load()-Befehl im Dokument angezeigt und in der Konsole ausgeführt. Das neu gerenderte HTML-Dokument öffnet sich automatisch.

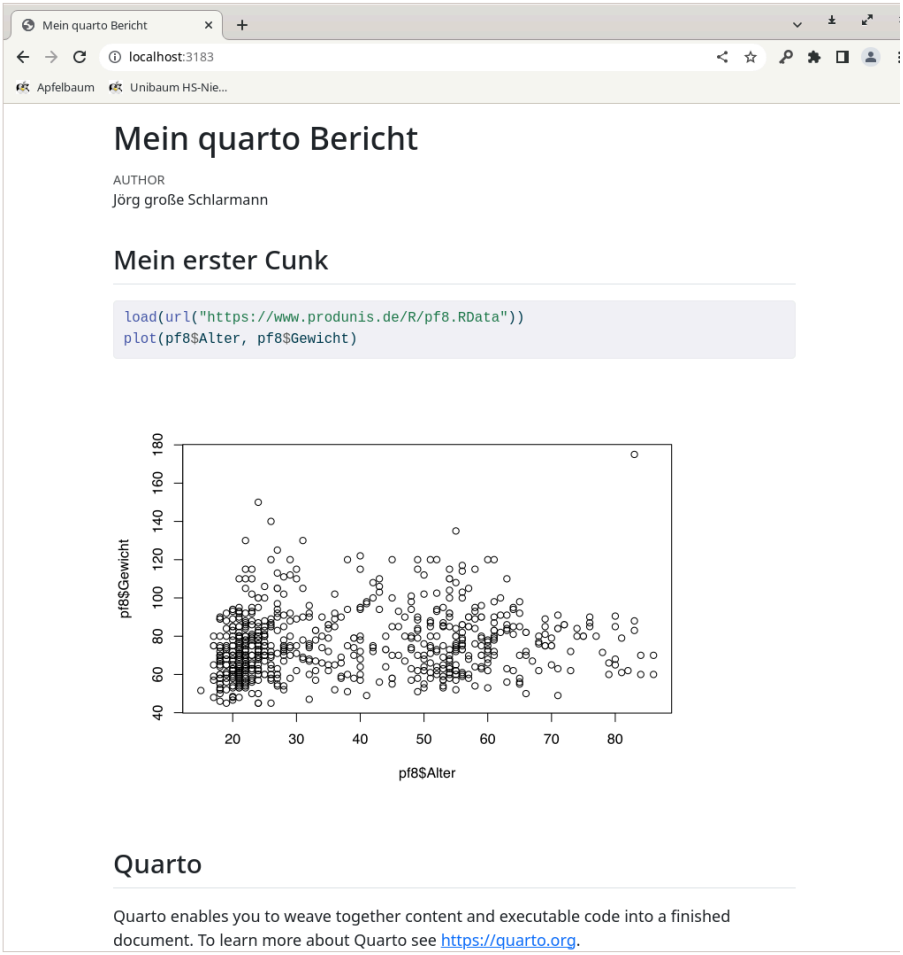



Abbildung 85: Dokument mit Plot

Sie haben auch die Möglichkeit, den Code auszuführen und sich das Ergebnis anzeigen zu lassen, ohne das komplette Dokument zu `Rendern` . Klicken Sie dazu rechts auf das grüne Dreieck (Abbildung 86).


Abbildung 86: Chunk-Code ausführen

In diesem Beispiel wird der Plot nun direkt im Markdownfenster angezeigt (Abbildung 87). Dies ist wirklich hilfreich beim Erstellen des Dokuments, denn Sie müssen nicht immer erst das gesamte Dokument `rendern` oder überhaupt geöffnet haben, um zu sehen, was `R` an dieser Stelle ausgeben würde.

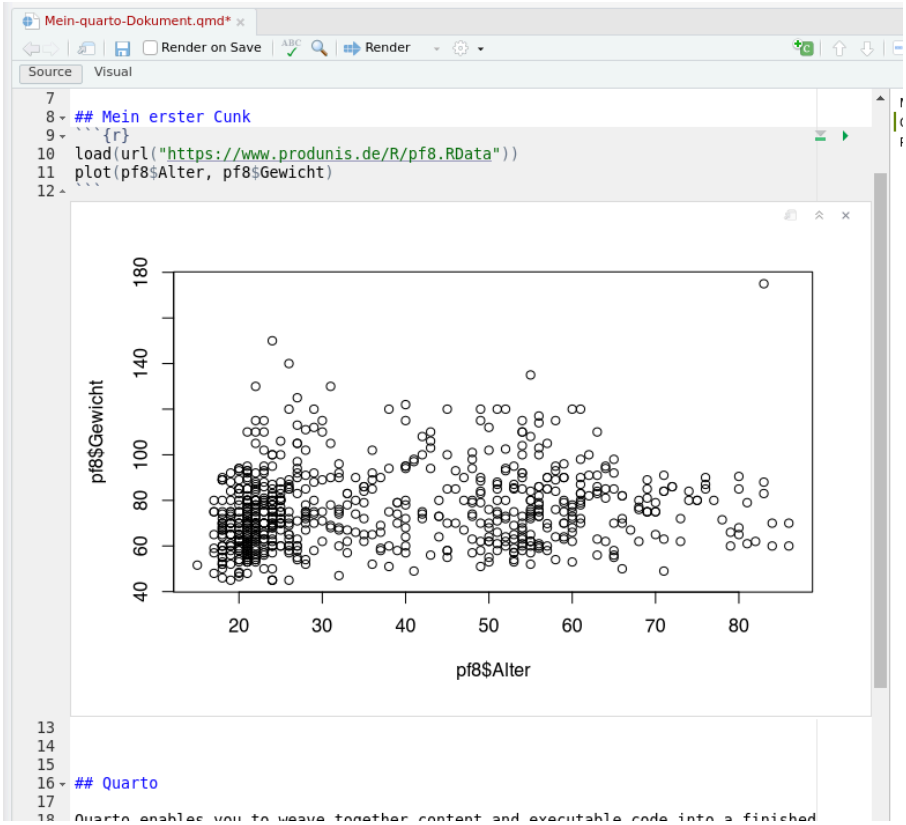



Abbildung 87: Der Chunk-Output wird bereits im Editor angezeigt

Über das Symbol links daneben (Abbildung 88, siehe Mauszeiger) lassen sich „alle Chunks bis hier hin“ ausführen.

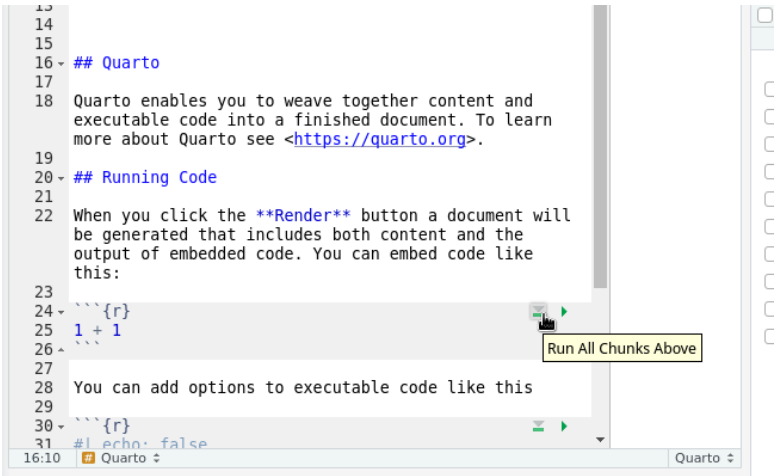



Abbildung 88: alle Chunks oberhalb ausführen

Dies ist zum Beispiel hilfreich, wenn in den vorherigen Chunks Objekte oder Variablen erzeugt wurden, auf die nun zugegriffen werden soll.

### 24.6.1 Chunk-Optionen

Den Chunks können Parameter übergeben, um ihr Verhalten zu steuern. Dies erfolgt über die Zeichenfolge `#|` direkt am Zeilenanfang.

````
markdown
```{r}
#| label: fig-testplot # zum verlinken der Plots
#| fig-cap: "Testplot" # Plotunterschrift
#| echo: true          # R-Befehle anzeigen
#| output: true        # R-Output anzeigen
#| warning: false      # Warnung unterdrücken
#| include: true       # Chunk anzeigen
#| eval: true          # Code ausführen
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))
plot(pf8$Alter, pf8$Gewicht)
```
````

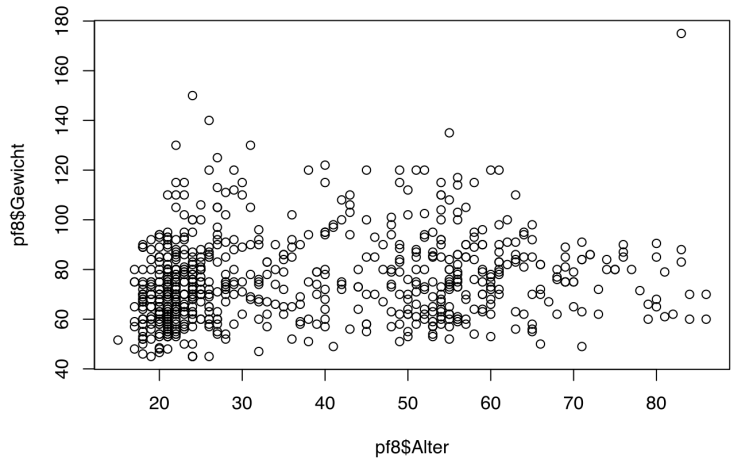



Abbildung 89: Plot

Der Plot ist über den Referenzierer `@fig-testplot` ansprechbar. Dieser wird beim rendern umgewandelt in ⇒ „Abbildung 89“.

Die Standard-Parameter lauten:

- `label` - gibt dem Chunk einen Namen. Dies ist beim Debugging sehr hilfreich. Soll auf die Plots des Chunks referenziert werden, muss das Label zwingend mit `fig-` anfangen.
- `fig-cap` - gibt den Plottitel an.
- `echo` - gibt an, ob die Befehle des Chunks im Dokument angezeigt werden sollen (`true`/`false`).
- `output` - gibt an, ob die R-Ausgaben im Dokument angezeigt werden sollen (`true`/`false`).
- `warning` - gibt an, ob die Warnungen, die möglicherweise beim Ausführen des Codes ausgegeben werden, im Dokument angezeigt werden sollen (`true`/`false`).
- `include` - gibt an, ob der Chunk (Befehle und Ausgabe) im Dokument angezeigt werden soll (`true`/`false`).
- `eval` - gibt an, ob der Chunk ausgeführt (`true`) werden, oder nur der Chunkinhalt angezeigt werden soll (`false`).

### 24.6.2 Intext-Integration

Auch im Fließtext können R-Objekte referenziert werden. Die Syntax dazu lautet `r inline("BEFEHL")`.

```
Der Mittelwert des Alters beträgt `r mean(pf8$Alter, na.rm=TRUE)`, wobei
die Standardabweichumg mit `r sd(pf8$Alter, na.rm=TRUE)` hoch ist.
```

ergibt:

Der Mittelwert des Alters beträgt 37.0027397, wobei die Standardabweichumg mit 17.9997712 hoch ist.

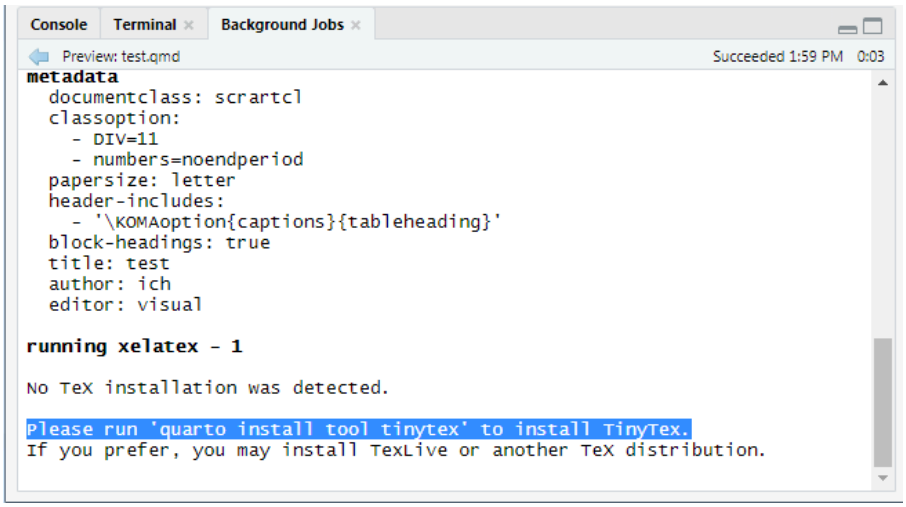
## 24.7 PDF-Dokumente erzeugen

### 24.7.1 Typst

Seit Version 1.4 ist das Textsatzprogramm Typst[9] in `quarto` integriert. Es versteht sich als Nachfolger von LaTeX und kann ohne zusätzliche Installation verwendet werden.

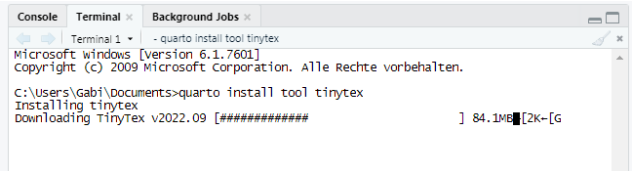
### 24.7.2 LaTeX

Da PDF-Dokumente vormals von `quarto` intern mittels LaTeX erzeugt wurden, müssen Sie, wenn Sie LaTeX weiterhin verwenden möchte, auf Ihrem PC eine LaTeX Distribution installiert haben.




Falls dies nicht der Fall ist, können Sie `TinyTeX` mit folgendem Behfehl im RStudio-Terminal installieren:

```
quarto install tool tinytex
```




Mit dieser Methode installiert `quarto` alle weiteren Pakete automatisch, sofern diese benötigt werden. Sollten Sie bereits eine LaTeX-Distribution installiert haben, müssen Sie das Paket `fontawesome` installieren, damit alles funktioniert.

[9] https://typst.app

## 24.8 quarto-Dokumentation

Die Webseite von quarto bietet umfangreiche Anleitungs- und Referenzierungsdokumente an.

- Der **Guide** leitet Sie durch die Erstellung Ihrer Dokumente, siehe https://quarto.org/docs/guide/, und ist für Einsteiger gut geeignet.
  - Für HTML z.B. https://quarto.org/docs/output-formats/html-basics.html
- Die **References** listen alle Parameter und Einstellungsmöglichkeiten der quarto-Dokumente auf, siehe https://quarto.org/docs/reference/
  - Für HTML z.B. https://quarto.org/docs/reference/formats/html.html
- Auf Youtube gibt es eine offizielle Quarto-Playlist
  - https://www.youtube.com/playlist?list=PL9HYL-VRX0oRupficE2l5DGgVIzpypTHs
- In der *Awesome Quarto List*[10] auf Github werden quartobezogene Anleitungen, Präsentationen, Erweiterungen und Beispiele gesammelt.

Beachten Sie auch Abschnitt 42.

[10] https://github.com/mcanouil/awesome-quarto

# 25 Tidyverse

Das `Tidyverse` ist eine Weiterentwicklung von `R`, die maßgeblich von Hadley Wickham vorangetrieben wurde (weshalb auch die Bezeichung *Hadleyverse* noch gebräuchlich ist. Wickham ist mittlerweile Chefentwickler von `RStudio`). Das Standardwerk zum Tiddyverse „*R for Data Science*“ (kurz *R4DS*) stammt ebenfalls von Wickham -(Wickham & Grolemund, 2017) und ist online frei verfügbar unter https://r4ds.had.co.nz/ (eine physische Kopie des Buches kann ebenfalls gekauft werden).

Das Tidyverse folgt streng dem Konzept *Tidy Data* (Wickham, 2014), welches besagt, dass ein Datensatz so aufgebaut sein muss, dass jeweils ein Fall pro Zeile abgebildet wird. Das bedeutet, dass jede Beobachtung (auch Wiederholungen) in einer eigenen Zeile steht, und die jeweiligen Variablen durch die Spalten repräsentiert werden.

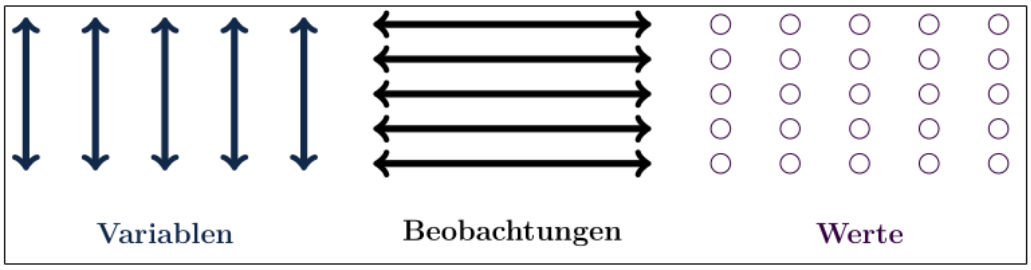



Abbildung 92: Tidy Data Konzept

Abbildung 92 zeigt die Sicht auf ein Datenobjekt nach dem Tidy Data Konzept. Jede Variable wird als eigene Spalte dargestellt. Jede Reihe entspricht einer Beobachtung. Somit entsprechen die einzelnen Werte in der Tabelle genau einer Variable zu einer Beobachtung.

Man spricht in diesem Zusammenhang von „`long table`“ und „`wide table`“.

Die Matrix der Pflegeberufe, die wir aus Abbildung 29 übernommen haben, stellt dabei die *wide table*, die *breite* Tabelle dar.

```
                        1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011   2013   2015
Krankenpflegeassistenz 16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371  64127
Altenpflegehilfe       55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363  49507
Kinderkrankenpflege    47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937  48913
Krankenpflege         430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580 476416
Altenpflege           109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154 246412
```

„Breit“ bedeutet, dass die Tabelle, wenn wir ihr nun 10 weitere Jahrgänge hinzufügen würden, immer breiter und breiter werden würde. Die *wide table* ist als *Darstellung* der Daten sicherlich gut geeignet, und die Leser erhalten eine gute Übersicht. Für die Daten*analyse* und -verarbeitung ist dieses Format eher ungeeignet, da mit jedem Wert in der Tabelle eigentlich *zwei* Variablen andressiert werden (konkrete Berufsgruppe in einem konkreten Jahr). Welche beiden Variablen das nun genau sind, lässt sich am Wert alleine nicht ablesen, und wir hätten große Probleme, wenn Zeilen und Spalten nicht benannt wären!

Als Faustregel kann man sich merken, dass eine *wide table* dann vorliegt, wenn auch (bedeutsame) Zeilennamen im Datensatz vergeben wurden (was bei einer `matrix` häufig der Fall ist).

Ein Datensatz nach dem Tidy Data-Konzept ist vom Typ *long table*.

Für die Matrix der Pflegeberufe sähe die `long table`-Version das Datensatzes so aus:

```
   Jahr           Berufsgruppe Anzahl
1  1999 Krankenpflegeassistenz  16624
2  2001 Krankenpflegeassistenz  19061
3  2003 Krankenpflegeassistenz  19478
4  2005 Krankenpflegeassistenz  21537
5  2007 Krankenpflegeassistenz  27731
6  2009 Krankenpflegeassistenz  36481
7  2011 Krankenpflegeassistenz  46517
8  2013 Krankenpflegeassistenz  54371
9  2015 Krankenpflegeassistenz  64127
10 1999       Altenpflegehilfe  55770
11 2001       Altenpflegehilfe  52710
12 2003       Altenpflegehilfe  49727
           ( . . . )
```

Jede Spalte repräsentiert eine Variable, und jede Zeile repräsentiert eine Beobachtung. Auch ohne die Spaltennamen (Zeilennamen gibt es gar keine) könnten wir erkennen, worum es in dem Datensatz geht.

Der Name `long table` leitet sich davon ab, dass die Tabelle, wenn wir ihr mehr Daten hinzufügen würden, immer *länger* und länger werden würde.

Die Tatsache, dass die Verarbeitung solcher `long tables` wesentlich einfacher ist, bildet den Grundgedanken des Tidyverse, und es wurden spezielle `R`-Erweitrungen implementiert, die speziell an Tidy Data angepasst sind. Die Erweiterungen wurden nach dieser gemeinsame Philosophie entworfen, sie verwenden die selbe „Grammatik“ und greifen auf die selbe Datenstruktur (*tibbles*, dazu später mehr) zurück.

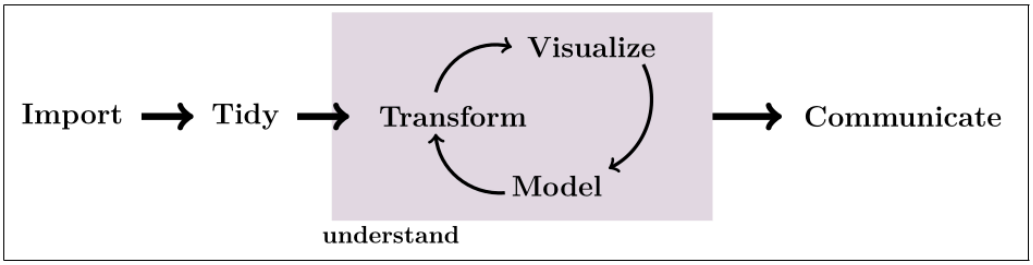



Abbildung 93: Tidy Data Ablauf

Abbildung 93 zeigt den typischen Ablauf einer Datenauswertung in 4 Schritten.

1. Die Daten müssen importiert und
2. gegebenenfalls angepasst (ins `tidy data` bzw. `long table` Format überführt werden).
3. Anschließend werden die Daten „statistisch ausgewertet“, d.h. wir versuchen zu verstehen, was wir in den Daten sehen und welche spezifischen Informationen extrahiert werden können. Das heisst die Daten werden transformiert (z.B. indem man Untergruppen bildet) und visualisiert (z.B. in Form von Diagrammen und Tabellen) oder wir rechnen Modelle wie Korrelationen, Regressionen und Signifikanztests.
4. Unsere Erkenntnisse nutzen wir dann zur Kommunikation (Präsentation) unserer Forschungsergebnisse.

Für all diese Arbeitsschritte stellt das Tidyverse passende Pakete und Funktionen in `R` zur Verfügung, und wir werden die Schritte nun einzeln durchlaufen.

## 25.1 Pakete

In R besteht das Tidyverse im Wesentlichen aus dem Zusatzpaket tidyverse, welches alle notwendingen Unterpakete als Abhängigkeit mit-installiert:

1. Tibble, die Datenklasse im Tidyverse, im Paket
   - tibble, mit den Funktionen
     tibble() as_tibble()
2. Daten importieren:
   - readr, mit den Funktionen
     read_csv(), read_tsv(), read_delim(), read_table()
3. Daten **tidy** machen:
   - tidyr, mit den Funktionen
     pivot_longer(), pivot_wider(), separate(), unite(), drop_na(), replace_na(), fill(), complete(), expand()
   - forcats, mit den Funktionen
     as_factor()
4. Umgang mit Datensätzen:
   - dplyr, mit den Funktionen
     arrange(), filter(), select(), pull(), mutate(), transmute(), rename(), summarise(), bind_cols(), bind_rows()
   - purrr, mit den Funktionen
     modify(), map(), reduce(), nest()
   - stringr, mit den Funktionen
     str_sub(), bind_locate(), bind_extract(), bind_count(), bind_match()
5. Daten visualisieren:
   - ggplot, mit den Funktionen
     ggplot(), qplot()

Dazu später mehr, denn um die Funktionen vorzustellen, müssen wir uns zunächst der Pipe zuwenden.

## 25.2 Pipe

Ein wichtiger Operator für die Arbeit im Tidyverse ist die Pipe aus dem magrittr-Zusatzpaket (die Pipe wird mit tidyverse aktiviert, Sie müssen magrittr nicht extra installieren). Sie erlaubt es, *Datenströme* weiterzuleiten. Ihre Funktionalität hat so sehr überzeugt, dass sie im Standard-R ab Version 4.1 enthalten ist, siehe Abschnitt 12.

Hierfür wurde ein eigener Operator implementiert, die Zeichenkette %>% (im Standard-R lautet die Zeichenkette |>).

Sie bedeutet so viel wie „*und dann*“.

Zur Eklärung sei nochmals der „klassische Weg“ der Arbeitsschritte in R aufgezeigt:

```
# wir machen etwas, und speichern es in ein Objekt
habe.getan <- mache.etwas(Datensatz)

# dann machen wir etwas weiteres,
# und speichern wieder in ein Objekt
habe.weiteres.getan <- mache.weiteres(habe.getan)

# und kommen schließlich zum Endergebnis
endergebnis <- mache.noch.letzte.Sache(habe.weiteres.getan)
```

Mit Einsatz der `Pipe` wird dieser Prozess quasi umgekehrt in

```
# Speichere Endergebnis
endergebnis <- Datensatz %>%
                gruppiere.nach.geschlecht %>%
                  sortiere Alter aufsteigend %>%
                    nimm die letzten 4 Werte
```

Die liest sich in etwa so:

- „Speichere etwas ins Objekt `endergebnis`, und das geht so…
- nimm den `Datensatz` *und dann*
- gruppiere die Daten nach `geschlecht` *und dann*
- sortiere nach `Alter` aufsteigend *und dann*
- nimm die letzten 4 Werte. „

Die `Pipe` reicht das jeweilige Ergebnis (den *Datenstrom*) an die nächste Code-Zeile weiter. Erst wenn die letzte Zeile durchgelaufen ist, wird das Resultat in `endergebnis` gespeichert.

Dies liest sich zu Beginn evtl. etwas ungewohnt, aber Sie können erkennen, dass die Befehle so wesentlich übersichtlicher und die einzelnen *Manipulations*schritte nachvollziehbarer geworden sind. Auch kann man sich diese Art der „Grammatik“ relativ leicht merken.

Benötigt eine Funktion die Angabe eines Datensets, so kann mit einem Punkt `.` auf den Pipe-Datenstrom verwiesen werden.

```
# Der Punkt übergibt den Pipe-Strom an die Funktion sum()
endergebnis <- Datensatz %>%
                    wähle Spalte "Alter" %>%
                        # berechne Summe
                        sum(.)
```

Die `Pipe` funktioniert bei jedem `R`-Objekt, egal in welchem Format (`long table` vs. `wide table`, Faktor, Vektor, Matrix, usw.) es vorliegt.

### 25.2.1 Unterschiede zwischen `%>%` und `|>`

Während sich `|>` und `%>%` in einfachen Fällen identisch verhalten, gibt es ein paar wichtige Unterschiede. Diese betreffen Sie aber nur, wenn Sie `%>%` schon lange nutzen und einige der fortgeschrittenen Funktionen verwendet haben.

- Standardmäßig übergibt die Pipe das Objekt auf ihrer linken Seite an das erste Argument der Funktion auf der rechten Seite. Mit `%>%` können Sie die Platzierung des Datenstroms mit dem Platzhalter „`.`“ ändern. Zum Beispiel ist `x %>% f(1)` äquivalent zu `f(x, 1)`, aber `x %>% f(1, .)` ist äquivalent zu `f(1, x)`. Seit R 4.2.0 ist ein ähnlicher Platzhalte über `_` zur Basis-Pipe hinzugefügt worden, jedoch muss hier immer ein Argument benannt werden. Zum Beispiel ist `x |> f(1, y = _)` äquivalent zu `f(1, y = x)`.
- Mit `%>%` kann man die Klammern weglassen, wenn man eine Funktion ohne weitere Argumente aufruft; `|>` erfordert immer die Klammern.
- Der Platzhalter `|>` ist absichtlich einfach gehalten und kann viele Eigenschaften des Platzhalters `%>%` nicht wiedergeben. Sie können ihn nicht an mehrere Argumente übergeben, und er hat kein besonderes Verhalten, wenn er innerhalb einer anderen Funktion verwendet wird. Zum Beispiel ist `df %>% split(.$var)` äquivalent zu `split(df, df$var)` und `df %>% {plot(.$x, .$y)}` ist äquivalent zu `plot(df$x, df$y)`.
- Mit `%>%` können Sie den Punkt `.` auf der linken Seite von Operatoren verwenden, so dass Sie eine einzelne Spalte aus einem Datenframe mit (z. B.) `mtcars %>% .$cyl` extrahieren können. Dies geht mit `|>` nicht.

Glücklicherweise gibt es keinen Grund, sich ganz auf die eine oder andere Pipe festzulegen - Sie können die Basis-Pipe für die meisten Fälle verwenden, und die Magrittr-Pipe benutzen, wenn Sie deren speziellen Eigenschaften wirklich benötigen.

## 25.3 tibbles

Da dieses Konzept der `long table` so essenziell ist, wurde im Tidyverse eine eigene Datenklasse eingeführt, die `tibble` heisst (das kommt daher, dass `tidy data` immer Tabellen sind, was häufig per `tbl` abgekürzt wird. Liest man im Englischn `tbl` laut und schnell, klingt das wie - genau - *tibble*).

Sie entspricht in etwa dem Datenframe, hat aber intern noch weitere wichtige Änderungen eingebaut.

Tibbles werden so wie Datenframes erzeugt, indem man gleichlange Vektoren übergibt. Der Funktionsname ist `tibble()`.

```
# aktiviere Tidyverse
library(tidyverse)

# erzeuge ein tibble
tibble(a=c(1,2,3), b=c("a", "b", "c"), c=c(T, F, T))
```

```
# A tibble: 3 × 3
      a b     c
  <dbl> <chr> <lgl>
1     1 a     TRUE
2     2 b     FALSE
3     3 c     TRUE
```

Die Schwesterfunktion `tribble()` (mit **r**) erlaubt diese Schreibweise

```
# erzeuge ein tibble mit tRibble
tribble(
  ~Text, ~Zahl, ~Logic,
  "a",     1,     T,
  "b",     2,     F,
  "c",     3,     T
  )
```

```
# A tibble: 3 × 3
  Text   Zahl Logic
  <chr> <dbl> <lgl>
1 a         1 TRUE
2 b         2 FALSE
3 c         3 TRUE
```

Sind die übergebenen Reihen nicht gleich lang, werden sie als `list` gespeichert.

```
# Datenreihen NICHT gleich lang
tribble(
  ~Text, ~Zahl, ~Logic,
  "a",     1:3,     T,
  "b",     4:6,     F,
  "c",     7:9,     T
)
```

```
# A tibble: 3 × 3
  Text  Zahl      Logic
  <chr> <list>    <lgl>
1 a     <int [3]> TRUE
2 b     <int [3]> FALSE
3 c     <int [3]> TRUE
```

Die meisten Funktionen des Tiddyverse funktioneren auch mit Datenframes, eben weil sie sich so ähnlich sind. Dennoch ergibt es (schon ideologisch) Sinn, die Datenframes in `tibbles` umzuwandeln.

Schauen wir uns hierfür die Daten der Pflegeberufe als `long table` an:

```
# Pflegeframe
head(Pflegeframe)
```

```
  Jahr           Berufsgruppe Anzahl
1 1999 Krankenpflegeassistenz  16624
2 2001 Krankenpflegeassistenz  19061
3 2003 Krankenpflegeassistenz  19478
```

```
4 2005 Krankenpflegeassistenz  21537
5 2007 Krankenpflegeassistenz  27731
6 2009 Krankenpflegeassistenz  36481
```

```
# Übersicht von "Pflegeframe"
str(Pflegeframe)
```

```
'data.frame':    45 obs. of  3 variables:
 $ Jahr        : Factor w/ 9 levels "1999","2001",..: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 1 ...
 $ Berufsgruppe: Factor w/ 5 levels "Krankenpflegeassistenz",..: 1 1 1 1  ...
 $ Anzahl      : num  16624 19061 19478 21537 27731 ...
```

Wir erhalten eine Zusammenstellung von wichtigen Informationen. Unser Pflegetibble hat 45 Beobachtungen (Reihen) von 3 Variablen (Spalten). Die Variablen `Jahr` und `Berufsgruppe` liegen als Faktoren vor, `Anzahl` ist numerisch.

```
# Datenklasse von "Pflegeframe"
class(Pflegeframe)
```

```
[1] "data.frame"
```

Jetzt wandeln wir das Pflegeframe in ein Pflegetibble um.

```
# erzeuge Pflegetibble aus Pflegeframe
Pflegetibble <- tibble(Pflegeframe)

# Datenklasse von "Pflegeframe"
class(Pflegetibble)
```

```
[1] "tbl_df"     "tbl"        "data.frame"
```

Wie Sie sehen, ist unser Tibble immernoch ein Datenframe. Es ist aber auch ein „Tibble Datenframe“ (`tbl_df`) und einfach ein Tibble (`tbl`).

Die Funktion zum Einsehen von Tibbles heisst `glimpse()` (englisch für *Blick*).

```
# werfe einen Blick auf "Pflegetibble"
glimpse(Pflegetibble)
```

```
## Rows: 45
## Columns: 3
## $ Jahr         <fct> 1999, 2001, 2003, 2005, 2007, 2009, …
```

```
## $ Berufsgruppe <fct> Krankenpflegeassistenz, Krankenpf…
## $ Anzahl       <dbl> 16624, 19061, 19478, 21537, …
```

Die Ausgabe sieht fast genau so aus wie der `str()`-Aufruf. Neben den Variablennamen steht der Datentyp, wobei `<fct>` für Faktor, `<dbl>` für Dezimalzahlen und `<lgl>` für logical steht.

Im klassischen `R` hat man ein `data.frame` mit `str()` angeschaut, im Tidyverse schaut man mit `glimpse()` auf ein `tibble`.

## 25.4 Funktionsaufrufe

In `R` gibt es jede Menge Zusatzpakete, und obschon die Programmierer sich Mühe geben, einen Funktionsnamen nicht doppelt zu vergeben (vielleicht ist Ihnen schon aufgefallen, dass im Tidyverse viele Funktionen mit einem Unterstrich _ geschrieben werden, z.B. `read_sav()` oder `as_factor()`), kann dies durchaus vorkommen.

Wenn wir das Tidyverse per `library()` aktivieren, erhalten wir folgende Informationen:

```
library(tidyverse)
```

```
── Attaching packages ─────────────────── tidyverse 1.3.0 ──
✓ ggplot2 3.3.3     ✓ purrr   0.3.4
✓ tibble  3.1.0     ✓ dplyr   1.0.5
✓ tidyr   1.1.3     ✓ stringr 1.4.0
✓ readr   1.4.0     ✓ forcats 0.5.1
── Conflicts ────────────────────────── tidyverse_conflicts() ──
x dplyr::filter() masks stats::filter()
x dplyr::lag()    masks stats::lag()
```

Wie Sie sehen, gibt es nun Konflikte, da die Funktionen `filter()` und `lag()` jeweils in den Paketen `tidyverse` und `stats` (`R`-Basispaket) existieren. Das heisst, möchte man die Funktion `filter()` verwenden, muss man `R` mitteilen, aus welchem Paket sie stammt. Dies erfolgt in `R` indem man den Paketnamen getrenn durch zwei Doppelpunkte vor die Funktion schreibt.

```
# nutze Funktion filter() aus dem Paket "dplyr"
dplyr::filter()

# nutze Funktion filter() aus dem "stats" Paket
stats::filter()
```

Im Tidyverse ist es daher durchaus üblich, den Paketnamen mit zwei Doppelpunkten getrennt vor den Funktionsnamen zu setzen. So ist immer klar, welche Funktion aus welchem Paket denn nun aufgerufen werden soll.

```
# Paketname::Funktionsname
haven::read_sav("spss.sav")
```

Durch die Refernzierung des Paketnamens sparen Sie sich das Einbinden des gesamten Paketes per `library()`.

Dies funktioniert auch bei den zahlreichen Datensätzen, die R mitliefert. Möchten Sie den Datensatz flights aus dem Paket nycflights13 nutzen, können Sie (nachdem das Paket nycflights13 installiert wurde) wie folgt referenzieren:

```
# Installiere Paket "nycflights13"
install.packages("nycflights13")

# Paketname::Datensatz
head(nycflights13::flights)
```

```
# A tibble: 6 × 19
   year month   day dep_time sched_dep_time dep_delay arr_time sched_arr_time
  <int> <int> <int>    <int>          <int>     <dbl>    <int>          <int>
1  2013     1     1      517            515         2      830            819
2  2013     1     1      533            529         4      850            830
3  2013     1     1      542            540         2      923            850
4  2013     1     1      544            545        -1     1004           1022
5  2013     1     1      554            600        -6      812            837
6  2013     1     1      554            558        -4      740            728
# ℹ 11 more variables: arr_delay <dbl>, carrier <chr>, flight <int>,
#   tailnum <chr>, origin <chr>, dest <chr>, air_time <dbl>, distance <dbl>,
#   hour <dbl>, minute <dbl>, time_hour <dttm>
```

# 26 Schritt 1: Daten importieren

Das Importieren von Daten unterscheidet sich nicht von den Methoden aus Abschnitt 15. Tidyverse bringt mit {readr} ein eigenes Paket zum Importieren mit, dies ist aber nur für Textdateien wirklich geeignet. Mit den Zusatzpaketen {haven} und {readxl} können Sie wie in Abschnitt 15 beschrieben über die Funktionen read_sav(), read_xlsx() und read_csv() Ihre Daten einlesen.

In RStudio können Sie einfach im Datenfenster auf Import Dataset klicken, siehe Abschnitt Abschnitt 15.6.

## 26.1 gelabelte SPSS-Daten

Hier sei noch einmal erwähnt, dass in SPSS kategoriale Daten häufig mit *Labels* versehen werden.

```
# Lade Test-SPSS-Datei mit Labels
spss <- haven::read_sav(url("https://www.produnis.de/R/data/alteDaten-lang.sav"))
head(spss)
```

```
# A tibble: 6 × 4
  Frage_1             Frage_2        Frage_3             Frage_4
  <dbl+lbl>           <dbl+lbl>      <dbl+lbl>           <dbl+lbl>
1 4 [stimme zu]       4 [stimme zu]  4 [stimme zu]       0 [nicht vorhanden]
2 4 [stimme zu]       4 [stimme zu]  4 [stimme zu]       0 [nicht vorhanden]
3 4 [stimme zu]       4 [stimme zu]  4 [stimme zu]       0 [nicht vorhanden]
```

```
4 4 [stimme zu]       3 [weiß nicht] 3 [weiß nicht]      4 [stimme zu]
5 3 [weiß nicht]      3 [weiß nicht] 2 [stimme nicht zu] 2 [stimme nicht zu]
6 2 [stimme nicht zu] 3 [weiß nicht] 3 [weiß nicht]      2 [stimme nicht zu]
```

Mit `head()` sehen wir, dass die Werte der Spalten gelabelt sind (4=*stimme nicht zu*, 3=*weiß nicht*, usw.). Die Labels stehen in eckigen Klammern neben dem eingentlichen Wert der Variable.

Mit `glimpse()` werden die Labels ignoriert

```
# glimpse() zeigt KEINE Labels
glimpse(spss)
```

```
Rows: 1,000
Columns: 4
$ Frage_1 <dbl+lbl> 4, 4, 4, 4, 3, 2, 2, 2, 4, 3, 2, 5, 2, 2, 4, 5, 5, 0, 4, 1…
$ Frage_2 <dbl+lbl> 4, 4, 4, 3, 3, 3, 1, 5, 4, 3, 2, 2, 2, 2, 4, 5, 1, 2, 4, 2…
$ Frage_3 <dbl+lbl> 4, 4, 4, 3, 2, 3, 3, 3, 4, 3, 2, 2, 2, 3, 4, 2, 3, 3, 4, 4…
$ Frage_4 <dbl+lbl> 0, 0, 0, 4, 2, 2, 2, 3, 5, 4, 2, 4, 4, 2, 0, 4, 4, 2, 5, 2…
```

In `R` ist die Verwendung von Wertelabels eher untypisch. Es empfiehlt sich, die Ausprägungsstufen *so wie sie sind* als Werte einzutragen, also z.B. direkt „`männlich`“ - „`weiblich`“ - „`divers`“ anstatt `0` - `1` - `2` und anschließender Labelung. So werden die Ausprägungen auch auf den Grafiken entsprechend „aussagekräftig“ angezeigt.

Wir wandeln alle Variablen in Faktoren um, welche die Labels als Levelnamen nutzen (die Funktion `mutate()` wird später genauer erläutert).

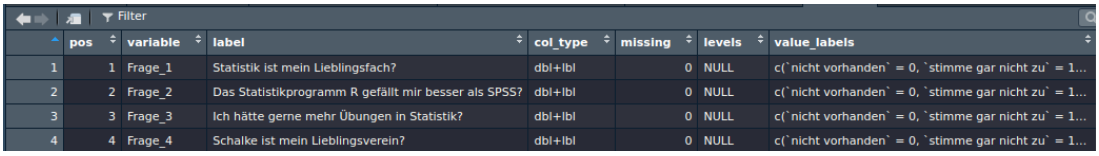
```
spss %>%
  dplyr::mutate(as_factor(.))
```

```
# A tibble: 1,000 × 4
  Frage_1         Frage_2    Frage_3         Frage_4
  <fct>           <fct>      <fct>           <fct>
1 stimme zu       stimme zu  stimme zu       nicht vorhanden
2 stimme zu       stimme zu  stimme zu       nicht vorhanden
3 stimme zu       stimme zu  stimme zu       nicht vorhanden
4 stimme zu       weiß nicht weiß nicht      stimme zu
5 weiß nicht      weiß nicht stimme nicht zu stimme nicht zu
6 stimme nicht zu weiß nicht weiß nicht      stimme nicht zu
# ℹ 994 more rows
```

Wenn die Daten umfangreich gelabelt sind, kann es hilfreich sein, sich ein „Wörterbuch“ der Labels anzulegen. Hierfür nutzt man die Funktion `generate_dictionary()` aus dem `{labelled}`-Paket.

```
dict <- labelled::generate_dictionary(spss)
```

Das Objekt `dict` ist ein Datenframe, in welchem die Labels der Variablen gespeichert sind. In RStudio kann man die Labels so im Datenviewer durchsuchen.



| | pos | variable | label | col_type | missing | levels | value_labels |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 1 | Frage_1 | Statistik ist mein Lieblingsfach? | dbl+lbl | 0 | NULL | c(`nicht vorhanden` = 0, `stimme gar nicht zu` = 1... |
| 2 | 2 | Frage_2 | Das Statistikprogramm R gefällt mir besser als SPSS? | dbl+lbl | 0 | NULL | c(`nicht vorhanden` = 0, `stimme gar nicht zu` = 1... |
| 3 | 3 | Frage_3 | Ich hätte gerne mehr Übungen in Statistik? | dbl+lbl | 0 | NULL | c(`nicht vorhanden` = 0, `stimme gar nicht zu` = 1... |
| 4 | 4 | Frage_4 | Schalke ist mein Lieblingsverein? | dbl+lbl | 0 | NULL | c(`nicht vorhanden` = 0, `stimme gar nicht zu` = 1... |

Abbildung 94: Labelwörterbuch

Da wir die SPSS-Datei mit den Funktionen des `haven`-Pakets importiert haben, liegen gelabelte Werte und Variablen als Klasse `haven_labelled` vor. Diese Eigenschaft machen wir uns in den nächsten Code-Schnipseln zu Nutze.

Mit diesen Befehlen werden alle Werte der im Datensatz enthaltenen Variablen, die als `haven_labelled` klassifiziert ist, in einen Factor umgewandelt:

```
spssfct <- spss %>%
  mutate_if(haven::is.labelled, haven::as_factor)
glimpse(spssfct)
```

```
Rows: 1,000
Columns: 4
$ Frage_1 <fct> stimme zu, stimme zu, stimme zu, stimme zu, weiß nicht, stimme…
$ Frage_2 <fct> stimme zu, stimme zu, stimme zu, weiß nicht, weiß nicht, weiß …
$ Frage_3 <fct> stimme zu, stimme zu, stimme zu, weiß nicht, stimme nicht zu, …
$ Frage_4 <fct> nicht vorhanden, nicht vorhanden, nicht vorhanden, stimme zu, …
```

Und folgende Befehle wandeln Variablen*labels* in Variablen*namen* um, hierzu muss das Paket `{sjlabelled}` installiert sein:

```
spssn <- spssfct %>%
  sjlabelled::label_to_colnames()
glimpse(spssn)
```

```
Rows: 1,000
Columns: 4
$ `Statistik ist mein Lieblingsfach?`                    <fct> stimme zu, stim…
$ `Das Statistikprogramm R gefällt mir besser als SPSS?` <fct> stimme zu, stim…
$ `Ich hätte gerne mehr Übungen in Statistik?`           <fct> stimme zu, stim…
$ `Schalke ist mein Lieblingsverein?`                    <fct> nicht vorhanden…
```

# 27 Schritt 2: Daten *tidy* machen

Der zweite Schritt besteht darin, die Daten *tidy* zu machen, das heisst, sie ins `long table` Format zu überführen. Schauen wir uns hierfür die Matrix der Pflegeberufe an, die ja im *wide* Format vorliegt:

```
Pflegeberufe
```

```
                        1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011   2013
Krankenpflegeassistenz  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371
Altenpflegehilfe        55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363
Kinderkrankenpflege     47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937
Krankenpflege          430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580
Altenpflege            109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154
                        2015
Krankenpflegeassistenz  64127
Altenpflegehilfe        49507
Kinderkrankenpflege     48913
Krankenpflege          476416
Altenpflege            246412
```

Die Reihennamen repräsentieren Variablen.

Da im Tidyverse fast alles über `tibble`s bzw. Datenframes abläuft, muss die Matrix zunächst in ein `tibble` überführt werden. Hierfür verwenden wir die Funktion `as_tibble()`

```
tbl <- as_tibble(Pflegeberufe)
head(tbl)
```

```
# A tibble: 5 × 9
  `1999` `2001` `2003` `2005` `2007` `2009` `2011` `2013` `2015`
   <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
1  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371  64127
2  55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363  49507
3  47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937  48913
4 430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580 476416
5 109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154 246412
```

Wie Sie sehen, wurden die Spalten (Jahre) als Variablen übernommen. Die Informationen aus den Zeilen (Berufsgruppe) ist verloren gegangen. Für fügen sie daher per `cbind()` unserem `tibble` hinzu.

```
tbl <- cbind(tbl, Berufsgruppe = rownames(Pflegeberufe))
head(tbl)
```

```
    1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011   2013   2015
1  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371  64127
2  55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363  49507
3  47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937  48913
4 430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580 476416
5 109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154 246412
           Berufsgruppe
1 Krankenpflegeassistenz
```

```
2       Altenpflegehilfe
3    Kinderkrankenpflege
4          Krankenpflege
5            Altenpflege
```

Zur Überführung in ein korrektes tibble vom Format *long table* wird die Funktion `pivot_longer()` aus dem Tidyverse-Paket `{tidyr}` verwendet. Die Logik der Funktion besteht darin, die Variable mit den ehemaligen Reihennamen (die per `cbind()` hinzugefügt wurde), bestehen zu lassen. Aus den *übrigen* Spalten werden neue Variablen erzeugt, deren Werte passend zu den Reihenwerten (der `cbind()`-Spalte) eingetragen werden. In unserem Beispiel ist die (neue) Variable `Berufsgruppe` in Spalte 10. Wir belassen also Spalte 10, und wenden die Funktion auf die Spalten 1-9 an.

```
Pflegetibble <- pivot_longer(tbl,
             # wähle die Spalten 1-9 aus
             cols=1:9,
             # speichere Spaltennamen als Werte in neuer Variable "Jahr"
             names_to="Jahr",
             # Die derzeitigen Werte werden in der neuen Variable "Anzahl" gespeichert
             values_to = "Anzahl")

head(Pflegetibble)
```

```
# A tibble: 6 × 3
  Berufsgruppe           Jahr  Anzahl
  <chr>                  <chr>  <dbl>
1 Krankenpflegeassistenz 1999   16624
2 Krankenpflegeassistenz 2001   19061
3 Krankenpflegeassistenz 2003   19478
4 Krankenpflegeassistenz 2005   21537
5 Krankenpflegeassistenz 2007   27731
6 Krankenpflegeassistenz 2009   36481
```

Mit der Funktion `pivot_wider()` kann im Gegenzug eine *wide table* erstellt werden. Ihr wird übergeben, aus welcher Variable die neuen Spalten gebildet werden sollen, und aus welcher Variable die anzuzeigenden Werte zu nehmen sind. Für unser Pflegetibble lautet der Befehl:

```
pivot_wider(Pflegetibble, names_from = Jahr, values_from = Anzahl)
```

```
# A tibble: 5 × 10
  Berufsgruppe    `1999` `2001` `2003` `2005` `2007` `2009` `2011` `2013` `2015`
  <chr>            <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 Krankenpflegea…  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371  64127
2 Altenpflegehil…  55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363  49507
3 Kinderkrankenp…  47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937  48913
4 Krankenpflege   430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580 476416
5 Altenpflege     109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154 246412
```

## 27.1 verschachtelte `wide table`

Schauen wir uns folgende Tabelle an:

```
untidy_df
```

```
  Altersgruppe Maenner_2018 Frauen_2018 Maenner_2019 Frauen_2019 Maenner_2020
1         < 18        22000       20000        22000       20000        23000
2        18-30        36000       35000        36000       35000        38000
3        31-50        50000       40000        50000       40000        52000
4        51-60        62000       60000        62000       60000        65000
5         > 60        75000       72000        75000       72000        78000
  Frauen_2020
1       21000
2       36000
3       47000
4       62000
5       75000
```

Diese Tabelle ist mehrfach verschachtelt. Zum einen haben wir „bedeutsame Reihennamen“ in Form der `Altersgruppe`. Zum anderen sind auch in den Spaltennamen jeweils 2 Variablen „versteckt“, nämlich das Geschlecht und das Jahr.

Um diese Tabelle *tidy* zu machen, müssen wir in 2 Schritten vor gehen.

Mit der Funktion `pivot_longer` bringen wir die Daten in eine erste `long table`-Version. Für den Datensatz `untidy_df` belassen wir die Variable `Altersgruppe` und wenden die Funktion auf die übrigen Spalten an.

```
untidy_df %>%
  pivot_longer(cols = Maenner_2018:Frauen_2020,
               names_to="Geschlecht_Jahr",
               values_to = "Einkommen") %>%
  head(10)
```

```
# A tibble: 10 × 3
  Altersgruppe Geschlecht_Jahr Einkommen
  <chr>        <chr>                <dbl>
1 < 18         Maenner_2018         22000
2 < 18         Frauen_2018          20000
3 < 18         Maenner_2019         22000
4 < 18         Frauen_2019          20000
5 < 18         Maenner_2020         23000
6 < 18         Frauen_2020          21000
# ℹ 4 more rows
```

Wie Sie sehen, hat `pivot_longer()` die `Altersgruppen` ebenfalls richtig zugeordnet.

Im zweiten Schritt teilen wir die Variable `Geschlecht_Jahr` in zwei eigene Variablen `Geschlecht` und `Jahr` auf. Hierfür steht die Funktion `separate()` zur Verfügung.

```
untidy_df %>%
  pivot_longer(cols = Maenner_2018:Frauen_2020,
               names_to="Geschlecht_Jahr",
               values_to = "Einkommen") %>%
  separate(Geschlecht_Jahr,
           into = c("Geschlecht", "Jahr")) %>%
  head(10)
```

```
# A tibble: 10 × 4
  Altersgruppe Geschlecht Jahr  Einkommen
  <chr>        <chr>      <chr>     <dbl>
1 < 18         Maenner    2018      22000
2 < 18         Frauen     2018      20000
3 < 18         Maenner    2019      22000
4 < 18         Frauen     2019      20000
5 < 18         Maenner    2020      23000
6 < 18         Frauen     2020      21000
# ℹ 4 more rows
```

Die Daten liegen nun vollständig als *tidy data* vor.

## 27.2 Datentypen korrigieren

Gerade bei importierten Daten sollte überprüft werden, ob den Variablen der korrekte Datentyp (numerisch, faktorial, logisch) zugewiesen ist. Dies ist wichtig, wenn wir mit ihnen später die Statistikfunktionen aufrufen.

Schauen wir unser Pflegetibble an

```
glimpse(Pflegetibble)
```

```
Rows: 45
Columns: 3
$ Berufsgruppe <chr> "Krankenpflegeassistenz", "Krankenpflegeassistenz", "Kran…
$ Jahr         <chr> "1999", "2001", "2003", "2005", "2007", "2009", "2011", "…
$ Anzahl       <dbl> 16624, 19061, 19478, 21537, 27731, 36481, 46517, 54371, 6…
```

Die Variablen `Berufsgruppe` und `Jahr` sind beide vom Typ `chr`, was falsch ist. Überführen wir die Berufsgruppen in einen Faktor, und die Jahre in numerische Werte. Im klassischen `R` geht dies so:

```
Pflegetibble$Berufsgruppe <- as.factor(Pflegetibble$Berufsgruppe)
Pflegetibble$Jahr <- as.numeric(Pflegetibble$Jahr)
glimpse(Pflegetibble)
```

```
Rows: 45
Columns: 3
```

```
$ Berufsgruppe <fct> Krankenpflegeassistenz, Krankenpflegeassistenz, Krankenpf…
$ Jahr         <dbl> 1999, 2001, 2003, 2005, 2007, 2009, 2011, 2013, 2015, 199…
$ Anzahl       <dbl> 16624, 19061, 19478, 21537, 27731, 36481, 46517, 54371, 6…
```

Im Tidyverse kann man die Datentypen mit den Funktionen `mutate()` (wird später erleutert) und `across()` umwandeln. Letztere ist das Pendant zum klassischen `apply()` und erlaubt es, Funktionen auf ausgewählte Spalten (Variablen) des Datensatzes anzuwenden.

```
Pflegetibble <- Pflegetibble %>%
  # wende auf Spalte "Berufsgruppe" die Funktion as.factor an.
  mutate(across(Berufsgruppe, as.factor)) %>%
  # wende auf Spalte "Jahr" die Funktion as.numeric an.
  mutate(across(Jahr, as.numeric))
glimpse(Pflegetibble)
```

```
Rows: 45
Columns: 3
$ Berufsgruppe <fct> Krankenpflegeassistenz, Krankenpflegeassistenz, Krankenpf…
$ Jahr         <dbl> 1999, 2001, 2003, 2005, 2007, 2009, 2011, 2013, 2015, 199…
$ Anzahl       <dbl> 16624, 19061, 19478, 21537, 27731, 36481, 46517, 54371, 6…
```

Sollen der auszuführenden Funktion Parameter übergeben werden, ändert sich der Aufruf - z.B. um einen ordinalen Faktore zu erzeugen, wie folgt:

```
Pflegetibble %>%
  # wende auf Spalte "Berufsgruppe" die Funktion factor an.
  # Um Parameter an 'factor()' übergeben zu können,
  # muss folgende Notation erfolgen.
  # Erstelle ordinale Faktoren mit Parameter "ordered=T"
  mutate(across(Berufsgruppe, ~factor(.x, ordered=T))) %>%
  head()
```

```
## # A tibble: 6 × 3
##   Berufsgruppe            Jahr Anzahl
##   <ord>                  <dbl>  <dbl>
## 1 Krankenpflegeassistenz  1999  16624
## 2 Krankenpflegeassistenz  2001  19061
## 3 Krankenpflegeassistenz  2003  19478
## 4 Krankenpflegeassistenz  2005  21537
## 5 Krankenpflegeassistenz  2007  27731
## 6 Krankenpflegeassistenz  2009  36481
```

Schauen wir uns als weiteres Beispiel den gelabelten Datensazt der Nachtwachenstudie an.

```
# lade den Nachtwachendatensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

#nutze die gelabelte Version
test <- nw_labelled

# wenn Sie das Paket jgsbook installiert haben,
# können Sie den Datensatz auch so laden:
test <- jgsbook::nw_labelled
glimpse(test)
```

```
Rows: 276
Columns: 49
$ sex               <fct> männlich, weiblich, weiblich, weiblich, weiblich, we…
$ age               <labelled> 56, 53, 55, 28, 53, 62, 55, 61, 34, 50, 54, 50,…
$ land              <fct> Nordrhein-Westfalen, Nordrhein-Westfalen, Nordrhein-…
$ host              <fct> "privater Träger", "Wohlfahrtsverband (z.B. AWO, Car…
$ bed               <fct> weniger als 10, 75 - 100, 100 - 150, 100 - 150, 75 -…
$ patient           <fct> 10 - 20, 75 - 100, 100 - 150, 100 - 150, 75 - 100, 1…
$ liability         <labelled> 5, 30, 34, 23, 30, 41, 79, 79, 52, 32, 71, 71, …
$ Stufe0            <labelled> 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 25, 25, 0, 0, 0, …
$ Stufe1            <labelled> 3, 0, 10, 4, 0, 14, 15, 8, 6, 9, 15, 15, 9, 10,…
$ Stufe2            <labelled> 9, 10, 19, 17, 11, 19, 29, 14, 32, 14, 19, 19, …
$ Stufe3            <labelled> 12, 20, 5, 2, 19, 7, 23, 18, 14, 10, 12, 12, 14…
$ Demenz            <labelled> 7, 20, 16, 8, 28, 7, 60, 31, 32, 22, 21, 21, 20…
$ Bettgitter        <labelled> 2, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 11, 1…
$ Bettgurt          <labelled> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,…
$ Schlafmittel      <labelled> 7, 6, 5, 0, 5, 9, 7, 2, 15, 4, 4, 4, 4, 0, 26, …
$ colleagueall      <labelled> 2, 3, 5, 3, 3, 3, 2, 2, 2, 3, 3, 3, 3, 2, 2, 6,…
$ colleague         <labelled> 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 2, 2,…
$ pause             <fct> selten, immer, häufig, immer, immer, manchmal, immer…
$ pausecolleague    <fct> nie, immer, nie, immer, immer, nie, immer, immer, ni…
$ hintergrunddienst <fct> NA, Ja, Ja, Ja, Ja, NA, NA, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, …
$ daynights         <fct> "hauptsächlich im Nachtdienst, mit vereinzelten Tagd…
$ whynight          <fct> NA, die Arbeitszeiten sagen mir zu, NA, familiäre Gr…
$ nights            <labelled> 6, 7, 8, 5, 7, 7, 7, 7, 5, 5, 7, 5, 9, 9, 8, 8,…
$ timework          <fct> Vollzeit, Teilzeit, NA, Teilzeit, Teilzeit, NA, NA, …
$ nightstarts       <labelled> "1970-01-01 20:33:00", "1970-01-01 20:30:00", "…
$ nightstops        <labelled> "1970-01-01 07:07:00", "1970-01-01 07:00:00", "…
$ MagNacht          <fct> eher ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja,…
$ WiederTag         <fct> neutral, nein, nein, neutral, nein, nein, nein, nein…
$ ueberfordert      <fct> selten, nie, nie, nie, selten, selten, nie, selten, …
$ Zwischenfall      <fct> selten, selten, häufig, selten, häufig, selten, selt…
$ Bew_herumirren    <fct> sehr oft, häufig, selten, häufig, häufig, selten, hä…
$ Bew_sterben       <fct> selten, häufig, häufig, selten, häufig, selten, selt…
$ muede             <fct> selten, nie, nie, häufig, selten, nie, nie, selten, …
$ schwer_wach       <fct> nie, nie, nie, selten, selten, nie, nie, nie, nie, n…
$ Demenz_aktiv      <labelled> 10, 7, 5, 5, 7, 7, 3, 5, NA, 5, 5, 5, 4, 4, 7, …
$ Demenz_stoeren    <labelled> 8, 7, 3, 3, 7, 0, 3, 2, NA, 5, 5, 5, 2, 1, 7, 7…
$ Demenz_sediert    <labelled> 3, 7, 1, 0, 2, 0, 0, 1, NA, 2, 2, 2, 0, 0, 5, 7…
$ Demenz_nv         <labelled> 10, 4, 4, 0, 1, 7, 0, 0, NA, 0, 0, 0, 0, 0, 7, …
```

```
$ Sorge_weglaufen   <fct> eher ja, ja, eher ja, nein, eher nicht, eher nicht, …
$ Sorge_Sturz       <fct> ja, nein, ja, ja, eher ja, eher nicht, neutral, ja, …
$ Sorge_FEM         <fct> ja, NA, NA, nein, neutral, eher ja, NA, neutral, nei…
$ Sorge_nv          <fct> ja, neutral, eher ja, eher nicht, nein, eher nicht, …
$ Sorge_sterben     <fct> eher ja, ja, ja, eher nicht, eher ja, ja, eher nicht…
$ workyear          <labelled> 35, 37, 37, 10, 30, 34, 13, 28, 4, 32, 10, 32, …
$ worknight         <labelled> 12, 11, 32, 1, 14, 29, 7, 13, 2, 5, 10, 5, 17, …
$ meeting           <fct> selten, immer, NA, nie, immer, manchmal, selten, sel…
$ fortbildung       <fct> Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, …
$ wannfort          <labelled> 2004, 2014, 2013, 2013, 2014, 2015, 2014, 2015,…
$ edu               <fct> dreijährige Pflegeausbildung, zweijährige Pflegeausb…
```

Wir sehen, dass viele Variablen vom Typ `labelled` sind. Schauen wir uns die Variablen `age` und `sex` genauer an.

```
class(test$age)
```

```
[1] "labelled" "numeric"
```

```
class(test$sex)
```

```
[1] "labelled" "factor"
```

Die Variablen ist sowohl vom Typ `labelled` als auch vom Typ `numeric` bzw. `factor`. Manche `R`-Funktionen haben mit dieser Doppelbelegung ihre Probleme, z.B. `vtable::sumtable()`.

```
vtable::sumtable(test$age)
```

```
Fehler in vtable::sumtable(test$age) :
It doesn't look like you have any variables that belong in a sumtable. Check your data.
Use vars to explicitly choose variables, or convert things to numeric or factor before
sending to sumtable.
```

Wir sollten daher alle Variablentypen eindeutig setzen. Die Funktion `mutate_if()` wendet eine Funktion an, wenn die gesetzten Bedingungen erfüllt sind. So möchten wir im ersten Schritt nur solche Spalten, die (zusätzlich zum Typ `labelled`) vom Typ `numeric` sind, den eindeutigen Typ `numeric` zuweisen. Im zweiten Schritt wiederholen wir dies für Faktoren.

```
test %>%
  # wende nur auf labelled-numeric an
  mutate_if(is.numeric, as.numeric) %>%
  # wende nur auf labelled-factor an
  mutate_if(is.factor, as.factor) %>%
  # wende nur auf die Spalet nightstarts nightstops an
```

```
  mutate(across(nightstarts:nightstops, as.character)) %>%
  glimpse()
```

```
Rows: 276
Columns: 49
$ sex               <fct> männlich, weiblich, weiblich, weiblich, weiblich, we…
$ age               <dbl> 56, 53, 55, 28, 53, 62, 55, 61, 34, 50, 54, 50, 50, …
$ land              <fct> Nordrhein-Westfalen, Nordrhein-Westfalen, Nordrhein-…
$ host              <fct> "privater Träger", "Wohlfahrtsverband (z.B. AWO, Car…
$ bed               <fct> weniger als 10, 75 - 100, 100 - 150, 100 - 150, 75 -…
$ patient           <fct> 10 - 20, 75 - 100, 100 - 150, 100 - 150, 75 - 100, 1…
$ liability         <dbl> 5, 30, 34, 23, 30, 41, 79, 79, 52, 32, 71, 71, 46, 5…
$ Stufe0            <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 25, 25, 0, 0, 0, 0, 0,…
$ Stufe1            <dbl> 3, 0, 10, 4, 0, 14, 15, 8, 6, 9, 15, 15, 9, 10, 31, …
$ Stufe2            <dbl> 9, 10, 19, 17, 11, 19, 29, 14, 32, 14, 19, 19, 23, 1…
$ Stufe3            <dbl> 12, 20, 5, 2, 19, 7, 23, 18, 14, 10, 12, 12, 14, 15,…
$ Demenz            <dbl> 7, 20, 16, 8, 28, 7, 60, 31, 32, 22, 21, 21, 20, 25,…
$ Bettgitter        <dbl> 2, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 11, 1, 3, …
$ Bettgurt          <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0…
$ Schlafmittel      <dbl> 7, 6, 5, 0, 5, 9, 7, 2, 15, 4, 4, 4, 4, 0, 26, 1, 23…
$ colleagueall      <dbl> 2, 3, 5, 3, 3, 3, 2, 2, 2, 3, 3, 3, 3, 2, 2, 6, 2, 1…
$ colleague         <dbl> 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 2, 2, 1, 1…
$ pause             <fct> selten, immer, häufig, immer, immer, manchmal, immer…
$ pausecolleague    <fct> nie, immer, nie, immer, immer, nie, immer, immer, ni…
$ hintergrunddienst <fct> NA, Ja, Ja, Ja, Ja, NA, NA, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, …
$ daynights         <fct> "hauptsächlich im Nachtdienst, mit vereinzelten Tagd…
$ whynight          <fct> NA, die Arbeitszeiten sagen mir zu, NA, familiäre Gr…
$ nights            <dbl> 6, 7, 8, 5, 7, 7, 7, 7, 5, 5, 7, 5, 9, 9, 8, 8, 3, 4…
$ timework          <fct> Vollzeit, Teilzeit, NA, Teilzeit, Teilzeit, NA, NA, …
$ nightstarts       <chr> "1970-01-01 20:33:00", "1970-01-01 20:30:00", "1970-…
$ nightstops        <chr> "1970-01-01 07:07:00", "1970-01-01 07:00:00", "1970-…
$ MagNacht          <fct> eher ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja, ja,…
$ WiederTag         <fct> neutral, nein, nein, neutral, nein, nein, nein, nein…
$ ueberfordert      <fct> selten, nie, nie, nie, selten, selten, nie, selten, …
$ Zwischenfall      <fct> selten, selten, häufig, selten, häufig, selten, selt…
$ Bew_herumirren    <fct> sehr oft, häufig, selten, häufig, häufig, selten, hä…
$ Bew_sterben       <fct> selten, häufig, häufig, selten, häufig, selten, selt…
$ muede             <fct> selten, nie, nie, häufig, selten, nie, nie, selten, …
$ schwer_wach       <fct> nie, nie, nie, selten, selten, nie, nie, nie, nie, n…
$ Demenz_aktiv      <dbl> 10, 7, 5, 5, 7, 7, 3, 5, NA, 5, 5, 5, 4, 4, 7, 7, 6,…
$ Demenz_stoeren    <dbl> 8, 7, 3, 3, 7, 0, 3, 2, NA, 5, 5, 5, 2, 1, 7, 7, 5, …
$ Demenz_sediert    <dbl> 3, 7, 1, 0, 2, 0, 0, 1, NA, 2, 2, 2, 0, 0, 5, 7, 5, …
$ Demenz_nv         <dbl> 10, 4, 4, 0, 1, 7, 0, 0, NA, 0, 0, 0, 0, 0, 7, 7, 6,…
$ Sorge_weglaufen   <fct> eher ja, ja, eher ja, nein, eher nicht, eher nicht, …
$ Sorge_Sturz       <fct> ja, nein, ja, ja, eher ja, eher nicht, neutral, ja, …
$ Sorge_FEM         <fct> ja, NA, NA, nein, neutral, eher ja, NA, neutral, nei…
$ Sorge_nv          <fct> ja, neutral, eher ja, eher nicht, nein, eher nicht, …
$ Sorge_sterben     <fct> eher ja, ja, ja, eher nicht, eher ja, ja, eher nicht…
$ workyear          <dbl> 35, 37, 37, 10, 30, 34, 13, 28, 4, 32, 10, 32, 27, 3…
$ worknight         <dbl> 12, 11, 32, 1, 14, 29, 7, 13, 2, 5, 10, 5, 17, 32, 7…
$ meeting           <fct> selten, immer, NA, nie, immer, manchmal, selten, sel…
```

```
$ fortbildung       <fct> Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, Ja, …
$ wannfort          <dbl> 2004, 2014, 2013, 2013, 2014, 2015, 2014, 2015, 2015…
$ edu               <fct> dreijährige Pflegeausbildung, zweijährige Pflegeausb…
```

## 27.3 fehlende Werte

Fehlende Werte (`NA`) können mit der Funktion `drop_na()` entfernt werden. Die Funktion „dropt“ dabei die komplette Datenreihe, wenn ein `NA` in einer angegebenen Spalte enthalten ist.

```
# lade Beispieldatensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData" ))

# Schaue Variable "Gewicht" an
glimpse(pf8$Gewicht)
```

```
num [1:731] 69 67 NA 90 68 60 80 60 NA 60 ...
```

Variable `Gewicht` enthält 731 Werte, und wir sehen, dass auch `NA` enthalten sind.

Jetzt „droppen“ wir alle Reihen, in denen bei der Variable `Gewicht` ein `NA` steht

```
pf8 %>%
  drop_na(Gewicht) %>%
      glimpse(.)
```

```
Rows: 720
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, M…
$ Alter          <int> 18, 67, 61, 24, 21, 59, 56, 52, 79, 22, 19, 18, 17, 21,…
$ Geschlecht     <fct> weiblich, weiblich, männlich, männlich, weiblich, weibl…
$ Größe          <int> 172, 165, 182, 173, 177, 168, 156, 166, 161, 206, 163, …
$ Gewicht        <dbl> 69, 67, 90, 68, 60, 80, 60, 60, 66, 130, 52, 68, 48, 54…
$ Bildung        <fct> Abitur, mittlere Reife, mittlere Reife, Abitur, Abitur,…
$ Beruf          <fct> Inspektor*in, Rentner*in, Beamter*in, Student*in, Stude…
$ Familienstand  <fct> Partnerschaft, geschieden, ledig, ledig, Partnerschaft,…
$ Kinder         <int> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 2, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0…
$ Wohnort        <fct> ländlich, ländlich, ländlich, städtisch, städtisch, län…
$ Rauchen        <fct> nein, nein, nein, nein, ja, nein, ja, nein, nein, nein,…
$ SportHäufig    <dbl> NA, 2.0, 4.0, 4.0, 1.0, 2.0, 1.0, 2.0, NA, 4.0, 5.0, 2.…
$ SportMinuten   <dbl> NA, 60, 120, 60, 60, 45, 90, 45, NA, 90, 20, 120, 120, …
$ SportWie       <fct> Allein, Gruppe, Allein, Allein, Gruppe, Gruppe, beides,…
$ SportWarum     <fct> Arbeitsweg, Vorbeugung, Fitness, Gewichtsreduktion, Fit…
$ LebenZufrieden <dbl> 5, 7, 2, 9, 8, 5, 8, 8, 8, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 7, 8, 7, 1…
```

Der Datensatz `pf8` wird mittels `Pipe` weitergeleitet. In der zweiten Zeile droppen wir alle Reihen mit `Gewicht` `NA` und geben das Resultat per `Pipe` weiter.

Mit `glimpse()` sehen wir das Resultat. Datensatz `pf8` hat jetzt nur noch 720 Reihen, und nicht mehr 731.

Sollen *alle* `NA`s in allen Spalten entfernt werden, lautet der Befehl

```
pf8 %>%
  drop_na(.) %>%
      glimpse(.)
```

```
## Rows: 398
## Columns: 16
## $ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, M…
## $ Alter          <int> 67, 61, 24, 21, 59, 56, 52, 22, 19, 18, 17, 21, 72, 19,…
## $ Geschlecht     <fct> weiblich, männlich, männlich, weiblich, weiblich, weibl…
## $ Größe          <int> 165, 182, 173, 177, 168, 156, 166, 206, 163, 172, 158, …
## $ Gewicht        <dbl> 67, 90, 68, 60, 80, 60, 60, 130, 52, 68, 48, 54, 86, 65…
## $ Bildung        <fct> mittlere Reife, mittlere Reife, Abitur, Abitur, mittler…
## $ Beruf          <fct> Rentner*in, Beamter*in, Student*in, Student*in, arbeitl…
## $ Familienstand  <fct> geschieden, ledig, ledig, Partnerschaft, verheiratet, g…
## $ Kinder         <int> 0, 0, 0, 0, 0, 2, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0…
## $ Wohnort        <fct> ländlich, ländlich, städtisch, städtisch, ländlich, stä…
## $ Rauchen        <fct> nein, nein, nein, ja, nein, ja, nein, nein, nein, nein,…
## $ SportHäufig    <dbl> 2.0, 4.0, 4.0, 1.0, 2.0, 1.0, 2.0, 4.0, 5.0, 2.5, 1.0, …
## $ SportMinuten   <dbl> 60, 120, 60, 60, 45, 90, 45, 90, 20, 120, 120, 80, 160,…
## $ SportWie       <fct> Gruppe, Allein, Allein, Gruppe, Gruppe, beides, Allein,…
## $ SportWarum     <fct> Vorbeugung, Fitness, Gewichtsreduktion, Fitness, Vorbeu…
## $ LebenZufrieden <dbl> 7, 2, 9, 8, 5, 8, 8, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 8, 10, 8, 7, 9, …
```

Mit dieser radikalen Methode schrumpft der Datensatz `pf8` auf 398 vollständige Datenreihen zusammen.

Sie können mit den Funktionen `fill()` und `replace_na()` fehlende Werte auffüllen oder ersetzen.

Hierbei ersetzt `replace_na()` alle `NA` durch einen vorgegebenen Wert, und `fill()` versucht, die `NA` durch *wahrscheinliche* Werte zu ersetzen. Dies ist hilfreich, wenn die Daten z.B. nach einem Kriterium sortiert sind.

```
test <- tibble(Beruf = factor(c("Bäcker", NA, "Bäcker", "Ärztin", NA, "Ärztin")))

# vorher
test
```

```
# A tibble: 6 × 1
  Beruf
  <fct>
1 Bäcker
2 <NA>
3 Bäcker
4 Ärztin
5 <NA>
6 Ärztin
```

```
# ersetze NA
test %>%
  tidyr::fill(Beruf)
```

```
# A tibble: 6 × 1
  Beruf
  <fct>
1 Bäcker
2 Bäcker
3 Bäcker
4 Ärztin
5 Ärztin
6 Ärztin
```

Aufsteigende Werte können **nicht** erzeugt werden.

```
test <- tibble(Jahr = c(2014, NA, NA, NA, 2018, 2019, NA , NA , 2022))

# vorher
test
```

```
# A tibble: 9 × 1
   Jahr
  <dbl>
1  2014
2    NA
3    NA
4    NA
5  2018
6  2019
# ℹ 3 more rows
```

```
test %>%
  tidyr::fill(Jahr)
```

```
# A tibble: 9 × 1
   Jahr
  <dbl>
1  2014
2  2014
3  2014
4  2014
5  2018
6  2019
# ℹ 3 more rows
```

### 27.4 Variablen umbenennen

Mit der Funktion `rename()` könne Sie die Variablennamen ändern.

```
Pflegetibble %>%
  dplyr::rename(Neu=Berufsgruppe) %>%
  head()
```

```
# A tibble: 6 × 3
  Neu                    Jahr Anzahl
  <fct>                 <dbl>  <dbl>
1 Krankenpflegeassistenz  1999  16624
2 Krankenpflegeassistenz  2001  19061
3 Krankenpflegeassistenz  2003  19478
4 Krankenpflegeassistenz  2005  21537
5 Krankenpflegeassistenz  2007  27731
6 Krankenpflegeassistenz  2009  36481
```

```
Pflegetibble %>%
  dplyr::rename(graduate=Berufsgruppe,
         year=Jahr,
         n=Anzahl) %>%
            head()
```

```
# A tibble: 6 × 3
  graduate               year     n
  <fct>                 <dbl> <dbl>
1 Krankenpflegeassistenz  1999 16624
2 Krankenpflegeassistenz  2001 19061
3 Krankenpflegeassistenz  2003 19478
4 Krankenpflegeassistenz  2005 21537
5 Krankenpflegeassistenz  2007 27731
6 Krankenpflegeassistenz  2009 36481
```

## 28 Schritt 3: Umgang mit Datensätzen

Das Paket `{dplyr}` bietet zahlreiche Funktionen, die den Umgang mit Datensätzen erleichtern.

### 28.1 Daten filtern und sortieren

Mit der Funktion filter() kann der Datensatz nach Kriterien gefiltert werden. Beachten Sie, dass die Funktion mit `stats::filter()` kollidiert. Rufen Sie sie daher sicherheitshalber mit `dplyr::filter()` auf.

```
```

```
pf8 %>%
    # Nur Daten von Personen jünger 40
    dplyr::filter(Alter<40) %>%
      glimpse()
```

```
Rows: 443
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, M…
$ Alter          <int> 18, 24, 21, 22, 19, 18, 17, 21, 28, 19, 21, 28, 26, 21,…
$ Geschlecht     <fct> weiblich, männlich, weiblich, männlich, weiblich, weibl…
$ Größe          <int> 172, 173, 177, 206, 163, 172, 158, 163, 181, 175, 186, …
$ Gewicht        <dbl> 69, 68, 60, 130, 52, 68, 48, 54, 70, 65, 70, 85, 60, 65…
$ Bildung        <fct> Abitur, Abitur, Abitur, Fachabitur, Abitur, mittlere Re…
$ Beruf          <fct> Inspektor*in, Student*in, Student*in, Kaufmann/frau, St…
$ Familienstand  <fct> Partnerschaft, ledig, Partnerschaft, ledig, ledig, ledi…
$ Kinder         <int> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0…
$ Wohnort        <fct> ländlich, städtisch, städtisch, ländlich, städtisch, st…
$ Rauchen        <fct> nein, nein, ja, nein, nein, nein, nein, nein, nein, nei…
$ SportHäufig    <dbl> NA, 4.0, 1.0, 4.0, 5.0, 2.5, 1.0, 4.0, NA, 0.5, 1.0, 5.…
$ SportMinuten   <dbl> NA, 60, 60, 90, 20, 120, 120, 80, NA, 120, 60, 50, 30, …
$ SportWie       <fct> Allein, Allein, Gruppe, Gruppe, Allein, Gruppe, Gruppe,…
$ SportWarum     <fct> Arbeitsweg, Gewichtsreduktion, Fitness, Fitness, Vorbeu…
$ LebenZufrieden <dbl> 5, 9, 8, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 9, 8, 8, 6, 7, 8…
```

Die Kriterien können auch kombiniert werden.

```
pf8 %>%
  dplyr::filter(Alter>20 , Geschlecht == "weiblich", Bildung=="Abitur") %>%
      glimpse()
```

```
Rows: 56
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Bahn, Bahn, Rheine, Rheine, …
$ Alter          <int> 21, 21, 21, 21, 21, 22, 23, 22, 30, 52, 45, 23, 49, 41,…
$ Geschlecht     <fct> weiblich, weiblich, weiblich, weiblich, weiblich, weibl…
$ Größe          <int> 177, 163, 175, 170, 170, 170, 168, 163, 173, 174, 168, …
$ Gewicht        <dbl> 60, 54, 61, 58, 80, 59, 70, 63, 71, 72, 70, 56, 70, 49,…
$ Bildung        <fct> Abitur, Abitur, Abitur, Abitur, Abitur, Abitur, Abitur,…
$ Beruf          <fct> Student*in, Student*in, Student*in, Student*in, Student…
$ Familienstand  <fct> Partnerschaft, Partnerschaft, Partnerschaft, NA, ledig,…
$ Kinder         <int> 0, 0, 0, NA, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 2, 0, 2, 0, 3, 2, 0, 1, …
$ Wohnort        <fct> städtisch, städtisch, städtisch, ländlich, ländlich, st…
$ Rauchen        <fct> ja, nein, nein, nein, nein, nein, nein, nein, nein, nei…
$ SportHäufig    <dbl> 1.0, 4.0, 3.0, 5.0, 1.0, 1.0, 2.0, 4.0, 3.0, 4.0, 1.0, …
$ SportMinuten   <dbl> 60, 80, 60, 75, 60, 90, 45, 60, 60, 20, 60, 90, 30, 120…
$ SportWie       <fct> Gruppe, beides, Gruppe, Allein, Allein, Allein, beides,…
$ SportWarum     <fct> Fitness, Vorbeugung, Fitness, Fitness, Fitness, Gewicht…
$ LebenZufrieden <dbl> 8, 8, 8, 9, 8, 8, 10, 8, 7, 6, 7, 8, 7, 7, 7, 7, 8, 8, …
```

Beachten Sie, dass wir doppelte Gleichheitszeichen (==) verwenden müssen, da mit einem Gleichheitszeichen (=) Variablen zugewiesen werden (so wie mit <-).

Möchte man nach mehreren bestimmten Werte filtern, kann der %in% Operator verwendet werden. Hierdurch übergeben Sie einen Vektor an möglichen Ausprägungen. Angenommen, Sie möchten nur solche Fälle auswählen, in denen das Alter 20 *oder* 25 *oder* 40 Jahre beträgt, lautet der Aufruf:

```
# nach mehreren Werten filtern
# Suche Fälle, die 20 oder 25 oder 40 Jahre alt sind
pf8 %>%
  dplyr::filter(Alter %in% c(20, 25, 40)) %>%
  head(10)
```

```
   Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht     Bildung
1   Münster    25   männlich   182    75.0  Ausbildung
2      Bahn    25   männlich   180    72.0  Hochschule
3    Rheine    25   weiblich   168    75.0  Hochschule
4    Rheine    40   weiblich   163    68.0 Hauptschule
5    Rheine    20   weiblich   158    70.0 Hauptschule
6    Rheine    20   weiblich   170    85.0  Hochschule
7    Rheine    20   weiblich   170    65.0      Abitur
8    Rheine    20   weiblich   160    48.5      Abitur
9    Rheine    25   männlich   186    70.0  Hochschule
10     Bahn    40   weiblich   181    64.0  Hochschule
                         Beruf Familienstand Kinder   Wohnort Rauchen
1                    Finanzwirt         ledig      0 städtisch    nein
2  Kaufmann/frau + Betriebswirt         ledig      0  ländlich    nein
3                    Student*in         ledig      0 städtisch      ja
4                 Angestellte*r         ledig      2 städtisch    nein
5                    Schüler*in         ledig      0  ländlich    nein
6                         Azubi         ledig      3  ländlich    nein
7                         Azubi         ledig      0  ländlich    nein
8                    Student*in         ledig      0  ländlich    nein
9                    Student*in         ledig      0 städtisch    nein
10                Angestellte*r   verheiratet      2 städtisch    nein
   SportHäufig SportMinuten SportWie        SportWarum LebenZufrieden
1          2.0           90   Allein           Fitness              8
2          4.0           30   Allein           Fitness              9
3          2.0           20   Allein           Fitness              9
4           NA           NA     <NA>              <NA>              6
5          3.0           60   Allein Gewichtsreduktion              7
6          2.0          120   Gruppe        Vorbeugung              8
7          5.0          120   beides           Fitness              7
8          3.0           60   Allein           Fitness              7
9          3.0           30   Allein        Vorbeugung              9
10         1.5           60   Gruppe        Vorbeugung              7
```

Über den Operator != können Fälle ausgeschlossen werden. Wir schließen für dieses Beispiel alle Fälle aus, die verheiratet sind:

```
# schließe alle verheirateten Fälle aus
pf8 %>%
  dplyr::filter(Familienstand != "verheiratet") %>%
  head(10)
```

```
   Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht        Bildung            Beruf
1   Münster    18   weiblich   172      69         Abitur     Inspektor*in
2   Münster    67   weiblich   165      67 mittlere Reife       Rentner*in
3   Münster    60   weiblich   175      NA     Hochschule Ergotherapeut*in
4   Münster    61   männlich   182      90 mittlere Reife       Beamter*in
5   Münster    24   männlich   173      68         Abitur       Student*in
6   Münster    21   weiblich   177      60         Abitur       Student*in
7   Münster    56   weiblich   156      60     Ausbildung  Pflegehelfer*in
8   Münster    22   männlich   206     130     Fachabitur    Kaufmann/frau
9   Münster    19   weiblich   163      52         Abitur       Student*in
10  Münster    18   weiblich   172      68 mittlere Reife       Schüler*in
   Familienstand Kinder   Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie
1  Partnerschaft      0  ländlich    nein          NA           NA   Allein
2     geschieden      0  ländlich    nein         2.0           60   Gruppe
3  Partnerschaft      0 städtisch    nein         2.0           45   beides
4          ledig      0  ländlich    nein         4.0          120   Allein
5          ledig      0 städtisch    nein         4.0           60   Allein
6  Partnerschaft      0 städtisch      ja         1.0           60   Gruppe
7     geschieden      2 städtisch      ja         1.0           90   beides
8          ledig      0  ländlich    nein         4.0           90   Gruppe
9          ledig      0 städtisch    nein         5.0           20   Allein
10         ledig      0 städtisch    nein         2.5          120   Gruppe
          SportWarum LebenZufrieden
1         Arbeitsweg              5
2         Vorbeugung              7
3         Vorbeugung              7
4            Fitness              2
5  Gewichtsreduktion              9
6            Fitness              8
7         Vorbeugung              8
8            Fitness              8
9         Vorbeugung              7
10 Gewichtsreduktion              8
```

Mit der Funktion `arrange()` können die Daten sortiert werden. Dabei wird standardmäßig *aufsteigend* sortiert.

```
# sortiere Datensatz "pf8"
pf8 %>%
  arrange(Alter, Größe, Gewicht) %>%
     head(.)
```

```
  Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht        Bildung      Beruf
1 Internet    15   weiblich   165    51.6           <NA>
```

```
2  Münster    17   weiblich   158    48.0 mittlere Reife Schüler*in
3 Internet    17   weiblich   160    75.0           <NA>
4 Internet    17   weiblich   163    57.0           <NA>
5 Internet    17   weiblich   168    59.0           <NA>
6 Internet    17   weiblich   175    80.0           <NA>
  Familienstand Kinder   Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie
1 Partnerschaft      5 städtisch    nein           6           60   Allein
2         ledig      0 städtisch    nein           1          120   Gruppe
3 Partnerschaft      0  ländlich    nein           2           60   Gruppe
4 Partnerschaft      0  ländlich    nein           2           70   Allein
5         ledig      0 städtisch    nein           3          120   Allein
6         ledig      0 städtisch    nein          NA           30   Allein
  SportWarum LebenZufrieden
1       <NA>              7
2  Beruflich              7
3       <NA>              8
4       <NA>              5
5       <NA>              7
6       <NA>              8
```

Die Daten werden zunächst aufsteigend nach `Alter` sortiert. Gibt es Fälle mit dem selben Alter, wird nach dem zweiten Kriterium (in diesem Falle `Größe`) sortiert. Gibt es Fälle mit der selben `Größe` und dem selben `Alter`, wird in- nerhalb dieser Gruppe nach `Gewicht` sortiert.

Für eine *absteigende* Sortierung muss die Funktion `desc()` verwendet werden.

```
# sortiere Datensatz "pf8"
# diesmal absteigend
pf8 %>%
  arrange(desc(Alter), desc(Größe), desc(Gewicht)) %>%
     head(.)
```

```
   Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht     Bildung        Beruf
1   Münster    86   weiblich   162      70 Hauptschule   Rentner*in
2    Rheine    86   weiblich   160      60      Abitur  Postbote*in
3    Rheine    84   weiblich   164      70 Hauptschule Verkäufer*in
4    Rheine    84   weiblich   160      60 Hauptschule   Rentner*in
5 Ladbergen    83   männlich   182      88 Hauptschule  Rentener*in
6   Münster    83       <NA>   165     175        <NA>   Rentner*in
  Familienstand Kinder   Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie
1     verwitwet      0  ländlich    nein           2           45   Gruppe
2     verwitwet      1 städtisch    nein           2           45   Gruppe
3     verwitwet      0 städtisch    nein          NA           NA     <NA>
4     verwitwet      0 städtisch    nein           2           60   Allein
5   verheiratet      0  ländlich      ja           5           60   Gruppe
6         ledig      0 städtisch    nein          NA           25   Allein
  SportWarum LebenZufrieden
1    Fitness              7
2   Freizeit              8
3       <NA>              5
```

```
4    Fitness             8
5 Vorbeugung             5
6 Vorbeugung             4
```

## 28.2 Fälle auswählen

Mit der Funktion `slice()` können gewünschte Datenreihen (Fälle) ausgegeben werden.

```
pf8 %>%
  # zeige Fälle (Reihen) 98 bis 105
  slice(98:105) %>%
    glimpse()
```

```
Rows: 8
Columns: 16
$ Standort       <fct> Rheine, Rheine, Rheine, Rheine, Rheine, Rheine, Rheine,…
$ Alter          <int> 23, 30, 26, 35, 22, 50, 35, 22
$ Geschlecht     <fct> männlich, weiblich, männlich, männlich, männlich, männl…
$ Größe          <int> 194, 173, 189, 184, 181, 204, 172, 175
$ Gewicht        <dbl> 110, 71, 89, 79, 92, 102, 86, 75
$ Bildung        <fct> Abitur, Abitur, Hauptschule, mittlere Reife, mittlere R…
$ Beruf          <fct> Außendienst, Innendienst, Angestellte*r,  Produktionsle…
$ Familienstand  <fct> Partnerschaft, verheiratet, Partnerschaft, verheiratet,…
$ Kinder         <int> 0, 0, 0, 3, 0, 1, 2, 0
$ Wohnort        <fct> ländlich, ländlich, städtisch, ländlich, ländlich, länd…
$ Rauchen        <fct> ja, nein, ja, ja, nein, nein, ja, nein
$ SportHäufig    <dbl> 1, 3, 1, 3, 2, 4, 1, 0
$ SportMinuten   <dbl> 30, 60, 60, 90, 30, 30, 60, 0
$ SportWie       <fct> Allein, Allein, Gruppe, Gruppe, Gruppe, beides, Gruppe,…
$ SportWarum     <fct> Fitness, Fitness, Freizeit, Fitness, Fitness, Vorbeugun…
$ LebenZufrieden <dbl> 9, 7, 6, 6, 7, 8, 7, 7
```

Mit `slice_min()` und `slice_max()` können die kleinsten und größten Werte eingesehen werden.

```
pf8 %>%
  # zeige die leichtesten Gewichte
  slice_min(Gewicht)%>%
      glimpse()
```

```
Rows: 5
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Internet, Internet
$ Alter          <int> 26, 24, 24, 24, 19
$ Geschlecht     <fct> männlich, weiblich, weiblich, weiblich, weiblich
$ Größe          <int> 180, 164, 160, 159, 155
$ Gewicht        <dbl> 45, 45, 45, 45, 45
```

```
$ Bildung        <fct> Hauptschule, Abitur, Abitur, NA, NA
$ Beruf          <fct> Kaufmann/frau, Student*in, Student*in, ,
$ Familienstand  <fct> ledig, Partnerschaft, Partnerschaft, Partnerschaft, led…
$ Kinder         <int> 0, 0, 0, 0, 0
$ Wohnort        <fct> ländlich, städtisch, städtisch, ländlich, städtisch
$ Rauchen        <fct> ja, nein, nein, nein, nein
$ SportHäufig    <dbl> NA, 2.0, 3.0, 4.0, 2.5
$ SportMinuten   <dbl> NA, 60, 60, 60, 90
$ SportWie       <fct> NA, Gruppe, Allein, Allein, Allein
$ SportWarum     <fct> NA, Vorbeugung, Vorbeugung, NA, NA
$ LebenZufrieden <dbl> 10, 8, 9, 10, 9
```

Die Tabelle wird nach `Gewicht` sortiert ausgegeben. Im Datensatz `pf8` haben insgesamt 5 Fälle das kleinste `Gewicht`.

Der Parameter `n` gibt an, wieviele „Stufen“ gezählt werden sollen, also z.B. der *kleinste* (n=1) oder auch der *zweit-kleinste* Wert (n=2) usw..

Intern zählt `n` allerdings mit, wieviele Fälle (Reihen) bereits ausgegeben wurde. Das ist am Anfang etwas unintuitiv.

```
pf8 %>%
  # zeigen die leichtesten Gewichte
  slice_min(Gewicht, n=3)%>%
      glimpse()
```

```
Rows: 5
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Internet, Internet
$ Alter          <int> 26, 24, 24, 24, 19
$ Geschlecht     <fct> männlich, weiblich, weiblich, weiblich, weiblich
$ Größe          <int> 180, 164, 160, 159, 155
$ Gewicht        <dbl> 45, 45, 45, 45, 45
$ Bildung        <fct> Hauptschule, Abitur, Abitur, NA, NA
$ Beruf          <fct> Kaufmann/frau, Student*in, Student*in, ,
$ Familienstand  <fct> ledig, Partnerschaft, Partnerschaft, Partnerschaft, led…
$ Kinder         <int> 0, 0, 0, 0, 0
$ Wohnort        <fct> ländlich, städtisch, städtisch, ländlich, städtisch
$ Rauchen        <fct> ja, nein, nein, nein, nein
$ SportHäufig    <dbl> NA, 2.0, 3.0, 4.0, 2.5
$ SportMinuten   <dbl> NA, 60, 60, 60, 90
$ SportWie       <fct> NA, Gruppe, Allein, Allein, Allein
$ SportWarum     <fct> NA, Vorbeugung, Vorbeugung, NA, NA
$ LebenZufrieden <dbl> 10, 8, 9, 10, 9
```

Das Ergebnis ist evtl. anders, als Sie es erwarten. Es werden weiterhin 5 Fälle angezeigt, obwohl `n` auf 3 gesetzt wurde. Das liegt daran, dass 5 Fälle das kleinste `Gewicht` haben, und diese werden vollständig angezeigt. Intern ist `n` dabei auf 5 angewachsen, weshalb keine *zweit-kleinsten* Gewichte mehr ausgegeben werden.

Lassen wir uns die Älteste Probanden auswählen.

```
pf8 %>%
  # zeige die ältesten
  slice_max(Alter, n=2) %>%
      glimpse()
```

```
Rows: 2
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Rheine
$ Alter          <int> 86, 86
$ Geschlecht     <fct> weiblich, weiblich
$ Größe          <int> 162, 160
$ Gewicht        <dbl> 70, 60
$ Bildung        <fct> Hauptschule, Abitur
$ Beruf          <fct> Rentner*in, Postbote*in
$ Familienstand  <fct> verwitwet, verwitwet
$ Kinder         <int> 0, 1
$ Wohnort        <fct> ländlich, städtisch
$ Rauchen        <fct> nein, nein
$ SportHäufig    <dbl> 2, 2
$ SportMinuten   <dbl> 45, 45
$ SportWie       <fct> Gruppe, Gruppe
$ SportWarum     <fct> Fitness, Freizeit
$ LebenZufrieden <dbl> 7, 8
```

Die Tabelle besteht zwar aus 2 Fällen, aber beide Fälle haben das selbe `Alter`. Die *zweit-ältesten* werden nicht mit angezeigt, da `n` intern bereits auf 2 angewachsen ist.

Wir eröhen `n` auf 3:

```
pf8 %>%
  # zeige die ältesten
  slice_max(Alter, n=3)%>%
      glimpse()
```

```
Rows: 4
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Rheine, Rheine, Rheine
$ Alter          <int> 86, 86, 84, 84
$ Geschlecht     <fct> weiblich, weiblich, weiblich, weiblich
$ Größe          <int> 162, 160, 160, 164
$ Gewicht        <dbl> 70, 60, 60, 70
$ Bildung        <fct> Hauptschule, Abitur, Hauptschule, Hauptschule
$ Beruf          <fct> Rentner*in, Postbote*in, Rentner*in, Verkäufer*in
$ Familienstand  <fct> verwitwet, verwitwet, verwitwet, verwitwet
$ Kinder         <int> 0, 1, 0, 0
$ Wohnort        <fct> ländlich, städtisch, städtisch, städtisch
$ Rauchen        <fct> nein, nein, nein, nein
$ SportHäufig    <dbl> 2, 2, 2, NA
$ SportMinuten   <dbl> 45, 45, 60, NA
```

```
$ SportWie       <fct> Gruppe, Gruppe, Allein, NA
$ SportWarum     <fct> Fitness, Freizeit, Fitness, NA
$ LebenZufrieden <dbl> 7, 8, 8, 5
```

Jetzt haben wir insgesamt 4 Fälle. Es werden zuerst die *ältesten* angezeigt. Da es 2 Fälle sind, steigt `n` intern auf 2 an. Da wir `n` mit 3 aufgerufen haben, ist noch „Platz“ für die *zweit-ältesten*. Da dies ebenfalls 2 Fälle sind, werden beide ausgegeben. Insgesamt sehen wir also 4 Fälle, obwohl wir `n` mit 3 aufgerufen haben.

Ähnlich wie `head()` und `tail()` zeigen `slice_head()` und `slice_tail()` die ersten bzw. letzten Fälle an.

```
# zeige die ersten 5 Fälle
pf8 %>% slice_head(n=5)
```

```
  Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht        Bildung            Beruf
1  Münster    18   weiblich   172      69         Abitur     Inspektor*in
2  Münster    67   weiblich   165      67 mittlere Reife       Rentner*in
3  Münster    60   weiblich   175      NA     Hochschule Ergotherapeut*in
4  Münster    61   männlich   182      90 mittlere Reife       Beamter*in
5  Münster    24   männlich   173      68         Abitur       Student*in
  Familienstand Kinder   Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie
1 Partnerschaft      0  ländlich    nein          NA           NA   Allein
2    geschieden      0  ländlich    nein           2           60   Gruppe
3 Partnerschaft      0 städtisch    nein           2           45   beides
4         ledig      0  ländlich    nein           4          120   Allein
5         ledig      0 städtisch    nein           4           60   Allein
         SportWarum LebenZufrieden
1        Arbeitsweg              5
2        Vorbeugung              7
3        Vorbeugung              7
4           Fitness              2
5 Gewichtsreduktion              9
```

```
# zeige die letzten 2 Fälle
pf8 %>% slice_tail(n=2)
```

```
  Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung Beruf Familienstand Kinder
1 Internet    20   weiblich   168      58    <NA>               ledig      0
2 Internet    40   männlich   183      78    <NA>         verheiratet      2
    Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie SportWarum LebenZufrieden
1 städtisch    nein         1.0           60   Allein       <NA>              8
2 städtisch      ja         2.5          120   Gruppe       <NA>             10
```

Mit `slice_sample()` können zufällig Fälle aus dem Datensatz gezogen werden.

```
# ziehe zufällig 7 Fälle
pf8 %>% slice_sample(n=7)
```

```
   Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht        Bildung            Beruf
1    Rheine    74   männlich   175      84 mittlere Reife          Koch*in
2   Münster    74   weiblich   176      80    Hauptschule        Rentner*in
3 Ladbergen    24   weiblich   168      63         Abitur            Azubi
4    Rheine    19   männlich   186      88    Hauptschule           Pflege
5   Münster    63   weiblich   168      63     Hochschule         Lehrer*in
6  Internet    31   männlich   177      68           <NA>
7 Ladbergen    59   weiblich   167      63 mittlere Reife Sozialarbeiter*in
  Familienstand Kinder   Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie
1         ledig      0 städtisch    nein          NA           NA     <NA>
2   verheiratet      0  ländlich    nein           1           60   Gruppe
3 Partnerschaft      0 städtisch      ja           5           15   Allein
4 Partnerschaft      0  ländlich      ja           3           90   Gruppe
5     verwitwet      1 städtisch    nein           2           30   Allein
6 Partnerschaft      0 städtisch    nein           5           60   Allein
7         ledig      0 städtisch      ja           3           60   beides
  SportWarum LebenZufrieden
1       <NA>              8
2    Fitness             NA
3    Fitness              6
4 Vorbeugung             10
5    Fitness              9
6       <NA>             10
7 Vorbeugung              8
```

Mit der Funktion `group_by()` können Gruppierungen vorgenommen werden.

In Kombination mit `group_by()` zeigen die `slice()`-Funktionen die jeweilige Auswahl an Fällen pro Gruppe.

```
pf8 %>%
  drop_na() %>%
  # Gruppiere nach Geschlecht
  group_by(Geschlecht) %>%
  #  zeige
  slice(1)
```

```
# A tibble: 3 × 16
# Groups:   Geschlecht [3]
  Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung     Beruf Familienstand Kinder
  <fct>    <int> <fct>      <int>   <dbl> <fct>       <fct> <fct>          <int>
1 Münster     61 männlich     182      90 mittlere R… Beam… ledig              0
2 Münster     67 weiblich     165      67 mittlere R… Rent… geschieden         0
3 Rheine      32 divers       186      92 Hochschule  Sozi… verheiratet        0
# ℹ 7 more variables: Wohnort <fct>, Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>,
#   SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>, SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

```
pf8 %>%
  drop_na() %>%
  # Gruppiere nach Geschlecht
```

```
  group_by(Geschlecht) %>%
  # sortiere nach Alter
  arrange(desc(Alter)) %>%
  #  zeige die ersten 3 Fälle pro Gruppe
  slice(1:3)
```

```
# A tibble: 7 × 16
# Groups:   Geschlecht [3]
  Standort  Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung    Beruf Familienstand Kinder
  <fct>     <int> <fct>      <int>   <dbl> <fct>      <fct> <fct>          <int>
1 Ladbergen    83 männlich     182    88   Hauptschu… Rent… verheiratet        0
2 Münster      78 männlich     178    71.5 Hochschule Lehr… verheiratet        0
3 Bahn         76 männlich     180    90   Hochschule Arzt… verheiratet        0
4 Münster      86 weiblich     162    70   Hauptschu… Rent… verwitwet          0
5 Rheine       86 weiblich     160    60   Abitur     Post… verwitwet          1
6 Rheine       84 weiblich     160    60   Hauptschu… Rent… verwitwet          0
# ℹ 1 more row
# ℹ 7 more variables: Wohnort <fct>, Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>,
#   SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>, SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

Innerhalb der Gruppierungen kann auch gefiltert werden.

```
pf8 %>%
  # gruppiere nach Standort
  group_by(Geschlecht) %>%
  # filtere "divers"
  dplyr::filter(Geschlecht != "divers") %>%
  # filtere "Internet"
  dplyr::filter(Standort != "Internet") %>%
  # sortiere nach "Gewicht"
  arrange(desc(Gewicht)) %>%
  #  zeige die ersten 2 Fälle pro Gruppe
  slice(1,2)
```

```
# A tibble: 4 × 16
# Groups:   Geschlecht [2]
  Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung     Beruf Familienstand Kinder
  <fct>    <int> <fct>      <int>   <dbl> <fct>       <fct> <fct>          <int>
1 Münster     22 männlich     206     130 Fachabitur  Kauf… ledig              0
2 Bahn        31 männlich     184     130 Fachabitur  Scha… Partnerschaft      0
3 Münster     40 weiblich     171     122 Hochschule  Pres… Partnerschaft      0
4 Rheine      45 weiblich     168     120 mittlere R… kauf… geschieden         1
# ℹ 7 more variables: Wohnort <fct>, Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>,
#   SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>, SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

```
pf8 %>%
  group_by(Standort) %>%
```

```
  dplyr::filter(Familienstand == "ledig" & Geschlecht == "männlich") %>%
  arrange(desc(Alter)) %>%
  head()
```

```
# A tibble: 6 × 16
# Groups:   Standort [2]
  Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung     Beruf Familienstand Kinder
  <fct>    <int> <fct>      <int>   <dbl> <fct>       <fct> <fct>          <int>
1 Rheine      81 männlich     179      79 Hauptschule "Han… ledig              0
2 Rheine      74 männlich     175      84 mittlere R… "Koc… ledig              0
3 Münster     72 männlich     175      86 mittlere R… "Sic… ledig              0
4 Münster     69 männlich     179      89 mittlere R… "Ren… ledig              0
5 Münster     61 männlich     182      90 mittlere R… "Bea… ledig              0
6 Rheine      59 männlich     175      70 Abitur      ""    ledig              1
# ℹ 7 more variables: Wohnort <fct>, Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>,
#   SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>, SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

## 28.3 Variablen hinzufügen

Variablen können mit der Funktion `bind_cols()` hinzugefügt werden. Dabei muss die Länge der enthaltenen Werte mit der Länge des tibble übereinstimmen, ansonsten wiederholt `R` die Wertereihe so lange, bis sie mit der Länge des `tibble` übereinstimmt.

```
pf8 %>%
  # Fügt eine Variable "test" hinzu, in der alle Werte TRUE sind.
  bind_cols(test = TRUE) %>%
    glimpse()
```

```
Rows: 731
Columns: 17
$ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, M…
$ Alter          <int> 18, 67, 60, 61, 24, 21, 59, 56, 82, 52, 79, 22, 19, 18,…
$ Geschlecht     <fct> weiblich, weiblich, weiblich, männlich, männlich, weibl…
$ Größe          <int> 172, 165, 175, 182, 173, 177, 168, 156, 184, 166, 161, …
$ Gewicht        <dbl> 69, 67, NA, 90, 68, 60, 80, 60, NA, 60, 66, 130, 52, 68…
$ Bildung        <fct> Abitur, mittlere Reife, Hochschule, mittlere Reife, Abi…
$ Beruf          <fct> Inspektor*in, Rentner*in, Ergotherapeut*in, Beamter*in,…
$ Familienstand  <fct> Partnerschaft, geschieden, Partnerschaft, ledig, ledig,…
$ Kinder         <int> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 2, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0…
$ Wohnort        <fct> ländlich, ländlich, städtisch, ländlich, städtisch, stä…
$ Rauchen        <fct> nein, nein, nein, nein, nein, ja, nein, ja, nein, nein,…
$ SportHäufig    <dbl> NA, 2.0, 2.0, 4.0, 4.0, 1.0, 2.0, 1.0, 1.0, 2.0, NA, 4.…
$ SportMinuten   <dbl> NA, 60, 45, 120, 60, 60, 45, 90, NA, 45, NA, 90, 20, 12…
$ SportWie       <fct> Allein, Gruppe, beides, Allein, Allein, Gruppe, Gruppe,…
$ SportWarum     <fct> Arbeitsweg, Vorbeugung, Vorbeugung, Fitness, Gewichtsre…
$ LebenZufrieden <dbl> 5, 7, 7, 2, 9, 8, 5, 8, 10, 8, 8, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 7, …
$ test           <lgl> TRUE, TRUE, TRUE, TRUE, TRUE, TRUE, TRUE, TRUE, TRUE, T…
```

Unsere neue Variable `test` sehen wir ganz unten. Alle Werte stehen auf `TRUE`.

## 28.4 Fälle hinzufügen

Neue Fälle können mit der Funktion `bind_rows()` hinzugefügt werden. Dies klappt nur, wenn die neuen Fälle als `tibble` vorliegen, das über die selben Variablen verfügt wie der Originaldatensatz. Die Reihenfolge der Spalten ist egal, da über die Spalten*namen* gematcht wird.

Wichtig ist jedoch, dass innerhalb der Variablen auch der selbe Daten`typ` (numerisch, faktor, logisch) vorliegt, da ansonten die Datentypen auf den kleinsten gemeinsamen Nenner (`character`) zurückfallen. Wir machen es hier einmal falsch:

```
# erzeuge neuen Fall
# ohne Angabe des Datentyps
neu <- tibble("Internet", 44, "weiblich", 166, 70, NA, "Pilot", "verheiratet", 0,
"ländlich","ja")
# kopiere die Spaltennamen
colnames(neu) <- colnames(pf8)

# füge zum Datensazu hinzu
# Achtung, zerschießt die Datentypen des tibble!
pf8 %>%
   bind_rows( neu ) %>%
    tail()
```

```
    Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung Beruf Familienstand Kinder
727 Internet    19   weiblich   158      58    <NA>               ledig      0
728 Internet    37   weiblich   160      59    <NA>         verheiratet      1
729 Internet    56   männlich   185      79    <NA>       Partnerschaft      0
730 Internet    20   weiblich   168      58    <NA>               ledig      0
731 Internet    40   männlich   183      78    <NA>         verheiratet      2
732 Internet    44   weiblich   166      70    <NA> Pilot   verheiratet      0
      Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie SportWarum
727 städtisch    nein         7.0           10   Allein       <NA>
728  ländlich    nein         3.0           60   Allein       <NA>
729  ländlich    nein         2.0           90   Gruppe       <NA>
730 städtisch    nein         1.0           60   Allein       <NA>
731 städtisch      ja         2.5          120   Gruppe       <NA>
732  ländlich      ja          NA           NA     <NA>       <NA>
    LebenZufrieden
727              7
728              9
729              9
730              8
731             10
732             NA
```

Unsere Zeile ist ganz unten zu sehen. Die fehlenden Werte wurden mit `NA` aufgefüllt. Alles scheint gut gelaufen zu sein. Wie ein Blick mit `glimpse()` jedoch zeigt, haben wir die Datentypen unseres `tibbles` zerschossen, da unsere hinzugefügte Zeile nicht die korrekten Daten*typen* beinhaltete.

```
pf8 %>%
   bind_rows( neu ) %>%
    glimpse()
```

```
Rows: 732
Columns: 16
$ Standort       <chr> "Münster", "Münster", "Münster", "Münster", "Münster", …
$ Alter          <dbl> 18, 67, 60, 61, 24, 21, 59, 56, 82, 52, 79, 22, 19, 18,…
$ Geschlecht     <chr> "weiblich", "weiblich", "weiblich", "männlich", "männli…
$ Größe          <dbl> 172, 165, 175, 182, 173, 177, 168, 156, 184, 166, 161, …
$ Gewicht        <dbl> 69, 67, NA, 90, 68, 60, 80, 60, NA, 60, 66, 130, 52, 68…
$ Bildung        <fct> Abitur, mittlere Reife, Hochschule, mittlere Reife, Abi…
$ Beruf          <chr> "Inspektor*in", "Rentner*in", "Ergotherapeut*in", "Beam…
$ Familienstand  <chr> "Partnerschaft", "geschieden", "Partnerschaft", "ledig"…
$ Kinder         <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 2, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0…
$ Wohnort        <chr> "ländlich", "ländlich", "städtisch", "ländlich", "städt…
$ Rauchen        <chr> "nein", "nein", "nein", "nein", "nein", "ja", "nein", "…
$ SportHäufig    <dbl> NA, 2.0, 2.0, 4.0, 4.0, 1.0, 2.0, 1.0, 1.0, 2.0, NA, 4.…
$ SportMinuten   <dbl> NA, 60, 45, 120, 60, 60, 45, 90, NA, 45, NA, 90, 20, 12…
$ SportWie       <fct> Allein, Gruppe, beides, Allein, Allein, Gruppe, Gruppe,…
$ SportWarum     <fct> Arbeitsweg, Vorbeugung, Vorbeugung, Fitness, Gewichtsre…
$ LebenZufrieden <dbl> 5, 7, 7, 2, 9, 8, 5, 8, 10, 8, 8, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 7, …
```

Wie Sie sehen, sind unsere ehemaligen Faktoren `Standort` und `Geschlecht` auf `<chr>` zurückgefallen.


**Ein falscher `bind_rows()`-Befehl kann Ihnen also das gesamte tibble „zerschießen“!**

Fügen wir nun eine **korrekte** neue Zeile hinzu

```
# erzeuge korrekte neue Zeile
neu <- tibble(factor("Internet"), 44,
              factor("weiblich"), 166, 70, NA,
              factor("Pilot"), factor("verheiratet"), 0,
              factor("ländlich"), factor("ja"))
# Spaltennamen übernehmen
colnames(neu) <- colnames(pf8)

pf8 %>%
   bind_rows( neu ) %>%
    glimpse()
```

```
Rows: 732
Columns: 16
$ Standort       <fct> Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, Münster, M…
$ Alter          <dbl> 18, 67, 60, 61, 24, 21, 59, 56, 82, 52, 79, 22, 19, 18,…
```

```
$ Geschlecht     <fct> weiblich, weiblich, weiblich, männlich, männlich, weibl…
$ Größe          <dbl> 172, 165, 175, 182, 173, 177, 168, 156, 184, 166, 161, …
$ Gewicht        <dbl> 69, 67, NA, 90, 68, 60, 80, 60, NA, 60, 66, 130, 52, 68…
$ Bildung        <fct> Abitur, mittlere Reife, Hochschule, mittlere Reife, Abi…
$ Beruf          <fct> Inspektor*in, Rentner*in, Ergotherapeut*in, Beamter*in,…
$ Familienstand  <fct> Partnerschaft, geschieden, Partnerschaft, ledig, ledig,…
$ Kinder         <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 2, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0…
$ Wohnort        <fct> ländlich, ländlich, städtisch, ländlich, städtisch, stä…
$ Rauchen        <fct> nein, nein, nein, nein, nein, ja, nein, ja, nein, nein,…
$ SportHäufig    <dbl> NA, 2.0, 2.0, 4.0, 4.0, 1.0, 2.0, 1.0, 1.0, 2.0, NA, 4.…
$ SportMinuten   <dbl> NA, 60, 45, 120, 60, 60, 45, 90, NA, 45, NA, 90, 20, 12…
$ SportWie       <fct> Allein, Gruppe, beides, Allein, Allein, Gruppe, Gruppe,…
$ SportWarum     <fct> Arbeitsweg, Vorbeugung, Vorbeugung, Fitness, Gewichtsre…
$ LebenZufrieden <dbl> 5, 7, 7, 2, 9, 8, 5, 8, 10, 8, 8, 8, 7, 8, 7, 8, 7, 7, …
```

Die Datentypen sind erhalten geblieben.

## 28.5 Datensätze verbinden

Um Datenframes oder Tibbles miteinander zu verbinden, stehen neben `bind_rows()` und `bind_cols()` die `join`-Funktionen zur Verfügung. Sie kommen dann zur Anwendung, wenn die Zusammenführung anhand von „Übereinstimmungen“ erfolgen soll.

Stellen wir uns die beiden Datenframes `X` und `Y` vor.

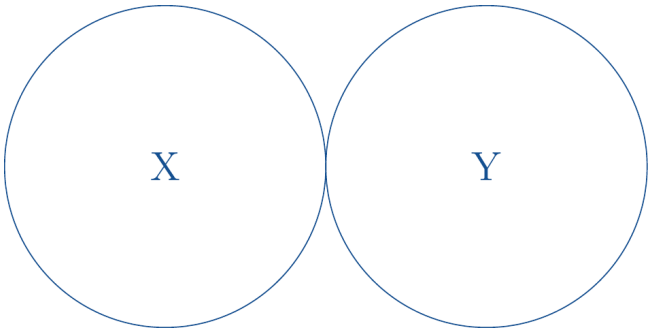



Abbildung 95: zwei Datenframes X und Y

Lassen Sie uns nun zwei konkrete Testdatensätze für `X` und `Y` erzeugen.

Das Tibble `patient` soll Daten über 10 Testpatienten enthalten.

```
patient <- tribble(
  ~Patient, ~Alter, ~Geschlecht, ~Diagnose,
    "AB25",     51,         "w",   "00119",
    "JA26",     61,         "w",   "00030",
    "BG81",     44,         "m",   "00011",
    "ZT42",     50,         "m",   "00199",
    "AL63",     80,         "w",   "00223",
    "XV96",     88,         "w",   "00016",
    "QR49",     66,         "w",   "00027",
    "FE31",     77,         "w",   "00027",
```

```
    "PP23",     64,         "m",   "00098",
    "WU53",     86,         "w",   "00016"
  )
```

In `nanda` sollen 10 NANDA-Pflegediagnosen enthalten sein.

```
nanda <- tribble(
    ~Code,                                ~Diagnosetitel, ~Evidenzlevel,
  "00110", "Selbstversorgungsdefizit Toilettenbenutzung",           2.1,
  "00108",       "Selbstversorgungsdefizit Körperpflege",           2.1,
  "00027",             "Defizitäres Flüssigkeitsvolumen",           2.1,
  "00011",                                 "Obstipation",           3.1,
  "00030",               "Beeinträchtigter Gasaustausch",           3.3,
  "00223",                       "Ineffektive Beziehung",           2.1,
  "00016",           "Beeinträchtigte Harnausscheidung",           3.1,
  "00119",         "Chronisch geringes Selbstwertgefühl",           3.2,
  "00199",              "Ineffektive Aktivitätenplanung",           2.1,
  "00095",                                "Schlafstörung",           3.3
  )
```

Schauen wir uns die beiden Tibbles noch einmal an:

```
head(patient)
```

```
# A tibble: 6 × 4
  Patient Alter Geschlecht Diagnose
  <chr>   <dbl> <chr>      <chr>
1 AB25       51 w          00119
2 JA26       61 w          00030
3 BG81       44 m          00011
4 ZT42       50 m          00199
5 AL63       80 w          00223
6 XV96       88 w          00016
```

```
head(nanda)
```

```
# A tibble: 6 × 3
  Code  Diagnosetitel                                 Evidenzlevel
  <chr> <chr>                                                <dbl>
1 00110 Selbstversorgungsdefizit Toilettenbenutzung            2.1
2 00108 Selbstversorgungsdefizit Körperpflege                  2.1
3 00027 Defizitäres Flüssigkeitsvolumen                        2.1
4 00011 Obstipation                                            3.1
5 00030 Beeinträchtigter Gasaustausch                          3.3
6 00223 Ineffektive Beziehung                                  2.1
```

Es ist erkennbar, dass `patient$Diagnose` und `nanda$Code` Daten über das selbe Item beinhalten (in vielen Projekten wird eine eindeutige `ID` vergeben, über die später referenziert werden kann). Diese Spalten können wir also nutzen, um beim Verschmelzen die jeweiligen Datenreihen der beiden Tibbles einander zuordnen zu können. Dies haben wir schon bei der `merge()`-Funktion so gemacht, siehe Abschnitt 9.4.3. Im Tidyverse muss diese Information mittels `join_by( X$Spalte == Y$Spalte)` an die `join`-Funktionen übergeben werden. In userem Beispiel würde die Übereinstimmung wie folgt festgelegt: `join_by(Diagnose==Code)`.

Die *eigentliche* Zusammenführung kann dann auf verschiedene Arten erfolgen:

- `inner_join()`
- `left_join()`
- `right_join()`
- `full_join()`

### 28.5.1 `inner_join()`

Die Funktion `inner_join()` verschmilzt nur solche Datenreihen aus `X` und `Y`, die in den Übereinstimmungsspalten gleiche Werte haben.

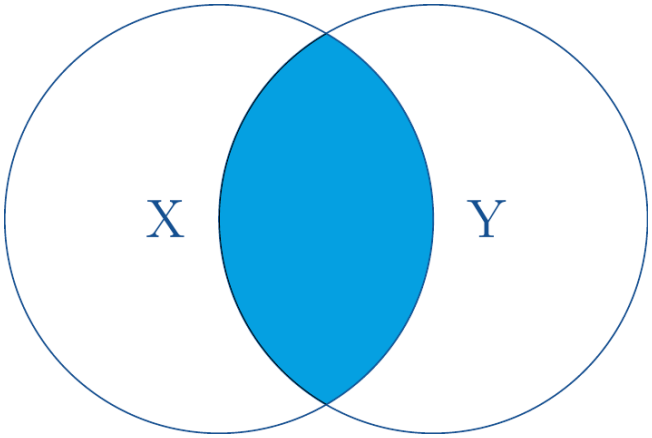



Abbildung 96: inner-join() übernimmt nur übereinstimmende Zeilen

Welcher Datensatz für `X` oder `Y` steht entscheidet die Reihenfolge innerhalb des Funktionsaufrufs. Im folgenden Beispiel setzen wir `patient` als `X` und `nanda` als `Y`.

```
# behalte nur solche, die matchen
inner_join(patient, nanda, join_by(Diagnose == Code))
```

```
# A tibble: 9 × 6
  Patient Alter Geschlecht Diagnose Diagnosetitel                  Evidenzlevel
  <chr>   <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                                <dbl>
1 AB25       51 w          00119    Chronisch geringes Selbstwertg…        3.2
2 JA26       61 w          00030    Beeinträchtigter Gasaustausch          3.3
3 BG81       44 m          00011    Obstipation                            3.1
4 ZT42       50 m          00199    Ineffektive Aktivitätenplanung         2.1
5 AL63       80 w          00223    Ineffektive Beziehung                  2.1
6 XV96       88 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheidu…        3.1
7 QR49       66 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolumen        2.1
```

```
8 FE31       77 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolumen          2.1
9 WU53       86 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheidu…          3.1
```

Das so erzeugte Tibble enthält nur 9 Patientendaten, da der Diagnosecode von Patient `PP23` (`00098`) nicht in der `nanda`-Liste enthalten ist. Weil aber nur vollständige Matches beibehalten werden, fehlt Patient `PP23` in der Ausgabe.

Das Merkmal von `inner_join()` ist also, dass nur vollständige Datenreihen erhalten bleiben.

### 28.5.2 `left_join()`

Die Funktion `left_join()` behält alle Datenreihen von `X`, und fügt nur solche `Y` hinzu, die über die Übereinstimmungsspalte matchen.

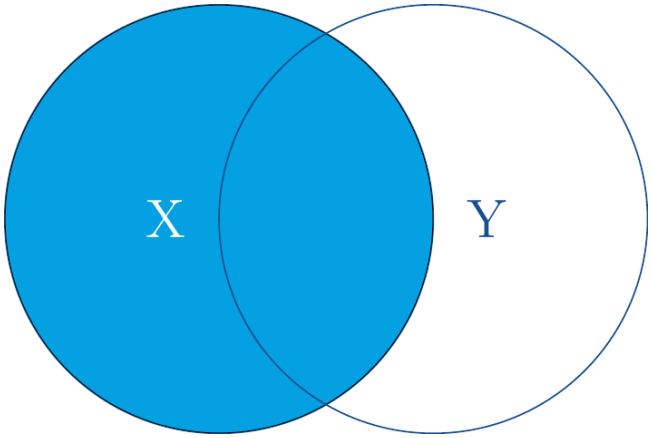



Abbildung 97: left_join() behält alle X und ergänz passende Y

Auch in diesem Beispiel setzen wir `patient` als `X` und `nanda` als `Y`.

```
# behalte alle patienten (x), und packe nur
# matchende y (NANDA) hinzu
left_join(patient, nanda, join_by(Diagnose == Code))
```

```
# A tibble: 10 × 6
   Patient Alter Geschlecht Diagnose Diagnosetitel                 Evidenzlevel
   <chr>   <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                               <dbl>
 1 AB25       51 w          00119    Chronisch geringes Selbstwert…        3.2
 2 JA26       61 w          00030    Beeinträchtigter Gasaustausch         3.3
 3 BG81       44 m          00011    Obstipation                           3.1
 4 ZT42       50 m          00199    Ineffektive Aktivitätenplanung        2.1
 5 AL63       80 w          00223    Ineffektive Beziehung                 2.1
 6 XV96       88 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…        3.1
 7 QR49       66 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…        2.1
 8 FE31       77 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…        2.1
 9 PP23       64 m          00098    <NA>                                 NA
10 WU53       86 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…        3.1
```

Alle Patienten (X) sind erhalten geblieben. Da der Diagnosecode von Patient PP23 (00098) nicht in der nanda-Liste (Y) enthalten ist, wurden NAs ergänzt.

### 28.5.3 right_join()

Die Funktion right_join() ist das spiegelverkehrte Pendant. Sie behält alle Datenreihen von Y, und fügt nur solche X hinzu, die über die Übereinstimmungsspalte matchen.

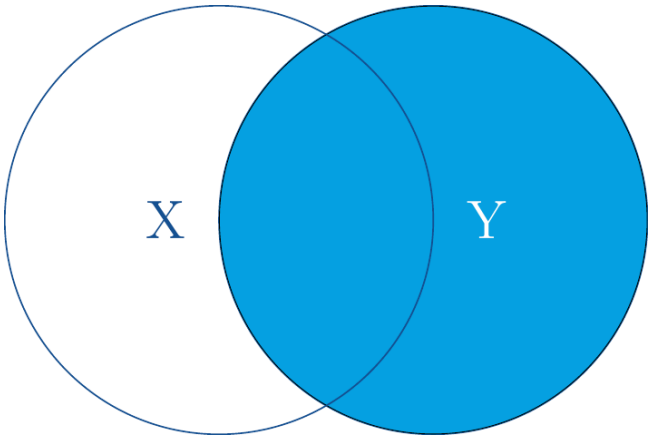



Abbildung 98: right_join() behält alle Y und ergänz passende X

```
# behalte alle NANDA (y) und packe nur
# matchende Patienten (x) hinzu
# erzeugt doppelte Y, wenn x mehrfach y enthält
right_join(patient, nanda, join_by(Diagnose == Code))
```

```
# A tibble: 12 × 6
   Patient Alter Geschlecht Diagnose Diagnosetitel                  Evidenzlevel
   <chr>   <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                                <dbl>
 1 AB25       51 w          00119    Chronisch geringes Selbstwert…         3.2
 2 JA26       61 w          00030    Beeinträchtigter Gasaustausch          3.3
 3 BG81       44 m          00011    Obstipation                            3.1
 4 ZT42       50 m          00199    Ineffektive Aktivitätenplanung         2.1
 5 AL63       80 w          00223    Ineffektive Beziehung                  2.1
 6 XV96       88 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…         3.1
 7 QR49       66 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…         2.1
 8 FE31       77 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…         2.1
 9 WU53       86 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…         3.1
10 <NA>       NA <NA>       00110    Selbstversorgungsdefizit Toil…         2.1
11 <NA>       NA <NA>       00108    Selbstversorgungsdefizit Körp…         2.1
12 <NA>       NA <NA>       00095    Schlafstörung                          3.3
```

Das neue Tibble ist 12 Reihen lang, da zwei Pflegediagnosen (Y) jeweils 2mal im Datensatz patient (X) vorkommen.

Das Ergebnis von right_join() lässt sich prinzipiell auch erreichen, indem innerhalb von left_join() einfach die Werte umgedreht werden. Die Reihenfolge der Spalten und Zeilen im erzeugten Tibble ist dann aber anders, obwohl insgesamt die selben Daten enthalten sind.

```
# geht auch mit left_join(),
# indem man einfach X und Y vertauscht
# join_by() muss ebenfalls vertauscht werden
left_join(nanda, patient, join_by(Code == Diagnose))
```

```
# A tibble: 12 × 6
   Code  Diagnosetitel                     Evidenzlevel Patient Alter Geschlecht
   <chr> <chr>                                    <dbl> <chr>   <dbl> <chr>
 1 00110 Selbstversorgungsdefizit Toilett…          2.1 <NA>       NA <NA>
 2 00108 Selbstversorgungsdefizit Körperp…          2.1 <NA>       NA <NA>
 3 00027 Defizitäres Flüssigkeitsvolumen            2.1 QR49       66 w
 4 00027 Defizitäres Flüssigkeitsvolumen            2.1 FE31       77 w
 5 00011 Obstipation                                3.1 BG81       44 m
 6 00030 Beeinträchtigter Gasaustausch              3.3 JA26       61 w
 7 00223 Ineffektive Beziehung                      2.1 AL63       80 w
 8 00016 Beeinträchtigte Harnausscheidung           3.1 XV96       88 w
 9 00016 Beeinträchtigte Harnausscheidung           3.1 WU53       86 w
10 00119 Chronisch geringes Selbstwertgef…          3.2 AB25       51 w
11 00199 Ineffektive Aktivitätenplanung             2.1 ZT42       50 m
12 00095 Schlafstörung                              3.3 <NA>       NA <NA>
```

Das neue Tibble ist 12 Reihen lang, da zwei Pflegediagnosen (`X`) jeweils 2mal im Datensatz `patient` (`Y`) vorkommen.

Dieses Verhalten kann über den Parameter `multiple` bestimmt werden. So lässt sich einstellen, ob aus `Y` alle (`all`), nur der erste (`first`) oder letzte (`last`), oder *irgendein* (`any`) passender Eintrag übernommen werden soll.

```
# wenn mehrfaches Vorkommen in Y, nimm den letzten
left_join(nanda, patient, join_by(Code == Diagnose),
          multiple="last")
```

```
# A tibble: 10 × 6
   Code  Diagnosetitel                     Evidenzlevel Patient Alter Geschlecht
   <chr> <chr>                                    <dbl> <chr>   <dbl> <chr>
 1 00110 Selbstversorgungsdefizit Toilett…          2.1 <NA>       NA <NA>
 2 00108 Selbstversorgungsdefizit Körperp…          2.1 <NA>       NA <NA>
 3 00027 Defizitäres Flüssigkeitsvolumen            2.1 FE31       77 w
 4 00011 Obstipation                                3.1 BG81       44 m
 5 00030 Beeinträchtigter Gasaustausch              3.3 JA26       61 w
 6 00223 Ineffektive Beziehung                      2.1 AL63       80 w
 7 00016 Beeinträchtigte Harnausscheidung           3.1 WU53       86 w
 8 00119 Chronisch geringes Selbstwertgef…          3.2 AB25       51 w
 9 00199 Ineffektive Aktivitätenplanung             2.1 ZT42       50 m
10 00095 Schlafstörung                              3.3 <NA>       NA <NA>
```

Ausgangspunkt für den Parameter `multiple` ist immer Datensatz `X`. Im letzten Beispiel wurde `nanda` als `X` angegeben. Da jeder Diagnosecode in `nanda` genau einmal vorkommt, ist das neue Tibble 10 Reihen lang.

Sollte in `Y` (`patient`) die Diagnose mehrfach vorkommen, wird (im Beispiel oben) die letzte vorkommende Datenreihen aus `Y` verwendet.

Kehren wir zum ursprünglichen `right_join()`-Aufruf zurück und übergeben den Parameter…

```
right_join(patient, nanda, join_by(Diagnose == Code),
           multiple="last")
```

```
# A tibble: 12 × 6
   Patient Alter Geschlecht Diagnose Diagnosetitel                  Evidenzlevel
   <chr>   <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                                <dbl>
 1 AB25       51 w          00119    Chronisch geringes Selbstwert…         3.2
 2 JA26       61 w          00030    Beeinträchtigter Gasaustausch          3.3
 3 BG81       44 m          00011    Obstipation                            3.1
 4 ZT42       50 m          00199    Ineffektive Aktivitätenplanung         2.1
 5 AL63       80 w          00223    Ineffektive Beziehung                  2.1
 6 XV96       88 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…         3.1
 7 QR49       66 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…         2.1
 8 FE31       77 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…         2.1
 9 WU53       86 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…         3.1
10 <NA>       NA <NA>       00110    Selbstversorgungsdefizit Toil…         2.1
11 <NA>       NA <NA>       00108    Selbstversorgungsdefizit Körp…         2.1
12 <NA>       NA <NA>       00095    Schlafstörung                          3.3
```

… so ist das Tibble wieder 12 Reihen lang, denn Ausgangspunkt für `multiple` ist **immer** Datensatz `X` (auch bei `right_join()`). Im Funktionsaufruf oben steht `patient` als `X`. Daher schaut die Funktion für jede Reihe in `X`, ob ein oder mehrere passende Einträge in `Y` vorhanden sind. Da in `Y` (`nanda`) aber jede Diagnose nur einmal definiert wird, kommen keine multiplen Zeilen vor. Der Parameter `multiple` findet daher keine Anwendung.

Nun will `right_join()` aber alle `Y` beibehalten und mit allen passenden `X` (`patient`) verschmelzen. Da bei zwei Diagnosen in `Y` jeweils zwei Patienten aus `X` matchen, ist die Ausgabe 12 Zeilen lang.

### 28.5.4 `full_join()`

Beim `full_join()` werden alle Daten von `X` und `Y` beibehalten.

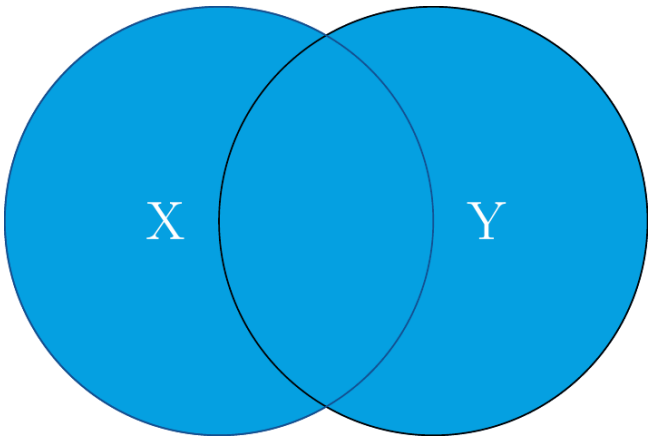



Abbildung 99: full_join() behält alle X und Y

```
# behält alle x und alle y
full_join(patient, nanda, join_by(Diagnose == Code))
```

```
# A tibble: 13 × 6
   Patient Alter Geschlecht Diagnose Diagnosetitel                  Evidenzlevel
   <chr>   <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                                <dbl>
 1 AB25       51 w          00119    Chronisch geringes Selbstwert…         3.2
 2 JA26       61 w          00030    Beeinträchtigter Gasaustausch          3.3
 3 BG81       44 m          00011    Obstipation                            3.1
 4 ZT42       50 m          00199    Ineffektive Aktivitätenplanung         2.1
 5 AL63       80 w          00223    Ineffektive Beziehung                  2.1
 6 XV96       88 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…         3.1
 7 QR49       66 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…         2.1
 8 FE31       77 w          00027    Defizitäres Flüssigkeitsvolum…         2.1
 9 PP23       64 m          00098    <NA>                                  NA
10 WU53       86 w          00016    Beeinträchtigte Harnausscheid…         3.1
11 <NA>       NA <NA>       00110    Selbstversorgungsdefizit Toil…         2.1
12 <NA>       NA <NA>       00108    Selbstversorgungsdefizit Körp…         2.1
13 <NA>       NA <NA>       00095    Schlafstörung                          3.3
```

## 28.6 Variablen auswählen

Mit der Funktion `select()` können Variablen (Spalten) des `tibble` ausgewählt werden.

```
# wähle Variablen "Alter", "Größe" und "Gewicht"
# aus Datensatz pf8
 pf8 %>%
   select(Alter,Größe,Gewicht) %>%
   head(.)
```

```
   Alter Größe Gewicht
11    18   172      69
12    67   165      67
13    60   175      NA
14    61   182      90
15    24   173      68
16    21   177      60
```

In Kombination mit der Funktion `everything()` kann die Reihenfolge der Variablen im Datensatz geändert werden. Die Funktion `everything()` hängt alle weiteren Variablen an unsere Auswahl an.

Angenommen, wir möchten `Größe` und `Gewicht` „als erstes“ sehen, und alle anderen Variablen danach, so lautet der Befehl:

```
# zeige erst "Größe" und "Gewicht"
# und danach alles andere.
```

```
pf8 %>%
  select(Größe, Gewicht, everything()) %>%
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 731 × 16
  Größe Gewicht Standort Alter Geschlecht Bildung     Beruf Familienstand Kinder
  <int>   <dbl> <fct>    <int> <fct>      <fct>       <fct> <fct>           <int>
1   172      69 Münster     18 weiblich   Abitur      Insp… Partnerschaft       0
2   165      67 Münster     67 weiblich   mittlere R… Rent… geschieden          0
3   175      NA Münster     60 weiblich   Hochschule  Ergo… Partnerschaft       0
4   182      90 Münster     61 männlich   mittlere R… Beam… ledig               0
5   173      68 Münster     24 männlich   Abitur      Stud… ledig               0
6   177      60 Münster     21 weiblich   Abitur      Stud… Partnerschaft       0
# ℹ 725 more rows
# ℹ 7 more variables: Wohnort <fct>, Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>,
#   SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>, SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

Mit der Funktion `pull()` werden die Spaltenwerte als Vektor wiedergegeben

```
# gib Werte von "Alter" als Vektor
pf8 %>%
  pull(Alter) %>%
   head(10)
```

```
[1] 18 67 60 61 24 21 59 56 82 52
```

## 28.7 Variablen erzeugen

Die Funktion `mutate()` erlaubt es, neue Variablen (Spalten) zu erzeugen, die durch Interaktion mit den anderen Variablen enstanden sind. So können wir im Datensatz `pf8` aus den Variablen `Größe` und `Gewicht` den Body-Maß-Index errechnen, und diese Werte als neue Variable (Spalte) speichern.

```
# erzeuge BMI
pf8 %>%
  mutate(BMI = Gewicht/Größe*100) %>%
    head(.)
```

```
   Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht        Bildung           Beruf
11  Münster    18   weiblich   172      69         Abitur     Inspektor*in
12  Münster    67   weiblich   165      67 mittlere Reife       Rentner*in
13  Münster    60   weiblich   175      NA     Hochschule Ergotherapeut*in
14  Münster    61   männlich   182      90 mittlere Reife       Beamter*in
15  Münster    24   männlich   173      68         Abitur       Student*in
16  Münster    21   weiblich   177      60         Abitur       Student*in
```

```
   Familienstand Kinder   Wohnort Rauchen SportHäufig SportMinuten SportWie
11 Partnerschaft      0  ländlich    nein          NA           NA   Allein
12    geschieden      0  ländlich    nein           2           60   Gruppe
13 Partnerschaft      0 städtisch    nein           2           45   beides
14         ledig      0  ländlich    nein           4          120   Allein
15         ledig      0 städtisch    nein           4           60   Allein
16 Partnerschaft      0 städtisch      ja           1           60   Gruppe
          SportWarum LebenZufrieden      BMI
11        Arbeitsweg              5 40.11628
12        Vorbeugung              7 40.60606
13        Vorbeugung              7       NA
14           Fitness              2 49.45055
15 Gewichtsreduktion              9 39.30636
16           Fitness              8 33.89831
```

Mit der Schwesterfunktion `transmute()` wird nur die neue Variable in einem eigenen `tibble` zurückgegeben

```
# erzeuge BMI und gib nur BMI zurück
pf8 %>%
  transmute(BMI = Gewicht/Größe*100) %>%
    head(.)
```

```
        BMI
11 40.11628
12 40.60606
13       NA
14 49.45055
15 39.30636
16 33.89831
```

## 28.8 statistische Berechnungen

Mit der Funktion `summarise()` können „zusammenfassenden Statistiken“ berechnet werden. Sie fungiert als eine Art „Vermittlungsfunktion“, um Statistikfunktionen (siehe Abschnitt 32) in den Tidyverse-*Workflow* zu integrieren.

Klassische zusammenfassende Kennzahlen sind Mittelwert (über Funktion `mean()`), Median (über Funktion `median()`) und Standardabweichung (über Funktion `sd()`). Es funktioniert aber auch mit allen anderen Statistikfunktionen. Wir beschränken uns im Weiteren auf diese drei, alle anderen werden in Abschnitt 32 vorgestellt.

Berechnen wir mit `mean()` den Mittelwert für `Alter`.

```
# Mittelwert von "Alter"
pf8 %>%
  summarise(Mittelwert = mean(Alter))
```

```
  Mittelwert
1         NA
```

Wir erhalten ein `NA` zurück, weil in der Variable `Alter` fehlende Werte enthalten sind. Fast alle statistischen Funktionen erwarten von uns, dass `NA`s weggefilter wurden. Nutzen wir die Macht der Pipe und ändern den Befehl in

```
# Mittelwert von "Alter"
pf8 %>%
  drop_na() %>%
    summarise(Mittelwert = mean(Alter))
```

```
  Mittelwert
1   38.25126
```

Mit der Funktion `group_by()` können Gruppierungen vorgenommen werden.

```
# Gruppiere nach Geschlecht
pf8 %>%
  dplyr::group_by(Geschlecht) %>%
    drop_na() %>%
      summarise(Mittelwert = mean(Alter))
```

```
# A tibble: 3 x 2
 Geschlecht Mittelwert
  <fct>           <dbl>
1 männlich         37.3
2 weiblich         39.1
3 divers           32
```

Die Liste der „zusammenfassenden Statistiken“ lässt sich beliebig erweitern.

```
pf8 %>%
  group_by(Geschlecht) %>%
     drop_na() %>%
       summarise(Mittelwert = mean(Alter),
                 Median = median(Alter),
                 Stdabw = sd(Alter))
```

```
# A tibble: 3 x 4
 Geschlecht Mittelwert Median Stdabw
  <fct>           <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 männlich         37.3     29   17.5
```

```
2 weiblich         39.1     33   18.9
3 divers           32       32   NA
```

Auch, indem Gruppierungen komplexer definiert werden.

```
# mit mehr Gruppierungen
pf8 %>%
  group_by(Geschlecht, Standort) %>%
     drop_na() %>%
        summarise(Mittelwert = mean(Alter),
                  Median = median(Alter),
                  Stdabw = sd(Alter))
```

```
# A tibble: 9 x 5
 Groups:   Geschlecht [3]
 Geschlecht Standort  Mittelwert Median Stdabw
  <fct>      <fct>          <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 männlich   Rheine          34.3   26     15.4
2 männlich   Münster         37.9   28     18.5
3 männlich   Bahn            39.9   36     19.8
4 männlich   Ladbergen       41.4   40     17.6
5 weiblich   Rheine          37.6   33     17.8
6 weiblich   Münster         38.8   27     20.0
7 weiblich   Bahn            41.3   37.5   19.4
8 weiblich   Ladbergen       43     40.5   18.5
9 divers     Rheine          32     32     NA
```

Die Funktion `count()` zählt die Häufigkeit der Variablenwerte.

Dies ist nicht nur bei Faktoren hilfreich.

```
pf8 %>%
  dplyr::count(Geschlecht)
```

```
  Geschlecht   n
1   männlich 287
2   weiblich 437
3     divers   1
4       <NA>   6
```

In Kombination mit `group_by()` lassen sich Ausgaben ähnlich der Kreuztabelle erstellen.

```
pf8 %>%
  drop_na() %>%
  group_by(Familienstand, Geschlecht) %>%
```

```
  count() %>%
  slice_head()
```

```
# A tibble: 13 × 3
# Groups:   Familienstand, Geschlecht [13]
   Familienstand Geschlecht     n
   <fct>         <fct>      <int>
 1 ledig         männlich      74
 2 ledig         weiblich      82
 3 Partnerschaft männlich      32
 4 Partnerschaft weiblich      40
 5 verheiratet   männlich      61
 6 verheiratet   weiblich      78
 7 verheiratet   divers         1
 8 geschieden    männlich       5
 9 geschieden    weiblich       7
10 verwitwet     männlich       4
11 verwitwet     weiblich       9
12 getrennt      männlich       3
13 getrennt      weiblich       2
```

Mit der Funktion `add_acount()` werden die Häufigkeitswerte als eigene Variable im Datensatz gespeichert.

```
pf8 %>%
  # Speichere die Levelhäufigkeit als eigene Variable
  add_count(Geschlecht, name = "AnzahlGeschlecht") %>%
  # Zeige diese Variablen als erstes, dann den Rest
  select(Geschlecht, AnzahlGeschlecht, everything()) %>%
  # Ausgabe als tibble ist "schöner"
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 731 × 17
  Geschlecht AnzahlGeschlecht Standort Alter Größe Gewicht Bildung        Beruf
  <fct>                 <int> <fct>    <int> <int>   <dbl> <fct>          <fct>
1 weiblich                437 Münster     18   172      69 Abitur         Inspe…
2 weiblich                437 Münster     67   165      67 mittlere Reife Rentn…
3 weiblich                437 Münster     60   175      NA Hochschule     Ergot…
4 männlich                287 Münster     61   182      90 mittlere Reife Beamt…
5 männlich                287 Münster     24   173      68 Abitur         Stude…
6 weiblich                437 Münster     21   177      60 Abitur         Stude…
# ℹ 725 more rows
# ℹ 9 more variables: Familienstand <fct>, Kinder <int>, Wohnort <fct>,
#   Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>, SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>,
#   SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

Die Funktion `n()` fliefert die Anzahl der Fälle.

```
pf8 %>%
  group_by(Standort, Geschlecht) %>%
  drop_na() %>%
  summarise(xquer = mean(Alter),
            sd = sd(Alter),
            median = median(Alter),
            n = n())
```

```
# A tibble: 9 x 6
# Groups:   Standort [4]
  Standort  Geschlecht xquer    sd median     n
  <fct>     <fct>      <dbl> <dbl>  <dbl> <int>
1 Rheine    männlich    34.3  15.4   26      67
2 Rheine    weiblich    37.6  17.8   33      83
3 Rheine    divers      32    NA     32       1
4 Münster   männlich    37.9  18.5   28      62
5 Münster   weiblich    38.8  20.0   27      83
6 Bahn      männlich    39.9  19.8   36      29
7 Bahn      weiblich    41.3  19.4   37.5    38
8 Ladbergen männlich    41.4  17.6   40      21
9 Ladbergen weiblich    43    18.5   40.5    14
```

## 28.9 Umgang mit Faktoren

Mit dem Paket `{forcats}` stehen im Tidyverse viele hilfreiche Funktionen für den Umgang mit Faktoren zur Verfügung.

### 28.9.1 Levels umbenennen

Mit der Funktion `fct_recode()` können Faktorenlevels umbenannt werden.

```
pf8 %>%
  mutate(Geschlecht = fct_recode(Geschlecht,
                      m ="männlich",
                      w = "weiblich",
                      d = "divers")) %>%
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 731 × 16
  Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung     Beruf Familienstand Kinder
  <fct>    <int> <fct>      <int>   <dbl> <fct>       <fct> <fct>          <int>
1 Münster     18 w            172      69 Abitur      Insp… Partnerschaft      0
2 Münster     67 w            165      67 mittlere R… Rent… geschieden         0
3 Münster     60 w            175      NA Hochschule  Ergo… Partnerschaft      0
4 Münster     61 m            182      90 mittlere R… Beam… ledig               0
```

```
5 Münster     24 m            173      68 Abitur      Stud… ledig              0
6 Münster     21 w            177      60 Abitur      Stud… Partnerschaft      0
# ℹ 725 more rows
# ℹ 7 more variables: Wohnort <fct>, Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>,
#   SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>, SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

Enthalten die neuen Levelnamen Sonderzeichen (wie das Leerzeichen), müssen sie in Anführungsstrichen gesetzt werden.

```
pf8 %>%
  mutate(Geschlecht = fct_recode(Geschlecht,
                      "ein Mann" ="männlich",
                      "eine Frau" = "weiblich",
                      "ein(e) Divers" = "divers")) %>%
  as_tibble()
```

```
## # A tibble: 731 × 16
##   Standort Alter Geschlecht Größe Gewicht Bildung     Beruf Familienstand Kinder
##   <fct>    <int> <fct>      <int>   <dbl> <fct>       <fct> <fct>           <int>
## 1 Münster     18 eine Frau    172      69 Abitur      Insp… Partnerschaft       0
## 2 Münster     67 eine Frau    165      67 mittlere R… Rent… geschieden          0
## 3 Münster     60 eine Frau    175      NA Hochschule  Ergo… Partnerschaft       0
## 4 Münster     61 ein Mann     182      90 mittlere R… Beam… ledig               0
## 5 Münster     24 ein Mann     173      68 Abitur      Stud… ledig               0
## 6 Münster     21 eine Frau    177      60 Abitur      Stud… Partnerschaft       0
## # ℹ 725 more rows
## # ℹ 7 more variables: Wohnort <fct>, Rauchen <fct>, SportHäufig <dbl>,
## #   SportMinuten <dbl>, SportWie <fct>, SportWarum <fct>, LebenZufrieden <dbl>
```

### 28.9.2 Levelreihenfolge ändern

Bei kategorialen Daten existiert keine geordnete Reihe der Werte. Dennoch kann es hilfreich sein, kategoriale Levels in eine bestimmte Reihenfolge zu bringen. Über die Hausfunktion factor() können über den Parameter levels die Levelreihenfolgen von Hand geändert werden.

```
x <- factor(c("vielleicht", "ja", "nein"))
x
```

```
[1] vielleicht ja         nein
Levels: ja nein vielleicht
```

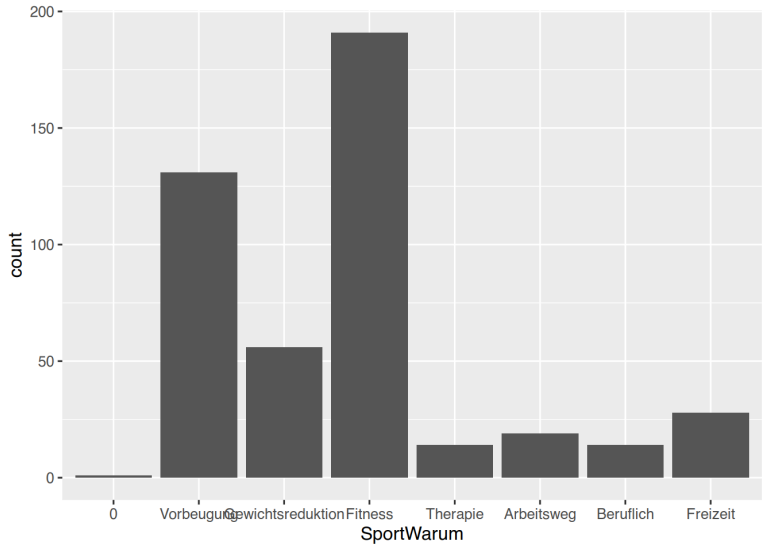
```
# ändere Levelreihenfolge
factor(x, levels=c("nein", "vielleicht", "ja"))
```

```
[1] vielleicht ja         nein
Levels: nein vielleicht ja
```

Für häufige Anwendungsfälle bietet `forcats` Funktionen, die uns diese Arbeit abnehmen.

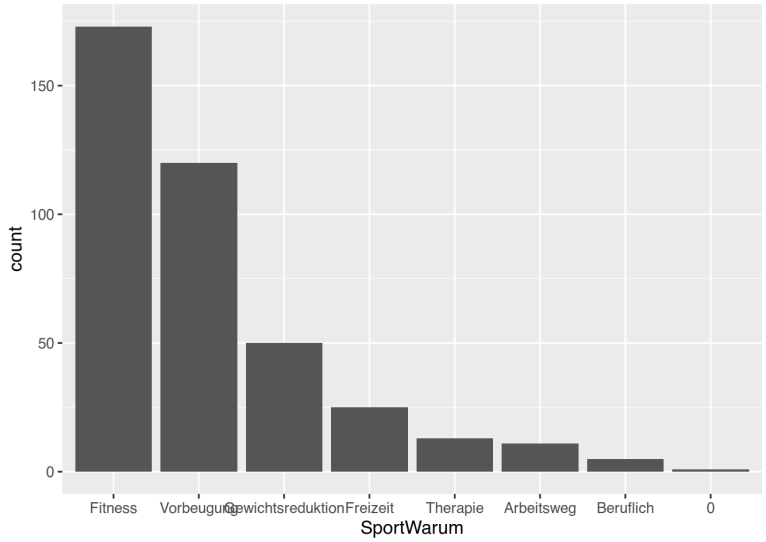
Schauen wir uns im Datensatz `pf8` die Anlässe für Sport an. Das Skalenniveau ist nominal. Wenn wir die Daten plotten (zu `ggplot` siehe Abschnitt 36), werden die Daten (die Diagrammsäulen) in der Reihenfolge der Levels angezeigt, und nicht in der Reihenfolge der Häufigkeiten.

```
pf8 %>%
  select(SportWarum) %>%
  drop_na() %>%
  # dies ist der Plotbefehl, den Sie jetzt noch nicht verstehen.
  # Lesen Sie das Kapitel zu "ggplot".
  ggplot(aes(x=SportWarum)) + geom_bar()
```



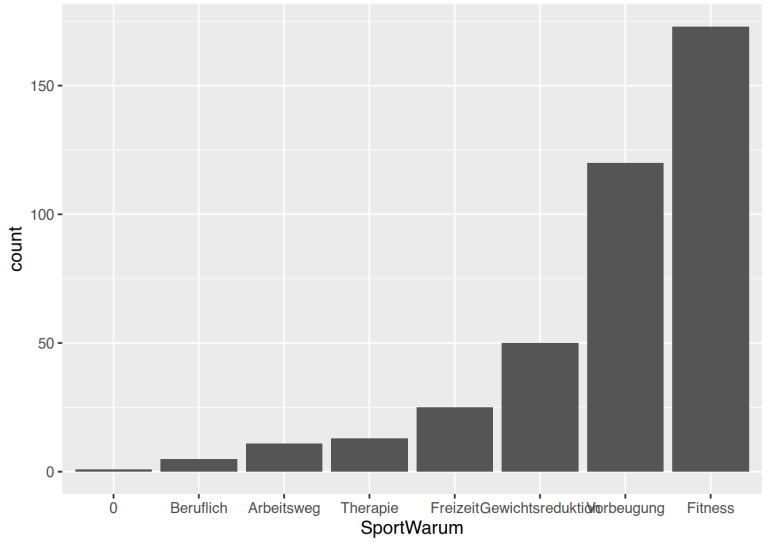

Soll die Reihenfolgde der Levels so verändert werden, dass die mit der höchsten Ausprägung zuerst angezeigt werden, kann die Funktion `fct_infreq()` verwendet werden.

```
pf8 %>%
  drop_na() %>%
  # Sortiere nach Häufigkeiten
  mutate(SportWarum = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  # plotten
  ggplot(aes(x=SportWarum)) + geom_bar()
```




Mit der Funktion `fct_rev()` wird die Levelreihenfolge umgekehrt.

```
pf8 %>%
  drop_na() %>%
  # Sortiere nach Häufigkeiten
  mutate(SportWarum = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  # kehre Levelreihenfolge um
  mutate(SportWarum = fct_rev(SportWarum)) %>%
  # plotten
  ggplot(aes(x=SportWarum)) + geom_bar()
```




Die Levelreihenfolge kann auch auf Grundlage einer anderen Variable erfolgen.

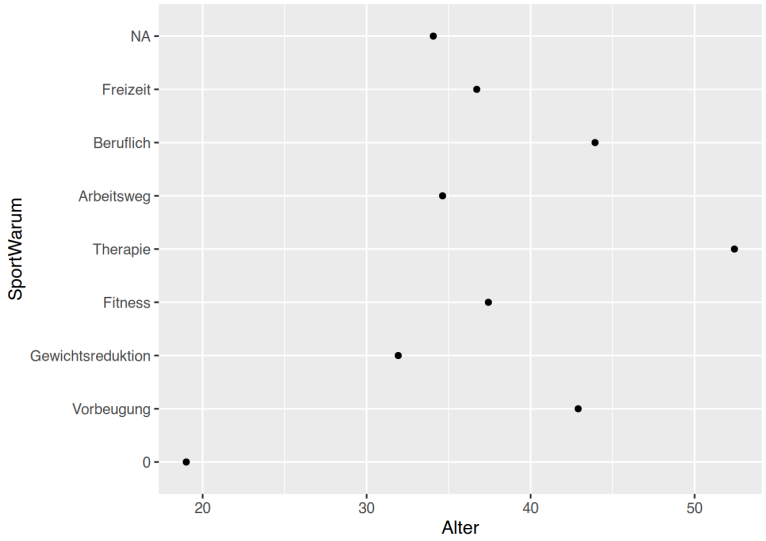
Erstellen wir uns hierfür ein Subset des `pf8`-Datensatzes, indem wir für jede Sport-Kategorie die Mittelwerte von `Alter` und `Gewicht` ermitteln.

```
pf8sub <- pf8 %>%
            group_by(SportWarum) %>%
            summarise(
              Alter = mean(Alter, na.rm=T),
              Gewicht = mean(Gewicht, na.rm=T),
              n = n()
            )
pf8sub
```

```
# A tibble: 9 × 4
  SportWarum        Alter Gewicht     n
  <fct>             <dbl>   <dbl> <int>
1 0                  19      65       1
2 Vorbeugung         42.9    78.1   131
3 Gewichtsreduktion  31.9    81.7    56
4 Fitness            37.4    73.2   191
5 Therapie           52.4    80.8    14
6 Arbeitsweg         34.6    82.1    19
7 Beruflich          43.9    80.6    14
8 Freizeit           36.7    74.0    28
9 <NA>               34.1    73.9   277
```

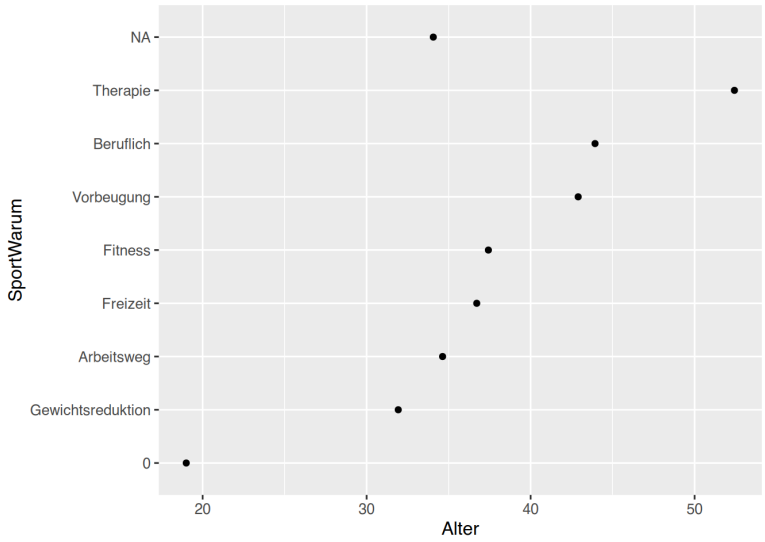
Wenn wir die Daten plotten, folgen die Datenpunkte auch hier der Levelreihenfolge.

```
pf8sub %>%
  # plotten
  ggplot(aes(x=Alter, y=SportWarum)) + geom_point()
```




Soll auch hier die Reihenfolge nach Mittelwerten erfolgen, kann die Funktion `fct_reorder()` verwendet werden.

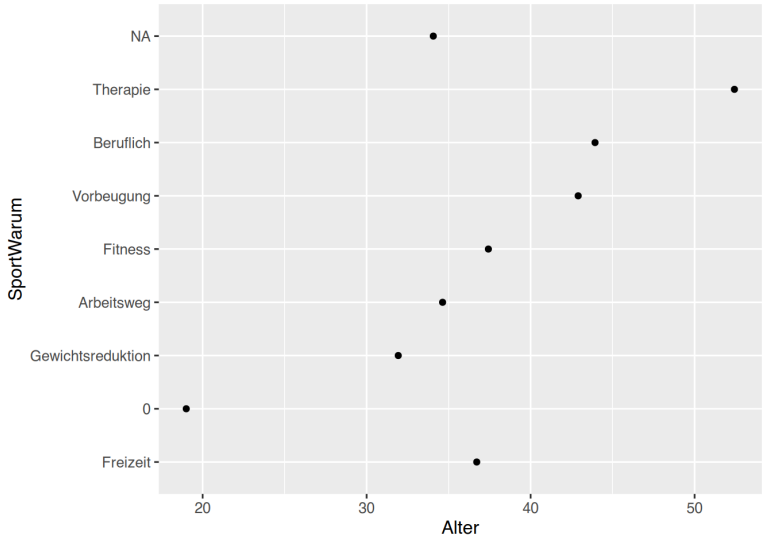
```
pf8sub %>%
  # überschreibe Variable "SportWarum"
  # ordne die Levels von "SportWarum" nach "Alter"
  mutate(SportWarum = fct_reorder(SportWarum, Alter)) %>%
  # plotten
  ggplot(aes(x=Alter, y=SportWarum)) + geom_point()
```




Beachten Sie, dass `NA` weiterhin ganz oben angezeigt werden.

Mit der Funktion `fct_relevel()` können einzelne Levels „nach vorne“ geholt werden. In diesem Beispiel möchten wir, dass der Grund `Freizeit` als erstes angezeigt wird

```
pf8sub %>%
  # überschreibe Variable "SportWarum"
  # ordne die Levels von "SportWarum" nach "Alter"
  mutate(SportWarum = fct_reorder(SportWarum, Alter)) %>%
  # hole Level "Freizeit" nach vorne
  mutate(SportWarum = fct_relevel(SportWarum, "Freizeit")) %>%
  # plotten
  ggplot(aes(x=Alter, y=SportWarum)) + geom_point()
```




### 28.9.3 Levels zusammenfassen

Schauen wir uns die Berufe im Datenatz `pf8` an.

```
pf8 %>%
  dplyr::select(Beruf) %>%
  dplyr::count(Beruf) %>%
  arrange(n) %>%
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 104 × 2
  Beruf                    n
  <fct>                <int>
1 " Produktionsleiter"     1
2 "Angestellte"            1
3 "Bäcker*in"              1
4 "Bauzeichner*in"         1
5 "Berater*in"             1
6 "Betriebsprüfer*in"      1
# ℹ 98 more rows
```

Wie Sie sehen, haben wir sehr viele Levels, die nur einmal oder zweimal vorkommen.

Mit der Funktion `fct_lump_min()` können wir niedrigausgeprägte Levels zusammenfassen.

```
pf8 %>%
  drop_na() %>%
  # fasse alle Levels mit Ausprägung kleiner 4 zusammen
  mutate(Beruf = fct_lump_min(Beruf, 4)) %>%
  dplyr::select(Beruf) %>%
  dplyr::count(Beruf) %>%
```

```
  arrange(desc(n)) %>%
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 22 × 2
  Beruf             n
  <fct>         <int>
1 Other           101
2 Student*in       82
3 kaufmann/frau    29
4 Handwerker*in    19
5 Angestellte*r    18
6 Azubi            17
# ℹ 16 more rows
```

Alle Levels mit Ausprägungen kleiner 4 wurden in der neuen Level `Other` zusammengefasst.

Mit der Funktion `fct_lump_n()` bleiben die höchsten n Levels erhalten, während der Rest unter `Other` zusammengefasst wird.

```
pf8 %>%
  drop_na() %>%
  # behalte die 3 höchstausgeprägtesten Levels
  # und fasse den Rest zusammen
  mutate(Beruf = fct_lump_n(Beruf, 3)) %>%
  dplyr::select(Beruf) %>%
  dplyr::count(Beruf) %>%
  arrange(desc(n)) %>%
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 4 × 2
  Beruf             n
  <fct>         <int>
1 Other           268
2 Student*in       82
3 kaufmann/frau    29
4 Handwerker*in    19
```

Mit der Funktion `fct_collapse()` können die Levels „von Hand“ zusammengefasst werden. Schauen wir uns den Familienstand im Datensatz `pf8` an.

```
  levels(pf8$Familienstand)
```

```
[1] "ledig"         "Partnerschaft" "verheiratet"   "geschieden"
[5] "verwitwet"     "getrennt"
```

Fassen wir nun alle „verpartnerten“ und alle „Singles“ zu zwei Levels zusammen.

```
pf8 %>%
  # fasse Singles und Partner in eigenen Levels zusammen
  mutate(Partnerschaft = fct_collapse(Familienstand,
                                      "Partnerschaft" = c("Partnerschaft", "verheiratet"),
                                       "Single" = c("ledig", "geschieden", "verwitwet",
"getrennt"))) %>%
  dplyr::select(Partnerschaft, Familienstand, Alter) %>%
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 731 × 3
  Partnerschaft Familienstand Alter
  <fct>         <fct>         <int>
1 Partnerschaft Partnerschaft    18
2 Single        geschieden       67
3 Partnerschaft Partnerschaft    60
4 Single        ledig            61
5 Single        ledig            24
6 Partnerschaft Partnerschaft    21
# ℹ 725 more rows
```

## 28.10 Daten klassieren

Angenommen, eine Variable enthält Werte zwischen 0 und 500, und wir möchten diese Werte in die Gruppen „0-70“, „71-200“, „201-400“, „>400“ klassieren.

Erstellen wir zunächst zufällige Zahlen zwischen 0 und 500.

```
# lade tidyverse
library(tidyverse)
# erzeuge 200 Zufallszahlen von 0 bis 500
dummy <- sample(0:500, 200)
# bzw. direkt als Tibble
dummy <- tibble(x = sample(0:500, 200))
```

### 28.10.1 mittels `ifelse()`

Nun erzeugen wir die neue Variable `xKAT`, in welcher die Klassierung angegeben werden soll. Hierfür nutzen wir innerhalb von `mutate()` die `ifelse()`-Funktion. Diese folgte der Logik „WELCHE - WAS -ANSONSTEN“. In einem ersten beispielhaften Schritt wählen wir all „`x < 71`“ aus, speichern für diese Fälle den `character`-Wert „0-70“, und bei allen anderen Fällen ein „`NA`“.

```
dummy %>%
              # ifelse(WELCHE, WAS, ANSONSTEN)
    mutate(xKAT = ifelse(x < 71 , "0-70", NA))
```

```
# A tibble: 200 × 2
      x xKAT
  <int> <chr>
1   222 <NA>
2   371 <NA>
3   373 <NA>
4   366 <NA>
5    59 0-70
6    62 0-70
# ℹ 194 more rows
```

Es lassen sich mehrere `ifelse()`-Ausdrücke kombinieren, indem diese vor den `NA`-Ausdruck geschrieben werden. Dabei sammeln sich die Klammer-Zu Symbole **)** an, kommen Sie hier nicht durcheinander!

```
# Das lässt sich erweitern, indem der ", NA"-Ausdruck nach hinten wandert
dummy %>%
  mutate(xKAT = ifelse(x < 71 , "0-70",
                ifelse(x < 201 & x >70 , "71-200",
                       NA)))
```

```
# A tibble: 200 × 2
      x xKAT
  <int> <chr>
1   222 <NA>
2   371 <NA>
3   373 <NA>
4   366 <NA>
5    59 0-70
6    62 0-70
# ℹ 194 more rows
```

Der vollständige Befehl zur Klassierung lautet demnach:

```
# wir bilden Kategorien
#      "0-70"
#      "71-200"
#      "201-400"
#      "> 400"
# und speichern das in die neue Variable xKAT
dummy %>%
  mutate(xKAT = ifelse(x < 71 , "0-70",
                ifelse(x < 201 & x >70 ,  "71-200",
                ifelse(x < 401 & x >200 , "201-400",
                ifelse(x > 400 , "> 400",
                             NA)))))
```

```
# A tibble: 200 × 2
      x xKAT
  <int> <chr>
1   222 201-400
2   371 201-400
3   373 201-400
4   366 201-400
5    59 0-70
6    62 0-70
# ℹ 194 more rows
```

### 28.10.2 mittels `case_when()`

Wenn - so wie hier - mehrere Konditionen angegeben werden, ist die Funktion `case_when()` etwas einfacher zu schreiben und zu lesen als die `ifelse()`-Staffelungen.

```
# nutze case_when() an Stelle von ifelse()
dummy %>%
  mutate(xKAT = case_when(x < 71 ~ "0-70",
                          x < 201 & x > 70  ~ "71-200",
                          x < 401 & x > 200 ~ "201-400",
                          x > 400 ~ "größer 400")
         )
```

```
# A tibble: 200 × 2
      x xKAT
  <int> <chr>
1   222 201-400
2   371 201-400
3   373 201-400
4   366 201-400
5    59 0-70
6    62 0-70
# ℹ 194 more rows
```

Mit dem Parameter `.default` kann ein Wert festgelegt werden, der vergeben wird, wenn keine der Bedingungen zutrifft. Standardmäßig werden `NA`s vergeben.

```
# nutze case_when() an Stelle von ifelse()
dummy %>%
  mutate(xKAT = case_when(x < 71 ~ "0-70",
                          x < 201 & x > 70  ~ "71-200",
                          x < 401 & x > 200 ~ "201-400",
                          x > 400 ~ "größer 400",
                          .default="keines davon")
         )
```

```
# A tibble: 200 × 2
      x xKAT
  <int> <chr>
1   222 201-400
2   371 201-400
3   373 201-400
4   366 201-400
5    59 0-70
6    62 0-70
# ℹ 194 more rows
```

Anschließend wandeln wir noch die neue Variable in einen ordinalen Faktor mit korrekter Levelreihenfolge.

```
# die neue Variable als ordinalen Factor mit korrekter
# Levelreihenfolge speichern
dummy <- dummy %>%
  mutate(xKAT = case_when(x < 71 ~ "0-70",
                          x < 201 & x > 70  ~ "71-200",
                          x < 401 & x > 200 ~ "201-400",
                          x > 400 ~ "größer 400",
                          .default="keines davon"),
         xKAT = factor(xKAT, levels=c("0-70",
                                      "71-200",
                                      "201-400",
                                      "größer 400",
                                      "keines davon"),
                       ordered=TRUE)
         )
head(dummy$xKAT)
```

```
[1] 201-400 201-400 201-400 201-400 0-70    0-70
Levels: 0-70 < 71-200 < 201-400 < größer 400 < keines davon
```

### 28.10.3 mittels klassischem `cut()`

Innerhalb der `mutate()`-Funktion kann aber auch `cut()` zur Klassierung verwendet werden.

```
dummy <- dummy %>%
  mutate(xKAT = cut(x, breaks=c(0, 70, 200, 400, Inf),
                       ordered_result = TRUE)
         )
head(dummy$xKAT)
```

```
[1] (200,400] (200,400] (200,400] (200,400] (0,70]    (0,70]
Levels: (0,70] < (70,200] < (200,400] < (400,Inf]
```

### 28.11 Daten visualisieren

Zum Visualisieren von Daten sind neben Tabellen vor allem Diagramme geeignet. Wie Sie im Tidyverse Diagramme erstellen behandeln wir im Kapitel `ggplot`, siehe Abschnitt 36.

## 29 Schritt 4: Ergebisse kommunizieren

Ihre Ergebnisse können Sie Ihrem Publikum am besten mit `quarto`, dem Nachfolger von `RMarkdown`, kommunizieren. Lesen Sie hierzu Abschnitt 24.

# 30 data.table

Neben dem zuvor besprochenen `tidyverse` steht mit `data.table` ein weiterer R-Dialekt zur Verfügung, der sich immer größerer Beliebtheit erfreut. Im Kern sind `data.tables` verbesserte Versionen von `data.frames`, die schneller und speichereffizienter arbeiten und mit einer prägnanteren Syntax manipuliert werden können. Das Paket stellt außerdem eine Reihe zusätzlicher Funktionen zum Lesen und Schreiben von tabellarischen Dateien, zum Umformen von Daten zwischen langen und breiten Formaten und zum Verbinden von Datensätzen zur Verfügung.

## 30.1 Installation

Alle Funktionen sind über das Paket `{data.table}` implementiert, welches wie gewohnt installiert und aktiviert werden kann.

```
# installiere data.table
install.packages("data.table", dependencies=TRUE)
```

## 30.2 Modify-in-Place

Der größte Unterschied besteht darin, dass `data.table` die *Modify-in-Place*-Methode verwendet. Das klassische `R` und auch das Tidyverse verwenden die *Copy-on-Modify*-Methode, welche besagt, dass bei der Manipulation eines Objektes das Ergebnis in einem neuen Objekt gespeichert wird.

```
# klassisches "Copy-on-Modify"
meine.daten %>%
  mutate(Neu = Alt*10)
```

Bei oben stehendem Code wird das Objekt `meine.daten` nicht verändert. Das Ergebnis der `mutate()`-Funktion wird als neues Objekt ausgegeben. Dieses neue Objekt ist eine Kopie der Ursprungsdaten `meine.daten`, an welcher die Veränderungen vorgenommen werden.

Mit `data.table` wird der Ansatz *Modify-in-Place* verfolgt.

```
# Modify-in-Place
meine.daten[, Neu := Alt*10]
```

Der oben stehende Code erzeugt keine Kopie von `meine.daten`. Vielmehr wird das Objekt `meine.daten` **direkt** verändert. Im klassischen `R` entspricht diese Vorgehensweise dem Code

```
meine.daten$Neu <- meine.daten$Alt*10
```

Durch *Modify-in-Place* wird `data.table` sehr effizient, wenn größere Datenmengen verarbeitet werden sollen. Es kann jedoch auch dazu führen, dass der Code schwieriger zu verstehen ist und überraschende Ergebnisse liefert (insbesondere, wenn ein `data.table` innerhalb einer Funktion modifiziert wird).

## 30.3 Grundlegende Syntax

Die generelle Syntax von `data.table` lautet

```
dt[i, j, by]
```

wobei

- `dt` ein `data.table`-Objekt ist.
- `i` zum Filtern und für join-Funktionen genutzt wird.
- `j` zum Manipulieren, Transformieren und Zusammenfassen der Daten verwendet wird.
- `by` zum Gruppieren genutzt wird.

Man kann die Syntax lesen als:

> „In diesen Zeilen, mache dies, gruppiert nach jenem“.

## 30.4 Daten einlesen

Der erste Schritt der meisten Datenanalysen besteht darin, Daten in den Speicher zu laden. Wir können die Funktion `data.table::fread()` verwenden (das `f` steht für *fast* (schnell)), um reguläre, durch Trennzeichen getrennte Dateien wie `txt`- oder `csv`-Dateien zu lesen. Diese Funktion ist nicht nur schnell, sondern erkennt automatisch das Trennzeichen und errät die Klasse jeder Spalte sowie die Anzahl der Zeilen in der Datei.

```
# Daten einlesen mit fread()
dt <- fread("data/Befragung22.csv")

# anschauen
str(dt)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  37 obs. of  6 variables:
 $ alter     : int  20 28 41 34 26 38 28 21 27 26 ...
 $ geschlecht: chr  "weiblich" "weiblich" "männlich" "weiblich" ...
 $ stifte    : int  12 7 1 13 18 25 29 1 2 5 ...
 $ geburtsort: chr  "Düren" "Neuss" "Bonn" "Düsseldorf" ...
 $ fahrzeit  : int  1 45 60 25 15 50 40 60 60 40 ...
 $ podcast   : chr  "selten" "selten" "selten" "oft" ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
```

Das Objekt `dt` gehört sowohl zur Klasse `data.frame` als auch zu der neuen Klasse `data.table`.

Die Daten können auch direkt über eine URL eingelesen werden.

```
# lade per URL
dt <- fread("https://www.produnis.de/R/data/Befragung22.csv")
```

Liegen die Daten bereits als `data.frame` vor, können sie per `as.data.table()` umgewandelt werden.

```
# lade klassisches Datenframe
df <- read.table("https://www.produnis.de/R/data/Datentabelle.txt",
                 header=TRUE)

# wandle in data.table um
dt2 <- as.data.table(df)

# anschauen
str(dt2)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  10 obs. of  4 variables:
 $ Geschlecht: chr  "m" "w" "w" "m" ...
 $ Alter     : int  28 18 25 29 21 19 27 26 31 22
 $ Gewicht   : int  80 55 74 101 84 74 65 56 88 78
 $ Groesse   : int  170 174 183 190 185 178 169 163 189 184
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
```

Sollen die Daten von Hand eingegeben werden, wird die Funktion `data.table()` verwendet.

```
# erzeuge von Hand
dt3 <- data.table(x = 1:10,
                  y = 11:20,
                  z = factor(rep(c("foo", "bar"), 5))
                  )

# anschauen
str(dt3)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  10 obs. of  3 variables:
 $ x: int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
 $ y: int  11 12 13 14 15 16 17 18 19 20
 $ z: Factor w/ 2 levels "bar","foo": 2 1 2 1 2 1 2 1 2 1
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
```

## 30.5 Daten speichern

Mit der Funktion `fwrite()` können `data.tables` (aber auch `data.frames`) in eine Datei gespeichert werden. Sie funktioniert ähnlich wie `write.csv`, ist aber wesentlich schneller. Wird kein Dateiname angegeben, erfolgt die Ausgabe in der Konsole. So kann überprüft werden, was in die Datei geschrieben würde.

```
# schreibe Objekt "dt2" in die Konsole
fwrite(dt2)
```

```
```

```
Geschlecht,Alter,Gewicht,Groesse
m,28,80,170
w,18,55,174
w,25,74,183
m,29,101,190
m,21,84,185
w,19,74,178
w,27,65,169
w,26,56,163
m,31,88,189
m,22,78,184
```

```
# schreibe Objekt "dt" in datei "dt.csv"
fwrite(dt2, "dt2.csv")
# schreibe Objekt "dt" in datei "dt.txt"
fwrite(dt2, "dt2.txt")
```

## 30.6 Fälle filtern mit `i`

Wir erinnern uns, dass die allgemeine Syntax `dt[i, j, by]` lautet. Über den Parameter `i` können die Daten gefilter werden, so dass nur bestimmte Fälle berücksichtigt werden. Beispielsweise könnten wir im Objekt `dt` nur solche Fälle auswählen, bei denen das Alter größer als 30 ist.

```
dt[alter > 30]
```

```
   alter geschlecht stifte      geburtsort fahrzeit  podcast
   <int>     <char>  <int>          <char>    <int>   <char>
1:    41   männlich      1            Bonn       60   selten
2:    34   weiblich     13      Düsseldorf       25      oft
3:    38   weiblich     25       Dinslaken       50      oft
4:    38   männlich      5          Donezk       57 manchmal
5:    31   weiblich     16 Charkov Ukraine      135      oft
6:    36   weiblich      1          Rybnik       90 manchmal
7:    45   männlich      1   Gelsenkirchen       85      oft
```

Dies ist Vergleichbar mit dem klassischen `R`-Aufruf

```
# klassischer R-Befehl
dt[dt$alter > 30]
```

```
   alter geschlecht stifte      geburtsort fahrzeit  podcast
   <int>     <char>  <int>          <char>    <int>   <char>
1:    41   männlich      1            Bonn       60   selten
2:    34   weiblich     13      Düsseldorf       25      oft
```

```
3:    38   weiblich     25       Dinslaken       50      oft
4:    38   männlich      5          Donezk       57 manchmal
5:    31   weiblich     16 Charkov Ukraine      135      oft
6:    36   weiblich      1          Rybnik       90 manchmal
7:    45   männlich      1   Gelsenkirchen       85      oft
```

Da alle Ausdrücke in `i` im Kontext der `data.table` ausgewertet werden, müssen wir den (eventuell sehr langen) Namen des Objektes nicht erneut eingeben. Dies ist vor allem bei längeren Ausdrücken sehr bequem.

```
# erzeuge langen Objektnamen
langer.Objekt.name <- dt
```

Der klassische `R`-Aufruf

```
# klassischer R-Befehl
langer.Objekt.name[langer.Objekt.name$alter > 25 &
                   langer.Objekt.name$geschlecht=="männlich" |
                   langer.Objekt.name$stifte > 30]
```

verkürzt sich auf

```
langer.Objekt.name[alter > 25 & geschlecht=="männlich" | stifte > 30]
```

```
   alter geschlecht stifte    geburtsort fahrzeit  podcast
   <int>     <char>  <int>        <char>    <int>   <char>
1:    41   männlich      1          Bonn       60   selten
2:    26   männlich      5    Düsseldorf       40      nie
3:    38   männlich      5        Donezk       57 manchmal
4:    20   weiblich     32         Wesel       89      nie
5:    45   männlich      1 Gelsenkirchen       85      oft
```

## 30.7 Fälle sortieren mit `i`

Dem Parameter `i` können auch Funktionen übergeben werden. So lassen sich die Daten beispielsweise über die `order()`-Funktion sortieren.

```
# nehme anderen (kürzeren) Datensatz  zur Demonstration
dt2[order(Alter)]
```

```
    Geschlecht Alter Gewicht Groesse
        <char> <int>   <int>   <int>
 1:          w    18      55     174
 2:          w    19      74     178
 3:          m    21      84     185
```

```
 4:          m    22      78     184
 5:          w    25      74     183
 6:          w    26      56     163
 7:          w    27      65     169
 8:          m    28      80     170
 9:          m    29     101     190
10:          m    31      88     189
```

```
# absteigend
dt2[order(Gewicht, decreasing = TRUE)]
```

```
    Geschlecht Alter Gewicht Groesse
        <char> <int>   <int>   <int>
 1:          m    29     101     190
 2:          m    31      88     189
 3:          m    21      84     185
 4:          m    28      80     170
 5:          m    22      78     184
 6:          w    25      74     183
 7:          w    19      74     178
 8:          w    27      65     169
 9:          w    26      56     163
10:          w    18      55     174
```

## 30.8 Daten verarbeiten mit j

Nachdem der Datensatz mittels i eventuell vorsortiert und -gefiltert wurde, erfolgen die eigentlichen Operationen über den Parameter j. So können wir den Mittelwert des Alters der Probanden wie folgt bestimmen:

```
# Mittelwert des Alters
dt[, mean(alter)]
```

```
[1] 25.2973
```

```
# Mittelwert des Alters der Männer
dt[geschlecht == "männlich", mean(alter)]
```

```
[1] 29
```

Innerhalb von j kann jede Funktion verwendet werden. So könnten wir überprüfen, ob die Variablen fahrzeit und alter miteinander korrelieren (ja, das ist quatsch).

```
# korrelieren alter und fahrzeit?
dt[, cor(alter, fahrzeit)]
```

```
[1] 0.1504465
```

Es können auch mehrere Funktionen angewendet werden. Hierfür müssen diese per `list()` an den Parameter `j` übergeben werden. Auf diese Weise könnten wir Median, Mittelwert und Standardabweichung des Alters der Probanden bestimmen.

```
# mehrere Funktionen per list()
dt[, list(Median = median(alter),
          Mittelw = mean(alter),
          Stdabw = sd(alter))]
```

```
   Median Mittelw   Stdabw
    <int>   <num>    <num>
1:     22 25.2973 6.765373
```

Da der Parameter `j` immer eine Liste erwartet, kann die Funktion `list()` mit einem Punkt abgekürzt werden.

```
# geht auch mit "."
dt[, .(Median = median(alter),
       Mittelw = mean(alter),
       Stdabw = sd(alter),
       InterquA = IQR(alter))]
```

```
   Median Mittelw   Stdabw InterquA
    <int>   <num>    <num>    <num>
1:     22 25.2973 6.765373        6
```

## 30.9 Daten bearbeiten mit `j`

Über den Parameter `j` können die Daten auch manipuliert werden, ähnlich wie bei der `mutate()`-Funktion des Tidyverse. Eine neue Variable kann über die Zeichenkette `:=` definiert werden (dem so genannten *Walrus Operator* (Walross-Operator), der so heisst, weil die Zeichenfolge `:=` an die Stoßzähne eines Walrosses erinnert. Das Logo des `data.table`-Pakets zeigt eine Robbe, was zur humorvollen Verbindung beigetragen hat).

Mit folgendem Aufruf erzeugen wir eine neue Variable `FahrzeitH`, welche die `fahrzeit` in Stunden beinhalten soll.

```
# FahrzeitH in Stunden
dt[, FahrzeitH := fahrzeit/60]
```

```
# anzeigen
str(dt)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  37 obs. of  7 variables:
 $ alter     : int  20 28 41 34 26 38 28 21 27 26 ...
 $ geschlecht: chr  "weiblich" "weiblich" "männlich" "weiblich" ...
 $ stifte    : int  12 7 1 13 18 25 29 1 2 5 ...
 $ geburtsort: chr  "Düren" "Neuss" "Bonn" "Düsseldorf" ...
 $ fahrzeit  : int  1 45 60 25 15 50 40 60 60 40 ...
 $ podcast   : chr  "selten" "selten" "selten" "oft" ...
 $ FahrzeitH : num  0.0167 0.75 1 0.4167 0.25 ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
 - attr(*, "index")= int(0)
  ..- attr(*, "__geschlecht")= int [1:37] 3 8 10 11 13 31 33 34 37 1 ...
```

So können wir auch mittels der `cut()`-Funktion die Daten klassieren, zum Beispiel das Alter:

```
dt[, alterK := cut(alter, breaks=c(0,20,25,30,40,50),
                   ordered=TRUE)]

# anzeigen
str(dt)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  37 obs. of  8 variables:
 $ alter     : int  20 28 41 34 26 38 28 21 27 26 ...
 $ geschlecht: chr  "weiblich" "weiblich" "männlich" "weiblich" ...
 $ stifte    : int  12 7 1 13 18 25 29 1 2 5 ...
 $ geburtsort: chr  "Düren" "Neuss" "Bonn" "Düsseldorf" ...
 $ fahrzeit  : int  1 45 60 25 15 50 40 60 60 40 ...
 $ podcast   : chr  "selten" "selten" "selten" "oft" ...
 $ FahrzeitH : num  0.0167 0.75 1 0.4167 0.25 ...
 $ alterK    : Ord.factor w/ 5 levels "(0,20]"<"(20,25]"<..: 1 3 5 4 3 4 3 2 3 3 ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
 - attr(*, "index")= int(0)
  ..- attr(*, "__geschlecht")= int [1:37] 3 8 10 11 13 31 33 34 37 1 ...
```

Pro Aufruf kann der Walross-Operator nur einmal verwendet werden. Sollen mehrere Variablen verändert oder hinzugefügt werden, steht die `let()`-Funktion bereit. Innerhalb von `let()` werden wie gewohnt *einfache* Gleichheitszeichen verwendet.

```
# mehrere Manipulationen per let()
dt[, let(geschlecht = factor(geschlecht),
         geburtsort = factor(geburtsort),
         podcast = factor(podcast, ordered=TRUE,
                          levels=c("nie", "selten", "manchmal",
                                   "oft", "immer")))]
```

```
# anzeigen
str(dt)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  37 obs. of  8 variables:
 $ alter     : int  20 28 41 34 26 38 28 21 27 26 ...
 $ geschlecht: Factor w/ 2 levels "männlich","weiblich": 2 2 1 2 2 2 2 1 2 1 ...
 $ stifte    : int  12 7 1 13 18 25 29 1 2 5 ...
 $ geburtsort: Factor w/ 26 levels "Bagdad","Bonn",..: 9 21 2 10 8 5 21 7 18 10 ...
 $ fahrzeit  : int  1 45 60 25 15 50 40 60 60 40 ...
 $ podcast   : Ord.factor w/ 5 levels "nie"<"selten"<..: 2 2 2 4 NA 4 4 3 1 1 ...
 $ FahrzeitH : num  0.0167 0.75 1 0.4167 0.25 ...
 $ alterK    : Ord.factor w/ 5 levels "(0,20]"<"(20,25]"<..: 1 3 5 4 3 4 3 2 3 3 ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
 - attr(*, "index")= int(0)
```

Die Änderungen wurden direkt im Objekt `dt` gespeichert.

## 30.10 `data.table` kopieren

Eine weitere wesentliche Eigenschaft von `data.table`-Objekten besteht darin, dass man sie gesondert kopieren muss. Wir eine `data.table` auf klassischem Wege in ein neues Objekt „kopiert“, so erfolgt keine echte Kopie, sondern lediglich ein *symbolischer Link* auf das ursprüngliche Objekt.

```
# weise dt einem neuen Objekt zu
neu <- dt

str(neu)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  37 obs. of  8 variables:
 $ alter     : int  20 28 41 34 26 38 28 21 27 26 ...
 $ geschlecht: Factor w/ 2 levels "männlich","weiblich": 2 2 1 2 2 2 2 1 2 1 ...
 $ stifte    : int  12 7 1 13 18 25 29 1 2 5 ...
 $ geburtsort: Factor w/ 26 levels "Bagdad","Bonn",..: 9 21 2 10 8 5 21 7 18 10 ...
 $ fahrzeit  : int  1 45 60 25 15 50 40 60 60 40 ...
 $ podcast   : Ord.factor w/ 5 levels "nie"<"selten"<..: 2 2 2 4 NA 4 4 3 1 1 ...
 $ FahrzeitH : num  0.0167 0.75 1 0.4167 0.25 ...
 $ alterK    : Ord.factor w/ 5 levels "(0,20]"<"(20,25]"<..: 1 3 5 4 3 4 3 2 3 3 ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
 - attr(*, "index")= int(0)
```

Wir haben das Objekt `dt` nur *scheinbar* in das neue Objekt `neu` kopiert. Wenn wir Änderungen am Objekt `neu` vornehmen, so sind diese auch im Objekt `dt` präsent, weil eben **nicht** kopiert, sondern nur ein *Verweis* erstellt wurde.

```
# erstelle neue Variable in "neu"
neu[, kuckuck := fahrzeit * stifte]
```

```
# die neue Variable ist auch in "dt" enthalten
str(dt)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  37 obs. of  9 variables:
 $ alter     : int  20 28 41 34 26 38 28 21 27 26 ...
 $ geschlecht: Factor w/ 2 levels "männlich","weiblich": 2 2 1 2 2 2 2 1 2 1 ...
 $ stifte    : int  12 7 1 13 18 25 29 1 2 5 ...
 $ geburtsort: Factor w/ 26 levels "Bagdad","Bonn",..: 9 21 2 10 8 5 21 7 18 10 ...
 $ fahrzeit  : int  1 45 60 25 15 50 40 60 60 40 ...
 $ podcast   : Ord.factor w/ 5 levels "nie"<"selten"<..: 2 2 2 4 NA 4 4 3 1 1 ...
 $ FahrzeitH : num  0.0167 0.75 1 0.4167 0.25 ...
 $ alterK    : Ord.factor w/ 5 levels "(0,20]"<"(20,25]"<..: 1 3 5 4 3 4 3 2 3 3 ...
 $ kuckuck   : int  12 315 60 325 270 1250 1160 60 120 200 ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
 - attr(*, "index")= int(0)
```


**Dies ist ein häufiger fataler Anfängerfehler, der zum Datenverlust führen kann!**

Um das Objekt tatsächlich zu kopieren, muss die Funktion `copy()` verwendet werden.

```
# kopieren dt2 nach neu2
neu2 <- copy(dt2)

# anzeigen
str(neu2)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  10 obs. of  4 variables:
 $ Geschlecht: chr  "m" "w" "w" "m" ...
 $ Alter     : int  28 18 25 29 21 19 27 26 31 22
 $ Gewicht   : int  80 55 74 101 84 74 65 56 88 78
 $ Groesse   : int  170 174 183 190 185 178 169 163 189 184
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
```

```
# manipulieren
neu2[, Kuckuck := Groesse/Gewicht]

# dt2 ist unverändert
str(dt2)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  10 obs. of  4 variables:
 $ Geschlecht: chr  "m" "w" "w" "m" ...
```

```
 $ Alter     : int  28 18 25 29 21 19 27 26 31 22
 $ Gewicht   : int  80 55 74 101 84 74 65 56 88 78
 $ Groesse   : int  170 174 183 190 185 178 169 163 189 184
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
```

## 30.11 pipen

Innerhalb von `data.table` kann auch die Pipe verwendet werden. Wird die R-Base-Pipe `|>` verwendet, kann mittels Unterstrich `_` auf den weitergeleiteten Datenstrom zugegriffen werden. Bei der Tidyverse-Pipe (eigentlich von `magrittr`) mit der Zeichenfolge `%>%` muss ein Punkt `.` verwendet werden.

Folgende Aufrufe filtern das `geschlecht` und pipen den Datenstrom weiter. Anschließend wird nach `alter` sortiert.

```
# Daten pipen mit R_Base
dt2[Geschlecht=="m"] |>
  _[order(Alter)]
```

```
   Geschlecht Alter Gewicht Groesse
       <char> <int>   <int>   <int>
1:          m    21      84     185
2:          m    22      78     184
3:          m    28      80     170
4:          m    29     101     190
5:          m    31      88     189
```

```
# Daten pipen mit magrittr
dt2[Geschlecht=="m"] %>%
  .[order(Alter)]
```

```
   Geschlecht Alter Gewicht Groesse
       <char> <int>   <int>   <int>
1:          m    21      84     185
2:          m    22      78     184
3:          m    28      80     170
4:          m    29     101     190
5:          m    31      88     189
```

Oder wir erstellen ein linerares Modell und pipen es an die `summary()`-Funktion weiter.

```
dt2[, lm(Gewicht ~ Groesse)] |>
  summary()
```

```
Call:
lm(formula = Gewicht ~ Groesse)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-14.9024  -3.4756  -0.3902   1.0915  15.0732

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -146.5366    58.3503  -2.511  0.03630 *
Groesse        1.2439     0.3265   3.810  0.00516 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 8.992 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6447,    Adjusted R-squared:  0.6003
F-statistic: 14.51 on 1 and 8 DF,  p-value: 0.005164
```

Wir können den Ausdruck aber auch direkt in die `summary()`-Funktion schreiben.

```
summary(dt2[, lm(Gewicht ~ Groesse)])
```

```
Call:
lm(formula = Gewicht ~ Groesse)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-14.9024  -3.4756  -0.3902   1.0915  15.0732

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -146.5366    58.3503  -2.511  0.03630 *
Groesse        1.2439     0.3265   3.810  0.00516 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 8.992 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6447,    Adjusted R-squared:  0.6003
F-statistic: 14.51 on 1 and 8 DF,  p-value: 0.005164
```

## 30.12 Ergebnisse gruppieren mit by

Über den Paramter by können die Ergebnisse gruppiert werden.

```
# gruppiert nach Geschlecht
dt[, .(Median = median(alter),
       Mittelw = mean(alter),
```

```
       Stdabw = sd(alter)),
   by = geschlecht]
```

```
   geschlecht Median  Mittelw   Stdabw
       <fctr>  <num>    <num>    <num>
1:   weiblich   21.5 24.10714 5.251732
2:   männlich   25.0 29.00000 9.617692
```

Die Ausgabe kann gepipet und weiterverarbeitet werden. In folgendem Beispiel berechnen wir den Variationskoeffizienten ($\frac{\text{sd}}{\bar{x}}$) aus den gruppierten Ergebnissen.

```
dt[, .(Median = median(alter),
       Mittelw = mean(alter),
       Stdabw = sd(alter)),
     by = geschlecht] |>
  # berechnen
  _[, VK := Stdabw / Mittelw] |>
  # anzeigen
  _[]
```

```
   geschlecht Median  Mittelw   Stdabw        VK
       <fctr>  <num>    <num>    <num>     <num>
1:   weiblich   21.5 24.10714 5.251732 0.2178496
2:   männlich   25.0 29.00000 9.617692 0.3316446
```

Bitte beachten Sie, dass wir in diesem Beispiel die Anzeige der Endergebnisse mittels `|> _[]` erzwingen mussten. Dies ist notwendig, wenn per `by` gruppierte Ergebnisse weiter manipuliert werden sollen. `Data.table` speichert Änderungen durch `:=` immer direkt im Objekt, wobei keine Ausgabe der Daten erfolgt. Im vorliegenden Fall von `VK := Stdabw / Mittelw` ist diese Speicherung jedoch nicht möglich (ausgegeben wird ja eh nichts), da sich das Endergebnis nicht mehr auf das ursprüngliche Objekt `dt` bezieht. In diesem Fall ist es (sogar) möglich und üblich, das Ergebnis wie gewohnt in einem neuen Objekt zu **speichern**, ohne dass dabei ein symbolischer Link angelegt wird.

```
neu3 <- dt[, .(Median = median(alter),
               Mittelw = mean(alter),
               Stdabw = sd(alter)),
           by = geschlecht] |>
  _[, VK := Stdabw / Mittelw] |>
  _[]

# anzeigen
neu3
```

```
   geschlecht Median  Mittelw   Stdabw        VK
       <fctr>  <num>    <num>    <num>     <num>
```

```
1:   weiblich   21.5 24.10714 5.251732 0.2178496
2:   männlich   25.0 29.00000 9.617692 0.3316446
```

Wir können den letzten Pipevorgang abkürzen, indem wir einfach eckige Klammern `[]` an unseren Aufruf anhängen.

```
neu4 <- dt[, .(Median = median(alter),
               Mittelw = mean(alter),
               Stdabw = sd(alter)),
            by = geschlecht] |>
  _[, VK := Stdabw / Mittelw][]

# anzeigen
neu4
```

```
   geschlecht Median  Mittelw   Stdabw        VK
       <fctr>  <num>    <num>    <num>     <num>
1:   weiblich   21.5 24.10714 5.251732 0.2178496
2:   männlich   25.0 29.00000 9.617692 0.3316446
```

## 30.13 Weitere Funktionen aus dem `data.table` Paket

Das Paket `data.table` bringt zahlreiche eigene Funktionen mit, um typische Aufgabenstellungen effizienter bearbeiten zu können.

### 30.13.1 Einzigartige bestimmen mit `uniqueN()`

Um zum Beispiel die Anzahl verschiedener Städte innerhalb der Variable `geburtsort` zu bestimmen, können wir auf die paketeigene Funktion `uniqueN()` zurückgreifen:

```
# wieviele unterschiedliche Städte sind in "geburtsort"?
dt[, uniqueN(geburtsort)]
```

```
[1] 26
```

### 30.13.2 Anzahl der Fälle mit `.N`

Mit der Funktion `.N` kann die Anzahl der Fälle ermittelt werden.

```
dt[, .(Anzahl = .N),
       by = geschlecht]
```

```
   geschlecht Anzahl
       <fctr>  <int>
1:   weiblich     28
2:   männlich      9
```

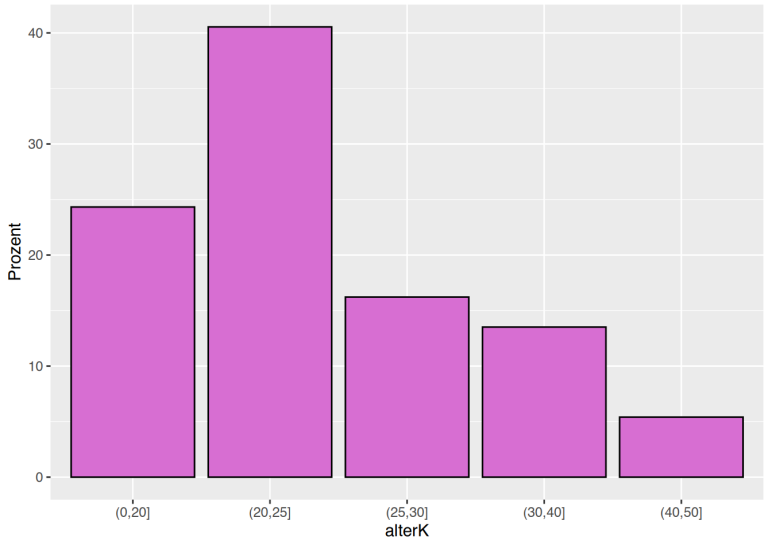
Mit Hilfe von `nrow()` können so prozentuale Anteile berechnet werden.

```
dt[, .(Anzahl = .N,
       Prozent = .N/nrow(dt)*100),
       by = alterK]
```

```
    alterK Anzahl   Prozent
     <ord>  <int>     <num>
1:  (0,20]      9 24.324324
2: (25,30]      6 16.216216
3: (40,50]      2  5.405405
4: (30,40]      5 13.513514
5: (20,25]     15 40.540541
```

Die Ergebnisse können an `ggplot()` weitergereicht werden.

```
# ggplot
library(ggplot2)

dt[, .(Anzahl = .N,
       Prozent = .N/nrow(dt)*100),
       by = alterK] |>
  ggplot(aes(x=alterK, y=Prozent)) +
  geom_col(color="black", fill="orchid")
```



### 30.13.3 Lange Tabelle erzeugen mit melt()

Mit der Funktion melt() können breite Tabellen in lange (tidy) umgewandelt werden, ähnlich wie mit dplyr::pivot_longer(). Zur Demonstration verwenden wir die Pflegetabelle von Isfort -(Isfort et al., 2018).

```
# lade Testdaten
load("https://www.produnis.de/R/data/Pflegeberufe.RData")

# anschauen
Pflegeberufe
```

```
                        1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011   2013
Krankenpflegeassistenz  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517  54371
Altenpflegehilfe        55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978  48363
Kinderkrankenpflege     47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291  48937
Krankenpflege          430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192 472580
Altenpflege            109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304 227154
                         2015
Krankenpflegeassistenz  64127
Altenpflegehilfe        49507
Kinderkrankenpflege     48913
Krankenpflege          476416
Altenpflege            246412
```

Die Tabelle ist nicht *tidy* und liegt im breiten Format vor. Ausserdem ist sie von der Klasse matrix.

```
# wandle um in data.table
pf <- as.data.table(Pflegeberufe, keep.rownames = "Berufsgruppe")

# anzeigen
pf
```

```
            Berufsgruppe   1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011
                  <char>  <num>  <num>  <num>  <num>  <num>  <num>  <num>
1: Krankenpflegeassistenz  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517
2:       Altenpflegehilfe  55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978
3:    Kinderkrankenpflege  47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291
4:          Krankenpflege 430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192
5:            Altenpflege 109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304
     2013   2015
    <num>  <num>
1:  54371  64127
2:  48363  49507
3:  48937  48913
4: 472580 476416
5: 227154 246412
```

Mittels melt() transformieren wir pf in eine lange (tidy) Tabelle. Dabei übergeben wir dem Parameter

- id.vars alle Variabelen, welche „Identifikatoren“ beinhalten. Damit sind alle Spalten gemeint, die keine konkrekten Messwerte enhalten, sondern weitere *bezeichnende* Kennwerte. Klassischer Weise sind dies vor allem die **Zeilen**namen, in unserem Falle also Berufsgruppe. Es können mehrere id.vars mittels c() aneinandergereiht werden.
- measure.vars alle Spalten, welche die eigentlichen Messwerte enthalten, in unserem Falle 1999:2015 (alles außer Berufsgruppe). Wird dieser Parameter leer gelassen, nimmt data.table automatisch alle Spalten, die keine id.vars sind.
- variable.name den Name der neuen Spalte, in welche die Bezeichnungen der measure.vars überführt werden sollen, in unserem Fall Jahr.
- value.name den Name der neuen Spalte, in welche die Werte der measure.vars überführt werden sollen, in unserem Fall Anzahl.

Da wir alle Spalten außer Berufsgruppe *melten* wollen, kann der Parameter measure.vars weggelassen werden.

```
# pf mit melt() tidy machen
pf_tidy <- melt(pf, id.vars = "Berufsgruppe",
                variable.name = "Jahr",
                value.name = "Anzahl")

# anschauen
head(pf_tidy)
```

```
             Berufsgruppe   Jahr Anzahl
                   <char> <fctr>  <num>
1: Krankenpflegeassistenz   1999  16624
2:       Altenpflegehilfe   1999  55770
3:    Kinderkrankenpflege   1999  47779
4:          Krankenpflege   1999 430983
5:            Altenpflege   1999 109161
6: Krankenpflegeassistenz   2001  19061
```

### 30.13.4 Breite Tabelle erzeugen mit dcast()

Mittels dcast() können lange Tabellen wieder in breite Tabellen transformiert werden, so wie bei dplyr::pivot_wider().

Der Aufruf folgt der Semantik:

```
dcast(Bezeichner ~ Spaltenname, value.var = "Wertename")
```

wobei

- Bezeichner die Spalten der id.vars meint.
- Spaltenname die Spalte mit der variable.name meint.
- value.var den Namen der Spalte meint, welche die konkreten Messwerte enthält. Diese muss in Anführungszeichen angegeben werden. Wird dieser Parameter weggelassen, versucht data.table die korrekte Spalte zu erraten (was einfach ist, wenn nur noch eine Spalte übrig bleibt).

```
# wandle pf_tdiy mit dcast() in breite Tabelle
pf_wide <- dcast(pf_tidy, Berufsgruppe ~ Jahr,
                         value.var = "Anzahl")


# anschauen
head(pf_wide)
```

```
Key: <Berufsgruppe>
             Berufsgruppe   1999   2001   2003   2005   2007   2009   2011
                   <char>  <num>  <num>  <num>  <num>  <num>  <num>  <num>
1:            Altenpflege 109161 124879 141965 158817 178902 194195 208304
2:       Altenpflegehilfe  55770  52710  49727  45776  48326  47903  47978
3:    Kinderkrankenpflege  47779  48203  48822  48519  49080  49307  48291
4:          Krankenpflege 430983 436767 444783 449355 457322 465446 468192
5: Krankenpflegeassistenz  16624  19061  19478  21537  27731  36481  46517
     2013   2015
    <num>  <num>
1: 227154 246412
2:  48363  49507
3:  48937  48913
4: 472580 476416
5:  54371  64127
```

### 30.13.5 Subset of Data (.SD)

*Subset of Data* wird in der data.table-Syntax verwendet, um eine Teilmenge der Daten in einer speziellen Umgebung zu referenzieren. Die Funktion hierfür heisst .SD und enthält eine Auswahl an Spalten der data.table, die weiterverarbeitet werden können, z. B. durch Berechnungen oder Transformationen.

.SD ist besonders nützlich, wenn Sie Berechnungen oder Transformationen nur auf bestimmte Spalten anwenden möchten, während die anderen Spalten beibehalten werden sollen.

Schauen wir uns nochmal unser Objekt pf an.

```
str(pf)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  5 obs. of  10 variables:
 $ Berufsgruppe: chr  "Krankenpflegeassistenz" "Altenpflegehilfe" "Kinderkrankenpflege"
"Krankenpflege" ...
 $ 1999        : num  16624 55770 47779 430983 109161
 $ 2001        : num  19061 52710 48203 436767 124879
 $ 2003        : num  19478 49727 48822 444783 141965
 $ 2005        : num  21537 45776 48519 449355 158817
 $ 2007        : num  27731 48326 49080 457322 178902
 $ 2009        : num  36481 47903 49307 465446 194195
 $ 2011        : num  46517 47978 48291 468192 208304
 $ 2013        : num  54371 48363 48937 472580 227154
```

```
 $ 2015        : num  64127 49507 48913 476416 246412
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
```

Nun verwenden wir `.SD`, um für jede Spalte den Mittelwert zu berechnen.

```
pf[, lapply(.SD, mean)]
```

```
   Berufsgruppe     1999   2001   2003     2005     2007     2009     2011
          <num>    <num>  <num>  <num>    <num>    <num>    <num>    <num>
1:           NA 132063.4 136324 140955 144800.8 152272.2 158666.4 163856.4
     2013   2015
    <num>  <num>
1: 170281 177075
```

Der Aufruf `lapply(.SD, mean)` wendet die Funktion `mean` auf jede Spalte in `.SD` an.

#### 30.13.5.1 Verwendung von `.SDcols`

`.SDcols` ist ein optionaler Parameter, mit dem die Spalten, die in `.SD` enthalten sind, gezielt ausgewählt werden können.

Schauen wir uns das Objekt `dt` an.

```
str(dt)
```

```
Classes 'data.table' and 'data.frame':  37 obs. of  9 variables:
 $ alter     : int  20 28 41 34 26 38 28 21 27 26 ...
 $ geschlecht: Factor w/ 2 levels "männlich","weiblich": 2 2 1 2 2 2 2 1 2 1 ...
 $ stifte    : int  12 7 1 13 18 25 29 1 2 5 ...
 $ geburtsort: Factor w/ 26 levels "Bagdad","Bonn",..: 9 21 2 10 8 5 21 7 18 10 ...
 $ fahrzeit  : int  1 45 60 25 15 50 40 60 60 40 ...
 $ podcast   : Ord.factor w/ 5 levels "nie"<"selten"<..: 2 2 2 4 NA 4 4 3 1 1 ...
 $ FahrzeitH : num  0.0167 0.75 1 0.4167 0.25 ...
 $ alterK    : Ord.factor w/ 5 levels "(0,20]"<"(20,25]"<..: 1 3 5 4 3 4 3 2 3 3 ...
 $ kuckuck   : int  12 315 60 325 270 1250 1160 60 120 200 ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
 - attr(*, "index")= int(0)
```

Wir können nun den Median für alle mindestens ordinalskalierten Variablen (`alter`, `stifte`, `fahrzeit`) berechnen, indem wir diese Variablen per `.SDcols` angeben.

```
# Wähle die Spalten aus, die verwendet werden sollen
dt[, lapply(.SD, median), .SDcols=c("alter", "stifte", "fahrzeit")]
```

```
   alter stifte fahrzeit
   <int>  <int>    <int>
1:    22      8       60
```

Dies klappt auch mit Gruppierungen. Wir berechnen die Werte erneut, diesmal aber getrennt nach geschlecht.

```
dt[, lapply(.SD, median),
   by=geschlecht, .SDcols=c("alter", "stifte", "fahrzeit")]
```

```
   geschlecht alter stifte fahrzeit
       <fctr> <num>  <num>    <num>
1:   weiblich  21.5     12       60
2:   männlich  25.0      5       57
```

Auf diese Weise können Spalten auch transformiert werden. Angenommen, wir möchten die Werte für alter und stifte verdoppeln, dann lautet der Aufruf:

```
# Verdopple alter und stifte
dt[, (c("alter", "stifte")) := lapply(.SD, function(x) x*2),
   .SDcols = c("alter", "stifte")]

head(dt)
```

```
   alter geschlecht stifte geburtsort fahrzeit podcast  FahrzeitH  alterK
   <num>     <fctr>  <num>     <fctr>    <int>   <ord>      <num>   <ord>
1:    40   weiblich     24      Düren        1  selten 0.01666667  (0,20]
2:    56   weiblich     14      Neuss       45  selten 0.75000000 (25,30]
3:    82   männlich      2       Bonn       60  selten 1.00000000 (40,50]
4:    68   weiblich     26 Düsseldorf       25     oft 0.41666667 (30,40]
5:    52   weiblich     36   Duisburg       15    <NA> 0.25000000 (25,30]
6:    76   weiblich     50  Dinslaken       50     oft 0.83333333 (30,40]
   kuckuck
     <int>
1:      12
2:     315
3:      60
4:     325
5:     270
6:    1250
```

## 30.14 Cheat Sheet und Übungsaufgaben

Auf GitHub ist ein schöner Cheat-Sheet für data.table vorhanden. Das PDF können Sie unter https://raw.githubusercontent.com/rstudio/cheatsheets/master/datatable.pdf herunterladen.

Des weiteren stehen mit dem *table traineR* ((große Schlarmann, 2025)) eine Reihe an Übungsaufgaben bereit, an denen Sie Ihre `data.table`-Fähigkeiten ausprobieren können, siehe https://www.produnis.de/tabletrainer/.

# 31 weitere Hilfsmittel

## 31.1 Cheatsheets

In `RStudio` ist ein Liste mit "Cheatsheets" enthalten. Ein Cheatsheet (*Schummelzettel*) ist eine Seite, auf der (möglichs) alle wichtigen Befehle zu einem Thema (z.B. LaTeX oder `R` oder `ggplot`) enthalten sind. Diese Seite kann z.B. ausgedruckt und neben den PC bzw. ans Pinnboard geheftet werden. So hat man immer einen guten Überblick über die wichtigsten Befehle oder Funktionen.

Klicken Sie in der Menüzeile von `RStudio` auf `Help` ⇒ `Cheatsheets` , um eine Liste der enthaltenen Cheatsheets zu erhalten. Alle Sheets sind auf dieser Webseite verfügbar: https://www.rstudio.com/resources/cheatsheets/

Folgende Cheatsheets sind besonders empfehlenswert:

- Klassisches R:
  http://github.com/rstudio/cheatsheets/blob/main/base-r.pdf
- Datentransformation mit `dplyr`
  https://raw.githubusercontent.com/rstudio/cheatsheets/master/data-transformation.pdf
- Grafiken erstellen mit `ggplot`
  https://raw.githubusercontent.com/rstudio/cheatsheets/master/data-visualization-2.1.pdf
- `RMarkdown`
  https://raw.githubusercontent.com/rstudio/cheatsheets/master/rmarkdown-2.0.pdf
- `RMarkdown` references
  https://www.rstudio.com/wp-content/uploads/2015/03/rmarkdown-reference.pdf

## 31.2 Youtube

Auf Youtube gibt es zahlreiche Anleitungsvideos zu `R`. In der folgenden Liste möchten wir ein paar sehenswerte Videos vorschlagen.

- `R` und `RStudio` installieren
  https://www.youtube.com/watch?v=X_Mxya2Fis0
- Erste Schritte in `RStudio`
  https://www.youtube.com/watch?v=tyvEHQszZJs
- Einfaches Rechnen und Variablen in `R`
  https://www.youtube.com/watch?v=qOVhiOu_ARs
- Zusatzpakete installieren
  https://www.youtube.com/watch?v=YD8OLpvkHD8
- Intro to the *Tinyverse* (englisch)
  https://www.youtube.com/watch?v=MKwyauo8nSI

Ebenso gibt es empfehlenswerte Playlists:

- "*Statistik in R*" von Björn Walther
  https://www.youtube.com/playlist?list=PLJ8d6dduOfrpqxUw6Y7lGV4SoEkI9gIAi
- „*Statistik mit R*“ von Daniela Keller
  https://www.youtube.com/watch?v=dEsm3PHrAHE&list=PLTMQeIvhjir5BEI7DfSAbTmHREI8Zqpnv
- "*Statistische Methoden 1*" von Florian Heiss
  https://www.youtube.com/playlist?list=PLV0KtPjp4poWkwg73O5ykfWu2mPviYnCq
- offizielle Quarto-Playlist
  https://www.youtube.com/playlist?list=PL9HYL-VRX0oRupficE2l5DGgVIzpypTHs

## 31.3 Freie Lehrbücher

Weitere freie R-Bücher:

- *Einführung in R* von Ellis & Mayer
  https://methodenlehre.github.io/einfuehrung-in-R/
- *R für Psychos* von Burk & Anton
  https://r-intro.tadaa-data.de/book/

## 31.4 Internetforen

- *Deutsches R Forum* http://forum.r-statistik.de/

# 32 Statistik mit R

Dieses Kapitel ist in folgende Bereiche unterteilt:

1. Deskriptive Statistik (Abschnitt 33)
2. Schließende Statistik (Abschnitt 34)

Zu Demonstrationszwecken werden wir in diesem Kapitel auf die Beispieldatensätze `epa`, `mma` , `nw` und `pf8` zurückgreifen, die Sie sich aus dem Internet in Ihre `R`-Session laden können.

```
# lade Datensatz "epa"
load(url("https://www.produnis.de/R/data/epa.RData"))
# lade Datensatz "mma"
load(url("https://www.produnis.de/R/data/mma.RData"))
# lade Datensatz "pf8"
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))
# lade Datensatz "nw"
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

# Wenn Sie das Paket 'jgsbook' installiert haben,
# können Sie auch wie folgt auf die Datensätze zugreifen
epa <- jgsbook::epa
mma <- jgsbook::mma
pf8 <- jgsbook::pf8
nw  <- jgsbook::nw
```

# 33 Deskriptive Statistik

Zur Beschreibung von Verteilungen eigenen sich Tabellen, Lage- und Streuungskenngrößen.

## 33.1 Häufigkeiten

Eine Häufigkeitstabelle wird mit der Funktion `table()` erstellt

```
# Daten erzeugen
x <- c(1, 3, 5, 7, 7, 7, 6, 34)

# Häufigkeitstabelle
table(x)
```

```
x
 1  3  5  6  7 34
 1  1  1  1  3  1
```

Für relative Häufigkeiten teilt man einfach durch die Länge der Variable `x`. So ändert sich der Befehl in:

```
# relative Häufigkeitstabelle
table(x)/length(x)
```

```
x
    1     3     5     6     7    34
0.125 0.125 0.125 0.125 0.375 0.125
```

Kumulierte Häufigkeiten erhält man mit der Funktion `cumsum()`

```
# kumulierte Häufigkeitstabelle
cumsum(table(x))
```

```
 1  3  5  6  7 34
 1  2  3  4  7  8
```

Und entsprechend auch kumulierte relative Häufigkeiten

```
# kumulierte relative Häufigkeitstabelle
cumsum(table(x)/length(x))
```

```
```

```
    1     3     5     6     7    34
0.125 0.250 0.375 0.500 0.875 1.000
```

Eine weitere Option bietet die Funktion `freq()` aus dem `{prettyR}`-Paket. Sie erstellt eine Tabelle mit absoluten und relativen Häufigkeiten sowie relativen Häufikeiten ohne fehlende Wert (`NA`).

```
# Paket "prettyR" installieren
install.packages("prettyR", dependencies=TRUE)

# Paket laden
library(prettyR)

# Häufigkeitstabelle mit absoluten und relative Werten erstellen
freq(x)
```

```
Frequencies for x
        7    1    3    5    6   34   NA
        3    1    1    1    1    1    0
%    37.5 12.5 12.5 12.5 12.5 12.5    0
%!NA 37.5 12.5 12.5 12.5 12.5 12.5
```

Die Funktion `freqTable()` aus dem `{jgsbook}`-Paket erstellt für einen Vektor eine vollständige Häufigkeitstabelle mit absoluten, relativen und kumulierten Werten.

```
# 234 Zufallswerte zwischen 21 und 30
x <- sample(21:30, 234, replace = TRUE)
# Häufigkeitstabelle
jgsbook::freqTable(x)
```

```
   Wert Haeufig Hkum Relativ   Rkum
1    21      19   19    8.12   8.12
2    22      18   37    7.69  15.81
3    23      30   67   12.82  28.63
4    24      23   90    9.83  38.46
5    25      24  114   10.26  48.72
6    26      36  150   15.38  64.10
7    27      15  165    6.41  70.51
8    28      24  189   10.26  80.77
9    29      23  212    9.83  90.60
10   30      22  234    9.40 100.00
```

## 33.2 Lagekenngrößen

Mit dem Befehl `summary()` erhält man eine erste Zusammenfassung der Werteverteilung mit den wichtigsten Lagekenngrößen.

```
# Daten erzeugen
x <- c(1, 3, 5, 7, 7, 7, 6, 34)

# Zusammenfassung
summary(x)
```

```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max. 
   1.00    4.50    6.50    8.75    7.00   34.00 
```

Die Funktion `describe()` aus dem `{psych}`-Zusatzpaket liefert noch detailiertere Übersichten:

```
psych::describe(x)
```

```
   vars n mean    sd median trimmed  mad min max range skew kurtosis   se
X1    1 8 8.75 10.43    6.5    8.75 1.48   1  34    33 1.69     1.35 3.69
```

Das Funktioniert auch bei kompletten Datensätzen.

```
# Zusammenfassung von pf8
psych::describe(pf8)
```

```
               vars   n   mean    sd median trimmed   mad min max range  skew
Standort*         1 731   2.85  1.61      2    2.81  1.48   1   5     4  0.28
Alter             2 730  37.00 18.00     28   34.98 12.60  15  86    71  0.74
Geschlecht*       3 725   1.61  0.49      2    1.63  0.00   1   3     2 -0.40
Größe             4 730 174.04  9.62    173  173.84 10.38 151 206    55  0.26
Gewicht           5 720  75.53 16.88     73   73.93 16.31  45 175   130  1.12
Bildung*          6 506   4.88  1.77      5    4.98  2.97   1   7     6 -0.39
Beruf*            7 731  40.42 37.04     34   38.58 48.93   1 104   103  0.26
Familienstand*    8 729   2.11  1.12      2    1.99  1.48   1   6     5  0.83
Kinder            9 727   0.38  0.79      0    0.18  0.00   0   5     5  2.19
Wohnort*         10 729   1.41  0.49      1    1.39  0.00   1   2     1  0.36
Rauchen*         11 729   1.21  0.40      1    1.13  0.00   1   2     1  1.45
SportHäufig      12 677   2.56  1.88      2    2.41  1.48   0  21    21  1.91
SportMinuten     13 667  62.42 40.14     60   60.47 44.48   0 400   400  1.53
SportWie*        14 656   1.64  0.69      2    1.55  1.48   1   3     2  0.62
SportWarum*      15 454   3.75  1.64      4    3.49  1.48   1   8     7  1.06
LebenZufrieden   16 724   7.91  1.59      8    8.07  1.48   1  11    10 -1.10
               kurtosis   se
Standort*         -1.53 0.06
Alter             -0.70 0.67
Geschlecht*       -1.75 0.02
Größe             -0.26 0.36
Gewicht            2.40 0.63
Bildung*          -1.26 0.08
Beruf*            -1.55 1.37
```

```
Familienstand*     0.48 0.04
Kinder             4.45 0.03
Wohnort*          -1.87 0.02
Rauchen*           0.11 0.01
SportHäufig       12.75 0.07
SportMinuten       8.64 1.55
SportWie*         -0.77 0.03
SportWarum*        0.79 0.08
LebenZufrieden     1.86 0.06
```

Die Lagewerte lassen sich auch einzeln bestimmen.

Mit der Funktion `min()` wird das Minimum der Verteilung ausgegeben.

```
# Minimum bestimmen
min(x)
```

```
[1] 1
```

Dementsprechend liefert `max()` das Maximum.

```
# Maximum bestimmen
max(x)
```

```
[1] 34
```

Die Spannweite wird mit `range()` abgefragt.

```
# Spannweite bestimmen
range(x)
```

```
[1]  1 34
```

Das arithmetische Mittel wird mit der Funktion `mean()` bestimmt

```
# x-quer bestimmen
mean(x)
```

```
[1] 8.75
```

Sind fehlende Werte in der Reihe enthalten, gibt `R` nur `NA` zurück.

```
#  mean für "Gewicht" im Datensatz "pf8"
mean(pf8$Gewicht)
```

```
[1] NA
```

Beheben kann man dies, indem der Parameter `na.rm` auf `TRUE` gesetzt wird.

```
#  mean für "Gewicht" im Datensatz "pf8"
# entferne NAs
mean(pf8$Gewicht, na.rm=TRUE)
```

```
[1] 75.5325
```

Der Median wird mit der Funktion `median()` ermittelt.

```
# Median bestimmen
median(x)
```

```
[1] 6.5
```

Auch hier müssen enthaltene `NA`s ausgeblendet werden:

```
# Median bestimmen, OHNE NAs
median(pf8$Gewicht, na.rm=TRUE)
```

```
[1] 73
```

In den `R`-Hausmitteln existiert keine eigene Funktion zur Bestimmung des Modalwertes. Wir können ihn daher „auf Umwegen“ bestimmen. Wir lassen mittels `table()` eine Häufigkeitstabelle der Variable ausgeben. Diese sortieren wir mittels `sort()` absteigend. Der Modus ist dann der erste Wert der sortierten Tabelle.

```
# Daten als Häufigkeitstabelle
table(x)
```

```
x
 1  3  5  6  7 34
 1  1  1  1  3  1
```

```
# absteigend sortieren
sort(table(x), decreasing=TRUE)
```

```
x
 7  1  3  5  6 34
 3  1  1  1  1  1
```

```
# Modalwert
sort(table(x), decreasing=TRUE)[1]
```

```
 7
 3
```

Es ist der Wert `7` und er kommt 3 mal vor.

Eine weitere Möglichkeit bietet das Zusatzpaket `{statip}`. Es enthält die Funktion `mfv()`, mit welcher der Modalwert bestimmt werden kann.

```
# Daten als Häufigkeitstabelle
library(statip)

# Modalwert bestimmen
mfv(x)
```

```
[1] 7
```

```
# bzw. auch
statip::mfv(x)
```

```
[1] 7
```

Die vier Quartile werden mit der Funktion `quantile()` ermittelt (ja, der Befehl für Qua**r**tile heisst in `R` qua**n**tile()).

```
# Quartile bestimmen, ohne NAs
quantile(x, na.rm=T)
```

```
  0%  25%  50%  75% 100%
 1.0  4.5  6.5  7.0 34.0
```

Es lassen sich beliebige Quantile berechnen.

```
# Quartile bestimmen, ohne NAs
quantile(x, probs = c(.333, .666))
```

```
33.3% 66.6%
5.331 7.000
```

Und auch die Art der Berechnung lässt sich über den Parameter `type` festlegen. Beispielsweise verwendet `type=6` die Methode von SPSS.

```
# Quartile bestimmen, ohne NAs
# so wie SPSS
quantile(x, probs = c(.333, .666), type=6)
```

```
33.3% 66.6%
4.994 7.000
```

Die Schiefe der Verteilung (Skewness) kann mittels `skew()` aus dem `{psych}`-Paket bestimmt werden. Ein positiver Wert bedeutet eine rechtsschiefe Verteilung, ein negativer Wert eine linksschiefe Verteilung.

```
psych::skew(x, type=2) # rechne wie SPSS oder SAS
```

```
[1] 2.577408
```

Ebenso enthält das Paket die Funktion `kurtosi()`, mit welcher die „Spitzigkeit“ der Verteilung bestimmt werden kann.

```
psych::kurtosi(x, type=2) # rechne wie SPSS oder SAS
```

```
[1] 7.020852
```

## 33.3 Streuungskenngrößen

Die wichtigste Streuungskenngröße ist wahrscheinlich die Standardabweichung. Sie wird mittels der Funktion `sd()` bestimmt.

```
# Standardabweichung bestimmen
sd(x, na.rm=T)
```

```
[1] 10.43004
```

Die Varianz der Stichprobe wird mit `var()` berechnet.

```
# Varianz von x bestimmen
var(x, na.rm=T)
```

```
[1] 108.7857
```

Der Interquartilsabstand (oder einfach nur Quartilsabstand) wird mit der Funktion `IQR()` bestimmt.

```
# Quartilsabstand bestimmen
IQR(x, na.rm=T)
```

```
[1] 2.5
```

Ebenso wie bei quantile() lässt sich über den Parameter `type` die Berechnungsart ändern. Mit `type=6` nutzt `R` die Methode wie in `SPSS`:

```
# Quartilsabstand bestimmen
# Methode wie in SPSS
IQR(x, na.rm=T, type=6)
```

```
[1] 3.5
```

## 33.4 Kreuztabellen

Mit der Funktion `table()` lassen sich auch Kreuztabellen erstellen, indem einfach beide Variablen übergeben werden.

```
# erzeuge Daten
Punktwert <- c(2 , 12 , 7 , 15 , 10 , 4 , 13 , 9 , 16 , 19)
Geschlecht <- rep(c("maennlich" , "weiblich") ,5)

# Kreuztabelle
table(Punktwert, Geschlecht)
```

```
         Geschlecht
Punktwert maennlich weiblich
       2         1        0
       4         0        1
```

```
      7          1        0
      9          0        1
      10         1        0
      12         0        1
      13         1        0
      15         0        1
      16         1        0
      19         0        1
```

Ebenso steht die Funktion `xtabs()` zur Verfügung.

```
# Kreuztabelle mit "xtabs()"
xtabs(~ Punktwert + Geschlecht)
```

```
         Geschlecht
Punktwert maennlich weiblich
       2          1        0
       4          0        1
       7          1        0
       9          0        1
       10         1        0
       12         0        1
       13         1        0
       15         0        1
       16         1        0
       19         0        1
```

Siehe Abschnitt 37.1 für weitere Beispiele zur Kreuztabelle.

## 33.5 z-Transformation

Die z-Transformation erfolgt mit der Funktion `scale()`.

```
# Wertereihe
Punktwerte <- c(2 , 12 , 7 , 15 , 10 , 4 , 13 , 9 , 16 , 19)

# z-Transformation
scale(Punktwerte)
```

```
            [,1]
 [1,] -1.6183421
 [2,]  0.2418212
 [3,] -0.6882604
 [4,]  0.7998702
 [5,] -0.1302114
 [6,] -1.2463094
```

```
 [7,]  0.4278376
 [8,] -0.3162278
 [9,]  0.9858866
[10,]  1.5439356
attr(,"scaled:center")
[1] 10.7
attr(,"scaled:scale")
[1] 5.375872
```

Hierbei berechnet `scale()` automatisch Mittelwert und Standardabweichung der übergebenen Werte. In der Ausgabe erkennen Sie diese unter `attr(,"scaled:center")` (in unserem Fall 10.7) und `attr(,"scaled:scale")` (in unserem Fall 5.375872).

Über die Parameter `center` und `scale` können Mittelwert und Standardabweichung aber auch beliebig spezifiziert werden.

```
scale(Punktwerte, center=15, scale=3)
```

```
           [,1]
 [1,] -4.3333333
 [2,] -1.0000000
 [3,] -2.6666667
 [4,]  0.0000000
 [5,] -1.6666667
 [6,] -3.6666667
 [7,] -0.6666667
 [8,] -2.0000000
 [9,]  0.3333333
[10,]  1.3333333
attr(,"scaled:center")
[1] 15
attr(,"scaled:scale")
[1] 3
```

Das Ergebnis ist ein `matrix`-Objekt. Wenn Sie nur den z-Wert als numerischen Wert ausgeben möchten, kann die `as.numeric()`-Funktion verwendet werden.

```
# gebe nur die z-Werte aus
as.numeric(scale(Punktwerte))
```

```
[1] -1.6183421  0.2418212 -0.6882604  0.7998702 -0.1302114 -1.2463094
[7]  0.4278376 -0.3162278  0.9858866  1.5439356
```

## 33.6 Korrelation

Die allgemeine Funktion zur Berechnung von Korrelationen heisst `cor()`. Die Korrelation nach Pearson berechnet sich mit der Funktion `cor()` und deren Parameter `method="pearson"`.

```
# erzeuge Daten
Lesetest <- c(2 , 12 , 7 , 15 , 10 , 4 , 13 , 9 , 16 , 19)
Rechtschreibung <- c(3 , 14 , 9 , 17 , 12 , 4 , 16 , 12 , 18 , 20)

# Pearson Maßkorrelationskoeffizient
cor(Lesetest, Rechtschreibung, method="pearson")
```

```
[1] 0.9884616
```

Mit der Funktion cor.test() kann direkt ein Siginifkanztest mitgefahren werden

```
# Pearson Maßkorrelationskoeffizient
# mit Signifikanztest
cor.test(Lesetest, Rechtschreibung, method="pearson")
```

```
 Pearson's product-moment correlation

data:  Lesetest and Rechtschreibung
t = 18.458, df = 8, p-value = 7.648e-08
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.9502085 0.9973659
sample estimates:
      cor
0.9884616
```

Sollten fehlende Wert (`NA`) enthalten sein, gibt der Befehl nur ein `NA` zurück.

```
# Pearson Maßkorrelationskoeffizient
# mit Datensatz "pf8", da sind NAs enthalten!!!
cor(pf8$Alter, pf8$Größe, method="pearson")
```

```
[1] NA
```

Mit dem Parameter `use="complete.obs"` (*nutze nur vollständige Beobachtungen*) können wir dies beheben.

```
# Pearson Maßkorrelationskoeffizient
# mit Datensatz "pf8", verwende nur "komplette" Daten (ohne NA)
cor(pf8$Alter, pf8$Größe, method="pearson", use="complete.obs")
```

```
[1] -0.1067484
```

Für die Korrelationsberechnung nach Spearmen (*Spearman's* $\rho$) wird der Parameter `method` auf `spearman` gesetzt.

```
# Spearman's Korrelationsberechnung
cor(Lesetest, Rechtschreibung, method="spearman")
```

```
[1] 0.9969651
```

Auch hier müssen `NA`s mit dem Parameter `use="complete.obs"` unterdrückt werden.

```
# Spearman's Rho
# mit Datensatz "pf8", verwende nur "komplette" Daten (ohne NA)
cor(pf8$Alter, pf8$Größe, method="spearman", use="complete.obs")
```

```
[1] -0.05920716
```

Auch für Spearman's Rho kann ein Signifikanztest mitgefahren werden, indem `cor.test()` aufgerufen wird.

```
# Spearman's Korrelationsberechnung
# mit Signifikanztest
cor.test(Lesetest, Rechtschreibung, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(Lesetest, Rechtschreibung, method = "spearman"):
## Kann exakten p-Wert bei Bindungen nicht berechnen

##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  Lesetest and Rechtschreibung
## S = 0.50076, p-value = 3.698e-10
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## 0.9969651
```

Die Warnmeldung kann ignoriert werden, der p-Wert wird in der Ausgabe angezeigt.

Da `cor.test()` ein Objekt der Klasse `Liste` zurückliefert, kann auf die einzelnen Komponenten des Tests zugegriffen werden.

```
# schreibe Testergebnis in Variable "test"
test <- cor.test(Lesetest, Rechtschreibung, method="spearman")
```

```
# zeige nur p-Wert an
test$p.value
```

```
[1] 3.698093e-10
```

```
# zeige nur Teststatistik an
test$statistic
```

```
        S
0.5007599
```

```
# zeige nur Spearmans's Rho an
test$estimate
```

```
      rho
0.9969651
```

# 34 Schließende Statistik

## 34.1 Regressionen

Die Funktion zur Berechnung linearer Regressionen ist `lm()` (für „linear model“). Sie folgt der Syntax *x erklärt durch y*, was durch eine Tilde `~` ausgedrückt wird.

```
# erzeuge Daten
Lesetest <- c(2 , 12 , 7 , 15 , 10 , 4 , 13 , 9 , 16 , 19)
Rechtschreibung <- c(3 , 14 , 9 , 17 , 12 , 4 , 16 , 12 , 18 , 20)

# lineare Regression "Rechtschreibung erklärt durch Lesetest"
lm(Rechtschreibung~Lesetest)
```

```
Call:
lm(formula = Rechtschreibung ~ Lesetest)

Coefficients:
(Intercept)     Lesetest
      1.208        1.055
```

Hierbei ist `Intercept` der Schnitt durch die Y-Achse.

Die Formel der Modellgeraden lautet also $y = 1,208 + 1,055 \cdot x$.

Wenn Sie über den Parameter `data` das Datenframe angeben, können Sie auf die Variablen referenzieren, ohne `$` verwenden zu müssen.

```
# lade Testdaten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

# entweder Variablen per "$" referenzieren
lm(nw$workyear ~ nw$worknight)
```

```
Call:
lm(formula = nw$workyear ~ nw$worknight)

Coefficients:
 (Intercept)  nw$worknight
      9.9143        0.8291
```

```
# oder Datenframe mit angeben
lm(workyear ~ worknight, data=nw)
```

```
```

```
Call:
lm(formula = workyear ~ worknight, data = nw)

Coefficients:
(Intercept)    worknight
     9.9143       0.8291
```

Es ist üblich, Modelle in ein Objekt zu speichern und über die `summary()`- Funktion aufzurufen. Die Informationen der Modellzusammenfassung sind so detailierter.

```
# speichere Modell in "fit"
fit <- lm(workyear~worknight, data=nw)
# schaue mit "summary()" an
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = workyear ~ worknight, data = nw)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-12.889  -5.743  -2.351   3.660  26.427

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  9.91425    0.74088   13.38   <2e-16 ***
worknight    0.82912    0.05958   13.91   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 7.463 on 274 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4141, Adjusted R-squared:  0.4119
F-statistic: 193.6 on 1 and 274 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

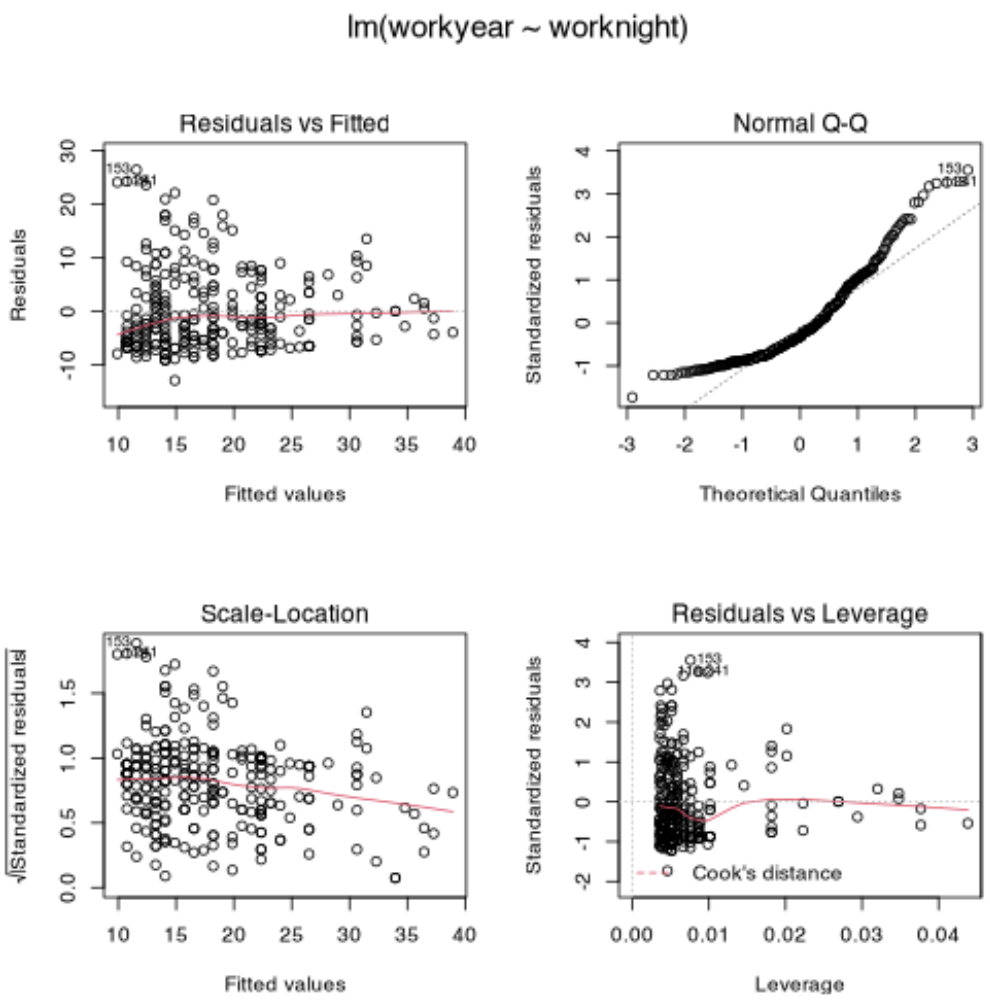
Außerdem lässt sich das Modell so leicht plotten.

```
plot(fit)
```

Dies erzeugt insgesamt 4 Plots (Residualplot, Q-Q, Scale-Location und Einfluss). Durch drücken der `[Enter]`-Taste schalten Sie zum nächsten Plot weiter.

Sie können aber auch alle 4 Plots in einem ausgeben lassen.

```
# plotte alle 4 auf einer Seite
par(mfrow = c(2, 2), oma = c(0, 0, 2, 0))
plot(fit)
```

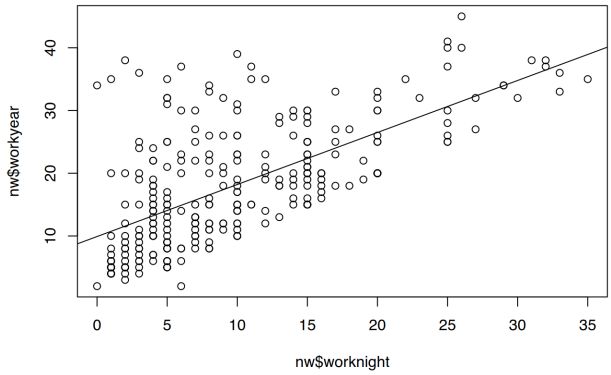



Denken Sie aber daran, anschließend die Plotausgabe wieder zurückzusetzen:

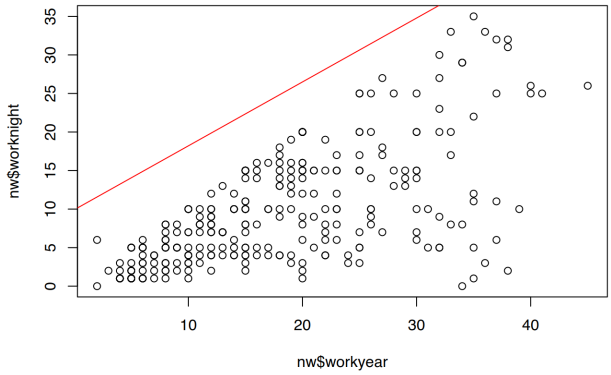
```
par(mfrow = c(1, 1))
```

Die Regressionsgerade lässt sich mittels `abline()` der Punktwolke hinzufügen. Achten Sie dabei auf die jeweils korrekte Zuordnung von `x` und `y`. Beim Plotten muss `x, y` verwendet werden, bei der Regressiongerade ist es `y ~ x`.

```
# so ist es richtig
plot(nw$worknight, nw$workyear)
abline(lm(nw$workyear ~ nw$worknight))
```




```
# so ist es FALSCH
plot(nw$workyear, nw$worknight)
abline(lm(nw$workyear ~ nw$worknight), col="red")
```




Mit der Funktion `predict()` lassen sich nun für jedes `x` die entsprechenden `y`-Werte des Modells bestimmen (vorhersagen). Der Funktion wird das gefittete Objekt übergeben, sowie eine Liste der gewünschten Prädiktorenwerte.

```
# erstelle Modell
fit <- lm(workyear ~ worknight, data=nw)
# sage workyear für worknight=7 vorher
predict(fit, list(worknight=7))
```

```
       1
15.71809
```

Für `worknight=7` wird `workyear=15` vorhergesagt.

### 34.1.1 multiple lineare Regressionen

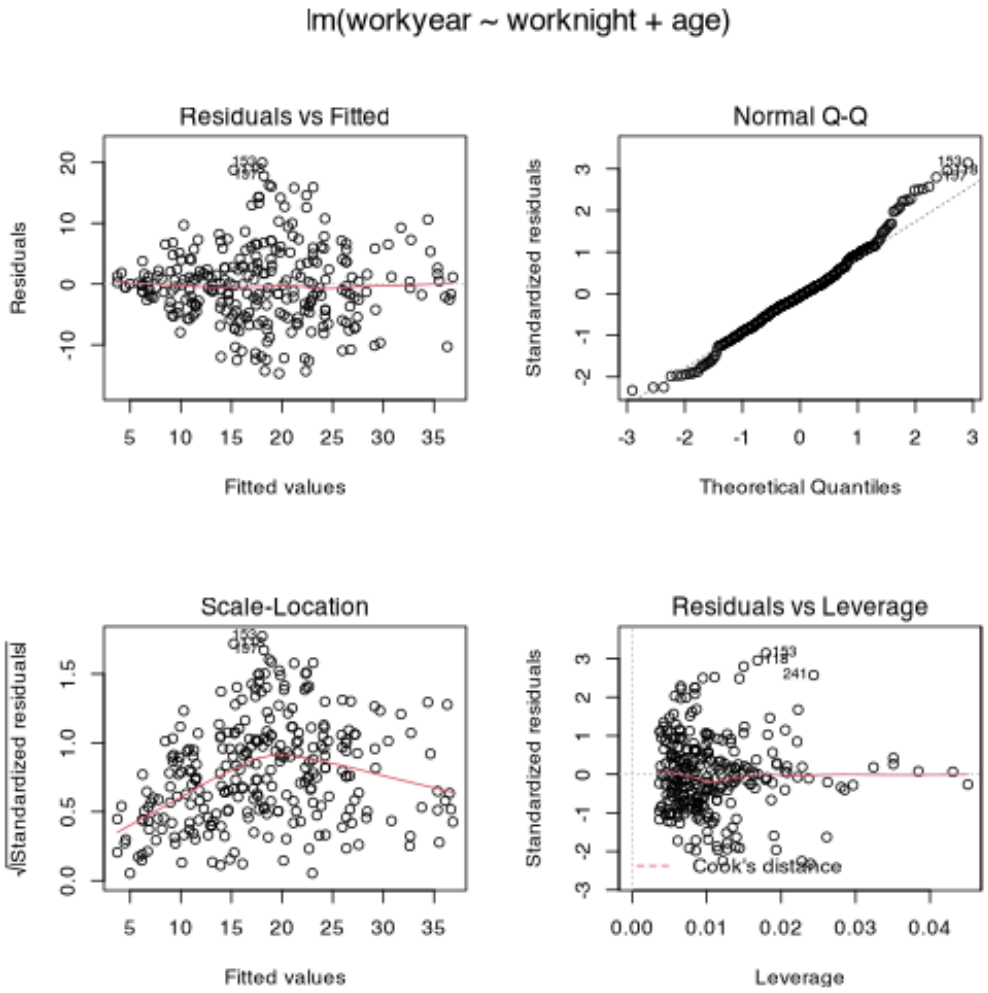
Multiple lineare Regressionen werden ebenfalls mit der Funktion `lm()` berechnet. Hierbei werden die erklärenden Variablen per `+` Zeichen aneinandergereiht.

```
# multiple lineare Regression
# "workyear" erklärt durch "worknight" UND "age"
fit <- lm(workyear ~ worknight+age, data=nw)
summary(fit)#
```

```
Call:
lm(formula = workyear ~ worknight + age, data = nw)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-14.7077  -3.9748  -0.3066   3.5936  19.9569

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -5.99856    1.72557  -3.476 0.000591 ***
worknight    0.57707    0.05714  10.100  < 2e-16 ***
age          0.41614    0.04195   9.921  < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 6.41 on 273 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.5693, Adjusted R-squared:  0.5662
F-statistic: 180.5 on 2 and 273 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Ebenfalls können hier die 4 Plots erzeugt werden.

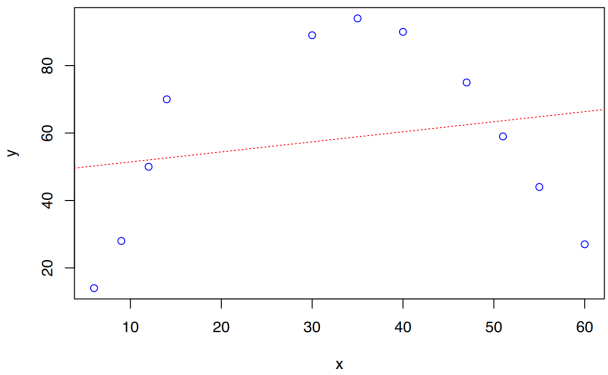
```
# plotte alle 4 auf einer Seite
par(mfrow = c(2, 2), oma = c(0, 0, 2, 0))
plot(fit)
par(mfrow = c(1, 1))
```




### 34.1.2 nicht-lineare Regression

Häufig folgen die vorhandenen Daten keinem linearen Zusammenhang.

```
# erzeuge dummy-Werte
x <- c(6, 9, 12, 14, 30, 35, 40, 47, 51, 55, 60)
y <- c(14, 28, 50, 70, 89, 94, 90, 75, 59, 44, 27)

# Plotte die Daten mit Regressionsgeraden
plot(x, y, col="blue")
abline(lm(y~x), col="red", lty=3)
```




Das Aussehen des Plots lässt schon erahnen, dass kein linearer Zusammenhang vorliegt. Wenn wir ein lineares Modell auf die Daten fitten, ist $R^2$ sehr niedrig.

```
# Modell fitten
fit <- lm(y~x)
# Modelldaten ausgeben
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = y ~ x)

Residuals:
   Min     1Q Median     3Q    Max
-39.34 -21.99  -2.03  23.50  35.11

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  48.4531    17.3288   2.796   0.0208 *
x             0.2981     0.4599   0.648   0.5331
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 28.72 on 9 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.0446, Adjusted R-squared:  -0.06156
F-statistic: 0.4201 on 1 and 9 DF,  p-value: 0.5331
```

$R^2$ ist hier 0,0446, was bedeutet, dass nur 4% der Daten durch das Modell erklärt werden können.

Das Plot legt nahe, dass ein quadratischer Zusammenhang besteht, denn die Punkte scheinen einer Parabel zu folgen. Die Formel einer quadratischen Funktion lautet vereinfacht $y = x^2 + x$. Den rechten Teil der Formel müssen wir innerhalb von `lm()` verwenden. Wir können die Formel nicht *direkt* in `lm()` schreiben, weil innerhalb von `lm()` nach dem ~-Zeichen keine weiteren Rechenoperationen möglich sind. Das liegt daran, dass die Prädiktoren mittels `+` und `-` übergeben werden. Unser Trick besteht nun darin, die Formel in die `I()`-Funktion einzupacken:

```r
# Modell erstellen mit quadratischer Formel
fit <- lm(y ~ x + I(x^2))
# Modellwerte ausgeben
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = y ~ x + I(x^2))

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-6.2484 -3.7429 -0.1812  1.1464 13.6678

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -18.25364    6.18507  -2.951   0.0184 *
x             6.74436    0.48551  13.891 6.98e-07 ***
I(x^2)       -0.10120    0.00746 -13.565 8.38e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 6.218 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9602, Adjusted R-squared:  0.9502
F-statistic: 96.49 on 2 and 8 DF,  p-value: 2.51e-06
```

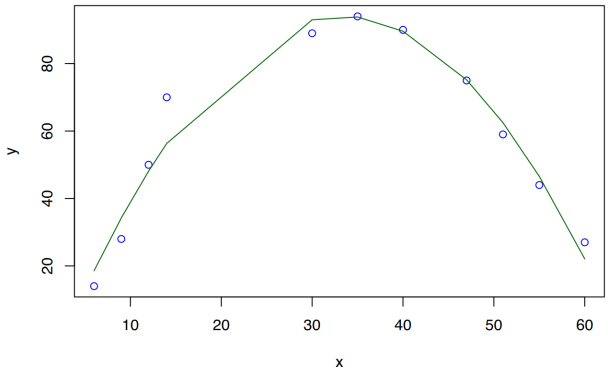
$R^2$ liegt nun bei 0,9602, was bedeutet, dass 96% der Daten durch das Modell erklärt werden können. Die Funktionsformel lautet

$$y = -0,10120 \cdot x^2 + 6,74436 \cdot x - 18,25364$$

.

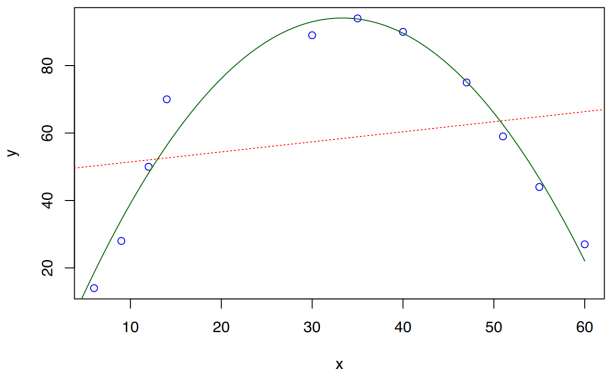
Mit der Funktion `predict()` lassen sich nun für jedes `x` die entsprechenden `y`-Werte des Modells bestimmen (vorhersagen). Der Funktion wird das gefittete Objekt übergeben, sowie eine Liste der gewünschten Prädiktorenwerte. Die so erzeugten Modellwerte können dann ins Plot gezeichnet werden.

```r
vorhersage <- predict(fit, list(x=x))
plot(x, y, col="blue")
lines(x, vorhersage, col='darkgreen')
```




Um eine *schöne* Parabel zu zeichnen, haben wir zu wenige `x`-Werte. Daher erstellen wir einen neuen Vektor, der kontinuierliche Werte für `x` enthält. Mit diesem können wir dann die entsprechenden (vielen) `y`-Werte mittels `predict()` bestimmen und in das Plot einzeichnen. So entsteht - bei genügend Werten - eine schöne Modellparabel.

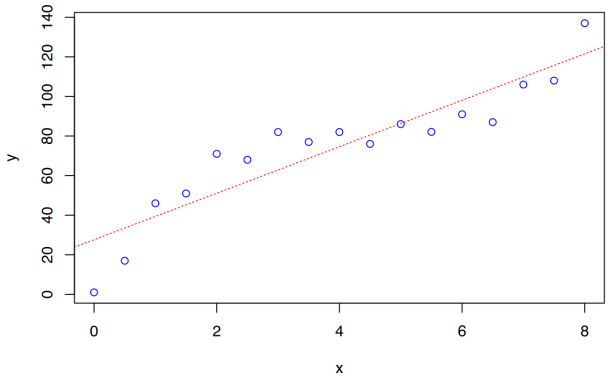
```
# Erstelle kontinuierliche Werte
# für x von 0 bis 60
xref <- seq(0, 60, 0.1)
# berechne dazugehörige y-Modellwerte
yref <- predict(fit, list(x = xref))

# Plotten
plot(x, y, col="blue")
# Modell-Parabel einzeichnen
lines(xref, yref, col='darkgreen')
abline(lm(y~x), col="red", lty=3)
```



#### 34.1.2.1 Funktionen höherer Ordnung

Wird ein Zusammenhang mit einer Funktion höherer Ordnung vermutet, gehen wir analog zur quadratischen Funktion vor. In diesem Beispiel nehmen wir an, der Zusammenhang ließe sich vereinfacht durch die Formel $y = x^3 + x^2 + x$ beschreiben. Die Daten verhalten sich wie folgt:

```
# erzeuge Testwerte
x <- c(0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 0.5, 1.5, 2.5, 3.5, 4.5, 5.5, 6.5, 7.5)
y <- c(1, 46, 71, 82,  82,  86,  91, 106, 137,  17,  51,  68, 77,  76,  82.1,  87, 108)

# plotten
plot(x, y, col="blue")

# falsche Regressionsgerade
abline(lm(y~x), col="red", lty=3)
```




```
summary(lm(y~x))
```

```
Call:
lm(formula = y ~ x)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-26.6471  -7.6728  -0.3309   8.2743  19.8794

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   27.647      6.387   4.329 0.000596 ***
x             11.737      1.362   8.619  3.4e-07 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 13.75 on 15 degrees of freedom
```

```
Multiple R-squared:  0.832, Adjusted R-squared:  0.8208
F-statistic: 74.29 on 1 and 15 DF,  p-value: 3.398e-07
```

Die Regressionsgerade beschreibt die Daten nicht gut, aber das $R^2$ des linearen Modells ist mit 0,832 recht hoch. Das Modell beschreibt also 83% der vorhandenen Daten.

Versuchen wir nun, die Funktion dritten Grades ins Modell zu übernehmen. Wie bei den quadratischen Funktionen müssen wir die Werte für $x^3$ und $x^2$ in `I()`-Funktionen einwickeln, die wir dann als Prädiktoren innerhalb von `lm()` übergeben.

```
# Modell fitten
fit <- lm(y ~ x + I(x^2) + I(x^3))
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = y ~ x + I(x^2) + I(x^3))

Residuals:
   Min     1Q Median     3Q    Max
-7.038 -4.905  1.872  4.254  5.005

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  -2.0945     4.0612  -0.516    0.615
x            55.5108     4.5344  12.242 1.64e-08 ***
I(x^2)      -12.6470     1.3414  -9.428 3.55e-07 ***
I(x^3)        0.9771     0.1101   8.876 7.04e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 5.14 on 13 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9797, Adjusted R-squared:  0.975
F-statistic: 208.8 on 3 and 13 DF,  p-value: 3.038e-11
```

Das $R^2$ liegt bei 0,9797, was bedeutet, dass knapp 98% der Daten durch unser Modell erklärt werden können. Dieses Modell ist also wesentlich besser als das zuvor berechnete lineare Modell. Die Modellformel lautet

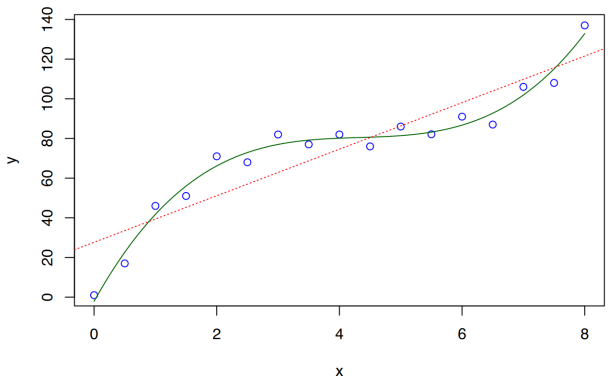
$$y = 0,9772 \cdot x^3 - 12,647 \cdot x^2 + 55,5108 \cdot x - 2,0945$$

.

Um die Funktionskurve des Modells in das Plot zu zeichnen, erstellen wir zunächst einen neuen Vektor, der kontinuierliche Werte für `x` enthält. Über die Funktion `predict()` können dann die Modellwerte für `y` berechnet werden.

```
# Erstelle kontinuierliche Werte
# für x von 0 bis 8
xref <- seq(0, 8, 0.1)
# berechne dazugehörige y-Modellwerte
```

```
yref <- predict(fit, list(x = xref))

# Plotten
plot(x, y, col="blue")
# Modell-Parabel einzeichnen
lines(xref, yref, col='darkgreen')
abline(lm(y~x), col="red", lty=3 )
```

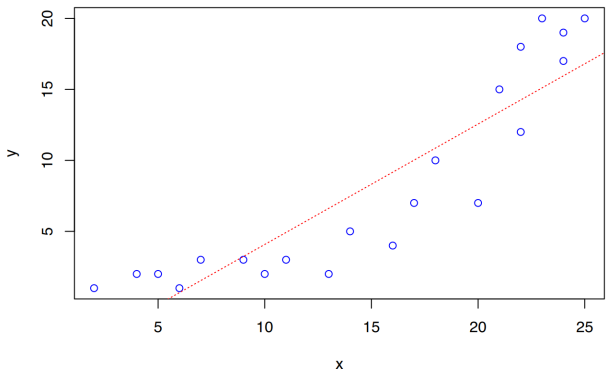



#### 34.1.2.2 Exponentialfunktion

Wird ein exponentieller Zusammenhang vermutet, gehen wir analog zur quadratischen Regression vor.

In diesem Beispiel nehmen wir an, der Zusammenhang ließe sich vereinfacht durch die Formel $y = a^x$ beschreiben. Die Daten verhalten sich wie folgt:

```
# Testdaten
x <- c(2, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 13, 14, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 22, 23, 24, 24, 25)
y <- c(1, 2, 2, 1, 3, 3, 2, 3, 2, 5, 4, 7, 10, 7, 15, 12, 18, 20, 17, 19, 20)

# plotten
plot(x, y, col="blue")
# falsche Regressionsgerade
abline(lm(y~x), col="red", lty=3)
```




```
# lineares Modell
summary(lm(y~x))
```

```
Call:
lm(formula = y ~ x)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-5.5601 -2.2566  0.3153  3.0118  4.8952

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -4.40475    1.60736  -2.740    0.013 *
x            0.84824    0.09688   8.756 4.27e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 3.236 on 19 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8014, Adjusted R-squared:  0.7909
F-statistic: 76.67 on 1 and 19 DF,  p-value: 4.275e-08
```

Die Regressionsgerade beschreibt die Daten nicht gut, aber das $R^2$ des linearen Modells ist mit 0,8014 recht hoch. Das Modell beschreibt also 80% der vorhandenen Daten.

Versuchen wir nun, die Exponentialfunktion ins Modell zu übernehmen. Hierfür fitten wir das Modell nicht auf y, sondern auf den natürlichen Logarithmus yon y.

```
# Modell fitten
fit <- lm(log(y) ~ x)
summary(fit)
```

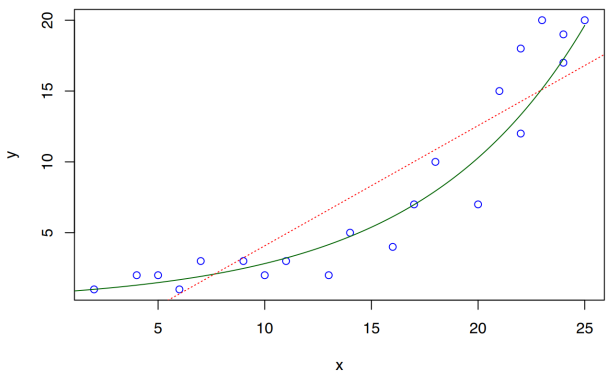
```
Call:
lm(formula = log(y) ~ x)
```

```
Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.73254 -0.10440  0.01856  0.24804  0.44867

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -0.25510    0.16442  -1.551    0.137
x            0.12929    0.00991  13.047 6.23e-11 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.331 on 19 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8996, Adjusted R-squared:  0.8943
F-statistic: 170.2 on 1 and 19 DF,  p-value: 6.232e-11
```

Mit $R^2 = 0{,}8996$ beschreibt das Modell die Daten besser, als das zuvor erstellte lineare Modell. Die Funktionsformel lautet $\ln(y) = 0,12929 \cdot x - 0,2551$.

Um die Funktionskurve des Modells in das Plot zu zeichnen, erstellen wir zunächst einen neuen Vektor, der kontinuierliche Werte für `x` enthält. Über die Funktion `predict()` können dann die Modellwerte für `y` berechnet werden. Da wir das Modell auf `log(y)` gefittet haben, müssen die Werte von `predict()` mittels `exp()` umgewandelt werden.

```
# Erstelle kontinuierliche Werte
# für x von 0 bis 8
xref <- seq(0, 25, 0.1)
# berechne dazugehörige y-Modellwerte
yref <- exp(predict(fit, list(x = xref)))

# Plotten
plot(x, y, col="blue")
# Modell-Parabel einzeichnen
lines(xref, yref, col='darkgreen')
abline(lm(y~x), col="red", lty=3 )
```



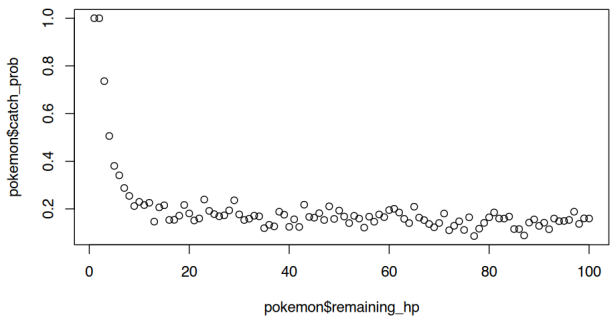
#### 34.1.2.3 Sigmoidalfunktion

Auch für sigmoidale Verteilungen können wir ähnlich wie in den vorherigen Kapiteln vorgehen. Als Beispieldatensatz verwenden wir die (ausgedachte) Fangwahrscheinlichkeiten für Pokémons in Abhängigkeit zu ihrer Lebensenergie.

```
# laden Daten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pokemon.RData"))
# anschauen
summary(pokemon)
```

```
  remaining_hp      catch_prob
 Min.   :  1.00   Min.   :0.08607
 1st Qu.: 25.75   1st Qu.:0.14526
 Median : 50.50   Median :0.16318
 Mean   : 50.50   Mean   :0.19460
 3rd Qu.: 75.25   3rd Qu.:0.18905
 Max.   :100.00   Max.   :0.99999
```

```
# Plot anschauen
plot(pokemon$remaining_hp, pokemon$catch_prob)
```




Die Punktwole legt ein sigmoidales Modell nahe, welches wir nun fitten möchten.

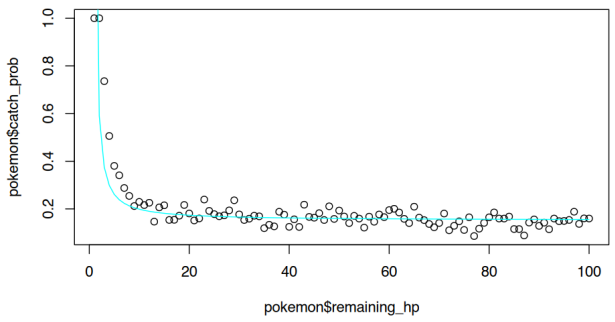
```
# Modell "Fangwahrscheinlichkeit erklärt durch Level"
fit <- lm(log(catch_prob) ~ I(1/remaining_hp), data=pokemon)

# anschauen
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = log(catch_prob) ~ I(1/remaining_hp), data = pokemon)

Residuals:
```

```
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.83416 -0.11957  0.02162  0.12840  0.67374

Coefficients:
                 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)       -1.88747    0.02514  -75.08   <2e-16 ***
I(1/remaining_hp)  2.72162    0.19661   13.84   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.2298 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6616, Adjusted R-squared:  0.6582
F-statistic: 191.6 on 1 and 98 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Mit dem Modell können wir nun Werte vorhersagen. Hierbei muss die `predict()`-Funktion in die `exp()`-Funktion gewickelt werden, um den Logarithmus des Modells zu neutralisieren. Anschließend können wir die Modelllinie plotten.

```r
# vorhersage für alle Levels von 1 bis 100
px = 1:100
py = exp(predict(fit, list(remaining_hp=1:100)))

# plotten
plot(pokemon$remaining_hp, pokemon$catch_prob)
# Modelllinie hinzufügen
lines(px, py, col="cyan")
```




## 34.2 Generalisierte lineare Modelle

Mit der Funktion `glm()` können generalisierte lineare Modelle gebildet werden. Strenggenommen können *alle* Regressionsmodelle mit `glm()` erzeugt werden. In R wird sie vor allem verwendet für

- Poisson-Regressionen
- logistische Regressionen
- binomiale Regressionen

Das Standardvorgehen ist in allen Fällen gleich, das gefittete Modell wird in ein Objekt geschrieben

```
fit <- glm(ZIEL ~ Prädiktor1 + Prädiktor2, family= gaussian)
```

wobei über den Parameter `family` die Art des Modells festgelgt wird (z.B. `binomial`, `poisson` oder `gaussian`).

Anschließend werden typischerweise die folgenden Befehle angewendet:

```
# Modellübersicht
summary(fit)

# Koeffizientenwerte
coef(fit)
#oder
fit$coefficients

# Konfidenzintervalle der Koeffizienten
confint(fit)

# Residuen / Devianz
residuals(fit, type="deviance")

# Vorhersagewerte
predict(fit, type="response")
```

### 34.2.1 lineare Regression

Für lineare Regressionen haben wir die Funktion `lm()` verwendet. Tatsächlich könnten wir die Modelle auch per `gml()` erstellen. Kommen wir zurück zu dem Beispiel des Lese- und Rechtschreibetests.

```
# erzeuge Daten
Lesetest <- c(2 , 12 , 7 , 15 , 10 , 4 , 13 , 9 , 16 , 19)
Rechtschreibung <- c(3 , 14 , 9 , 17 , 12 , 4 , 16 , 12 , 18 , 20)

# lineare Regression "Rechtschreibung erklärt durch Lesetest"
summary(lm(Rechtschreibung~Lesetest))
```

```
Call:
lm(formula = Rechtschreibung ~ Lesetest)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.42907 -0.26211  0.04498  0.36332  1.29412

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  1.20761    0.67774   1.782    0.113
Lesetest     1.05536    0.05718  18.458 7.65e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.9221 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9771, Adjusted R-squared:  0.9742
F-statistic: 340.7 on 1 and 8 DF,  p-value: 7.648e-08
```

Der Aufruf in `glm()` erfolgt analog, wobei wir den Parameter `family` auf `gaussian` stellen müssen.

```
# fitte mit glm()
fit <- glm(Rechtschreibung~Lesetest, family = gaussian)
summary(fit)
```

```
Call:
glm(formula = Rechtschreibung ~ Lesetest, family = gaussian)

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  1.20761    0.67774   1.782    0.113
Lesetest     1.05536    0.05718  18.458 7.65e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 0.850346)

    Null deviance: 296.5000  on 9  degrees of freedom
Residual deviance:   6.8028  on 8  degrees of freedom
AIC: 30.526

Number of Fisher Scoring iterations: 2
```

Die errechneten Parameter stimmen mit `lm()` überein. Es fällt auf, dass `glm()` keinen Wert für $R^2$ zeigt, dafür aber einen AIC-Wert liefert.

Eine alternative Modellübersicht bietet die Funktion `summ()` (mit 2 m) aus dem Paket `{jtools}`.

```
jtools::summ(fit, digits=4)
```

```
MODEL INFO:
Observations: 10
Dependent Variable: Rechtschreibung
Type: Linear regression

MODEL FIT:
Chi²(1) = 289.6972, p = 0.0000
Pseudo-R² (Cragg-Uhler) = 0.9790
Pseudo-R² (McFadden) = 0.6062
AIC = 30.5262, BIC = 31.4340
```

```
Standard errors: MLE
--------------------------------------------------------
                     Est.     S.E.    t val.        p
---------------- -------- -------- --------- --------
(Intercept)        1.2076   0.6777    1.7818   0.1126
Lesetest           1.0554   0.0572   18.4576   0.0000
--------------------------------------------------------

Estimated dispersion parameter = 0.8503
```

## 34.3 Poisson-Regression

Die Poisson-Regression wird beispielsweise verwendet, um die Anzahl an Ereignissen (Kunden in der Schlange, Patienten in der Notaufnahme) auf ihre Abhängigkeit zu bestimmten Prädiktoren zu untersuchen.

Wir verwenden den Testdatensatz „`Notaufnahme.txt`“, der als Texttabelle im Internet verfügbar ist.

```
df <- read.table(url("https://www.produnis.de/R/data/Notaufnahme.txt"),
                 header=TRUE, sep=",")
```

Er besteht aus 350 Beobachtungen der Patientenanzahl pro Tag in einer Notaufnahme. Zusätzlich wurden in der Spalte `Wochentag` die Wochentage erhoben. In Spalte `Event` wurde dichtotom erfasst, ob eine „größere“ Veranstaltung in der Stadt stattgefunden hat.

```
# anzeigen
head(df)
```

```
  Patienten Wochentag Event
1         8        Mo  nein
2         9        Di  nein
3        14        Mi  nein
4        10        Do  nein
5        10        Fr  nein
6        15        Mo  nein
```

Untersuchen wir nun, inwieweit der Wochentag und das Stattfinden einer größeren Veranstaltung die Anzahl der Notfälle beeinflusst. Das Modell kann wie gewohnt mit `glm()` erstellt werden, wobei wir den Parameter `family=poisson` setzen müssen.

```
# Poissonregressionsmodell erzeugen
fit <- glm(Patienten ~ Wochentag + Event, data = df, family = poisson)

# Zusammenfassung des Modells
summary(fit)
```

```
Call:
glm(formula = Patienten ~ Wochentag + Event, family = poisson,
    data = df)

Coefficients:
             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  2.528011   0.050672  49.889  < 2e-16 ***
WochentagDo  0.071575   0.057063   1.254   0.2097
WochentagFr  0.050956   0.057349   0.889   0.3743
WochentagMi  0.119094   0.056421   2.111   0.0348 *
WochentagMo  0.003367   0.058026   0.058   0.9537
WochentagSa  0.429869   0.065146   6.599 4.15e-11 ***
WochentagSo  0.365318   0.066489   5.494 3.92e-08 ***
Eventnein   -0.292176   0.037640  -7.762 8.33e-15 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 512.02  on 349  degrees of freedom
Residual deviance: 345.57  on 342  degrees of freedom
AIC: 1830.7

Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Das Modell zeigt an, dass die Patientenzahl signifikant an den Wochentagen „Sa“ und „So“ erhöht ist. Auch der Prädiktor `Event` ist signifikant. Der negative Prädiktorenwert bei „Eventnein“ gibt an, dass sich die Patientenzahl verringert, wenn kein Event stattfindet. In der Modellzusammenfassung ist „`Event=ja`“ der Bezugswert, so dass der Schätzwerte für „`Event=nein`“ ausgegeben wird. Schöner anzusehen wäre es genau andersherum. Um „`Event=nein`“ als Basiswert zu setzen, und den Schätzwert für „`Event=ja`“ anzuzeigen, können wir die Events in einen Factor umwandeln, und dann mittels `relevel()` den Wert „`nein`“ als Bezugspunkt setzen.

```
# Wir wollen Event="nein" als Basis
df$Event <- factor(df$Event)
df$Event <- relevel(df$Event, "nein")

# Poissonregressionsmodell neu erzeugen
fit <- glm(Patienten ~ Wochentag + Event, data = df, family = poisson)

# Zusammenfassung des Modells
summary(fit)
```

```
Call:
glm(formula = Patienten ~ Wochentag + Event, family = poisson,
    data = df)

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 2.235835   0.041828  53.453  < 2e-16 ***
```

```
WochentagDo 0.071575   0.057063   1.254   0.2097
WochentagFr 0.050956   0.057349   0.889   0.3743
WochentagMi 0.119094   0.056421   2.111   0.0348 *
WochentagMo 0.003367   0.058026   0.058   0.9537
WochentagSa 0.429869   0.065146   6.599 4.15e-11 ***
WochentagSo 0.365318   0.066489   5.494 3.92e-08 ***
Eventja     0.292176   0.037640   7.762 8.33e-15 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 512.02  on 349  degrees of freedom
Residual deviance: 345.57  on 342  degrees of freedom
AIC: 1830.7

Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Eine alternative Übersicht bietet die Funktion `summ()` (mit 2 m) aus dem Paket `jtools`.

```
jtools::summ(fit, digits=4)
```

```
MODEL INFO:
Observations: 350
Dependent Variable: Patienten
Type: Generalized linear model
  Family: poisson
  Link function: log

MODEL FIT:
Chi²(7) = 166.4510, p = 0.0000
Pseudo-R² (Cragg-Uhler) = 0.3798
Pseudo-R² (McFadden) = 0.0840
AIC = 1830.7077, BIC = 1861.5712

Standard errors: MLE
-------------------------------------------------------
                      Est.     S.E.    z val.        p
----------------- -------- -------- --------- --------
(Intercept)         2.2358   0.0418   53.4531   0.0000
WochentagDo         0.0716   0.0571    1.2543   0.2097
WochentagFr         0.0510   0.0573    0.8885   0.3743
WochentagMi         0.1191   0.0564    2.1108   0.0348
WochentagMo         0.0034   0.0580    0.0580   0.9537
WochentagSa         0.4299   0.0651    6.5986   0.0000
WochentagSo         0.3653   0.0665    5.4944   0.0000
Eventja             0.2922   0.0376    7.7624   0.0000
-------------------------------------------------------
```

Die Werte der Koeffizienten sind als Log-Odds dargestellt. Eine bessere Lese- und Interpretierbarkeit bietet die Darstellung als *Odds-Ratio*. Hierfür muss der Logarithmus mittels `exp()` aufgehoben werden.

```
# Zeige die Koeffizienten als Odds-Ratio
exp(fit$coefficients)
```

```
(Intercept) WochentagDo WochentagFr WochentagMi WochentagMo WochentagSa
   9.354288    1.074199    1.052277    1.126476    1.003373    1.537056
WochentagSo     Eventja
   1.440972    1.339339
```

Die Konfidenzintervalle der Prädiktorenwerte erhalten wir mit der Funktion `confint()`.

```
confint(fit)
```

```
                  2.5 %    97.5 %
(Intercept)  2.152783594 2.3167746
WochentagDo -0.040220978 0.1835209
WochentagFr -0.061421948 0.1634414
WochentagMi  0.008603452 0.2298270
WochentagMo -0.110388958 0.1171302
WochentagSa  0.301707989 0.5571528
WochentagSo  0.234302393 0.4950263
Eventja      0.217989976 0.3655505
```

Bzw. mit vorgeschalteter `exp()`-Funktion, um die Werte als Odds-Ratio auszugeben.

```
# Konfidenzintervalle als Odds Ratio
exp(confint(fit))
```

```
               2.5 %    97.5 %
(Intercept) 8.6087884 10.142906
WochentagDo 0.9605771  1.201440
WochentagFr 0.9404263  1.177556
WochentagMi 1.0086406  1.258382
WochentagMo 0.8954858  1.124266
WochentagSa 1.3521663  1.745695
WochentagSo 1.2640267  1.640541
Eventja     1.2435746  1.441307
```

Die Funktion `tab_model()` aus dem `sjPlot`-Paket erstellt ihrerseits eine schöne Übersichtstabelle, wobei die Werte in Odds-Ratios angegeben und die Konfidenzintervalle enthalten sind.

```
sjPlot::tab_model(fit)
```

| | Patienten | | |
|---|---|---|---|
| *Predictors* | *Incidence Rate Ratios* | *CI* | *p* |
| (Intercept) | 9.35 | 8.61 – 10.14 | **<0.001** |
| Wochentag [Do] | 1.07 | 0.96 – 1.20 | 0.210 |
| Wochentag [Fr] | 1.05 | 0.94 – 1.18 | 0.374 |
| Wochentag [Mi] | 1.13 | 1.01 – 1.26 | **0.035** |
| Wochentag [Mo] | 1.00 | 0.90 – 1.12 | 0.954 |
| Wochentag [Sa] | 1.54 | 1.35 – 1.75 | **<0.001** |
| Wochentag [So] | 1.44 | 1.26 – 1.64 | **<0.001** |
| Event [ja] | 1.34 | 1.24 – 1.44 | **<0.001** |
| Observations | 350 | | |
| $R^2$ Nagelkerke | 0.493 | | |

Um die Güte des Modells zu bestimmen, können nun weitere Berechnungen vorgenommen werden.

### 34.3.1 Dispersion

Die Equidistation (Dispersion) des Modells sollte zwischen $0,9$ und $1,1$ liegen. Um sie zu bestimmen teilen wir die Residualdeviance durch die Anzahl der Feiheitsgrade.

```
# berechne Dispersions-Ratio
fit$deviance / fit$df.residual
```

```
[1] 1.010433
```

Unser Wert liegt innerhalb des Bereichs, d.h. das Modell ist nicht überdispersioniert. Mit der Funktion `dispersiontest()` aus dem `{AER}`-Paket lässt sich zusätzlich ein Signifikanztest auf Überdispersion fahren. Die Nullhypothese besagt, das **keine** Überdispersion vorliegt.

```
AER::dispersiontest(fit, trafo=1)
```

```
 Overdispersion test

data:  fit
z = -0.64112, p-value = 0.7393
alternative hypothesis: true alpha is greater than 0
sample estimates:
      alpha
-0.04479655
```

Der Test ist nicht signifikant, es liegt keine Überdispersion vor.

Sollte in dem Modell Überdispersion vorliegen, erfolgt der Aufruf von `gml()` mit dem Parameter `family=quasipoisson`.

```
glm(Patienten ~ Wochentag + Event, data = df, family = quasipoisson)
```

### 34.3.2 Nullmodell

Mit einem *Nullmodell* können wir testen, ob unser gefittetes Modell die Daten besser erklären kann. Hierfür ersetzen wir alle Prädiktoren durch die Ziffer 1.

```
# erstelle Null-Modell
fit0 <- glm(Patienten ~ 1, data = df, family = poisson)
```

Vergleichen wir die AIC-Werte beider Modelle.

```
# Ziehe von unserem Modell-AIC den Nullmodell-AIC ab
fit$aic - fit0$aic
```

```
[1] -152.451
```

Das Ergebnis ist negativ. Das beudetet, dass der AIC-Wert des Nullmodells größer ist. Somit ist unser AIC-Modellwert *kleiner*, und das bedeutet, dass es *besser* ist als das Nullmodell.

Zusätzlich können wir die beiden Modelle mittels Varianzanalyse (siehe Abschnitt 34.9) untersuchen, wobei wir als Testeinstellung den $X^2$-Test wählen.

```
# ANOVA auf beide Modelle mittels Chi^2-Test
anova(fit0, fit, test="Chisq")
```

```
Analysis of Deviance Table

Model 1: Patienten ~ 1
Model 2: Patienten ~ Wochentag + Event
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance  Pr(>Chi)
1       349     512.02
2       342     345.57  7   166.45 < 2.2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Unser gefittetes Modell erklärt die Daten signifikant besser als das Nullmodell.

### 34.3.3 Vorhersagen

Mit der Funktion `predict()` können wir nun die wahrscheinliche Patientenzahl für Kombinationen aus Wochentag und Event vorhersagen.

```
# Mit wievielen Patienten ist an einem
# Dienstag mit Event in der Stadt zu rechnen?
predict(fit, data.frame(Wochentag="Di", Event="ja"), type = "response")
```

```
       1
12.52856
```

```
# ohne Label "1" ausgeben
as.numeric(predict(fit, data.frame(Wochentag="Di", Event="ja"),
                   type = "response"))
```

```
[1] 12.52856
```

Um gut vorbereitet zu sein, runden wir die Patientenzahl mittels `ceiling()` auf die nächste ganze Zahl auf.

```
as.numeric(ceiling(predict(fit, data.frame(Wochentag="Di", Event="ja"),
                           type = "response")))
```

```
[1] 13
```

Wir können davon ausgehen, dass an einem Dienstag mit Event in der Stadt etwa 13 Patienten in die Notaufnahme kommen werden.

Die Wahrscheinlichkeiten für verschiedene Patientenanzahlen an beliebigen Wochentagen mit oder ohne Stadtevent lassen sich mit der Funktion `ppois()` bestimmen (siehe Abschnitt 19.4).

```
# Lambda-Wert für "Dienstag" und Event="ja"
Modelllambda <- predict(fit, data.frame(Wochentag="Di", Event="ja"),
                        type = "response")

## Wahrscheinlichkeit, dass an einem Dienstag mit Event...
## - bis zu 16 Patienten eingeliefert werden (nicht mehr als 16)
ppois(16, Modelllambda)
```

```
[1] 0.8674935
```

```
## - mindestens 16 Patienten eingeliefert werden (16 oder mehr)
1 - ppois(16, Modelllambda)
```

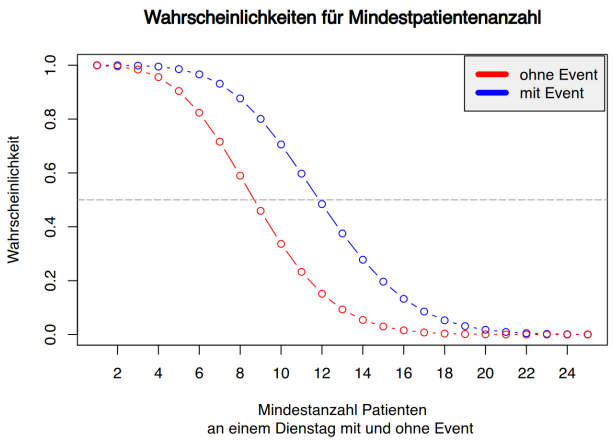
```
[1] 0.1325065
```

```
## - exakt 16 Patienten eingeliefert werden
ppois(16, Modelllambda) - ppois(15, Modelllambda)
```

```
[1] 0.0637844
```

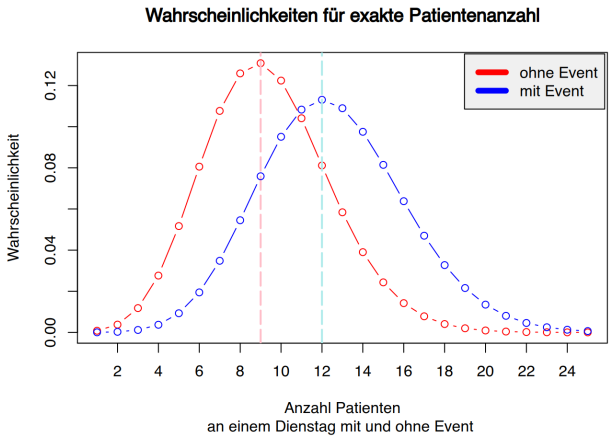
So können wir einen Plot erstellen, auf dem die Wahrscheinlichkeiten angegeben sind, dass an einem Dienstag mit oder ohne Event in der Stadt *mindestens* x Patienten aufgenommen werden.

```
# Lambda für Event="nein"
Modelllambda_ohne <- predict(fit, data.frame(Wochentag="Di", Event="nein"),
                             type = "response")

# Patienten N 1 bis 25
x <- 1:25

# plotten für Event="ja"
plot(x, 1-ppois(x, Modelllambda),
     type="b", col="blue",
     main = "Wahrscheinlichkeiten für Mindestpatientenanzahl",
     sub="an einem Dienstag mit und ohne Event ",
     ylab="Wahrscheinlichkeit",
     xlab="Mindestanzahl Patienten",  xaxt = "n")
# X-Achsenticks in 2er-Schritten
axis(1, at=seq(0, 25, 2))
# füge Punktlinie für Event="nein" hinzu
lines(x, 1-ppois(x, Modelllambda_ohne),
      type="b", col="red")
# füge Hilfslinie hinzu
abline(h=.5, lty=5, col="grey65")
# füge Legendenbox hinzu
legend(x="topright", inset=0.005,
       legend=c("ohne Event", "mit Event"),
       col=c("red", "blue"), lwd=6, bg="grey95")
```




Das geht ebenso für die Wahrscheinlichkeiten der **exakten** Patientenanzahl.

```
# Wahrscheinlichkeit für exakte Patienten-N mit Event="ja"
y1 <- ppois(x, Modelllambda) - ppois(x-1, Modelllambda)
# Wahrscheinlichkeit für exakte Patienten-N mit Event="nein"
y2 <- ppois(x, Modelllambda_ohne) - ppois(x-1, Modelllambda_ohne)

# plotte für Event="nein"
plot(x, y2, type="b",  col="red",
     main = "Wahrscheinlichkeiten für exakte Patientenanzahl",
     sub="an einem Dienstag mit und ohne Event ",
     ylab="Wahrscheinlichkeit",
     xlab="Anzahl Patienten",  xaxt = "n")
# X-Achsenticks in 2er-Schritten
axis(1, at=seq(0, 25, 2))
# Hilfslinie für Event="nein"
abline(v=9, lty=5, col="pink", lwd=2)
# Punktlinie für Event="ja" einzeichnen
lines(x, y1, type="b", col="blue")
# Hilfslinie für Event="ja"
abline(v=12, lty=5, col="paleturquoise", lwd=2)
# Legendenbox hinzufügen
legend(x="topright", inset=0.005,
       legend=c("ohne Event", "mit Event"),
       col=c("red", "blue"), lwd=6, bg="grey95")
```




## 34.4 Logistische Regression

Als Beispiel dienen Daten der Challenger-Katastrophe (am 28. Januar 1986 explodierte die Raumfähre Challenger 73 Sekunden nach dem Start).

Der Ausfall eines oder mehrerer Dichtungsringe in einer der seitlichen Feststoffrakten wurde als Grund der Katastrophe ermittelt. Probleme mit den Dichtungsringen sind auch vor- her am Boden aufgetreten. So liegen Erhebungsdaten vor, die den Defekt ei- nes Rings in Zusammenhang mit der Außentemperatur darstellen können: Je kälter es draußen ist, desto höher die Ausfallwahrscheinlichkeit eines Rings. Bedauerlicher Weise wurden diese Daten erst rückwirkend ausgewertet. Diese Daten übertragen wir wie folgt in R:

```
Temp <- c(66, 67, 68, 70, 72, 75, 76, 79, 53, 58, 70, 75, 67, 67, 69, 70, 73, 76, 78,
81, 57, 63, 70)
Ausfall <- factor(c(0, 0,0 ,0 ,0 ,0 ,0 ,1 ,1 ,1 ,1 ,0 ,0 ,0 ,0 ,0 ,0 ,0 ,0 ,1 ,1, 1))
shuttle <- data.frame(Temp, Ausfall)
colnames(shuttle) <- c("Temp", "Ausfall")
```

Die Kodierung des factor `Ausfall` lautet: 0=kein Ausfall | 1=Ausfall Die Einheit für `Temp` lautet Fahrenheit.

Der Aufruf zur logistischen Regression (`Ausfall` erklärt durch `Temp`) lautet:

```
fit <- glm(Ausfall~Temp,data=shuttle, family=binomial)
summary(fit)
```

```
Call:
glm(formula = Ausfall ~ Temp, family = binomial, data = shuttle)

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  15.0429     7.3786   2.039   0.0415 *
Temp         -0.2322     0.1082  -2.145   0.0320 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 28.267  on 22  degrees of freedom
Residual deviance: 20.315  on 21  degrees of freedom
AIC: 24.315

Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

Die Odds Ratio (OR) für $\beta$Temp= −0,2322 errechnet sich mit der `exp()`-Funktion:

```
exp(-0.2322)
```

```
[1] 0.7927875
```

Dies liefert das Ergebnis OR = 0.7927875. Die Interpretation lautet: Mit jedem höhren Grad an Temparatur ändert sich die Chance auf einem Ausfall um den Faktor 0.7927. Das bedeutet, dass die Chancen eines Ausfalls niedriger werden, je höher die Außentemperatur steigt.

In der Nacht vor dem Challengerstart konnte eine Temperatur von 37° Fahrenheit gemessen werden. Auf Grundlage der logistischen Regression lässt sich nun die Ausfallwahrscheinlichkeit bei 37° Außentemperatur berechnen:

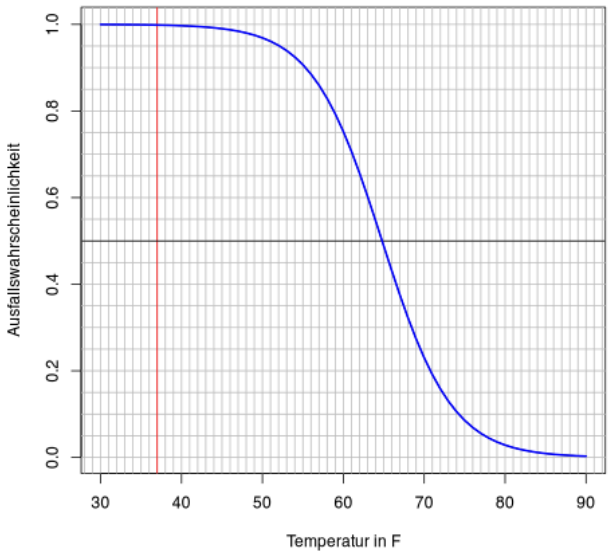
```
predict(fit, data.frame(Temp=37),type="response")
```

```
        1
0.9984265
```

Das Modell sagt bei einer Außentemperatur von 37° eine Ausfallwahrscheinlichkeit von 99,84% voraus.

Jetzt kann man dies für jede mögliche Temperatur durchmachen, und schon erhält man dieses schöne Plot:

```
y <- predict(fit, data.frame(Temp=30:90), type="response")
plot(30:90, y, type="l", ylab="Ausfallswahrscheinlichkeit", xlab="Temperatur in F")
abline(v=seq(20,100,1), h=seq(-0.2,1.2,0.05),col="gray") #Mathegitter
abline(v=37, col="red") # 37-Grad
abline(h=0.5, col="black") # Mittellinie
points(30:90, y, type="l",lwd=2, col="blue") # Schätzwerte in "blau"
```




## 34.5 Ordinale Regression

Zur Bestimmung des Einflusses von Prädiktoren auf ein *ordinales* Ziel stehen verschiedene Modelle der ordinalen Regression zur Verfügung. Namentlich werden hier vor allem `Proportional Odds Modelle` und `Continuation Ratio Modelle` verwendet.

Eine verständliche Einführung in ordinale Modelle findet sich im Open Access Artikel von große Schlarmann und Galatsch (große Schlarmann & Galatsch, 2014).

Für die ordinalen Regressionen verwenden wir das `{VGAM}`-Paket, welches zunächst in `R` installiert werden muss.

```
install.packages("VGAM", dependencies=T)
```

Als Beispiel dient der folgende Datensatz:

```
load(url("http://www.produnis.de/R/data/OrdinalSample.RData"))
mydata <- ordinalSample
head(mydata)
```

```
   Konflikt Zufriedenh Geschlecht Stimmung
1       4.2       2.50          1  maessig
6       1.8       3.00          1 sehr gut
15      3.4       1.75          1  maessig
16      4.0       2.50          2  maessig
22      2.2       2.50          1      gut
23      3.4       2.25          1  maessig
```

- Die Variable „Stimmung“ dient hier als ordinales Ziel mit den Ausprägungen „schlecht“ < „maessig“ < „gut“ < „sehr gut“.
- Die Variable „Konflikt“ dient als Prädiktor. Sie gibt an, wieviele Konflikte derzeit im Arbeitsleben vorliegen.
- Die Variable „Zufriedenh“ beschreibt, wie zufrieden Probanden mit ihrem Job sind.
- Die Variable „Stimmung“ soll nun durch „Konflikt“ und „Zufriedenh“ beschrieben werden.

Wir wollen wissen, wie stark Stimmung durch Konflikt und Zufriedenh beinflusst wird. Das heisst, in unserem Modell soll die Variable Stimmung durch Konflikt und Zufriedenh beschrieben werden.

### 34.5.1 Proportional Odds Modell

Ein Proportional Odds Modell errechnet sich leicht mit dem VGAM-Paket und der Funktion vglm():

```
library(VGAM)
pom <- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata, family=cumulative(parallel=T))

# oder abgekürzt
pom <- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata, family=propodds)
summary(pom)
```

```
Call:
vglm(formula = Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh, family = propodds,
    data = mydata)

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept):1   0.6210     0.6482   0.958   0.3381
(Intercept):2  -1.7703     0.6540  -2.707   0.0068 **
(Intercept):3  -4.0578     0.6759  -6.004 1.93e-09 ***
Konflikt       -0.5762     0.0970  -5.940 2.86e-09 ***
Zufriedenh      1.3643     0.2021   6.751 1.47e-11 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Names of linear predictors: logitlink(P[Y>=2]), logitlink(P[Y>=3]),
logitlink(P[Y>=4])

Residual deviance: 920.5493 on 1240 degrees of freedom

Log-likelihood: -460.2746 on 1240 degrees of freedom

Number of Fisher scoring iterations: 5

No Hauck-Donner effect found in any of the estimates


Exponentiated coefficients:
  Konflikt Zufriedenh
 0.5620549  3.9129275
```

Mit dem Modell können nun weitere Parameter errechnet werden:

```
# Koeffizienten
pom.coef <- (coef(summary(pom)));pom.coef
```

```
               Estimate Std. Error    z value     Pr(>|z|)
(Intercept):1  0.6209962 0.64821816  0.9580049 3.380603e-01
(Intercept):2 -1.7702692 0.65404383 -2.7066523 6.796539e-03
(Intercept):3 -4.0577657 0.67586741 -6.0037895 1.927645e-09
Konflikt      -0.5761558 0.09700358 -5.9395317 2.858375e-09
Zufriedenh     1.3642858 0.20208974  6.7508909 1.469400e-11
```

Die Odds Ratio errechnet sich mit der `exp()`-Funktion:

```
# Odds Ratio
pom.odds <- exp(coef(pom));pom.odds
```

```
(Intercept):1 (Intercept):2 (Intercept):3      Konflikt    Zufriedenh
    1.8607808     0.1702871     0.0172876     0.5620549     3.9129275
```

```
# Devianz und AIC
pom.devi <- deviance(pom);pom.devi
```

```
[1] 920.5493
```

```
pom.aic  <- AIC(pom);pom.aic
```

```
[1] 930.5493
```

```
# logLikelihood
pom.ll <- logLik(pom);pom.ll
```

```
[1] -460.2746
```

```
# 0-Modell (fuer pseudo R^2)
p0 <- vglm(Stimmung ~ 1, data=mydata, family=propodds)
p0.ll <- logLik(p0)
# R^2 McFadden
pom.mcfad <- as.vector(1- (pom.ll/p0.ll));pom.mcfad
```

```
[1] 0.1240613
```

```
# R^2 Cox&Snell
N <- length(mydata[,1]) # Anzahl der Fälle
pom.cox <- as.vector(1 - exp((2/N) * (p0.ll - pom.ll)));pom.cox
```

```
[1] 0.2696034
```

```
# R^2 Nagelkerke
pom.nagel <- as.vector((1 - exp((2/N) * (p0.ll - pom.ll))) / (1 - exp(p0.ll)^(2/
N))) ;pom.nagel
```

```
[1] 0.2928789
```

Das Proportional Odds Modell geht von der „equal slopes assumption“ (auch: „proportional odds assumption“) aus. Diese Annahme muss geprüft werden, bevor das Modell als gültig angesehen werden kann. Dies geht mit dem VGAM-Paket recht einfach. Der Befehl `vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata, family=propodds)` ist eine Abkürzung für `vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata, family=cumulative(parallel=T))`. Der Parameter `parallel=TRUE/FALSE` stellt ein, ob das Modell *mit* equal slopes (`=TRUE`), oder *ohne* equal slopes assumption (`=FALSE`) erstellt werden soll. Zur Überprüfung der „Equal Slopes Assumption“ erstellt man jeweils ein TRUE und ein FALSE-Modell, und führt dann einen Likelihood-Test durch. Die Nullhypothese lautet, dass equal slopes vorliegen.

```
# Modell OHNE equal slopes
npom <- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata, family=cumulative(parallel=F))
```

```
# log-likelihood-Test auf Equal Slopes Assumption
lrtest(pom,npom)# Test
```

```
Likelihood ratio test

Model 1: Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh
Model 2: Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh
   #Df  LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
1 1240 -460.27
2 1236 -456.46 -4 7.6202     0.1065
```

Der Test ist mit p=0,1065 nicht signifikant. Das heisst, es liegen equal slopes vor. Das Modell darf also verwendet werden.

Alternativ kann dieser Test auch auf die Devianz der Modelle bestimmt werden:

```
# Devianz-Test auf Equal Slopes Assumption
pom.pdevi = (1 - pchisq(deviance(pom) - deviance(npom),
                        df=df.residual(pom)-df.residual(npom)))
pom.pdevi
```

```
[1] 0.106526
```

Ist der Test signifikant, liegen keine „equal slopes“ vor. Hier kann ein Partial Proportional Odds Modell erstellt werden, welches die „equal slopes“ nur für bestimmte Prädiktoren annimmt. Mit dem VGAM-Paket kann recht einfach bestimmt werden, wie ein solches Modell erstellt werden soll. Hierfür erweitertet man den „parallel“-Switch wie folgt:

```
# Equal Slopes NUR für "Konflikt"
ppom <- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata,
             family=cumulative(parallel=T~Konflikt-1))
ppom
```

```
Call:
vglm(formula = Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh, family = cumulative(parallel = T ~
    Konflikt - 1), data = mydata)


Coefficients:
(Intercept):1 (Intercept):2 (Intercept):3      Konflikt  Zufriedenh:1
    0.6614816     1.5373699     2.7337389     0.5705897    -1.9684047
 Zufriedenh:2  Zufriedenh:3
   -1.2805318    -0.8865225

Degrees of Freedom: 1245 Total; 1238 Residual
```

```
Residual deviance: 914.4929
Log-likelihood: -457.2464
```

```
# Nochmals EqualSlopes NUR für "Konflikt"
ppom <- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata,
             family=cumulative(parallel=F~Zufriedenh))
ppom
```

```
Call:
vglm(formula = Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh, family = cumulative(parallel = F ~
    Zufriedenh), data = mydata)


Coefficients:
(Intercept):1 (Intercept):2 (Intercept):3      Konflikt  Zufriedenh:1
    0.6614816     1.5373699     2.7337389     0.5705897    -1.9684047
 Zufriedenh:2  Zufriedenh:3
   -1.2805318    -0.8865225

Degrees of Freedom: 1245 Total; 1238 Residual
Residual deviance: 914.4929
Log-likelihood: -457.2464
```

- `parallel=T~Konflikt-1` bedeutet, dass equal slopes nur für `Konflikt` angenommen wird.
- `parallel=F~Zufriedenh` bedeutet, dass equal slopes nur für `Zufriedenh` **nicht** angenommen wird.

Beide Befehle bedeuten also das selbe. Daher ist die `R`-Ausgabe bei beiden Befehlen gleich.

Eine Koeffizientenübersicht erhält man per

```
ppom.ce <- coef(summary(ppom))
ppom.ce
```

```
                Estimate Std. Error    z value     Pr(>|z|)
(Intercept):1  0.6614816 0.85866412  0.7703613 4.410856e-01
(Intercept):2  1.5373699 0.71997824  2.1353005 3.273647e-02
(Intercept):3  2.7337389 0.98084390  2.7871294 5.317723e-03
Konflikt       0.5705897 0.09715456  5.8730094 4.279541e-09
Zufriedenh:1  -1.9684047 0.34535219 -5.6997024 1.200167e-08
Zufriedenh:2  -1.2805318 0.23585229 -5.4293805 5.654999e-08
Zufriedenh:3  -0.8865225 0.32542569 -2.7241933 6.445877e-03
```

Mit einem kleinen Script können Konfidenzintervalle und andere Werte ausgegeben werden:

```
get.ci <- function(x){
  back <-cbind( x[1], # estimate
```

```
                (x[1] - (1.96 * x[2])), #lCI
                (x[1] + (1.96 * x[2])), #uCI
                x[2], x[3], # SD und z
                (2*(1 -pnorm(abs(x[3])))  ),# p-wert
                exp(x[1]))
  colnames(back) <- c("Estimate", "lCI", "uCI","SD","z","p-value", "OR")
  return(back)
}
```

Der Aufruf erfolgt z.B. so:

```
get.ci(as.numeric(ppom.ce[4,]))
```

```
      Estimate       lCI       uCI         SD        z      p-value      OR
[1,] 0.5705897 0.3801667 0.7610126 0.09715456 5.873009 4.279541e-09 1.76931
```

### 34.5.2 Continuation Ratio Model

Um ein Continuation Ratio Modell zu rechnen, muss der Parameter `family` auf `cratio` gesetzt werden.

```
# CR-Modell MIT PO-Assumption  (Vorwärts)
crm<- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata,
family=cratio(parallel=T,reverse=F))
summary(crm)
```

```
Call:
vglm(formula = Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh, family = cratio(parallel = T,
    reverse = F), data = mydata)

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept):1  0.92610    0.57405   1.613   0.1067
(Intercept):2 -1.14132    0.57924  -1.970   0.0488 *
(Intercept):3 -3.01660    0.60706  -4.969 6.72e-07 ***
Konflikt      -0.53645    0.08639  -6.209 5.32e-10 ***
Zufriedenh     1.16010    0.17944   6.465 1.01e-10 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Names of linear predictors: logitlink(P[Y>1|Y>=1]), logitlink(P[Y>2|Y>=2]),
logitlink(P[Y>3|Y>=3])

Residual deviance: 924.3824 on 1240 degrees of freedom

Log-likelihood: -462.1912 on 1240 degrees of freedom
```

```
Number of Fisher scoring iterations: 6

No Hauck-Donner effect found in any of the estimates


Exponentiated coefficients:
  Konflikt Zufriedenh
 0.5848225  3.1902597
```

Dies berechnet standardmäßig die *Vorwärts*-Methode. Möchte man die *Rückwärts*-Methode rechnen, setzt man den Parameter `reverse` auf `TRUE`.

```
# CR-Modell MIT PO-Assumption (Rückwärts)
crm<- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata,
family=cratio(parallel=T,reverse=TRUE))
summary(crm)
```

```
Call:
vglm(formula = Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh, family = cratio(parallel = T,
    reverse = TRUE), data = mydata)

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept):1  0.12822    0.57259   0.224 0.822809
(Intercept):2  2.08751    0.58094   3.593 0.000326 ***
(Intercept):3  4.04245    0.60636   6.667 2.62e-11 ***
Konflikt       0.45234    0.08488   5.329 9.88e-08 ***
Zufriedenh    -1.25631    0.18108  -6.938 3.98e-12 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Names of linear predictors: logitlink(P[Y<2|Y<=2]), logitlink(P[Y<3|Y<=3]),
logitlink(P[Y<4|Y<=4])

Residual deviance: 920.4627 on 1240 degrees of freedom

Log-likelihood: -460.2314 on 1240 degrees of freedom

Number of Fisher scoring iterations: 5

No Hauck-Donner effect found in any of the estimates


Exponentiated coefficients:
  Konflikt Zufriedenh
 1.5719790  0.2847038
```

Hat man die passende Methode gewählt, folgen die selben Befehle wie beim `Proportional Odds` Modell. Zunächst muss überprüft werden, ob „equal slopes“ vorliegen:

```r
# CR-Modell OHNE PO-Assumption (Rückwärts)
ncrm<- vglm(Stimmung ~ Konflikt+Zufriedenh, data=mydata,
            family=cratio(parallel=F,reverse=T))
summary(ncrm)
```

```
Call:
vglm(formula = Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh, family = cratio(parallel = F,
    reverse = T), data = mydata)

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept):1   2.3649     1.1740   2.014 0.043969 *
(Intercept):2   1.9998     0.8117   2.464 0.013753 *
(Intercept):3   2.4670     1.1190   2.205 0.027474 *
Konflikt:1      0.1465     0.1811   0.809 0.418633
Konflikt:2      0.4864     0.1194   4.073 4.65e-05 ***
Konflikt:3      0.6308     0.1689   3.736 0.000187 ***
Zufriedenh:1   -1.8008     0.3919  -4.596 4.32e-06 ***
Zufriedenh:2   -1.2602     0.2578  -4.889 1.01e-06 ***
Zufriedenh:3   -0.8351     0.3382  -2.469 0.013543 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Names of linear predictors: logitlink(P[Y<2|Y<=2]), logitlink(P[Y<3|Y<=3]),
logitlink(P[Y<4|Y<=4])

Residual deviance: 914.7924 on 1236 degrees of freedom

Log-likelihood: -457.3962 on 1236 degrees of freedom

Number of Fisher scoring iterations: 6

No Hauck-Donner effect found in any of the estimates


Exponentiated coefficients:
  Konflikt:1   Konflikt:2   Konflikt:3 Zufriedenh:1 Zufriedenh:2 Zufriedenh:3
   1.1577337    1.6264285    1.8791766    0.1651675    0.2836103    0.4338519
```

```r
# loglikelihood test auf equal slopes assumption
lrtest(ncrm,crm)# Test
```

```
Likelihood ratio test

Model 1: Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh
Model 2: Stimmung ~ Konflikt + Zufriedenh
   #Df  LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
```

```
1 1236 -457.40
2 1240 -460.23  4 5.6703     0.2252
```

Der Test ist nicht signifikant (p=0,23). Das bedeutet, dass die Annahme der equal slopes für die hier getesteten *Rückwärts*-Modelle beibehalten werden kann.

Nun können weitere Modellparameter bestimmt werden:

```
# 0-Modell (fuer pseudo R^2)
c0 <- vglm(Stimmung ~ 1, data=mydata, family=cratio(parallel=T))
c0.ll <- logLik(c0)
crm.ll <- logLik(crm)

# R^2 Nagelkerke
crm.nagel <- as.vector((1 - exp((2/N) * (c0.ll - crm.ll))) / (1 - exp(c0.ll)^(2/N)))
crm.nagel
```

```
[1] 0.2930443
```

```
# Devianz
crm.devi <- deviance(crm)
crm.devi
```

```
[1] 920.4627
```

```
# AIC
crm.aic  <- AIC(crm); crm.aic
```

```
[1] 930.4627
```

Mit unserer Funktion von oben können wir uns die Modellparameter der Koeffizienten ausgeben lassen.

```
# Konfidenzinztervalle
crm.ce <- coef(summary(crm))
crm.ce
```

```
               Estimate Std. Error    z value     Pr(>|z|)
(Intercept):1  0.1282227 0.57259420  0.2239329 8.228095e-01
(Intercept):2  2.0875126 0.58094099  3.5933299 3.264788e-04
(Intercept):3  4.0424508 0.60636000  6.6667504 2.615293e-11
Konflikt       0.4523353 0.08488357  5.3288915 9.881398e-08
Zufriedenh    -1.2563060 0.18108066 -6.9378255 3.981811e-12
```

```
get.ci(as.numeric(crm.ce[4,]))
```

```
      Estimate       lCI       uCI         SD        z      p-value       OR
[1,] 0.4523353 0.2859635 0.6187071 0.08488357 5.328892 9.881398e-08 1.571979
```

```
get.ci(as.numeric(crm.ce[5,]))
```

```
      Estimate       lCI        uCI        SD         z      p-value        OR
[1,] -1.256306 -1.611224 -0.9013879 0.1810807 -6.937825 3.981704e-12 0.2847038
```

## 34.6 Konfidenzintervalle

Konfidenzintervalle folgen der Logik, dass zum Punktschätzwert ein gewisser Fehlerbereich addiert und subtrahiert wird. Hierdurch wird ein Intervall mit Unter- und Obergrenze aufgezogen, das mit einer bestimmten Irrtumswahrscheinlichkeit den „wahren Wert“ der Grundgesamtheit enthält.

### 34.6.1 Normalverteilung

Um ein Konfidenzintervall für einen **Mittelwert** aus einer normalverteilten Wertemenge zu berechnen wird folgende Formel angewendet:

$$\left.\begin{matrix}\mu_o \\ \mu_u\end{matrix}\right\} = \bar{x} \pm t \cdot \frac{s}{\sqrt{n}}$$

- $\bar{x}$ = arithmetisches Mittel
- $n$ = Stichprobenumfang
- $s$ = Standardabweichung
- $t$ = Wert der $t$-Verteilung, (mit Freiheitsgraden $\mathrm{df} = n - 1$)

Die Formel ist in der Funktion `t.test()` implementiert. Die Funktion kann angewendet werden, wenn die Daten in Rohform vorliegen.

```
# Testwerte
x <-  c(50, 45, 49, 48, 53, 69, 50, 54, 50, 36, 56,
        48, 48, 50, 50, 53, 34, 68, 47, 51)
# Konfidenzintervall
t.test(x)
```

```
 One Sample t-test

data:  x
t = 27.806, df = 19, p-value < 2.2e-16
```

```
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 46.65246 54.24754
sample estimates:
mean of x
    50.45
```

Über die Zusatzparameter `$estimate` und `$conf.int` kann die Ausgabe auf Median und Konfidenzgrenzen beschränkt werden.

```
t.test(x)$estimate
```

```
mean of x
    50.45
```

```
t.test(x)$conf.int
```

```
[1] 46.65246 54.24754
attr(,"conf.level")
[1] 0.95
```

Damit die Ausgabe **schöner** wird, wickeln wir noch `as.numeric()` außen herum.

```
as.numeric(t.test(x)$conf.int)
```

```
[1] 46.65246 54.24754
```

Standardmäßig wird das 95%-Intervall berechnet. Über den Parameter `conf.level` können beliebige Konfidenzniveaus angegeben werden.

```
# 99%-Intervall
t.test(x, conf.level=0.99)
```

```
 One Sample t-test

data:  x
t = 27.806, df = 19, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
99 percent confidence interval:
 45.25918 55.64082
sample estimates:
```

```
mean of x
    50.45
```

Wenn die Daten selbsst **nicht** vorliegen, sondern lediglich die Kennwerte bekannt sind, müssen wir die Grenzen von Hand ausrechnen. Nehmen wir an, eine Zufalls-Erhebung über die jährlichen Ausgaben für Pflegehilfsmittel ergab bei 100 Befragten (n = 100) einen Mittelwert $\bar{x}$=400,-€ bei einer Standardabweichung von s=20,-€. Das Konfidenzintervall für $\alpha$=0.05 wird nun wie folgt bestimmt.

```
# schreibe gegebene Werte in Variablen
n     <- 100
xquer <- 400
s     <- 20

# 95%KI-Fehler berechnen mit (alpha/2)
fehler95 <- qt(0.975, df=n-1)*s/sqrt(n)

# Fehlerwert ausgeben
fehler95
```

```
[1] 3.968434
```

Beachten Sie, dass in der Funktion `qt()` zur Bestimmung des kritischen t-Wertes die Irrtumswahrscheinlichkeit $\alpha$ halbiert werden muss, da es sich um eine zweiseitige Fragestellung handelt. So muss `qt()` nicht mit dem Wert `0.95` ($\alpha = 0.05$) aufgerufen werden, sondern mit `0.975` ($\frac{\alpha}{2} = 0.025$).

```
# untere Grenze des 95%KI
xquer - fehler95
```

```
[1] 396.0316
```

Die untere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 396.0316 Euro.

```
# obere Grenze des 95%KI
xquer + fehler95
```

```
[1] 403.9684
```

Die obere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 403.9684 Euro.

```
# Länge des 95%KI
(xquer + fehler95) - (xquer - fehler95)
```

```
[1] 7.936868
```

```
# oder schlauer
2*fehler95
```

```
[1] 7.936868
```

Für das 99% Konfidenzintervall ändern wir entsprechend um. Auch hier muss, da es sich um eine zweiseitige Fragestellung handelt, mit $\frac{\alpha}{2}$, also 0.005, gerechnet werden. In der Funktion `qt()` ändert sich also der Wert auf 0,995.

```
# 99%KI-Fehler berechnen mit (alpha/2)
fehler99 <- qt(0.995, df=n-1)*s/sqrt(n)

# zeige fehler99 an
fehler99
```

```
[1] 5.252811
```

```
# untere Grenze des 99%KI
xquer - fehler99
```

```
[1] 394.7472
```

Die untere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 394.7472 Euro.

```
# obere Grenze des 99%KI
xquer + fehler99
```

```
[1] 405.2528
```

Die obere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 405.2528 Euro.

```
# Länge des 99%KI
(xquer + fehler99) - (xquer - fehler99)
```

```
[1] 10.50562
```

```
# oder schlauer
2*fehler99
```

```
[1] 10.50562
```

Das 99%-Konfidenzintervall hat eine Länge von 10.50562 Euro.

Die Funktion `KInormal_a()` aus dem `jgsbook`-Paket nimmt uns die vorgestellten Rechenschritte ab.

```
# Berechne das 95%-KI für
# n=100, xquer=400 und s=20
jgsbook::KInormal_a(xquer=400, n=100, s=20, alpha=.05)
```

```
                     x          y
1 0.95 KI untere Grenze 396.031566
2  0.95 KI obere Grenze 403.968434
3        0.95 KI Laenge   7.936868
```

```
# Berechne das 99%-KI für
# n=100, xquer=400 und s=20
jgsbook::KInormal_a(xquer=400, n=100, s=20, alpha=.01)
```

```
                     x         y
1 0.99 KI untere Grenze 394.74719
2  0.99 KI obere Grenze 405.25281
3        0.99 KI Laenge  10.50562
```

#### 34.6.1.1 Unterschied von Mittelwerten

Das Konfidenzintervall für den Unterschied von Mittelwerten normalverteilter Daten berechnet sich mit der Formel

$$\left.\begin{matrix}\mu_o \\ \mu_u\end{matrix}\right\} = \hat{d} \pm t \cdot \sqrt{\frac{s^2_{\text{pool}}}{n_x} + \frac{s^2_{\text{pool}}}{n_y}}$$

- $\hat{d}$ = Differenz der Mittelwerte $\bar{x}$,$\bar{y}$
- $n_x, n_y$ = die Umfänge der beiden Stichproben
- $s_{\text{pool}}$ = gepoolte Standardabweichungen = $\frac{(n_x-1)\cdot s_x^2+(n_y-1)\cdot s_y^2}{n_x+n_y-2}$
- $t$ = Wert der $t$-Verteilung (mit Freiheitsgraden df $= n_x + n_y - 1$)

Liegen die Verteilungsdaten vor, können wir wieder die `t.test()`-Funktion nutzen.

```
# Testwerte
x <- c(50, 45, 49, 48, 53, 69, 50, 54, 50, 36, 56,
       48, 48, 50, 50, 53, 34, 68, 47, 51)
y <- c(57, 50, 57, 52, 48, 49, 57, 53, 54, 46, 47,
       54, 58, 53, 58, 55, 55, 52, 53, 52)
# Konfidenzintervall
t.test(x, y)
```

```
 Welch Two Sample t-test

data:  x and y
t = -1.2848, df = 26.194, p-value = 0.2101
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -6.628295  1.528295
sample estimates:
mean of x mean of y
    50.45     53.00
```

Über die Parameter `$estimate` und `$conf.int` können wir die Ausgabe auf unsere Werte beschränken.

```
u <- t.test(x,y)

# Unterschied der Mittelwerte
as.numeric(u$estimate[2]) - as.numeric(u$estimate[1])
```

```
[1] 2.55
```

```
# Konfidenzintervall
as.numeric(u$conf.int)
```

```
[1] -6.628295  1.528295
```

Standardmäßig wird das 95%-Intervall berechnet. Über den Parameter `conf.level` können beliebige Konfidenzniveaus angegeben werden.

```
# 99%-Intervall
t.test(x, y, conf.level=0.99)
```

```
 Welch Two Sample t-test

data:  x and y
t = -1.2848, df = 26.194, p-value = 0.2101
```

```
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
99 percent confidence interval:
 -8.061928  2.961928
sample estimates:
mean of x mean of y
    50.45     53.00
```

Liegen uns lediglich die Kennwerte der Verteilungen vor, müssen wir das Intervall von Hand ausrechnen. Nehmen wir an, in einer Studie wurde die Wirkung von zwei Medikamenten auf den Magnesiumgehalt des Blutserums (in mg/dl) untersucht. 13 Personen erhielten Medikament A und 10 Personen Medikament B. Nach 6 Wochen wurden folgende Daten bestimmt:

- $\bar{x}_A = 2{,}22$ mg/dl
- $\bar{x}_B = 2{,}70$ mg/dl
- $s_A = 0{,}255$ mg/dl
- $s_B = 0{,}306$ mg/dl
- $n_A = 13$
- $n_B = 10$

Das Konfidenzintervall für den Unterschied der Mittelwerte bei $\alpha = 0,05$ wird nun wie folgt bestimmt (Achtung, da es sich um eine zweiseitige Fragestellung handelt, müssen wir mit $\frac{\alpha}{2} = 0,025$ rechnen).

```r
# erzeuge die Daten
xa <- 2.22
xb <- 2.7
sa <- 0.255
sb <- 0.306
na <- 13
nb <- 10

# Differenz der Mittelwerte
d   <- xb - xa

# ausgeben
d
```

```
[1] 0.48
```

```r
# berechne die gepoolten Standardabweichungen
s_pool = ((na-1)*sa^2 + (nb-1)*sb^2) / (na+nb-2)

# ausgeben
s_pool
```

```
[1] 0.07728686
```

```
#Fehlerquote berechnen
fehler95 <- qt(0.975, df=na+nb-1) * sqrt(s_pool^2/na + s_pool^2/nb)

# ausgeben
fehler95
```

```
[1] 0.06741865
```

```
# untere Grenze des 95%KI
d - fehler95
```

```
[1] 0.4125813
```

Die untere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.4125813 mg/dl.

```
# obere Grenze des 95%KI
d + fehler95
```

```
[1] 0.5474187
```

Die obere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.5474187 mg/dl.

```
# Länge des Intervalls
2*fehler95
```

```
[1] 0.1348373
```

Das 95%-Konfidenzintervall hat eine Länge von 0.1348373 mg/dl.

Für das 99%-Konfidenzintervall wird der Wert für die Funktion `qt()` auf 0.995 gesetzt (da es sich um eine zweiseitige Fragestellung handelt, müssen wir mit $\frac{\alpha}{2} = 0,005$ rechnen).

```
#Fehlerquote berechnen
fehler99 <- qt(0.995, df=na+nb-1) * sqrt(s_pool^2/na + s_pool^2/nb)

# ausgeben
fehler99
```

```
[1] 0.09163373
```

```
# untere Grenze des 99%KI
d - fehler99
```

```
[1] 0.3883663
```

Die untere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.3883663 mg/dl.

```
# obere Grenze des 99%KI
d + fehler99
```

```
[1] 0.5716337
```

Die obere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.5716337 mg/dl.

```
# Länge des Intervalls
2*fehler99
```

```
[1] 0.1832675
```

Das 99%-Konfidenzintervall hat eine Länge von 0.1832675 mg/dl.

Die Funktion `KInormal_u()` aus dem `jgsbook`-Paket nimmt uns auch hier die vorgestellten Rechenschritte ab.

```
# Berechne das 95%-KI
jgsbook::KInormal_u(xa, sa, na, xb, sb, nb, alpha=0.05)
```

```
                         x         y
1 Differenz der Mittelwerte 0.4800000
2     0.95 KI untere Grenze 0.4125813
3      0.95 KI obere Grenze 0.5474187
4            0.95 KI Laenge 0.1348373
```

```
# Berechne das 99%-KI
jgsbook::KInormal_u(xa, sa, na, xb, sb, nb, alpha=0.01)
```

```
                         x         y
1 Differenz der Mittelwerte 0.4800000
```

```
2     0.99 KI untere Grenze 0.3883663
3      0.99 KI obere Grenze 0.5716337
4            0.99 KI Laenge 0.1832675
```

### 34.6.2 Binomialverteilung

Zur Berechnung von Konfidenzintervallen für **Anteilswerte** wird folgende Formel verwendet.

$$\begin{matrix} p_o \\ p_u \end{matrix} \} = k \pm c \cdot \sqrt{\frac{k1 \dot{-} k}{n}}$$

- $n$ = Umfang der Stichprobe
- $k$ = geschätzter Anteil
- $c$ = Quartilswert für Irrtumswahrscheinlichkeit $\alpha$

Liegen die Verteilungswerte vor, kann die Funktion `prop.test()` in Kombination mit `table()` verwendet werden.

```r
# Testwerte
antwort <- c("ja", "nein", "nein", "ja", "ja", "ja", "ja", "ja", "ja",
             "ja", "ja", "ja", "nein", "ja", "ja", "ja", "nein", "ja")
# erstelle Häufigkeitstabelle
freq <- table(antwort)
# Tabelle anzeigen
freq
```

```
antwort
  ja nein
  14    4
```

```r
# Konfidenzintervall für Anteil "ja"
prop.test(freq[["ja"]], length(antwort))
```

```
 1-sample proportions test with continuity correction

data:  freq[["ja"]] out of length(antwort), null probability 0.5
X-squared = 4.5, df = 1, p-value = 0.03389
alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
95 percent confidence interval:
 0.5191861 0.9262769
sample estimates:
        p
0.7777778
```

```r
# Konfidenzintervall für Anteil "nein"
prop.test(freq[["nein"]], sum(freq))
```

```
 1-sample proportions test with continuity correction

data:  freq[["nein"]] out of sum(freq), null probability 0.5
X-squared = 4.5, df = 1, p-value = 0.03389
alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
95 percent confidence interval:
 0.0737231 0.4808139
sample estimates:
        p
0.2222222
```

Wenn die Werte der absoluten Häufigkeitstabelle bekannt sind, können die Werte auch direkt an die Funktion übergeben werden. Angenommen, von 120 Studierenden hätten 95 die Abschlussprüfung bestanden, dann lautet der Funktionsaufruf für den Anteil „bestanden“ entsprechend:

```r
prop.test(95, 120)
```

```
 1-sample proportions test with continuity correction

data:  95 out of 120, null probability 0.5
X-squared = 39.675, df = 1, p-value = 2.999e-10
alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
95 percent confidence interval:
 0.7059845 0.8582409
sample estimates:
        p
0.7916667
```

Über die Zusatzparameter `$estimate` und `$conf.int` kann die Ausgabe auf die Konfidenzgrenzen beschränkt werden.

```r
# Konfidenzintervall für Anteil "ja"
prop.test(95, 120)$conf.int
```

```
[1] 0.7059845 0.8582409
attr(,"conf.level")
[1] 0.95
```

Standardmäßig wird das 95%-Intervall berechnet. Über den Parameter `conf.level` können beliebige Konfidenzniveaus angegeben werden.

```r

```

```r
# 99%-Intervall
prop.test(95, 120, conf.level=0.99)
```

```
 1-sample proportions test with continuity correction

data:  95 out of 120, null probability 0.5
X-squared = 39.675, df = 1, p-value = 2.999e-10
alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
99 percent confidence interval:
 0.6775964 0.8738928
sample estimates:
        p
0.7916667
```

Wenn die absolute Häufigkeitstabelle nicht vollständig vorliegt, müssen wir von Hand rechnen. Nehmen wir an, in einer klinischen Studie wurde an 150 Patienten die Dekubitusprävalenz ermittelt. Dabei wurde eine Prävalenz von 35% festgestellt. Die Konfidenzintervalle für den "wahren Wert" der Grundgesamtheit wird wie folgt bestimmt.

```r
# Daten erzeugen
n <- 150
k <- 0.35

# Fehler berechnen mit (alpha/2)!
fehler95 <- qnorm(0.975)*sqrt(k*(1-k)/n)

# anzeigen
fehler95
```

```
[1] 0.07632963
```

Beachten Sie, dass in der Funktion `qnorm()` die Irrtumswahrscheinlichkeit $\alpha$ halbiert werden muss, da es sich um eine zweiseitige Fragestellung handelt. So muss qnorm() nicht mit dem Wert 0.95 ($\alpha = 0.05$) aufgerufen werden, sondern mit 0.975 ($\frac{\alpha}{2} = 0.025$).

```r
# untere Grenze des KI
k - fehler95
```

```
[1] 0.2736704
```

Die untere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.2736704 = 27,36704%.

```r
# obere Grenze des KI
k + fehler95
```

```
[1] 0.4263296
```

Die obere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.4263296 = 42,63296%.

```
# Länge des KI
2*fehler95
```

```
[1] 0.1526593
```

Das 95%-Konfidenzintervall hat eine Länge von 0.1526593 = 15,26593%.

Für das 99%-Konfidenzintervall muss der Wert der Funktion `qnorm()` auf 0.995 ($\frac{\alpha}{2} = 0,005$) angepasst werden.

```
# Fehler berechnen mit (alpha/2)!
fehler99 <- qnorm(0.995)*sqrt(k*(1-k)/n)

# anzeigen
fehler99
```

```
[1] 0.1003141
```

```
# untere Grenze des KI
k - fehler99
```

```
[1] 0.2496859
```

Die untere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.2496859 = 24,96859%.

```
# obere Grenze des KI
k + fehler99
```

```
[1] 0.4503141
```

Die obere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.4503141 = 45,03141%.

```
# Länge des KI
2*fehler99
```

```
[1] 0.2006283
```

Das 99%-Konfidenzintervall hat eine Länge von 0.2006283 = 20,06283%.

Die Funktion `KIbinomial_a()` aus dem `jgsbook`-Paket nimmt uns auch hier die vorgestellten Rechenschritte ab.

```
# Berechne das 95%-KI
jgsbook::KIbinomial_a(p=0.35, n=150, alpha=0.05)
```

```
                      x         y
1 0.95 KI untere Grenze 0.2736704
2  0.95 KI obere Grenze 0.4263296
3        0.95 KI Laenge 0.1526593
```

```
# Berechne das 99%-KI
jgsbook::KIbinomial_a(p=0.35, n=150, alpha=0.01)
```

```
                      x         y
1 0.99 KI untere Grenze 0.2496859
2  0.99 KI obere Grenze 0.4503141
3        0.99 KI Laenge 0.2006283
```

#### 34.6.2.1 Unterschied von Anteilswerten

Zur Berechnung der Konfidenzintervalle bei Unterschieden von Anteils- werten wird die folgende Formel verwendet.

$$\begin{matrix} d_o \\ d_u \end{matrix} \} = \hat{d} \pm \sqrt{\frac{\hat{p}_1 \cdot (1-\hat{p}_1)}{n_1} + \frac{\hat{p}_2 \cdot (1-\hat{p}_2)}{n_2}}$$

- $\hat{d}$ = die Differenz der Anteile
- $n_1, n_2$ = die Umfänge der beiden Stichproben
- $\hat{p}_1, \hat{p}_2$ = die geschätzten Anteile in beiden Stichproben
- $c$ = Quartilswert für Irrtumswahrscheinlichkeit $\alpha$

Liegen die erhobenen Daten als Kreuztabelle der absoluten Häufigkeiten vor, kann die Funktion `prop.test()` verwendet werden.

```
# Testwerte
antwort <- c("ja", "nein", "nein", "ja", "ja", "ja", "ja", "nein", "ja",
             "ja", "ja", "ja", "nein", "ja", "ja", "ja", "nein", "ja")
geschlecht <- c("w", "w", "m", "w", "m", "m", "m", "m", "w",
                "m", "w", "m", "w", "w", "m", "m", "w", "w")
# erstelle Kreuztabelle
freq <- xtabs(~ antwort + geschlecht)
```

```
# Tabelle anzeigen
freq
```

```
       geschlecht
antwort m w
   ja   7 6
   nein 2 3
```

```
# Konfidenzintervall für Anteil "ja" zwischen "m" und "w"
prop.test(c(freq[["ja","m"]], freq[["ja","w"]]),
          c(sum(freq[,"m"]), sum(freq[,"w"])))
```

```
 2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(freq[["ja", "m"]], freq[["ja", "w"]]) out of c(sum(freq[, "m"]), sum(freq[,
"w"]))
X-squared = 0, df = 1, p-value = 1
alternative hypothesis: two.sided
95 percent confidence interval:
 -0.4106382  0.6328604
sample estimates:
   prop 1    prop 2
0.7777778 0.6666667
```

Wenn alle Daten der Kreuztabelle vorliegen, können die Werte auch direkt an die Funktion übergeben werden. Angenommen wir wissen, dass von 9 Frauen 6 mit „ja“ geantwortet haben, und von 9 Männern 7, dann können wir das Konfidenzintervall für den Anteilsunterschied wie folgt berechnen:

```
# Unterschied im Anteil "ja"
prop.test(c(7, 6), c(9, 9))
```

```
 2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(7, 6) out of c(9, 9)
X-squared = 0, df = 1, p-value = 1
alternative hypothesis: two.sided
95 percent confidence interval:
 -0.4106382  0.6328604
sample estimates:
   prop 1    prop 2
0.7777778 0.6666667
```

Über die Zusatzparameter `$estimate` und `$conf.int` kann die Ausgabe auf die Konfidenzgrenzen beschränkt werden.

```r
# Konfidenzintervall für Anteilsunterschied "ja"
prop.test(c(7, 6), c(9, 9))$conf.int
```

```
[1] -0.4106382  0.6328604
attr(,"conf.level")
[1] 0.95
```

Standardmäßig wird das 95%-Intervall berechnet. Über den Parameter `conf.level` können beliebige Konfidenzniveaus angegeben werden.

```r
# 99%-Intervall
prop.test(c(7, 6), c(9, 9), conf.level=0.99)
```

```
 2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(7, 6) out of c(9, 9)
X-squared = 0, df = 1, p-value = 1
alternative hypothesis: two.sided
99 percent confidence interval:
 -0.5396700  0.7618923
sample estimates:
   prop 1    prop 2
0.7777778 0.6666667
```

Wenn wir keine absoluten Zahlen vorliegen haben, müssen wir von Hand rechnen. Nehmen wir an, in Bundesland A gaben 25% von 100 Befragten an, Zuzahlungen bei Pflegehilfsmitteln leisten zu müssen. In Bundesland B wurden 150 Personen befragt, von denen 40% von Zuzahlungen betroffen waren. Der Punktschätzwert für die Differenz $\hat{d}$ beträgt folglich 0,40-0,25 = 0,15.

Die Konfidenzintervalle für die wahre Differenz `d` kann nun wie folgt bestimmt werden.

```r
# Daten erzeugen
n1 <- 100
p1 <- 0.25

n2 <- 150
p2 <- 0.4

# Differenz der Anteile
d <- p2-p1
```

Beachten Sie, dass in der Funktion `qnorm()` die Irrtumswahrscheinlichkeit $\alpha$ halbiert werden muss, da es sich um eine zweiseitige Fragestellung handelt. So muss `qnorm()` nicht mit dem Wert 0.95 ($\alpha = 0.05$) aufgerufen werden, sondern mit 0.975 ($\frac{\alpha}{2}$) $= 0.025$).

```
# 95%KI-Fehler berechnen mit (alpha/2)
fehler95 <- qnorm(0.975)*sqrt(p1*(1-p1)/n1 + p2*(1-p2)/n2)

#anzeigen
fehler95
```

```
[1] 0.1155382
```

```
# untere Grenze des 95%KI
d - fehler95
```

```
[1] 0.03446183
```

Die untere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.03446183 = 3,446183%.

```
# obere Grenze des 95%KI
d + fehler95
```

```
[1] 0.2655382
```

Die obere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.2655382 = 26,55382%.

```
# Länge des KI
2*fehler95
```

```
[1] 0.2310763
```

Die Länge des 95%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.2310763 = 23,10763%.

Für das 99%-Konfidenzintervall muss der Wert der Funktion `qnorm()` auf 0.995 ($\frac{\alpha}{2} = 0,005$) angepasst werden.

```
# 99%KI-Fehler berechnen mit (alpha/2)
fehler99 <- qnorm(0.995)*sqrt(p1*(1-p1)/n1 + p2*(1-p2)/n2)

#anzeigen
fehler99
```

```
[1] 0.1518429
```

```
# untere Grenze des 99%KI
d - fehler99
```

```
[1] -0.001842898
```

Die untere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei −0.0018429 = −0,18429%.

```
# obere Grenze des 99%KI
d + fehler99
```

```
[1] 0.3018429
```

Die obere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.3018429 = 30,18429%.

```
# Länge des KI
2*fehler99
```

```
[1] 0.3036858
```

Die Länge des 99%-Konfidenzintervalls liegt bei 0.3036858 = 30,36858%.

Wie Sie sehen, liegt die untere Grenze des 99%-Konfidenzintervalls im negativen Bereich. Errechnet sich ein Intervall, welches die 0 einschließt, bedeutet dies, dass der wahre Unterschied auch 0 sein könnte.

Die Funktion `KIbinomail_u()` aus dem `jgsbook`-Paket nimmt uns auch hier die vorgestellten Rechenschritte ab.

```
# Berechne das 95%-KI
jgsbook::KIbinomial_u(p1, n1, p2, n2, alpha=0.05)
```

```
                    x          y
1 Differenz der Anteile 0.15000000
2 0.95 KI untere Grenze 0.03446183
3  0.95 KI obere Grenze 0.26553817
4        0.95 KI Laenge 0.23107635
```

```
# Berechne das 99%-KI
jgsbook::KIbinomial_u(p1, n1, p2, n2, alpha=0.01)
```

```
                    x           y
1 Differenz der Anteile  0.150000000
```

```
2 0.99 KI untere Grenze -0.001842898
3  0.99 KI obere Grenze  0.301842898
4        0.99 KI Laenge  0.303685796
```

## 34.7 Signifikanztests

### 34.7.1 $X^2$-Test

Der $X^2$-Test wird mit der Funktion `chisq.test()` durchgeführt. Hierfür müssen die Daten als Kreuztabelle vorliegen.

```
# lade Testdaten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

# erstelle Kreuztabelle aus Alter und Geschlecht
xtabelle <- xtabs(~ nw$age + nw$sex)

# Führe Chiquadrat-Test durch
chisq.test(xtabelle)
```

```
Warning in chisq.test(xtabelle): Chi-Quadrat-Approximation kann inkorrekt sein


 Pearson's Chi-squared test

data:  xtabelle
X-squared = 43.886, df = 44, p-value = 0.4765
```

Der p-Wert ist nicht signifikant, das heisst, das kein Zusammenhang gefunden werden konnte.

Die Warnung bedeutet, dass der p-Wert aus sehr kleinen Zellenhäufigkeiten (kleiner 5) geschätzt wurde, und daher fehlerhaft sein kann (wir sollten daher einen *exakten* Test durchführen, zum Beispiel den *Fisher-Test*).

Ein gutes Anleitungsvideo zum $X^2$-Test findet sich bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=YJUuyaC0x48

### 34.7.2 Fisher's Exakttest

Der *exakte Fisher-Test* wird mit der Funktion `fisher.test()` durchgeführt.

```
# Führe Fisher-Test durch
fisher.test(xtabelle)
```

```
Fisher's Exact Test for Count Data with simulated p-value (based on 2000 replicates)
data: nw$sex and nw$age
```

```
p-value = 0.3848
alternative hypothesis: two.sided
```

Der exakte Fisher-Test bestätigt, dass es keinen Unterschied gibt.

### 34.7.3 t-Test

Der t-Test ist wohl einer der bekanntesten Signifikanztests. In `R` wird er mit der Funktion `t.test()` ausgeführt.

#### 34.7.3.1 Einstichproben t-Test

Beim Einstichproben t-Test wird der Mittelwert der Grundgesamtheit über den Parameter mu mitgegeben. Schauen wir, ob im Nachtwachendatensatz das Alter von einem gedachten Mittelwert 40 in der Grundgesamtheit abweicht.

```
# lade Testdaten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

# Führe t-Test für "Alter" auf Mittelwert 40 durch
t.test(nw$age, mu=40)
```

```
 One Sample t-test

data:  nw$age
t = 6.8274, df = 275, p-value = 5.524e-11
alternative hypothesis: true mean is not equal to 40
95 percent confidence interval:
 43.00908 45.44744
sample estimates:
mean of x
 44.22826
```

Der Test ist signifikant, das bedeutet, das `Alter` im Datensatz `nw` weicht von einem Mittelwert in der Grundgesamtheit von 40 ab. Es liegt ein Unterschied vor.

Zur Beschreibung der Effekt*stärke* des Unterschieds können wir Cohen's d berechnen. Dies kann über das Zusatzpaket `{lsr}` und der Funktion `cohensD()` erfolgen.

```
# aktiviere Zusatzpaket "lsr"
library(lsr)

# berechne Effektsärke Cohen's D
cohensD(nw$age, mu=40)
```

```
[1] 0.4109627
```

Dieser Wert kann nun nach Cohen's Angaben (Cohen, 1992) interpretiert werden (0.2=kleiner Effekt, 0.5=mittel, 0.8=stark).

Unsere Effektgröße ist mit `0.4109627` eher „mittel".

Ein gutes Anleitungsvideo zum Einstichproben t-Test findet sich bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=7vcyjuSwfzI

#### 34.7.3.2 unabhängiger t-Test

Für den Vergleich der Mittelwerte bei unabhängige Stichproben werden die Werte beider Gruppen als Variable übergeben. So können wir z.B. schauen, ob sich die Datensätze `nw` und `epa` hinsichtlich des Alters unterscheiden

```
# t-test auf Alter in Datensatz "epa" und "nw"
t.test(nw$age, epa$age)
```

```
 Welch Two Sample t-test

data:  nw$age and epa$age
t = -19.316, df = 854.37, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -20.65610 -16.84545
sample estimates:
mean of x mean of y
 44.22826  62.97903
```

Das Ergebnis ist signifikant, die Gruppen unterscheiden sich also.

Standardmäßig wird ein zweiseitiger Test durchgeführt. Über den Parameter `alternative` kann dies geändert werden.

```
# t-test einseitig, kleiner
t.test(nw$age, epa$age, alternative = "less")
# t-test einseitig, größer
t.test(nw$age, epa$age, alternative = "greater")
# t-test zweiseitig
t.test(nw$age, epa$age, alternative = "two.sided")
```

Die Funktion nimmt auch die Syntax *erklärt durch* entgegen. Wir schauen, ob sich das `Alter` im Datensatz `epa` in den Geschlechtergruppen unterscheidet, also *Alter erklärt durch Geschlecht*.

```
# t-test Alter zwischen Geschlechtern im Datensatz "epa"
t.test(age ~ sex, data=epa)
```

```
 Welch Two Sample t-test
```

```
data:  age by sex
t = -4.7535, df = 595.03, p-value = 2.51e-06
alternative hypothesis: true difference in means between group m and group w is not equal
to 0
95 percent confidence interval:
 -9.923268 -4.120822
sample estimates:
mean in group m mean in group w
       59.79646        66.81851
```

Das Ergebnis ist signifikant. Auch hier lässt sich wieder die Effektstärke Cohen's D berechnen.

```
# Effektsärke
lsr::cohensD(age ~ sex, data=epa)
```

```
[1] 0.3837919
```

Der Effekt ist mit 0.3837919 eher klein.

Ein gutes Anleitungsvideo zum unabhängigen t-Test findet sich bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=3Yz-XNRasGM

#### 34.7.3.3 abhängiger t-Test

Bei gepaarten Werten muss ein abhängiger t-Test berechnet werden. Dies erfolgt über den Parameter `paired`, der auf `TRUE` gesetzt wird. Auch hier können wir wieder die Richtung (größer, kleiner, zweiseitig) über den Parameter `alternative` verändern.

```
# erzeuge Testwerte
t0 <- rnorm(100, mean=12, sd=1)
t1 <- rnorm(100, mean=11, sd=3)

# gepaarter t-Test
t.test(t0, t1, paired=TRUE)
```

```
 Paired t-test

data:  t0 and t1
t = 4.5818, df = 99, p-value = 1.345e-05
alternative hypothesis: true mean difference is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.8011115 2.0249811
sample estimates:
mean difference
       1.413046
```

```
# gepaarter  t-test einseitig, kleiner
t.test(t0, t1, paired=TRUE, alternative = "less")
# gepaarter t-test einseitig, größer
t.test(t0, t1, paired=TRUE, alternative = "greater")
# gepaarter t-test zweiseitig
t.test(t0, t1, paired=TRUE, alternative = "two.sided")
```

Die Effektstärke Cohen's D lässt sich entsprechend berechnen, indem der Parameter `method` auf `paired` gesetzt wird:

```
# Effektsärke
lsr::cohensD(t0, t1, method="paired")
```

```
[1] 0.4581845
```

Der Effekt ist mit 0.4581845 eher gering.

Ein gutes Anleitungsvideo zum verbundenen t-Test findet sich bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=H15M_8gh1Ok

### 34.7.4 F-Test

Der F-Test wird mit der Funktion `var.test()` berechnet. So können wir prüfen, ob die Varianz des Alters im Datensatz `epa` in den Geschlechtergruppen unterschiedlich ist.

```
# lade Testdaten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/epa.RData"))

# F-Test
var.test(age ~ sex , data=epa)
```

```
 F test to compare two variances

data:  age by sex
F = 0.98352, num df = 338, denom df = 280, p-value = 0.8816
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.7848842 1.2294811
sample estimates:
ratio of variances
          0.983521
```

Der Test ist nicht signifikant, es liegt kein Unterschied in den Varianzen vor.

### 34.7.5 Levene-Test

Ebenso kann mit dem Levene-Test auf Varianzunterschied geprüft werden. Hierfür rufen wir die Funktion `leveneTest()` aus dem Zusatzpaket `{car}` auf.

```
# lade Testdaten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/epa.RData"))

# Levene-Test
car::leveneTest(epa$age, epa$sex)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
       Df F value Pr(>F)
group   1  0.0232 0.8789
      618
```

Der Test ist nicht signifikant, es liegt kein Unterschied in den Varianzen vor. Ein gutes Anleitungsvideo zum verbundenen Levene-Test findet sich bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=717UWGnyQGA

### 34.7.6 Mann-Whitney-U-Test

Dies ist die nicht-parametrische alternative zum t-Test für unabhängige Stichproben. Er wird mit der Funktion `wilcox.test()` durchgeführt, wobei der Parameter `paired` auf `FALSE` gesetzt wird (ist die Standardeinstellung).

```
# lade Testdaten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/epa.RData"))

# Man-Whitney-U-Test
wilcox.test(epa$age ~ epa$sex)
```

```
 Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  epa$age by epa$sex
W = 35862, p-value = 1.151e-07
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Das Ergebnis ist signifikant, das `Alter` im Datensatz `epa` unterscheidet sich zwischen den Geschlechtern.

Mit dem Parameter `conf.int` kann das Konfidenzintervall des Schätzwertes mit ausgegeben werden.

```
wilcox.test(epa$age ~ epa$sex, conf.int=TRUE)
```

```
 Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  epa$age by epa$sex
```

```
W = 35862, p-value = 1.151e-07
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -9.999986 -4.999952
sample estimates:
difference in location
             -7.000029
```

Ein gutes Anleitungsvideo zum Mann-Whitney-U-Test finden Sei bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=4lFyRcXoJB8

### 34.7.7 Wilcoxon-Test

Dies ist die nicht-parametrische alternative zum abhängigen t-Test. Er wird mit der Funktion `wilcox.test()` durchfegührt, wobei der Parameter `paired` auf `TRUE` gesetzt werden muss. Andernfalls rechnet `R` einen Man-Whitney-U-Test.

```
# erzeuge Testwerte
t0 <- sample(70:140, 100, replace=T)
t1 <- sample(74:170, 100, replace=T)

wilcox.test(t0, t1, paired=TRUE)
```

```
 Wilcoxon signed rank test with continuity correction

data:  t0 and t1
V = 805, p-value = 5.628e-09
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Mit dem Parameter `conf.int` kann das Konfidenzintervall des Schätzwertes mit ausgegeben werden.

```
# erzeuge Testwerte
t0 <- sample(70:140, 100, replace=T)
t1 <- sample(74:170, 100, replace=T)

wilcox.test(t0, t1, paired=TRUE, conf.int=TRUE)
```

```
 Wilcoxon signed rank test with continuity correction

data:  t0 and t1
V = 1205.5, p-value = 5.748e-06
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -28.00003 -12.50000
sample estimates:
```

```
(pseudo)median
     -20.49995
```

Ein gutes Anleitungsvideo zum Wilcoxon-Test finden Sie bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=4lFyRcXoJB8

### 34.7.8 Shapiro-Wilk-Normalverteilungstest

Zum Test auf Normalverteilung kann der Shapiro-Wilk-Test über die Funktion `shapiro.test()` verwendet werden. Die Nullhypothese lautet, *dass* eine Normalverteilung vorliegt. Testen wir, ob im Datensatz `nw` das Alter (`age`) normalverteilt ist.

```
# lade Testdaten
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

# Teste "age" auf Normalverteilung
shapiro.test(nw$age)
```

```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  nw$age
W = 0.96636, p-value = 4.677e-06
```

Das Ergebnis ist signifikant, die Daten sind **nicht** normalverteilt.

Erzeugen wir normalverteilte Werte zur Gegenprobe.

```
# Test mit 100 zufälligen und normalverteilten Werten
shapiro.test(rnorm(100))
```

```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  rnorm(100)
W = 0.99307, p-value = 0.8921
```

Das Ergebnis ist (wie erwartet) nicht signifikant, das heisst, unsere Zufallszahlen sind wirklich normalverteilt.

Der Shapiro-Wilk-Test funktioniert nur bis zu einer Stichprobengröße von $n = 5000$. Besteht der Datensatz aus mehr Fällen, kann auf den Kolmogorov-Smirnov-Test ausgewichen werden.

### 34.7.9 Kolmogorov-Smirnov-Test

Der Kolmogorov-Smirnov-Test prüft die Nullhypothese, dass die Daten einer bestimmten Verteilung (z.B. der Normalverteilung) folgen. In `R` ist er über die Funktion `ks.test()` implementiert.

Prüfen wir nun also mittels Kolmogorov-Smirnov-Test, ob im Datensatz `nw` das Alter (`age`) normalverteilt ist.

```r
# lade nw Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

# Teste, ob Alter normalverteilt ist
ks.test(nw$age, "pnorm")
```

```
 Asymptotic one-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  nw$age
D = 1, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: two-sided
```

Der Test ist signifikant, das heisst, es liegt **keine** Normalverteilung vor.

Die Testparameter können zudem auf die Lage- und Streuungskenngrößen der Wertereihe angepasst werden.

```r
# passe auf Kenngrößen an
ks.test(nw$age, "pnorm",
        mean = mean(nw$age, na.rm = TRUE),
        sd = sd(nw$age, na.rm = TRUE))
```

```
 Asymptotic one-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  nw$age
D = 0.11477, p-value = 0.001391
alternative hypothesis: two-sided
```

Auch dieser Test ist signifikant, das heisst, es liegt **keine** Normalverteilung vor.

Machen wir nun den Gegentest mit normalverteilten Werten:

```r
# erzeuge normalverteilte Dummywerte
dummy <- rnorm(10000)

# Test auf Normalverteilung
ks.test(dummy, "pnorm",
        mean = mean(dummy),
        sd = sd(dummy))
```

```
 Asymptotic one-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  dummy
D = 0.0059544, p-value = 0.8703
alternative hypothesis: two-sided
```

Der Test ist nicht signifikant, das heisst, es liegen normalverteilte Werte vor.

## 34.8 Post-Hoc-Tests

Post-hoc-Tests werden verwendet, um paarweise Vergleiche nach einem initialen Test (wie ANOVA, siehe Abschnitt 34.9) durchzuführen, der signifikante Unterschiede zwischen Gruppenmittelwerten anzeigt. Durch die Mehrfachvergleiche (multiples Testen) entsteht das erhöhte Risiko von falsch-positiven Ergebnissen (Typ-I-Fehler).

Post-Hoc-Tests helfen dabei, spezifische Gruppen zu identifizieren, die sich voneinander unterscheiden, während sie das Problem der Mehrfachtestung berücksichtigen.

`R` bietet mehrere Funktionen zur Durchführung von Post-hoc-Tests. In diesem Abschnitt bschränken wir uns auf die weit verbreiteten Funktionen `reporttools::pairwise.fisher.test()`, `pairwise.wilcox.test()` und `pairwise.t.test()`.

### 34.8.1 Paarweise Chiquadrat

In R-base ist keine Funktion implementiert, die einen paarweisen Chiquadrat-Test durchführt. Das mag daran liegen, dass der Chiquadrat-Test als (weniger genaue) Alternative zu dem rechenaufwändigen exakten Fisher-Test entwickelt wurde. Mit der heutigen Computertechnologie ist es jedoch in den meisten Fällen kein Problem, den exakten Test nach Fisher auch auf älterer Hardware anzuwenden.

### 34.8.2 Paarweise Fisher-Test

Der `pairwise.fisher.test` aus dem Paket `{reporttools}` wird verwendet, um paarweise Vergleiche zwischen Gruppen durchzuführen, wenn nonimale Daten vorliegen.

Als Beispiel untersuchen wir im Datensatz `pf8`, ob sich die Geschlechter je nach Standort unterscheiden.

```
# verwende pf8 Datensatz
pf8 <- jgsbook::pf8

# führe exakten Test durch
reporttools::pairwise.fisher.test(pf8$Geschlecht, pf8$Standort, p.adjust.method =
"holm")
```

```
 Pairwise comparisons using

data:  pf8$Geschlecht and pf8$Standort

          Rheine  Münster Bahn    Ladbergen
Münster   1.00000 -       -       -
Bahn      1.00000 1.00000 -       -
Ladbergen 0.56615 0.24097 0.32261 -
Internet  0.00262 0.02282 0.09245 0.00065

P value adjustment method: holm
```

Als Ergebnis erhalten wir eine Tabelle mit p-Werten. Es ist zu erkennen, dass sich die Geschlechterverteilungen zwischen den Standortvergleichen `Internet-Rheine`, `Internet-Münster` und `Internet-Landbergen` unterscheiden.

### 34.8.3 Paarweise Wilcoxon-Test (Mann-Whitney-U)

Die Funktion `pairwise.wilcox.test()` wird verwendet, um paarweise Vergleiche zwischen Gruppen durchzuführen, wenn die Daten nicht normalverteilt sind. Dieser Test basiert auf dem Wilcoxon-Rangsummentest, auch bekannt als Mann-Whitney-U-Test, und ist eine nichtparametrische Methode, die keine Annahmen über die Verteilung der Daten erfordert.

Als Beispiel untersuchen wir im Datensatz `pf8`, ob sich das Alter der Probanden je nach Standort unterscheidet.

```
pairwise.wilcox.test(pf8$Alter, pf8$Standort, p.adjust.method = "bonferroni")
```

```
 Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  pf8$Alter and pf8$Standort

          Rheine  Münster Bahn    Ladbergen
Münster   1.00000 -       -       -
Bahn      0.55704 1.00000 -       -
Ladbergen 0.56286 1.00000 1.00000 -
Internet  0.02780 3.5e-05 0.00027 0.00062

P value adjustment method: bonferroni
```

Als Ergebnis erhalten wir eine Tabelle mit p-Werten. Es ist zu erkennen, dass sich die Altersverteilungen zwischen den Standortvergleichen `Internet-Rheine`, `Internet-Münster` und `Internet-Landbergen` unterscheiden.

### 34.8.4 Paarweise t-Test

Die Funktion `pairwise.t.test()` wird verwendet, um paarweise Vergleiche zwischen Gruppen durchzuführen, wenn die Daten normalverteilt sind.

```
# erzeuge Testdaten
Gruppe <- factor(rep(c("Handball", "Fussball", "Volleyball"), each = 10))
Punkte <- c(rnorm(10, mean = 5), rnorm(10, mean = 6), rnorm(10, mean = 7))

# Führe paarweise t-Tests durch
pairwise.t.test(Punkte, Gruppe, p.adjust.method = "holm")
```

```
 Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  Punkte and Gruppe
```

```
           Fussball Handball
Handball   0.116    -
Volleyball 0.391    0.025

P value adjustment method: holm
```

Als Ergebnis erhalten wir eine Tabelle mit p-Werten. Es ist zu erkennen, dass sich die Punkteverteilungen zwischen `Handball-Fussball`, und `Handball-Volleyball` unterscheiden.

## 34.9 Varianzanalysen

### 34.9.1 ANOVA mit Messwiederholung

Eine ANOVA mit Messwiederholung kann wie folgt in R durchgeführt werden. Wir nutzen den Testdatensatz `Messwiederholung.rda`.

```
load(url("https://www.produnis.de/R/data/Messwiederholung.rda"))
```

Der Datensatz besteht aus 200 Probanden, bei denen zu drei Zeitpunkten ein Wert erhoben wurde.

```
head(Messwiederholung)
```

```
     Name        t1       t2       t3
1  Brycen 11.728110 8.190290 6.202859
2   Waail  9.781605 8.646142 6.311455
3 Abigail 11.937967 9.386623 4.577478
4   Holly  4.597950 8.204762 7.250849
5  Sheila  8.277670 8.322449 6.952457
6 Rebekah  7.891258 9.104856 7.191639
```

Zunächst müssen wir die Daten ins `long table`-Format überführen.

```
# Überführe die Daten ins "long table"-Format
df <- Messwiederholung %>%
  pivot_longer(cols=t1:t3,
               names_to = "Zeitpunkt",
               values_to = "Wert") %>%
  mutate(Zeitpunkt = factor(Zeitpunkt),
         Name = factor(Name))

# anschauen
head(df)
```

```
# A tibble: 6 × 3
  Name   Zeitpunkt  Wert
```

```
  <fct>  <fct>     <dbl>
1 Brycen t1        11.7
2 Brycen t2         8.19
3 Brycen t3         6.20
4 Waail  t1         9.78
5 Waail  t2         8.65
6 Waail  t3         6.31
```

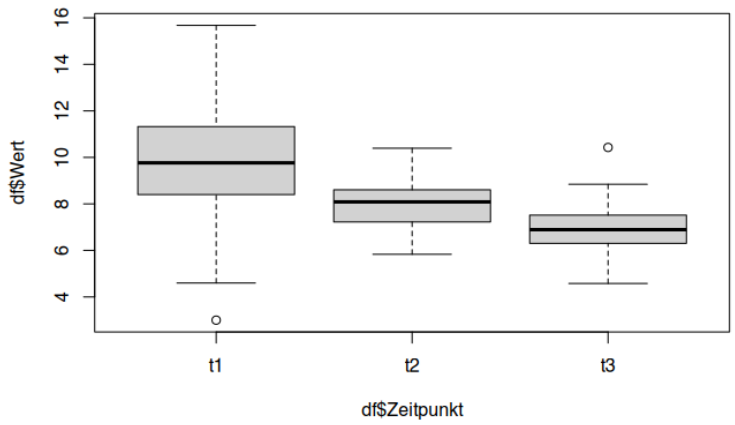
Zunächst verschaffen wir uns einen deskriptiven Überblick über die Daten.

```
# mal deskriptiv anschauen
df %>%
  group_by(Zeitpunkt) %>%
  summarise(M = mean(Wert),
            SD = sd(Wert),
            Q1 = quantile(Wert, probs = 0.25),
            Q2 = quantile(Wert, probs = 0.5),
            Q3 = quantile(Wert, probs = 0.75),
            IQR = IQR(Wert),
            N = n())
```

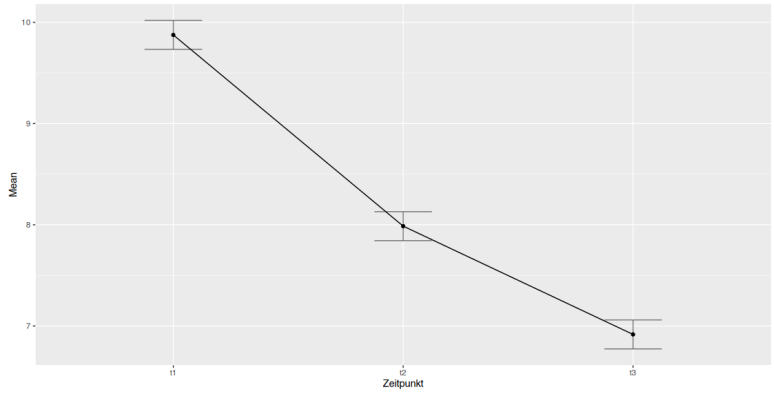
```
# A tibble: 3 × 8
  Zeitpunkt     M    SD    Q1    Q2    Q3   IQR     N
  <fct>     <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <int>
1 t1         9.88 2.14   8.41  9.77 11.3   2.91   200
2 t2         7.99 0.935  7.24  8.09  8.60  1.36   200
3 t3         6.92 0.868  6.31  6.89  7.51  1.21   200
```

Das geht auch graphisch:

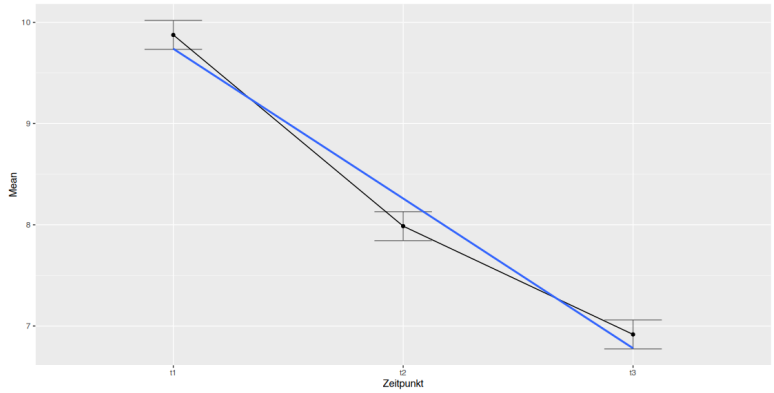
```
# mal graphisch anschauen
boxplot(df$Wert ~ df$Zeitpunkt)
```



```
ez::ezPlot(df, Wert, Name, within = Zeitpunkt, x = Zeitpunkt)
```



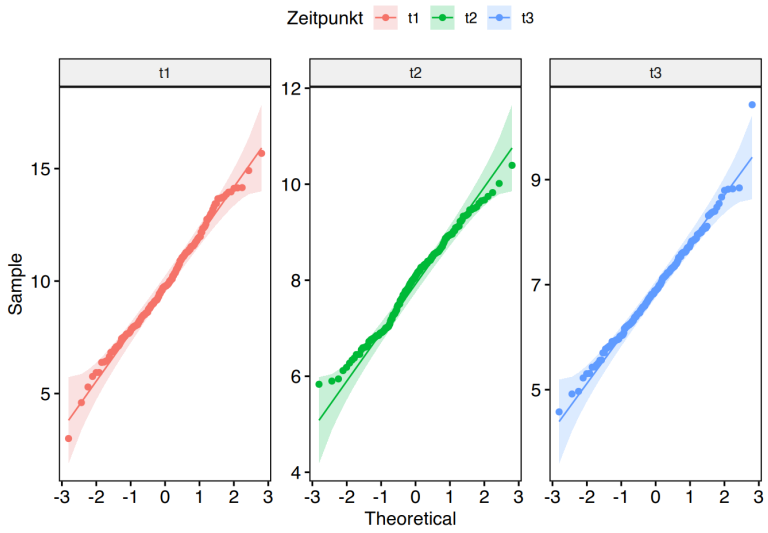

```
# mit Regressionsgerade
ez::ezPlot(df, Wert, Name, within = Zeitpunkt, x = Zeitpunkt) +
  geom_smooth(aes(x = as.numeric(Zeitpunkt)), method = 'lm', se = F)
```




Die Plots legen nahe, dass es einen Unterschied in den Zeitpunktgruppen gibt.

Wir überprüfen mittels Shapiro-Test und QQ-Plot, ob die Daten normalverteilt sind.

```
## qq-Plot (Normalverteilung)
ggpubr::ggqqplot(df, x="Wert",
                 facet.by = "Zeitpunkt",
                 color = "Zeitpunkt",
                 scales = "free")
```




```
# Teste "Wert" auf Normalverteilung
shapiro.test(df$Wert[df$Zeitpunkt=="t1"])
```

```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  df$Wert[df$Zeitpunkt == "t1"]
W = 0.99364, p-value = 0.5481
```

```
shapiro.test(df$Wert[df$Zeitpunkt=="t2"])
```

```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  df$Wert[df$Zeitpunkt == "t2"]
W = 0.98766, p-value = 0.08025
```

```
shapiro.test(df$Wert[df$Zeitpunkt=="t3"])
```

```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  df$Wert[df$Zeitpunkt == "t3"]
W = 0.99116, p-value = 0.2625
```

Die Testergebnisse sind nicht signifikant, also liegt Normalverteilung vor.

Wir dürfen eine ANOVA mit Messwiederholung rechnen. Mit R-Hausmittel könnten wir so vorgehen:

```
# ANOVA mit Messwiederholung
fit <- aov(Wert ~ Zeitpunkt + Error(Name), data=df)
summary(fit)
```

```
## Error: Name
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Residuals 199  395.8   1.989
##
## Error: Within
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Zeitpunkt   2  898.0   449.0   212.3 <2e-16 ***
## Residuals 398  841.6     2.1
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Das Ergebnis ist signifikant. Mit der Funktion `pairwise.t.test()` können wir nun schauen, welche Gruppenunterschiede es konkret gibt:

```
# geht auch mit R-Hausmitteln so:
pairwise.t.test(df$Wert, df$Zeitpunkt,
                p.adjust="bonferroni")
```

```
 Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  df$Wert and df$Zeitpunkt

   t1      t2
t2 < 2e-16 -
t3 < 2e-16 1.1e-12

P value adjustment method: bonferroni
```

Die Unterschiede sind zwischen allen Gruppen signifikant.

Das Zusatzpaket `{rstatix}` bietet mit der Funktion `anova_test()` eine alternative Vorgehensweise.

```
# ANOVA mit Messwiederholung
fit <- rstatix::anova_test(data = df, dv = Wert, wid = Name,
                           within = Zeitpunkt, effect.size = "pes")

# auf Sphärizität prüfen
fit$`Mauchly's Test for Sphericity`
```

```
     Effect     W        p p<.05
1 Zeitpunkt 0.668 4.29e-18     *
```

Mauchly's Test ist signifikant, das heisst, es liegt *keine* Sphärizität vor. R hat in diesem Falle bereits die Freiheitsgrade automatisch korrigiert (mittels Greenhouse-Geisser-Verfahren).

Schauen wir uns die ANOVA an:

```
rstatix::get_anova_table(fit)
```

```
ANOVA Table (type III tests)

     Effect DFn    DFd      F        p p<.05   pes
1 Zeitpunkt 1.5 298.73 212.34 2.18e-48     * 0.516
```

Die ANOVA ist signifikant. Jetzt können wir analysieren, welche konkreten Gruppenunterschiede vorliegen.

```
# post-hoc Analyse: paarweise Gruppenvergleiche
df %>%
  rstatix::pairwise_t_test(Wert ~ Zeitpunkt, paired = TRUE,
                           p.adjust.method = "bonferroni") %>%
  as.data.frame()
```

```
   .y. group1 group2  n1  n2 statistic  df        p    p.adj p.adj.signif
1 Wert     t1     t2 200 200  11.24384 199 5.02e-23 1.51e-22         ****
2 Wert     t1     t3 200 200  18.28475 199 1.79e-44 5.37e-44         ****
3 Wert     t2     t3 200 200  11.26870 199 4.23e-23 1.27e-22         ****
```

Die Unterschiede sind zwischen allen Gruppen signifikant.

Die Effektstärke kann wie folgt berechnet werden.

```
# Effektstärke (nur solche, die post-hoc signifikant sind, interpretieren)
df %>%
  rstatix::cohens_d(Wert ~ Zeitpunkt, paired = TRUE) %>%
  as.data.frame()
```

```
   .y. group1 group2   effsize  n1  n2 magnitude
1 Wert     t1     t2 0.7950598 200 200  moderate
2 Wert     t1     t3 1.2929274 200 200     large
3 Wert     t2     t3 0.7968171 200 200  moderate
```

**Achtung, nur solche Werte interpretieren, die oben signifkant waren. In unserem Beispiel sind alle Werte signifikant, darum dürfen wir alle Effekte interpretieren.**

### 34.9.2 Friedman ANOVA

Sind die Werte nicht normalverteilt, kann ein Friedman-ANOVA gerechnet werden. Wir nutzen den Testdatensatz `MarioANOVA.rda`. Er enthält Informationen über 47 Super Mario Charaktere, deren Fehlerquote beim Spielen eines schweren Levels zu 3 Zeitpunkten erfasst wurde.

```
load(url("https://www.produnis.de/R/data/MarioANOVA.rda"))

# anschauen
head(MarioANOVA)
```

```
# A tibble: 6 × 8
  Name             Alter Kingdom          Geschlecht BadGuy    t1    t2    t3
  <fct>            <dbl> <fct>            <fct>      <lgl>  <dbl> <dbl> <dbl>
1 Mario               35 Mushroom Kingdom männlich   FALSE  0.372 0.472 0.257
2 Luigi               35 Mushroom Kingdom männlich   FALSE  1.27  1.34  1.14
3 Prinzessin Peach    25 Mushroom Kingdom weiblich   FALSE  6.15  1.40  1.98
4 Bowser              45 Bowser's Castle  männlich   TRUE   4.85  0.648 1.27
5 Toad                20 Mushroom Kingdom männlich   FALSE  1.34  0.174 1.77
6 Toadette            19 Mushroom Kingdom weiblich   FALSE  0.727 0.413 2.09
```

In den Variablen `t1` bis `t3` liegen die Werte der 3 Messzeitpunkte. Auch hier überführen wir die Daten ins `long table`-Format

```
df <- MarioANOVA %>%
  select(Name, t1:t3) %>%
  pivot_longer(cols=t1:t3,
               names_to = "Zeitpunkt",
               values_to = "Wert")
```

Schauen wir uns die Daten zunächst deskriptiv an.

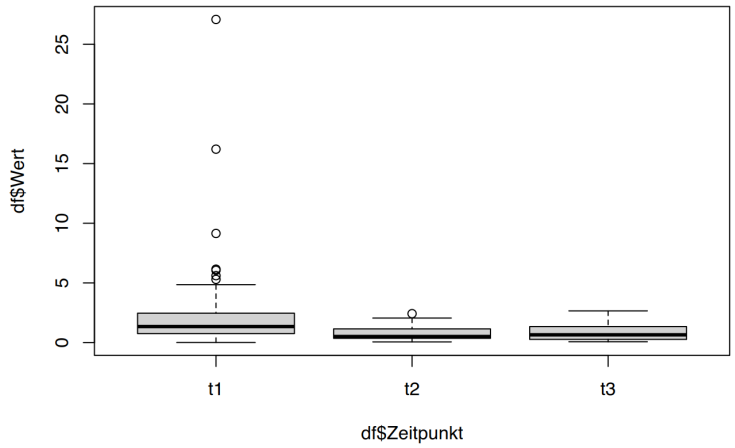
```
# mal deskriptiv anschauen
df %>%
  group_by(Zeitpunkt) %>%
  summarise(M = mean(Wert),
            SD = sd(Wert),
            Q1 = quantile(Wert, probs = 0.25),
            Q2 = quantile(Wert, probs = 0.5),
            Q3 = quantile(Wert, probs = 0.75),
            IQR = IQR(Wert),
            N = n())
```

```
# A tibble: 3 × 8
  Zeitpunkt     M    SD    Q1    Q2    Q3   IQR     N
  <chr>     <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <int>
1 t1         2.75  4.61  0.750 1.34   2.46 1.71     47
```

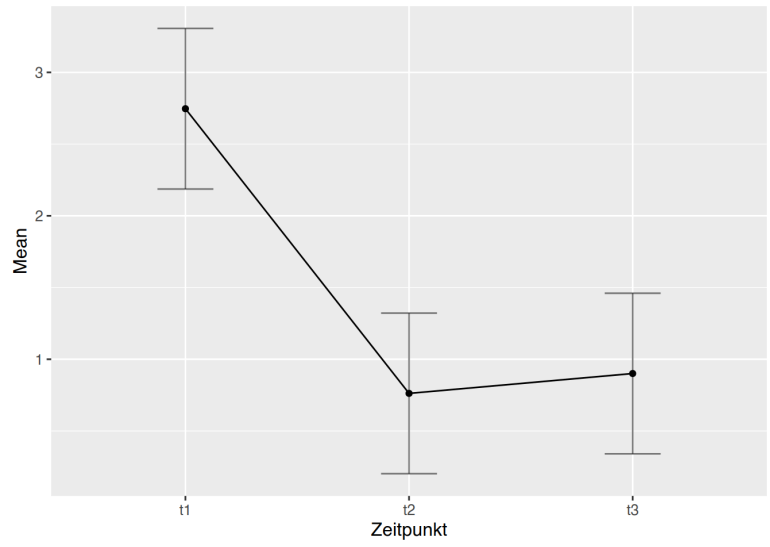
```
2 t2        0.762 0.585 0.356 0.509  1.15 0.791    47
3 t3        0.901 0.701 0.266 0.650  1.34 1.07     47
```

Das geht auch graphisch wie oben beschrieben:

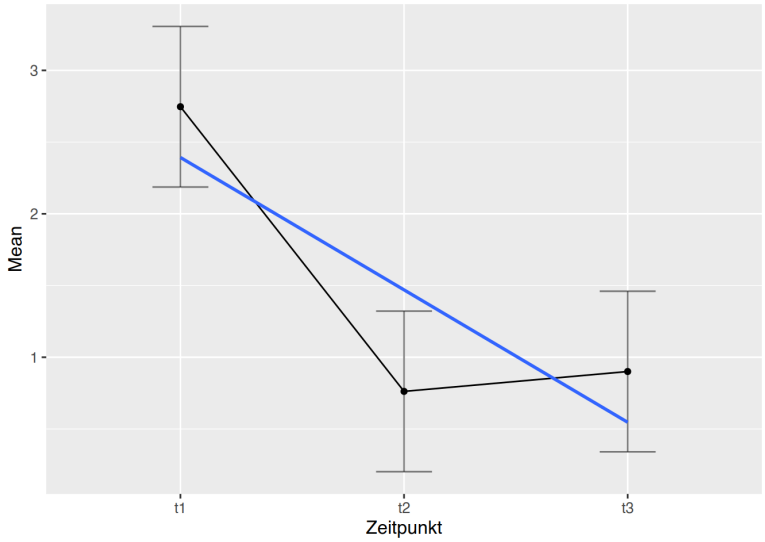
```
# mal graphisch anschauen
boxplot(df$Wert ~ df$Zeitpunkt)
```




```
ez::ezPlot(df, Wert, Name, within = Zeitpunkt, x = Zeitpunkt)
```

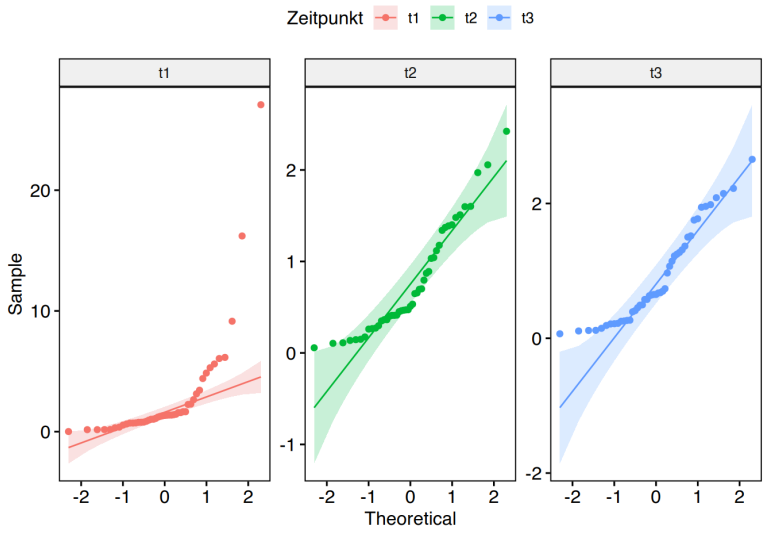



```
# mit Regressionsgerade
ez::ezPlot(df, Wert, Name, within = Zeitpunkt, x = Zeitpunkt) +
  geom_smooth(aes(x = as.numeric(Zeitpunkt)), method = 'lm', se = F)
```




Nun prüfen wir mittels QQ-Plot und Shapiro-Test auf Normalverteilung.

```
## qq-Plot (Normalverteilung)
ggpubr::ggqqplot(df, x="Wert",
                 facet.by = "Zeitpunkt",
                 color = "Zeitpunkt",
                 scales = "free")
```




```
# Teste "Wert" auf Normalverteilung
shapiro.test(df$Wert[df$Zeitpunkt=="t1"])
```

```
 Shapiro-Wilk normality test
```

```
data:  df$Wert[df$Zeitpunkt == "t1"]
W = 0.52189, p-value = 3.729e-11
```

```
shapiro.test(df$Wert[df$Zeitpunkt=="t2"])
```

```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  df$Wert[df$Zeitpunkt == "t2"]
W = 0.89427, p-value = 0.0004751
```

```
shapiro.test(df$Wert[df$Zeitpunkt=="t3"])
```

```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  df$Wert[df$Zeitpunkt == "t3"]
W = 0.90101, p-value = 0.0007756
```

Die Werte für `t1` bis `t3` sind signifikant, also **nicht** normalverteilt.

Wir führen daher eine Friedman-ANOVA mit Messwiederholung durch.

```
# Friedman-Test
rstatix::friedman_test(Wert ~ Zeitpunkt | Name, data=df)
```

```
# A tibble: 1 × 6
  .y.       n statistic    df       p method
* <chr> <int>     <dbl> <dbl>   <dbl> <chr>
1 Wert     47      12.8     2 0.00165 Friedman test
```

Das Ergebnis ist signifikant, es gibt also einen Unterschied.

```
# post-hoc-test
df %>%
  rstatix::wilcox_test(Wert ~ Zeitpunkt, paired=T,
                       p.adjust.method = "bonferroni")
```

```
# A tibble: 3 × 9
  .y.   group1 group2    n1    n2 statistic        p    p.adj p.adj.signif
* <chr> <chr>  <chr>  <int> <int>     <dbl>    <dbl>    <dbl> <chr>
1 Wert  t1     t2        47    47       917 0.000102 0.000306 ***
2 Wert  t1     t3        47    47       882 0.000536 0.002    **
3 Wert  t2     t3        47    47       506 0.546    1        ns
```

Der Unterschied existiert zwischen `t1` und `t2` sowie zwischen `t1` und `t3`.

Die Effktstärke wird wie folgt berechnet:

```
# Effektstärke
rstatix::friedman_effsize(Wert ~ Zeitpunkt | Name, data = df)
```

```
# A tibble: 1 × 5
  .y.       n effsize method    magnitude
* <chr> <int>   <dbl> <chr>     <ord>
1 Wert     47   0.136 Kendall W small
```

Der Effekt des Gesamtmodells ist eher gering. Schauen wir uns die einzelnen Gruppeneffekte an.

**Achtung, nur solche Werte interpretieren, die oben signifkant waren. In unserem Beispiel ist das der Unterschied von `t1` zu `t2` sowie von `t1` zu `t3`.**

```
# nur die signifikanten anschauen (t1 -> t2 und t1 -> t3)
df %>%
  rstatix::wilcox_effsize(Wert ~ Zeitpunkt, paired = TRUE)
```

```
# A tibble: 3 × 7
  .y.   group1 group2 effsize    n1    n2 magnitude
* <chr> <chr>  <chr>    <dbl> <int> <int> <ord>
1 Wert  t1     t2       0.545    47    47 large
2 Wert  t1     t3       0.491    47    47 moderate
3 Wert  t2     t3       0.0895   47    47 small
```

Der Effekt von `t1` nach `t2` ist „groß“, der von `t1` nach `t3` „moderat“.

### 34.9.3 einfaktorielle ANOVA

Eine einfaktorielle Varianzanalyse (ANOVA) wird mit der Funktion `aov()` durchgeführt. Sie wird nach der Syntax *x erklärt durch y* aufgerufen. Wie bei anderen Modellen ist es ratsam, die Ergebnisse der Berechnung in ein Objekt zu speichern, und dieses per `summary()` anzuschauen.

```
# Lade Testdatensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))

# erstelle ANOVA  "Alter" erklärt durch "Standort"
fit <- aov(Alter ~ Standort, data=pf8)

# schaue Modellzusammenfassung an
summary(fit)
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Standort     4  10557  2639.3    8.48 1.09e-06 ***
Residuals  725 225633   311.2
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
1 Beobachtung als fehlend gelöscht
```

Das Ergebnis ist signifikant, wir haben unterschiedliche Varianzen im `Alter` erklärt durch `Standort`.

Wir wissen aber noch nicht, innerhalb welche Standorte die Unterschiede bestehen. Dazu führen wir post hoc Tests durch, in denen alle Gruppen paarweise verglichen werden. Wegen dieses multiplen Testens muss eine Fehlerkorrektur für Alpha durchgeführt werden. Dazu steht die Funktion `pairwise.t.test()` zur Verfügung, die mit den selben Angaben aufgerufen wird.

```
pairwise.t.test(pf8$Alter, pf8$Standort)
```

```
 Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  pf8$Alter and pf8$Standort

          Rheine Münster Bahn   Ladbergen
Münster   0.5042 -       -      -
Bahn      0.4354 1.0000  -      -
Ladbergen 0.5432 1.0000  1.0000 -
Internet  0.0090 1.8e-05 0.0002 0.0059

P value adjustment method: holm
```

Die gewählte Fehlerkorrektur ist standardmäßig `holm`. Möchten Sie auf die Bonferroni-Korrekturmethode wechseln, übergeben Sie den Parameter `p.adjust="bonferroni"`.

```
pairwise.t.test(pf8$Alter, pf8$Standort, p.adjust="bonferroni")
```

```
 Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  pf8$Alter and pf8$Standort

          Rheine  Münster Bahn    Ladbergen
Münster   1.00000 -       -       -
Bahn      0.72572 1.00000 -       -
Ladbergen 1.00000 1.00000 1.00000 -
Internet  0.01292 1.8e-05 0.00022 0.00733

P value adjustment method: bonferroni
```

Die signifikanten Unterschiede befinden sich zwischen dem Standort `Internet` und allen anderen Standorten.

Ein anschauliches Video zur ANOVA in R findet sich bei Youtube: https://www.youtube.com/watch?v=GctGncQrJew

## 34.10 Überlebenszeitanalysen

### 34.10.1 Kaplan-Meier-Analysen

Zur Überlebenszeitanalyse nach dem Kaplan-Meier-Verfahren steht das Zusatzpaket {survival} zur Verfügung. Zum Ausprobieren der Funktionen liegt dem Paket der Datensatz ovarian bei.

```
# Beschreibung des Datensatzes lesen
?survival::ovarian
```

```
# speichere Testdatensatz "ovarian" in Objekt "ov"
ov <- survival::ovarian
head(ov)
```

```
  futime fustat     age resid.ds rx ecog.ps
1     59      1 72.3315        2  1       1
2    115      1 74.4932        2  1       1
3    156      1 66.4658        2  1       2
4    421      0 53.3644        2  2       1
5    431      1 50.3397        2  1       1
6    448      0 56.4301        1  1       2
```

Bevor wir mit der Analyse beginnen, sollten wir den Datensatz noch aufbereiten. Wir überführen alle kategorialen Variablen in einen factor.

```
### Datensatz aufbereiten
## alle kategorialen Variablen
# rx ist die Behandlungsgruppe
ov$rx <- factor(ov$rx,
                levels = c("1", "2"),
                labels = c("A", "B"))

# resid.ds sind Nebenerkrankungen
ov$resid.ds <- factor(ov$resid.ds,
                      levels = c("1", "2"),
                      labels = c("nein", "ja"))

# ecog.ps ist der ECOG-Status
ov$ecog.ps <- factor(ov$ecog.ps,
                     levels = c("1", "2"),
                     labels = c("gut", "schlecht"))
```

Als ersten Analyseschritt erzeugen wir mit der Funktion Surv() ein „Survivalobjekt“. Der Funktion muss eine Zeitvariable mit der Beobachtungszeit sowie eine dichotome Statusvariable mit dem Ereignis (0 = nicht

eingetreten; 1 = eingetreten) übergeben werden. Im `ovarian`-Datensatz ist die Zeit in `futime` und der Status in `fustat` gespeichert. Der Funktionsaufruf lautet dementsprechend

```
# Survivalobjet erzeugen
survObjekt <- survival::Surv(time=ov$futime, event=ov$fustat)
```

Mit der Funktion `survfit` wird nun das Kaplan-Meier-Modell gefittet. Der Funktion muss das eben erstellte Survivalobjekt übergeben werden.

```
### Kaplan-Meier
#  ~1 bedeutet "Gesamtmodell", ohne Gruppierung
km_fit <- survival::survfit(survObjekt ~ 1, data=ov)
```

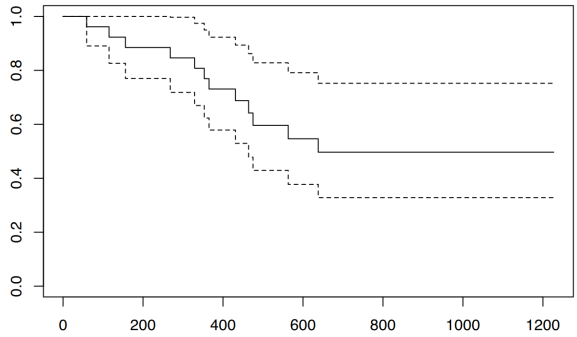
Das Modell kann als Tabelle oder Plot ausgegeben werden.

```
## Tabelle anschauen
#  "survival"-Spalte ist die Überlebenswahrscheinlichkeit
summary(km_fit)
```

```
Call: survfit(formula = survObjekt ~ 1, data = ov)

 time n.risk n.event survival std.err lower 95% CI upper 95% CI
   59     26       1    0.962  0.0377        0.890        1.000
  115     25       1    0.923  0.0523        0.826        1.000
  156     24       1    0.885  0.0627        0.770        1.000
  268     23       1    0.846  0.0708        0.718        0.997
  329     22       1    0.808  0.0773        0.670        0.974
  353     21       1    0.769  0.0826        0.623        0.949
  365     20       1    0.731  0.0870        0.579        0.923
  431     17       1    0.688  0.0919        0.529        0.894
  464     15       1    0.642  0.0965        0.478        0.862
  475     14       1    0.596  0.0999        0.429        0.828
  563     12       1    0.546  0.1032        0.377        0.791
  638     11       1    0.497  0.1051        0.328        0.752
```

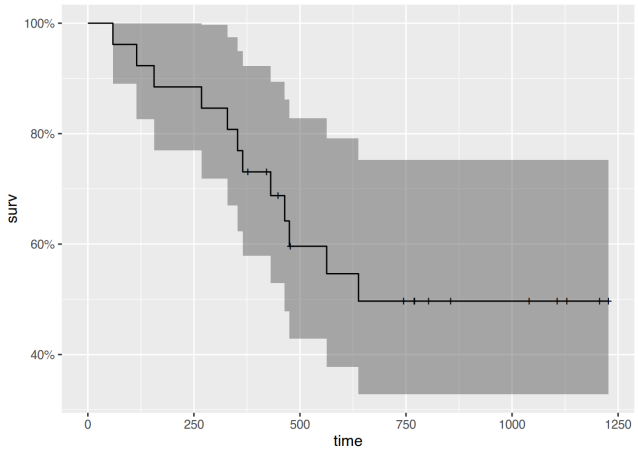
Die Spalte `survival` gibt die entsprechenden Überlebenswahrscheinlichkeiten an.

```
## plot()  (sehr hässlich)
plot(km_fit)
```



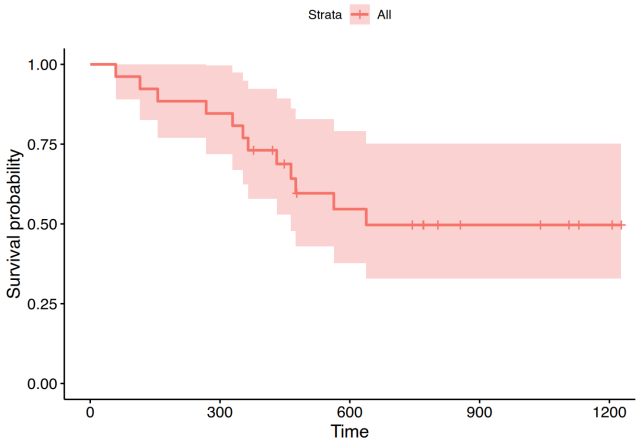

Etwas hübschere Plots lassen sich mit der Funktion `autoplot()` erzeugen. Damit die Funktion die Modelldaten versteht, muss das Zusatzpaket `{ggfortify}` geladen werden.

```
# etwas hübscher
library(ggfortify)
autoplot(km_fit)
```




Darüber hinaus bietet das Paket `{survminer}` die Funktion `ggsurvplot()`:

```
## survminer ggsurvplot
survminer::ggsurvplot(km_fit)
```




Das Modell lässt sich auch für Gruppenvergleiche erstellen. Die Variable `ov$rx` unterteilt den Datensatz in zwei Behandlungsgruppen. Das Überlebensmodell pro Gruppe lässt sich wie folgt erzeugen:

```
### Gruppierungen
# nach Behandlungsgruppe "rx" gruppieren
km_fit <- survival::survfit(survObjekt ~ rx, data=ov)
```

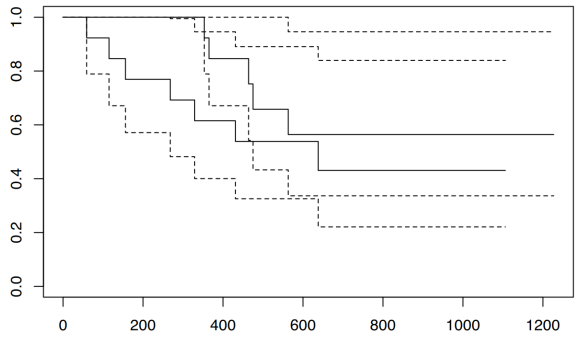
Mittels `summary()` werden die Überlebenstabellen pro Gruppe ausgegeben.

```
summary(km_fit)
```

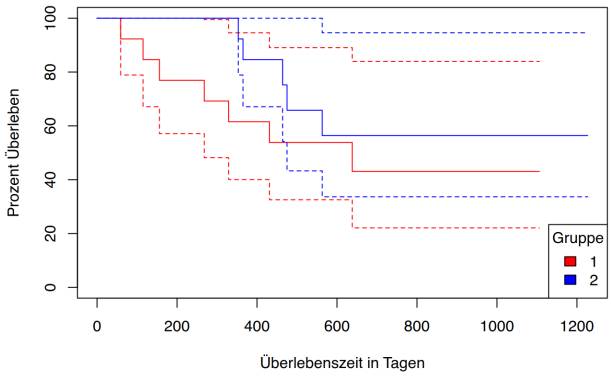
```
Call: survfit(formula = survObjekt ~ rx, data = ov)

                rx=A
 time n.risk n.event survival std.err lower 95% CI upper 95% CI
   59     13       1    0.923  0.0739        0.789        1.000
  115     12       1    0.846  0.1001        0.671        1.000
  156     11       1    0.769  0.1169        0.571        1.000
  268     10       1    0.692  0.1280        0.482        0.995
  329      9       1    0.615  0.1349        0.400        0.946
  431      8       1    0.538  0.1383        0.326        0.891
  638      5       1    0.431  0.1467        0.221        0.840

                rx=B
 time n.risk n.event survival std.err lower 95% CI upper 95% CI
  353     13       1    0.923  0.0739        0.789        1.000
  365     12       1    0.846  0.1001        0.671        1.000
  464      9       1    0.752  0.1256        0.542        1.000
  475      8       1    0.658  0.1407        0.433        1.000
  563      7       1    0.564  0.1488        0.336        0.946
```

Im Plot werden die Kaplan-Meier-Kurven beider Gruppen angezeigt.

```
# plot (hässlich)
plot(km_fit, conf.int=T) # mit Konfidenzintervallen
```

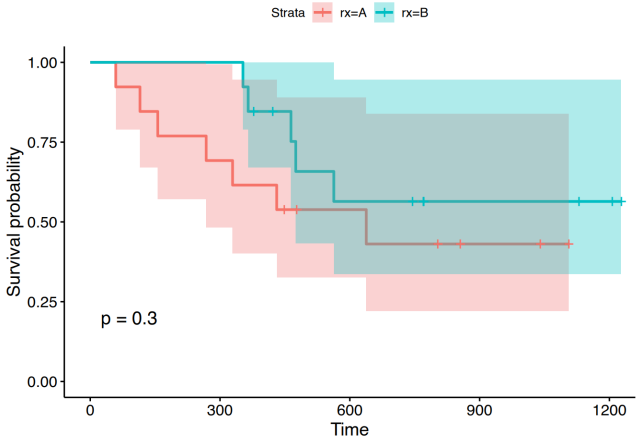



```
# plot (hübscher)
plot(km_fit, conf.int=TRUE, col=c("red", "blue"), yscale=100,
     xlab = "Überlebenszeit in Tagen", ylab = "Prozent Überleben")
legend("bottomright", title="Gruppe", c("1", "2"),
       fill=c("red", "blue"))
```




Die Funktion `ggsurvplot()` liefert auf Wunsch den p-Wert des Gruppenunterschieds mit:

```
## survminer ggsurvplot mit p-Wert
survminer::ggsurvplot(km_fit, pval=TRUE, conf.int = TRUE)
```




Der p-Wert lässt sich mit dem Lograng-Test auch selbst berechnen. Hierfür steht die Funktion `survdiff()` zur Verfügung.

```
# p-Wert selbst berechnen
## Lograng-Test
survival::survdiff(survObjekt ~rx, data=ov)
```

```
Call:
survival::survdiff(formula = survObjekt ~ rx, data = ov)

      N Observed Expected (O-E)^2/E (O-E)^2/V
rx=A 13        7     5.23     0.596      1.06
rx=B 13        5     6.77     0.461      1.06

 Chisq= 1.1  on 1 degrees of freedom, p= 0.3
```

### 34.10.2 Cox-Regression

Neben der Kaplan-Meier-Analyse können die Daten auch per Cox-Regression analysiert werden. Der Vorteil besteht darin, dass Prädiktoren verschiedensten Datenniveaus in die Analyse integriert werden können. Das Paket `{survival}` bietet hierzu die Funktion `coxph()`.

```
## Cox-Regression
cox <- survival::coxph(survObjekt ~ rx+resid.ds+age+ecog.ps, data=ov)
# Modell ausgeben
cox
```

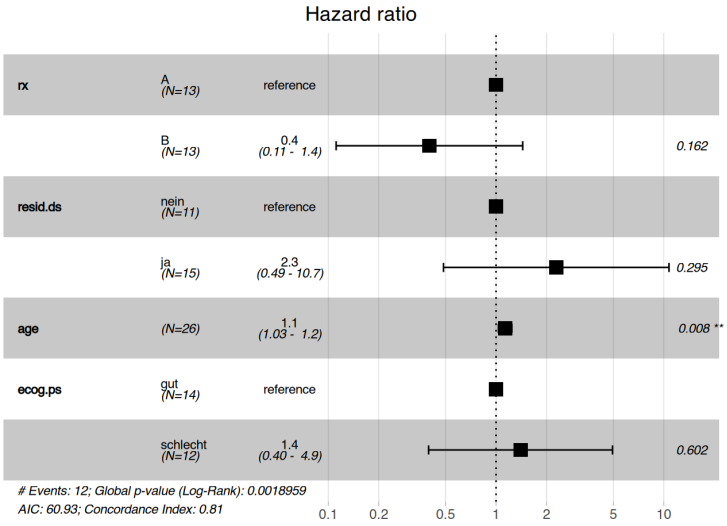
```
Call:
survival::coxph(formula = survObjekt ~ rx + resid.ds + age +
    ecog.ps, data = ov)

                coef exp(coef) se(coef)      z       p
```

```
rxB             -0.91450   0.40072  0.65332 -1.400 0.16158
resid.dsja       0.82619   2.28459  0.78961  1.046 0.29541
age              0.12481   1.13294  0.04689  2.662 0.00777
ecog.psschlecht  0.33621   1.39964  0.64392  0.522 0.60158

Likelihood ratio test=17.04  on 4 df, p=0.001896
n= 26, number of events= 12
```

Die Spalte `exp(coef)` entspricht der Hazard-Ratio, mit welcher Richtung und Stärke des jeweiligen Einflusses interpretiert werden kann.

Das Modell kann mittels `ggforest()` geplottet werden:

```
# Forestplot der Hazard-Ratio
survminer::ggforest(cox, data=ov)
```




## 34.11 Faktorenanalyse

Die beiden am Häufigsten genutzen Verfahren sind die Haupt*komponenten*analyse (PCA) und die Haupt*achsen*analyse (PAF). Sie unterscheiden sich in den Varianzanteilen, die in den Items enthalten sein können. Die PCA versucht, die *gesamte* Varianz auf Faktoren zurückzuführen, die PAF die *gemeinsame* Varianz der Items. In psychologischen Anwendungen (= am Menschen) wird daher eher die PAF verwendet.

### 34.11.1 explorative Faktorenanalyse

Bei der explorativen Faktorenanalyse (EFA) erfolgt die Auswertung (häufig) nicht theoriegeleitet. Ziel ist es vielmehr zu erfahren, mit wievielen Faktoren die Daten bestmöglich erklärt werden können.

Wir verwenden den Datensatz `Faktorenbogen`, der wie folgt geladen werden kann.

```
load(url("https://www.produnis.de/R/data/Faktorenbogen.rda"))
```

```
# anschauen
psych::describe(Faktorenbogen)
```

```
        vars   n  mean    sd median trimmed   mad min max range  skew kurtosis
age        1 150 53.11 18.82   53.0   54.16 17.05   1 101   100 -0.47     0.29
gender*    2 150  1.65  0.55    2.0    1.64  0.00   1   3     2  0.02    -0.87
A          3 150  4.41  2.03    5.0    4.40  2.97   0  10    10  0.05    -0.43
B          4 150  1.92  0.84    2.0    1.84  1.48   1   5     4  0.76     0.43
C          5 150  7.91  6.19    7.0    7.22  5.93   0  30    30  1.12     1.31
D          6 150 12.23  5.05   12.0   11.95  4.45   3  27    24  0.51    -0.04
E          7 150 14.77  2.39   15.0   14.69  2.97  10  21    11  0.28    -0.13
F          8 150  5.00  1.32    5.0    5.03  1.48   2   8     6 -0.12    -0.67
G          9 150 10.35  4.08    9.5   10.06  3.71   3  24    21  0.78     0.76
H         10 150 15.92  2.93   16.0   15.84  2.97  10  24    14  0.21    -0.39
I         11 150 85.02 68.19   65.0   75.93 51.15   0 356   356  1.40     2.05
J         12 150  5.02  2.25    5.0    4.93  1.48   1  11    10  0.33    -0.12
K         13 150  5.44  2.08    6.0    5.38  2.97   1  12    11  0.31    -0.10
L         14 150  1.47  0.65    1.0    1.36  0.00   1   4     3  1.20     0.86
            se
age       1.54
gender*   0.04
A         0.17
B         0.07
C         0.51
D         0.41
E         0.20
F         0.11
G         0.33
H         0.24
I         5.57
J         0.18
K         0.17
L         0.05
```

Die Items für die Faktorenanalyse befinden sich in den Variablen `A` bis `L`.

```
items <- Faktorenbogen %>%
  select(A:L)
```

Mit dem Bartlett-Test kann überprüft werden, ob die Items miteinander korrelieren (das sollten sie tun).

```
psych::cortest.bartlett(items)$p.value
```

```
R was not square, finding R from data
[1] 8.843226e-151
```

Das Ergebnis ist signifikant.

Mittels *Kaiser-Meyer-Olkin*-Verfahren (KMO) wird geprüft, wie gut die Daten für eine Faktorenanalyse geeignet sind, wobei Werte zwischen 0 (für „nicht geeignet“) und 1 (für „perfekt geeignet“) angenommen werden. Die *Minimum Average Partial* (MSA) ist ein Maß der internen Konsistenz, und nimmt ebenfalls Werte zwischen 0 (nicht konsistent) und 1 (perfekt konsistent) an. Beide Werte sollte größer als 0,5 sein.

```
# berechne KMO und MSA
psych::KMO(items)
```

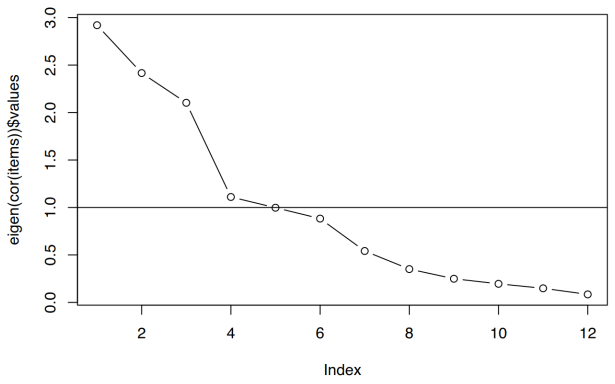
```
Kaiser-Meyer-Olkin factor adequacy
Call: psych::KMO(r = items)
Overall MSA =  0.69
MSA for each item =
   A    B    C    D    E    F    G    H    I    J    K    L
0.36 0.72 0.66 0.68 0.60 0.73 0.24 0.73 0.75 0.62 0.78 0.61
```

Die „Overall MSA“ entspricht dem KMO.

Mittels Screeplot kann die Faktorenzahl graphisch entschieden werden. Dabei sollte der letzte „gültige“ Faktor vor dem deutlichen Knick zu einer abflachenden Gerade genutzt werden. Darüber hinaus sollten die Eigenwerte der Faktoren größer 1 sein.

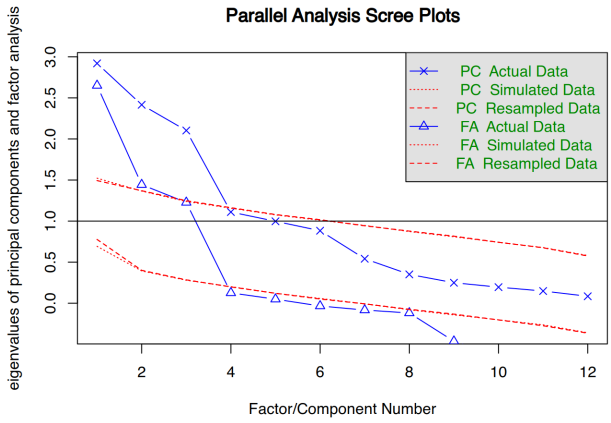
Mit R-Hausmitteln kann ein Screeplot wie folgt erzeugt werden.

```
plot(eigen(cor(items))$values, type="b")
abline(h=1)
```




Schöner geht es mit der Funktion `fa.parallel()`.

```
psych::fa.parallel(items)
```

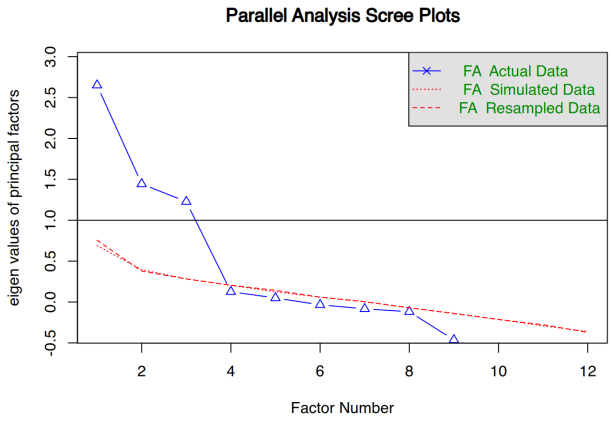



```
Parallel analysis suggests that the number of factors =  3
                         and the number of components =  3
```

Es werden 3 Faktoren/Komponenten vorgeschlagen.

Die Funktion berechnet das Screeplot sowohl für PAC (Sternchen) als auch PAF (Dreieck). Mit dem Parameter `fa = "fa"` kann die PAC-Methode entfernt werden.

```
psych::fa.parallel(items, fa ="fa")
```




```
Parallel analysis suggests that the number of factors =  3
```

Die Daten lassen sich am besten mit 3 Faktoren erklären.

### 34.11.2 konfirmatorische Faktorenanalyse

Ist die Anzahl der Faktoren bekannt (z.B. theoriegeleitet), wird die Hauptachsenanaylse wie folgt durchgeführt.

```
```

```r
# Hauptachsen-Faktorenanalyse (PAF)
# mit 3 Faktoren, Varimax-Rotation
fit <- psych::fa(items, nfactors=3,
                 rotate = "varimax")
fit
```

```
Factor Analysis using method =  minres
Call: psych::fa(r = items, nfactors = 3, rotate = "varimax")
Standardized loadings (pattern matrix) based upon correlation matrix
    MR1   MR2   MR3     h2    u2 com
A  0.00  0.08  0.03 0.0069 0.993 1.2
B -0.01  0.83 -0.08 0.6997 0.300 1.0
C -0.05  0.88 -0.01 0.7770 0.223 1.0
D  0.96 -0.09 -0.07 0.9266 0.073 1.0
E -0.02  0.10  0.88 0.7820 0.218 1.0
F -0.04 -0.12  0.59 0.3655 0.635 1.1
G  0.00  0.00  0.07 0.0048 0.995 1.0
H  0.94 -0.02 -0.08 0.8855 0.115 1.0
I -0.03  0.78 -0.05 0.6107 0.389 1.0
J -0.08  0.08  0.88 0.7866 0.213 1.0
K  0.89  0.03 -0.01 0.7896 0.210 1.0
L -0.10  0.09  0.14 0.0393 0.961 2.6

                       MR1  MR2  MR3
SS loadings           2.61 2.13 1.94
Proportion Var        0.22 0.18 0.16
Cumulative Var        0.22 0.39 0.56
Proportion Explained  0.39 0.32 0.29
Cumulative Proportion 0.39 0.71 1.00

Mean item complexity =  1.2
Test of the hypothesis that 3 factors are sufficient.

The degrees of freedom for the null model are  66  and the objective function was
                                                6.38 with Chi Square of  920.48
The degrees of freedom for the model are 33  and the objective function was  0.32

The root mean square of the residuals (RMSR) is  0.03
The df corrected root mean square of the residuals is  0.05

The harmonic number of observations is  150 with the empirical chi square  20.2
                                                              with prob <  0.96
The total number of observations was  150  with Likelihood Chi Square =  45.01
                                                            with prob <  0.079

Tucker Lewis Index of factoring reliability =  0.971
RMSEA index =  0.049  and the 90 % confidence intervals are  0 0.083
BIC =  -120.34
Fit based upon off diagonal values = 0.99
Measures of factor score adequacy
                                                 MR1  MR2  MR3
```

```
Correlation of (regression) scores with factors   0.98 0.94 0.94
Multiple R square of scores with factors          0.96 0.88 0.88
Minimum correlation of possible factor scores     0.92 0.76 0.77
```

Die Ausgabe von `fit` ist ziemlich lang. Wie gewohnt besteht die Möglichkeit, mittels `$` auf die einzelnen Ergebnisse zuzugreifen. Eine Übersicht erhält man mittels `names()`.

```
names(fit)
```

```
 [1] "residual"      "dof"           "chi"           "nh"            "rms"
 [6] "EPVAL"         "crms"          "EBIC"          "ESABIC"        "fit"
[11] "fit.off"       "sd"            "factors"       "complexity"    "n.obs"
[16] "objective"     "criteria"      "STATISTIC"     "PVAL"          "Call"
[21] "null.model"    "null.dof"      "null.chisq"    "TLI"           "RMSEA"
[26] "BIC"           "SABIC"         "r.scores"      "R2"            "valid"
[31] "score.cor"     "weights"       "rotation"      "hyperplane"    "communality"
[36] "communalities" "uniquenesses"  "values"        "e.values"      "loadings"
[41] "model"         "fm"            "rot.mat"       "Structure"     "method"
[46] "scores"        "R2.scores"     "r"             "np.obs"        "fn"
[51] "Vaccounted"
```

```
fit$communality
```

```
          A           B           C           D           E           F
0.006940720 0.699704328 0.776989353 0.926609287 0.782014553 0.365479522
          G           H           I           J           K           L
0.004811051 0.885466837 0.610670890 0.786557566 0.789638724 0.039273937
```

```
fit$loadings
```

```
Loadings:
  MR1    MR2    MR3
A
B         0.833
C         0.880
D  0.956
E         0.103  0.878
F        -0.118  0.592
G
H  0.938
I         0.779
J                0.879
K  0.888
L -0.104         0.141
```

```
                MR1   MR2   MR3
SS loadings    2.605 2.129 1.940
Proportion Var 0.217 0.177 0.162
Cumulative Var 0.217 0.394 0.556
```

Mit diesen Informationen können die Items ein bisschen umsortiert…

- Faktor 1: `D`, `H`, `K`
- Faktor 2: `B`, `C`, `I`
- Faktor 3: `E`, `F`, `J`

… und ein Korrelationsmatrix erstellt werden.

```
# ändere Reihenfolgt
items2 <- items %>%
  select(D, H, K, B, C, I, E, F, J)

# Korreltationsmatrix plotten
corrplot::corrplot(corr = cor(items2), # Korrelationsmatrix
         method = "color",   # Ausprägung farblich kodieren
         addCoef.col = "black", # schreibe Werte in schwarz
         number.cex = 0.7)   # Schriftgröße
```


### 34.11.3 Hauptkomponentenanalyse

Die Hauptkomponentenanalyse kann mit der Funktion `principal()` durchgeführt werden.

```
# Hauptkomponentenanalyse (PCA)
# mit 3 Hauptkomponenten und
# Varimax-Rotation
fit2 <- psych::principal(items, nfactors=3, rotate="varimax")

# anschauen
fit2
```

```
Principal Components Analysis
Call: psych::principal(r = items, nfactors = 3, rotate = "varimax")
Standardized loadings (pattern matrix) based upon correlation matrix
    RC1   RC2   RC3    h2    u2 com
A  0.01  0.13  0.05 0.019 0.981 1.3
B -0.01  0.89 -0.08 0.793 0.207 1.0
C -0.05  0.90  0.00 0.821 0.179 1.0
D  0.96 -0.08 -0.07 0.928 0.072 1.0
E -0.03  0.10  0.89 0.803 0.197 1.0
F -0.03 -0.15  0.76 0.606 0.394 1.1
G  0.01  0.00  0.12 0.015 0.985 1.0
H  0.95 -0.02 -0.07 0.916 0.084 1.0
I -0.04  0.86 -0.05 0.752 0.248 1.0
J -0.09  0.08  0.89 0.806 0.194 1.0
K  0.94  0.04  0.00 0.884 0.116 1.0
L -0.14  0.14  0.24 0.095 0.905 2.3

                       RC1  RC2  RC3
SS loadings           2.74 2.44 2.26
Proportion Var        0.23 0.20 0.19
Cumulative Var        0.23 0.43 0.62
Proportion Explained  0.37 0.33 0.30
Cumulative Proportion 0.37 0.70 1.00

Mean item complexity =  1.2
Test of the hypothesis that 3 components are sufficient.

The root mean square of the residuals (RMSR) is  0.06
 with the empirical chi square  61.27  with prob <  0.002

Fit based upon off diagonal values = 0.96
```

```
# welche $-Werte sind verfügbar?
names(fit2)
```

```
 [1] "values"       "rotation"     "n.obs"        "communality"  "loadings"
 [6] "fit"          "fit.off"      "fn"           "Call"         "uniquenesses"
[11] "complexity"   "chi"          "EPVAL"        "R2"           "objective"
[16] "residual"     "rms"          "factors"      "dof"          "null.dof"
[21] "null.model"   "criteria"     "STATISTIC"    "PVAL"         "weights"
[26] "r.scores"     "rot.mat"      "Vaccounted"   "Structure"    "scores"
```

```
# Faktorenladungen
fit2$loadings
```

```
Loadings:
  RC1    RC2    RC3
```

```
A         0.128
B         0.887
C         0.905
D  0.958
E         0.102  0.890
F        -0.146  0.764
G                0.121
H  0.954
I         0.865
J                0.890
K  0.940
L -0.135  0.143  0.238

                 RC1   RC2   RC3
SS loadings    2.744 2.435 2.260
Proportion Var 0.229 0.203 0.188
Cumulative Var 0.229 0.432 0.620
```

Ein passendes Video von Daniela Keller findet sich bei Youtube unter https://www.youtube.com/watch?v=NFPGQcq1fO8.

## 34.12 Fallzahlkalkulation

### 34.12.1 klinische Studien

Zur Fallzahlkalkulation bei klinischen Studien (z.B. RCTs) kann das Zusatzpaket `pwr` installiert werden. Mit der Funktion `pwr.t.test()` können alle Werte berechnet werden. Ihr müssen die entsprechenden Werte für das Signifikanzlevel, Power und Cohen's d (Effektstärke) übergeben werden.

```
# erechne Fallzahl mit
# Cohens d = 0.1
# alpha = 0.05
# Power = 0.8
pwr::pwr.t.test(d=0.1, sig.level=0.05, power=0.8,
                type="two.sample", alternative="two.sided")
```

```
     Two-sample t test power calculation

              n = 1570.733
              d = 0.1
      sig.level = 0.05
          power = 0.8
    alternative = two.sided

NOTE: n is number in *each* group
```

Über die Parameter `type` und `alternative` lassen sich die Testbedingungen festlegen.

```
# Lade Paket
library(pwr)

# unabhängige Stichprobe, zweiseitig
pwr.t.test(d=0.1, sig.level=0.05, power=0.8, type="two.sample",
           alternative="two.sided")

# Einstichproben-Test, kleiner
pwr.t.test(d=0.1, sig.level=0.05, power=0.8, type="one.sample",
           alternative="less")

# gepaarte Stichprobe, größer
pwr.t.test(d=0.1, sig.level=0.05, power=0.8, type="paired",
           alternative="greater")
```

Möchten Sie nicht immer die gesamte Testausgabe angezeigt bekommen, sondern nur den Wert für `n`, können Sie dies mit einem Dollarzeichen `$` hinter dem Funktionsaufruf spezifizieren.

```
# zeige nur "n"
pwr.t.test(d=0.1, sig.level=0.05, power=0.8, type="two.sample")$n
```

```
[1] 1570.733
```

```
# runde auf nächste ganze Zahl
ceiling(pwr.t.test(d=0.1, sig.level=0.05, power=0.8, type="two.sample")$n)
```

```
[1] 1571
```

Sie benötigen 1571 Probanden pro Untersuchungsgruppe.

### 34.12.2 Umfragen

Soll eine Befragung (ein Survey) durchgeführt werden, kann die benötigte Fallzahl über das Zusatzpaket `{samplingbook}` errechnet werden.

Geht es um numerische Werte, wird die Funktion `sample.size.mean()` verwendet. Ihr übergibt man Fehlerspanne `e` (ein Präzisionswert, der besagt, wie breit das Konfidenzintervall - nach oben sowie nach unten - sein darf, für gewöhnlich 5% bzw. `0.05`), das Konfidenzniveau, die Standardabweichung `S` innerhalb der Grundgesamtheit (füre gewöhnlich 50% bzw. `0.5`) sowie die Populationsgröße. Standardmäßig ist die Populationsgröße auf `N=Inf` (für unendlich) gesetzt.

```
# Berechne Fallzahl für einen Survey
# Konfidenzniveau auf 95%, Fehlerbereich 5%.
# In der Grundgesamtheit hat der Wert eine
```

```
# Standardabweichung von S=0.5
samplingbook::sample.size.mean(e=0.05, S=0.5, level=0.95 )
```

```
sample.size.mean object: Sample size for mean estimate
Without finite population correction: N=Inf, precision e=0.05 and standard deviation S=0.5

Sample size needed: 385
```

Ist die Grundgesamtheit bekannt, kann dies mit `N` angegeben werden.

```
# Die Grundgesamtheit ist 1.500 Personen groß
samplingbook::sample.size.mean(e=0.05, S=0.5, level=0.95, N=1500 )
```

```
sample.size.mean object: Sample size for mean estimate
With finite population correction: N=1500, precision e=0.05 and standard deviation S=0.5

Sample size needed: 306
```

Sollen Prozentwerte *kategorialer* Variablen erfragt werden (z.B. der Anteil weiblicher Pflegepersonen), wird die Funktion `sample.size.prop()` verwendet. Ihr werden ebenso `e`, `N` und `level` (Konfidenzniveau) übergeben. Statt der Standardabweichung wird über den Parameter `P` die prozentuale Verteilung in der Grundgesamtheit angegeben.

```
# Berechne Fallzahl für einen Survey
# unsere Werte düren maximal 5% abweichen
# Konfidenzniveau auf 95%
# In der Grundgesamtheit hat der Wert eine
# Verteilung von 65%
# Die Grundgesamtheit ist 1.500 Personen groß
samplingbook::sample.size.prop(e=0.05, P=0.65, level=0.95, N=1500)
```

```
sample.size.prop object: Sample size for proportion estimate
With finite population correction: N=1500, precision e=0.05 and expected proportion P=0.65

Sample size needed: 284
```

#### 34.12.2.1 Tabellen

Um ein Gefühl für die benötigten Stichprobengrößen zu erhalten, können wir Tabellen erzeugen, in denen die benötigten Fallzahlen beispielsweise in Abhängigkeit zur Populationsgröße angezeigt werden. Die Tabelle soll Werte für metrische und kategoriale Items anzeigen, wobei wir jeweils das 90%-, 95% und 99%-Konfidenzintervall einsehen wollen. In diesem Beispiel gehen wir für metrische Daten von 30% Streuung aus (`S=0.3`) und setzen die Fehlerspanne `e` auf 5%. Für kategoriale Items nehmen wir eine Verteilung von 50% an (`P=0.5`).

```
# gewünschte Populationsgrößen
Population <- c(100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000,
                1500, 2000, 4000, 6000, 8000, 10000, Inf)

# überführe in Datenframe
df <- data.frame(Population)
```

Mit der Funktion `sapply()` können wir `sample.size.mean()` und `sample.size.prop()` auf jeden Wert des Vectors `Population` anwenden. Die Ergebnisse schreiben wir als neue Variable in unser Datenframes `df`.

```
## Wende sample.size.mean() auf jeden Wert in "Population" an
# 90%-Konfidenzintervall
df$ConA10 <- sapply(Population, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.mean(e=0.05,
S=0.3, level=0.90, N=x)$n)
# 95%-Konfidenzintervall
df$ConA05 <- sapply(Population, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.mean(e=0.05,
S=0.3, level=0.95, N=x)$n)
# 99%-Konfidenzintervall
df$ConA01 <- sapply(Population, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.mean(e=0.05,
S=0.3, level=0.99, N=x)$n)

## Wende sample.size.prop() auf jeden Wert in "Population" an
# 90%-Konfidenzintervall
df$CatA10 <- sapply(Population, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.prop(e=0.05,
P=0.5, level=0.9, N=x)$n)
# 95%-Konfidenzintervall
df$CatA05 <- sapply(Population, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.prop(e=0.05,
P=0.5, level=0.95, N=x)$n)
# 99%-Konfidenzintervall
df$CatA01 <- sapply(Population, FUN=function(x) samplingbook::sample.size.prop(e=0.05,
P=0.5, level=0.99, N=x)$n)
```

Die Variablennamen `ConA10` - `CatA01` sind etwas kryptisch und für eine „schöne“ Tabelle eher ungeeignet. Daher ändern wir die Variablennamen mittels `colnames()` in leserliche Spaltennamen um. Zuvor speichern wir aber unser Datenframe in ein neues Objekt `df2`, denn mit den veränderten Variablennamen können wir später viel schlechter weiterarbeiten.

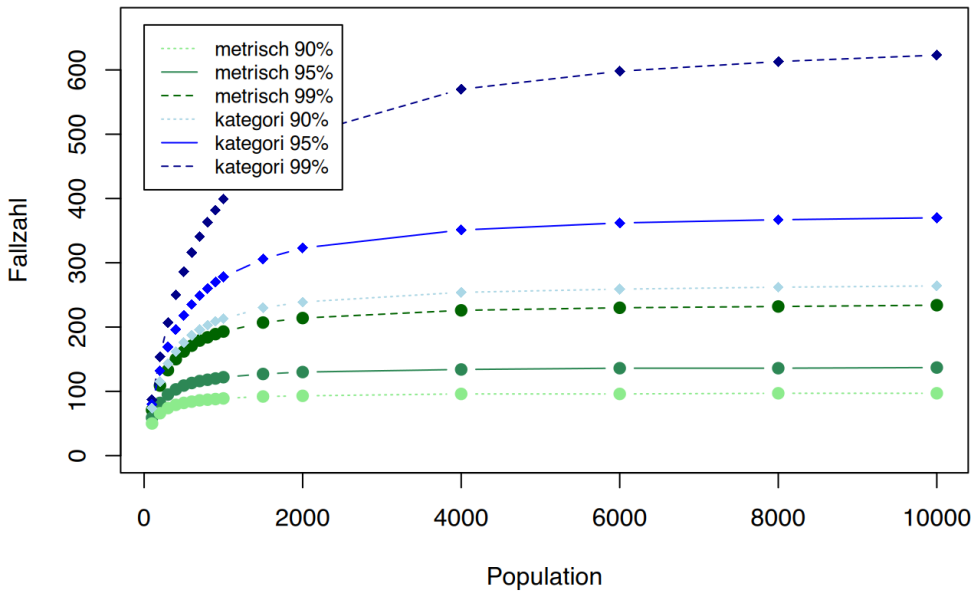
```
# Mache Sicherungskopie von df
df2 <- df

# ändere die Variablennamen für eine "schöne" Tabelle
Kopfzeile <- c("Population N", "metrisch 90%", "metrisch 95%", "metrisch 99%",
               "kategor 90%", "kategor 95%", "kategor 99%")
colnames(df) <- Kopfzeile
```

Mit den neuen Variablennamen sieht die Tabelle nun so aus:

```
   Population N metrisch 90% metrisch 95% metrisch 99% kategor 90% kategor 95% kategor 99%
1           100           50           59           71          74          80          87
2           200           66           82          109         115         132         154
3           300           74           95          133         143         169         207
4           400           79          103          150         162         196         250
5           500           82          109          162         176         218         286
6           600           84          113          171         187         235         316
7           700           86          116          179         196         249         341
8           800           87          118          184         203         260         363
9           900           88          120          189         209         270         382
10         1000           89          122          193         213         278         399
11         1500           92          127          207         230         306         461
12         2000           93          130          214         239         323         499
13         4000           96          134          226         254         351         570
14         6000           96          136          230         259         362         598
15         8000           97          136          232         262         367         613
16        10000           97          137          234         264         370         623
17          Inf           98          139          239         271         385         664
```

Und um auf das nächste Kapitel vorzugreifen, können wir die Daten der Tabelle in einem einfachen Plot graphisch darstellen.

```
# Erzeuge den Grund-Plot mit 1 y-Variable
plot(Population, df2$ConA01, type="b", ylim=c(0,670),
        ylab="Fallzahl", col="darkgreen", pch=19, lty=2)

# Füge weitere y-Variablen mit anderer Farbe hinzu
lines(Population, df2$ConA05, col="seagreen", type="b", pch=19, lty=1)
lines(Population, df2$ConA10, col="lightgreen", type="b", pch=19, lty=3)
lines(Population, df2$CatA01, col="darkblue", type="b", pch=18, lty=2)
lines(Population, df2$CatA05, col="blue", type="b", pch=18, lty=1)
lines(Population, df2$CatA10, col="lightblue", type="b", pch=18, lty=3)

# Füge eine Legendenbox hinzu
legend(x=0, y=670,
       legend = c("metrisch 90%", "metrisch 95%", "metrisch 99%",
                  "kategori 90%", "kategori 95%", "kategori 99%"),
       col = c("lightgreen", "seagreen", "darkgreen",
                  "lightblue", "blue", "darkblue"),
       lty=c(3,1,2), cex=0.8)
```




Sieht kompliziert aus? Warten Sie es ab, es wird alles im folgenden Kapitel erklärt.

# 35 Diagramme plotten

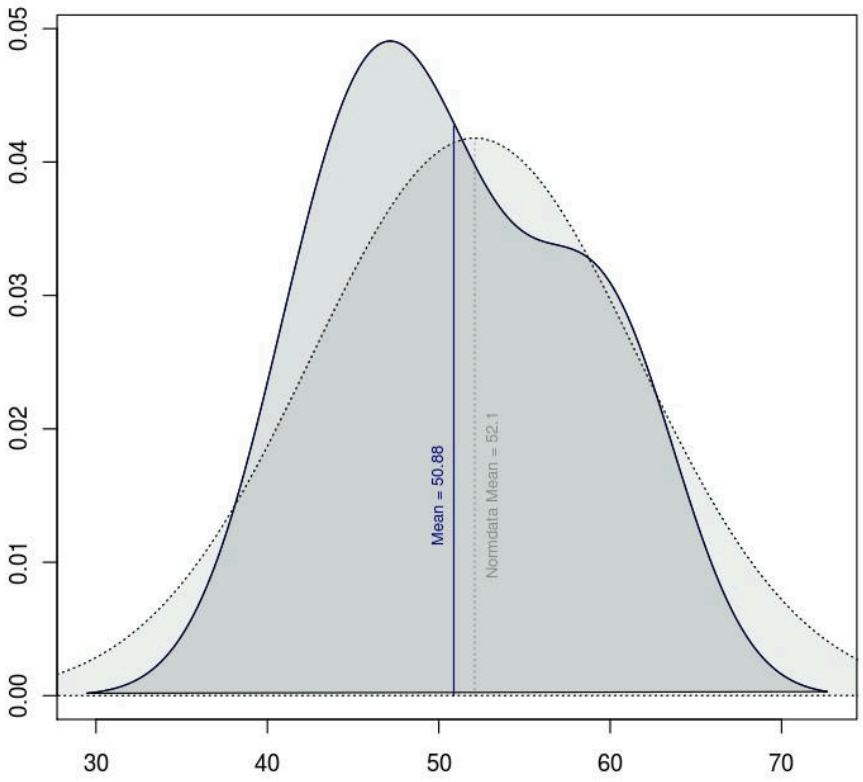


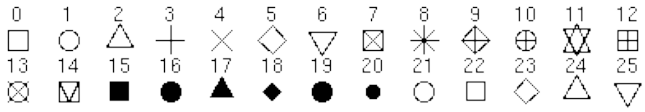
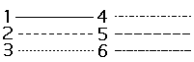

Abbildung 144: Ein Plot mit klassischem `R` erstellt

In diesem Kapitel werden die Plotfunktionen des klassischen `R` vorgestellt. Sie erzeugen immernoch brauchbare Ergebnisse, und man kann viele Einstellungen vornehmen. Wenn Sie allerdings ein etwas komplexeres Diagramm aufbauen möchten, lohnt es sich nicht, die Spezialeinstellungen der klassischen Plotfunktionen zu durchstöbern. Schwenken Sie in diesem Falle lieber gleich zum moderneren `ggplot()` um, welches in Kapitel Abschnitt 36 vorgestellt wird. So kommen Sie viel „einfacher“ an Ihre Ziel.

Die universelle Funktion zum erstellen von Diagrammen heisst `plot()`. Mit ihr werden ein Großteil der Diagramme erstellt, und viele Funktionen rufen letztendlich auch nur `plot()` auf.

Da `plot()` so universal ist, nimmt sie viele Parameter entgegen. Die nachfolgende Tabelle zeigt diese Parameter in einer Übersicht. Viele der Parameter sind auch in weiteren Plotfunktionen implementiert. Es kann dennoch nie schaden, sich mit `?barplot` in der `R`-Konsole die explizieten Parameter zu vergegenwärtigen.

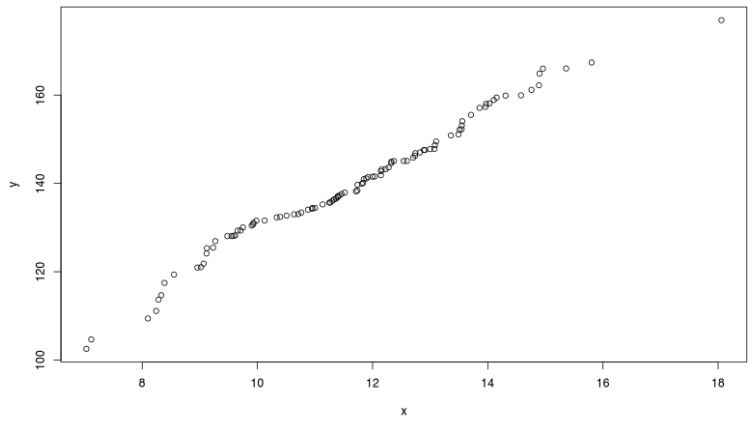
| **Parameter** | **Argumente / Beschreibung** | **Beispiel** |
|---|---|---|
| `type` | legt den Diagrammtyp fest | `type="p"` |
| (mittlerweile veraltet, | `l` = Liniendiagramm | |
| funktioniert aber noch) | `p` = Punktdiagramm | |
| | `b` = (**b**oth) Kombination aus `l` und `p` | |
| | `s` = Stufendiagramm | |
| | `h` = Histogramm-*artig(!)* | |

| | | |
|---|---|---|
| | `n` = keine Darstellung | |
| `col` | Füllfarbe | `col="blue"` |
| | (`colors()` zeigt alle Farben) | `col="#112233"` (RGB) |
| | `gray0` = schwarz bis `gray99` = weiß | `col="gray77"` |
| `main` | Überschrift | `main="Mein Plot"` |
| `sub` | Untertitel | `main="Abbildung 12"` |
| `xlab` | Beschriftung der X-Achse | `xlab="Jahrgänge"` |
| `ylab` | Beschriftung der Y-Achse | `ylab="Häufigkeit"` |
| `xlim` | Start- und Endwert der X-Achse | `xlim=c(2,10)` |
| `ylim` | Start- und Endwert der Y-Achse | `ylim=c(0,100)` |
| `xaxt` | X-Achse komplett unbeschriftet | `xaxt="n"` |
| `yaxt` | Y-Achse komplett unbeschriftet | `yaxt="n"` |
| `pch` | Darstellungssymbol | `pch=4` |
| |  | |
| `cex` | Symbolgröße | `cex=2` |
| `lty` | Linientyp | `lty=1` |
| |  | |
| `lwd` | Strichstärke der Linien | `lwd=3` |
| `bty` | Boxtyp, setzt Rahmen ums Plot | `bty="o"` |
| | `n` = kein Rahmen | |
| | `o` = komplett | |
| | `C` = oben, unten und links | |
| | `L` = unten und links | |
| | `u` = unten, rechts und links | |
| | `7` = oben und rechts | |
| | (die Buchstaben sehen so aus wie der Rahmen) | |
| `font` | Fontformat | font=2 |
| | `1` = normal | |
| | `2` = fett | |
| | `3` = kursiv | |
| | `5` = griechische Symbole | |

## 35.1 Punktwolke

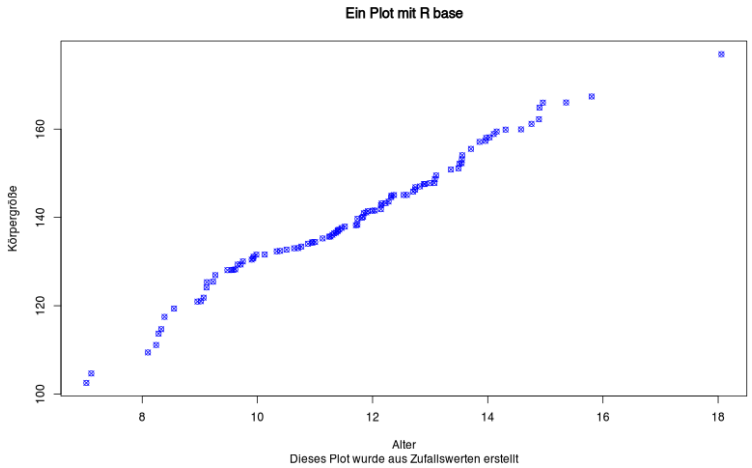
Die Punktwolke wird mit besagter Funktion `plot()` erstellt. Ihr werden zwei Vektoren mit den entsprechenden x und y Werten übergeben.

```
# erzeuge Testwerte
x <- sort(rnorm(100, mean=12, sd=2))
y <- sort(rnorm(100, mean=140, sd=15))

# Plotten
plot(x,y)
```




Über die Parameter aus der Tabelle kann das Plot aufgehübscht werden.

```
plot(x,y, col="blue",
          ylab="Körpergröße", xlab="Alter",
          main="Ein Plot mit R base",
          sub="Dieses Plot wurde aus Zufallswerten erstellt",
          pch=13)
```



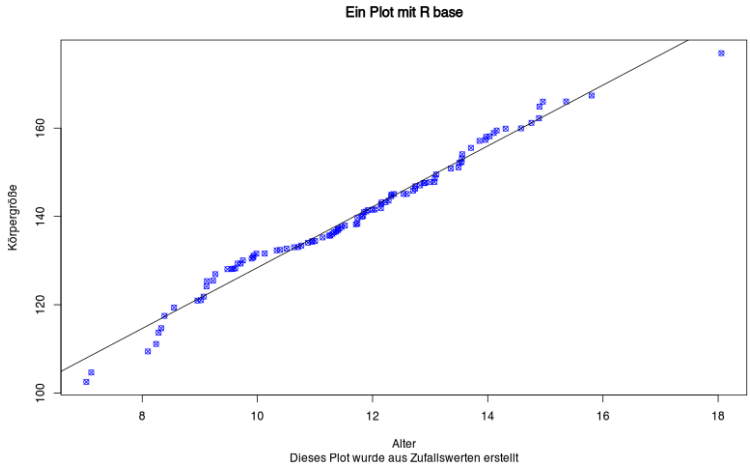
Mit der Funktion `abline()` kann dem Plot eine Gerade hinzugefügt werden, z.B. eine Regressionsgerade. Die Funktion benötigt als Angaben den Schnitt durch die Y-Achse sowie den Steigungswert. Die Funktion `lm()` liefert für Regressionsgeraden genau diese Werte.

```
# Regressionswerte von Körpergröße ~ Alter
lm(y~x)
```

```
Call:
lm(formula = y ~ x)

Coefficients:
(Intercept)            x
      59.50         6.89
```

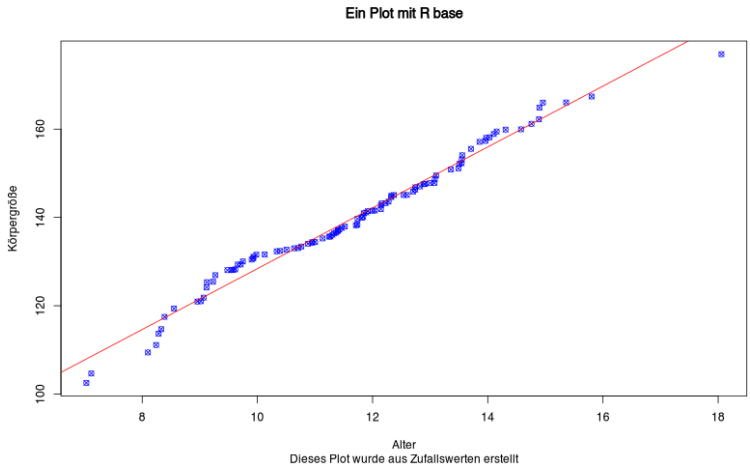
Das heisst, wir rufen die Funktion innerhalb von `abline()` auf:

```
plot(x,y, col="blue",
          ylab="Körpergröße", xlab="Alter",
          main="Ein Plot mit R base",
          sub="Dieses Plot wurde aus Zufallswerten erstellt",
          pch=13)
abline(lm(y~x))
```



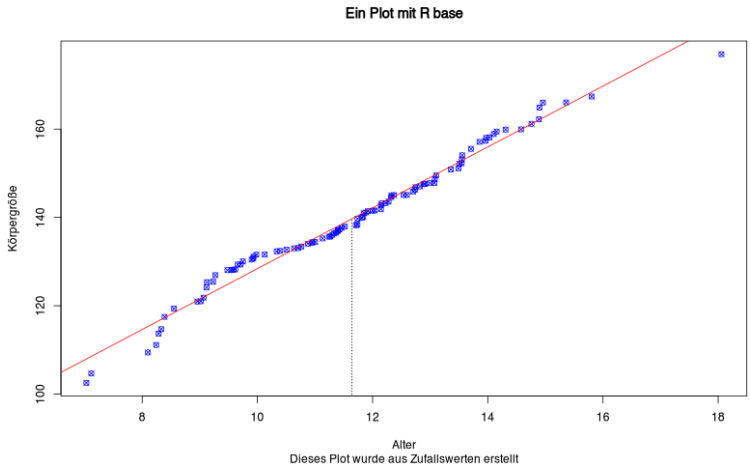

In rot sieht sie evtl. besser aus:

```
plot(x,y, col="blue",
          ylab="Körpergröße", xlab="Alter",
          main="Ein Plot mit R base",
          sub="Dieses Plot wurde aus Zufallswerten erstellt",
          pch=13)
abline(lm(y~x), col="red")
```



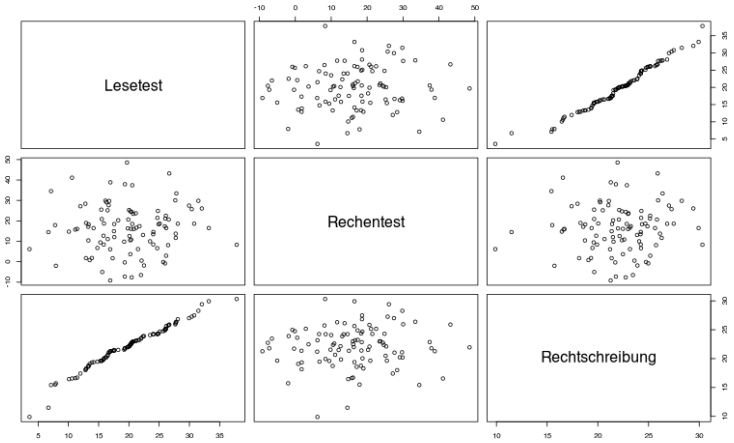

Mit der Funktion `lines()` können Linien hinzugefügt werden. Dafür übergeben wir die entsprechenden Koordinaten des Start- und Endpunkts. So können wir z.B. den Mittelwert für `Alter` markieren.

```
# Mittelwer als x-Koordinate
mx <- mean(x)

# Berechne Schnittpunkt mit Regressionsgeraden
ymx <-  coef(lm(y~x))[1] + mx*coef(lm(y~x))[2]

plot(x,y, col="blue",
          ylab="Körpergröße", xlab="Alter",
          main="Ein Plot mit R base",
          sub="Dieses Plot wurde aus Zufallswerten erstellt",
          pch=13)
abline(lm(y~x), col="red")

# Füge Mittelwertlinie hinzu
lines(x=c(mx, mx), y=c(0, ymx), lty=3)
```



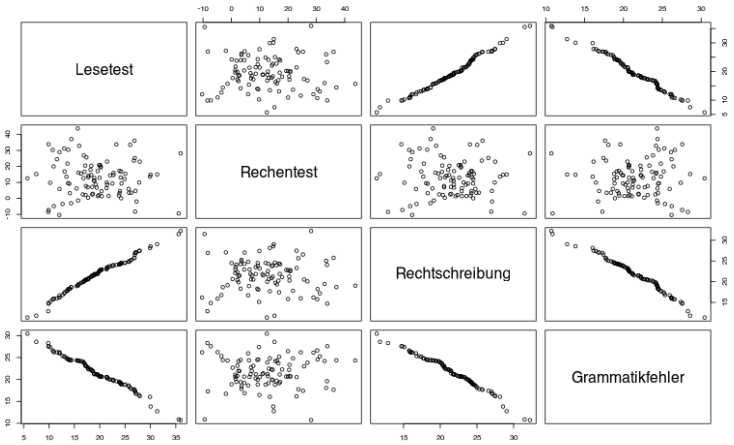

Liegen mehrere Variablen in einem Datenframe vor, stellt `plot()` nach Kombinationen getrennt dar.

```
x <- data.frame(Lesetest = sort(rnorm(100, mean=20, sd=6)),
                Rechentest = rnorm(100, mean=15, sd=12),
                Rechtschreibung = sort(rnorm(100, mean=21, sd=4))
)

plot(x)
```



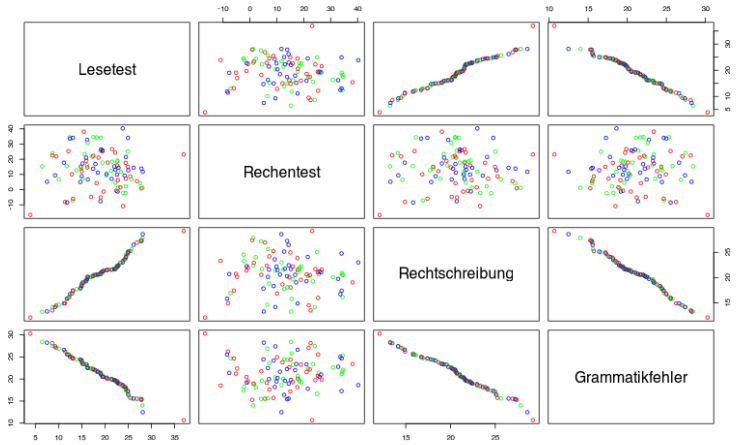

Je mehr Variablen vorliegen, desto komplexer wird der Plot.

```
x <- data.frame(Lesetest = sort(rnorm(100, mean=20, sd=6)),
                Rechentest = rnorm(100, mean=15, sd=12),
                Rechtschreibung = sort(rnorm(100, mean=21, sd=4)),
                Grammatikfehler = sort(rnorm(100, mean=21, sd=4), decreasing=T)
)

plot(x)
```




Mit Farben kann man es etwas aufhübschen.

```
x <- data.frame(Lesetest = sort(rnorm(100, mean=20, sd=6)),
                Rechentest = rnorm(100, mean=15, sd=12),
                Rechtschreibung = sort(rnorm(100, mean=21, sd=4)),
                Grammatikfehler = sort(rnorm(100, mean=21, sd=4), decreasing=T)
)

plot(x, col=rainbow(3))
```




## 35.2 verfügbare Farben

Die Funktion `colors()` zeigt die verfügbaren Farben an.

```
# zeige verfügbare Farben an
colors()
```

```
  [1] "white"                "aliceblue"            "antiquewhite"
  [4] "antiquewhite1"        "antiquewhite2"        "antiquewhite3"
  [7] "antiquewhite4"        "aquamarine"           "aquamarine1"
 [10] "aquamarine2"          "aquamarine3"          "aquamarine4"
 [13] "azure"                "azure1"               "azure2"
 [16] "azure3"               "azure4"               "beige"
 [19] "bisque"               "bisque1"              "bisque2"
 [22] "bisque3"              "bisque4"              "black"
 [25] "blanchedalmond"       "blue"                 "blue1"
 [28] "blue2"                "blue3"                "blue4"
 [31] "blueviolet"           "brown"                "brown1"
 [34] "brown2"               "brown3"               "brown4"
 [37] "burlywood"            "burlywood1"           "burlywood2"
 [40] "burlywood3"           "burlywood4"           "cadetblue"
 [43] "cadetblue1"           "cadetblue2"           "cadetblue3"
 [46] "cadetblue4"           "chartreuse"           "chartreuse1"
 [49] "chartreuse2"          "chartreuse3"          "chartreuse4"
 [52] "chocolate"            "chocolate1"           "chocolate2"
```

```
 [55] "chocolate3"           "chocolate4"           "coral"
                      ( . . . )
```

Der Output ist 657 Farben lang.

```
# wieviele Farben gibt es?
length(colors())
```

```
[1] 657
```

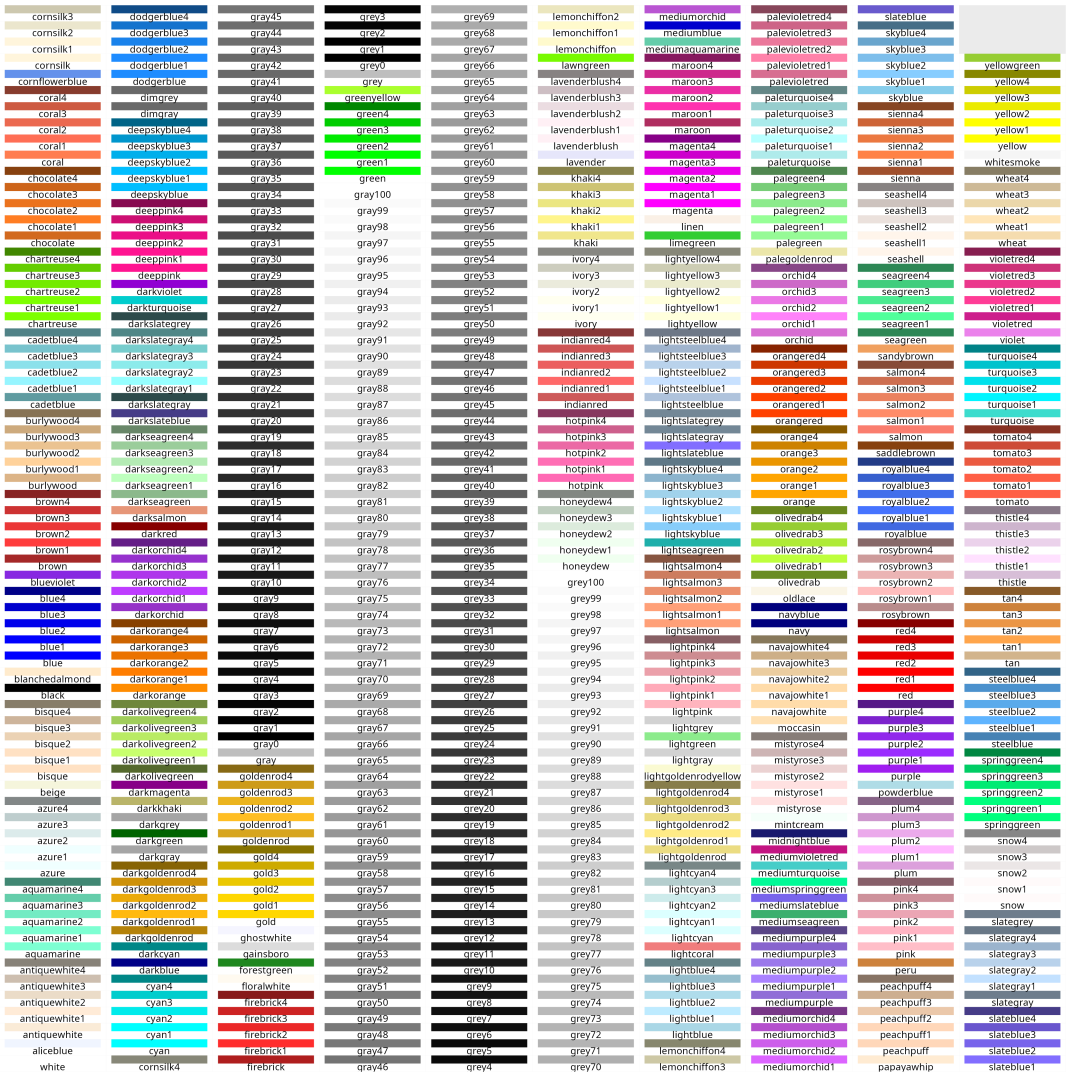



Abbildung 153: Alle R Farben

Der R-Code, mit dem Abbildung 153 erstellt wurde, ist in Abschnitt 38.1 hinterlegt.

Eine weitere Übersicht der Farben in „echten Farbtönen“ findet sich bei Björn Walther: https://www.bjoernwalther.com/farben-in-r-der-col-befehl/

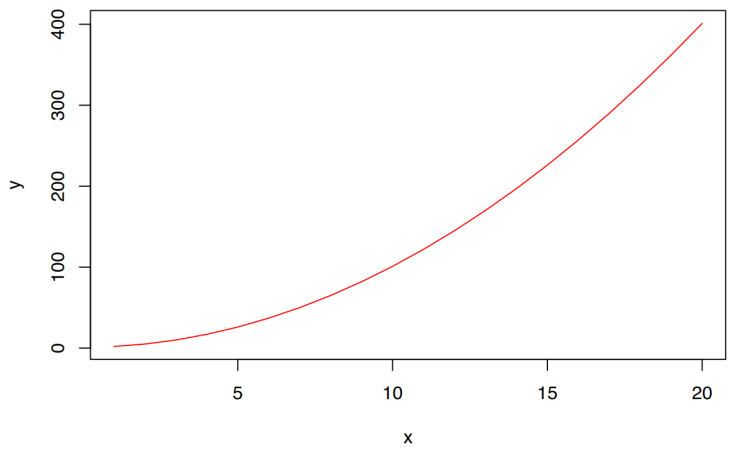
Zu erwähnen ist noch die Farbe `gray`, die in den Abstufungen `gray0` (=schwarz) bis `gray99` (= weiß) knapp 99 Grauschattierungen ermöglicht. Dies ist bei schwarz-weiß Publikationen sehr hilfreich.

Soll es möglichst bunt sein, erzeugt die Funktion `rainbow()` die gewünschte Anzahl an Farben.

## 35.3 Liniendiagramm

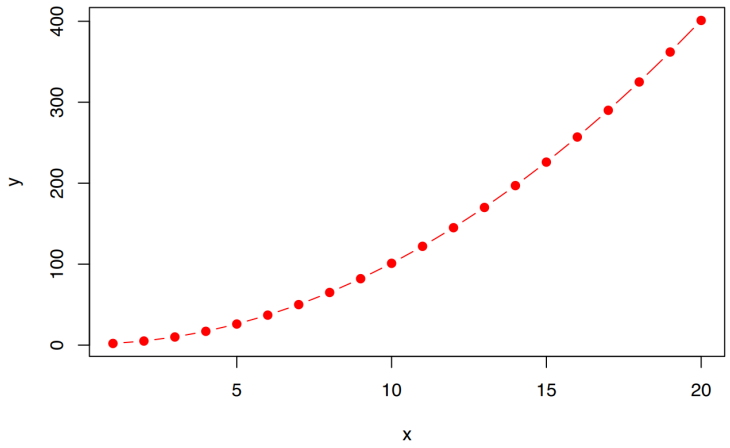
Ein Liniendiagramm wird mit der Parametereinstellung `type="l"` erzeugt.

```
# Erzeuge ein paar Daten
x  <-1:20
y1 <- x*x+1

# Erzeuge Liniendiagramm
plot(x, y1, type="l", pch=19, col="red", xlab="x", ylab="y")
```



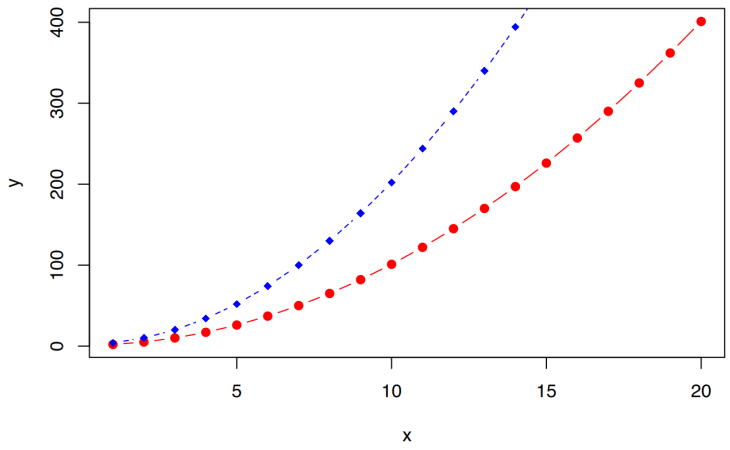

Mit `type="b"` (für `both`) wird sowohl Punkt- als auch Liniendiagramm erzeugt

```
plot(x, y1, type="b", pch=19, col="red", xlab="x", ylab="y")
```




Mit der Funktion `lines()` können weitere Linien hinzugefügt werden.

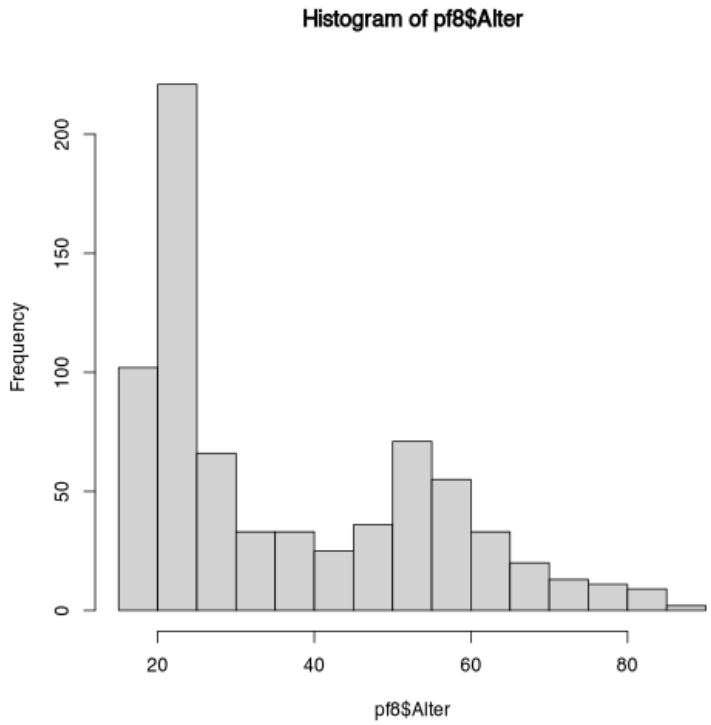
```
# erzeuge zweite Y-Reihe
y2 <- 2*y1

plot(x, y1, type="b", pch=19, col="red", xlab="x", ylab="y")
# Füge Linie hinzu
lines(x, y2, pch=18, col="blue", type="b", lty=2)
```




## 35.4 Histogram

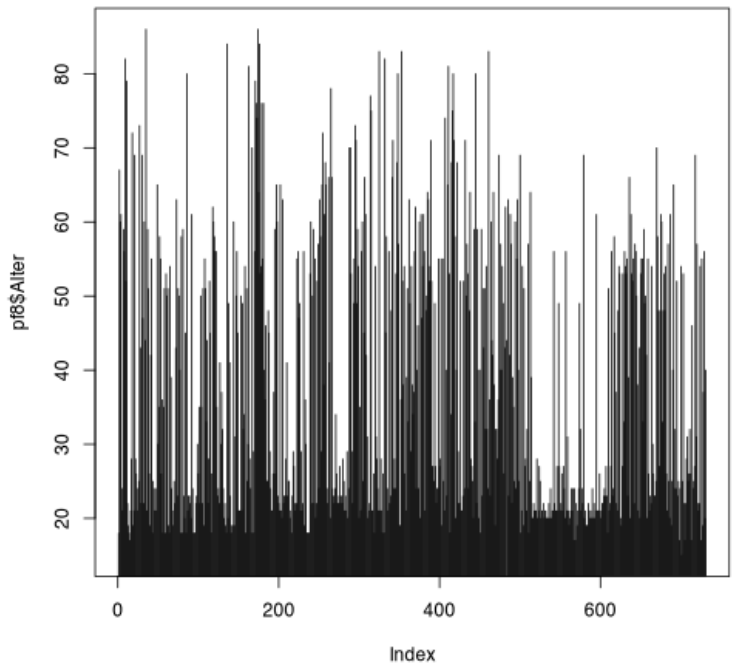
Ein Histogram wird mit der Funktion `hist()` erstellt. Plotten wir ein Histogramm der Variable `Alter` im Beispieldatensatz `pf8`.

```r
# lade Datensatz "pf8"
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))

# erstelle Histogramm von Variable "Alter" aus Datensatz "pf8"
hist(pf8$Alter)
```




Zum Vergleich:

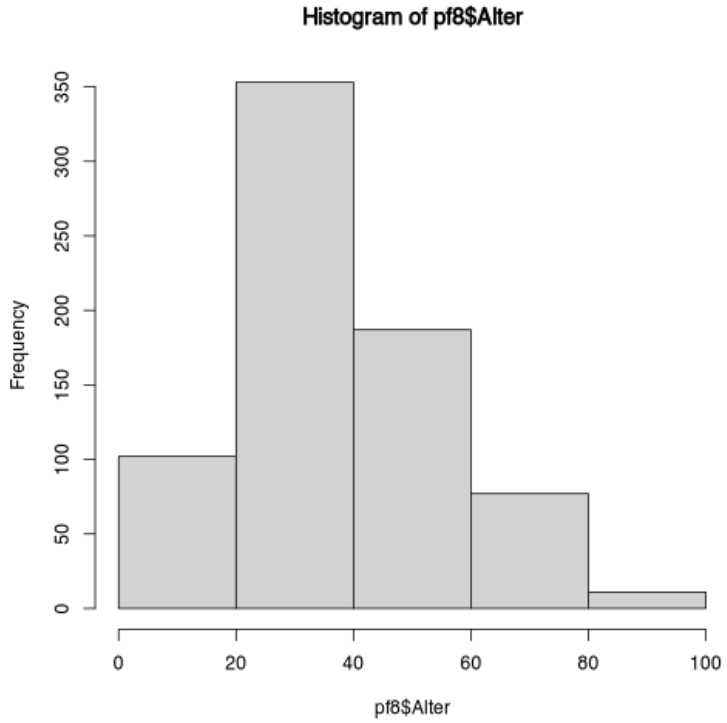
```r
# zum Vergleich plot()
plot(pf8$Alter, type="h")
```




Wie Sie sehen ist das `plot()`-Resultat nur entfernt dem Histogram ähnlich.

Die Klassengröße des Histograms kann mit dem Parameter `breaks` übergeben werden. Entweder schreiben wir die Anzahl der „Balken“, dann versucht `R` das „möglichst gut“ auszuführen, oder wir übergeben einen Vektor mit den konkreten Breakpunkten.

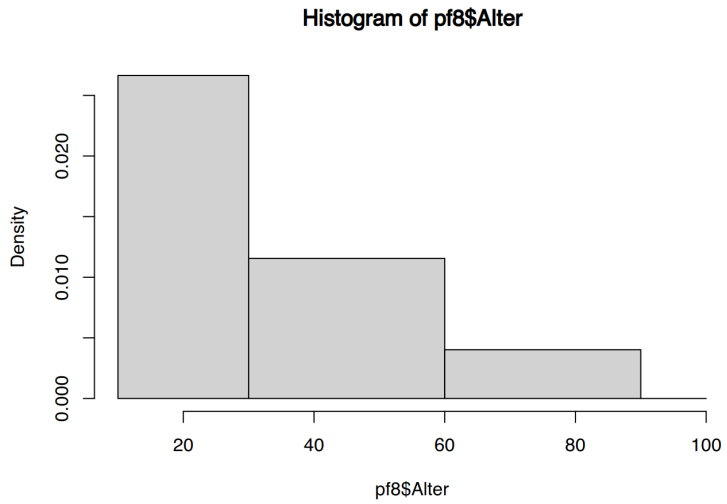
```
# Histogramm mit "möglichst" 4 Balken
hist(pf8$Alter, breaks=4)
```




Wie Sie sehen stellt `R` dennoch 5 Balken dar.

Über den Parameter `breaks` können die Klassengrenzen manuell gesetzt werden.

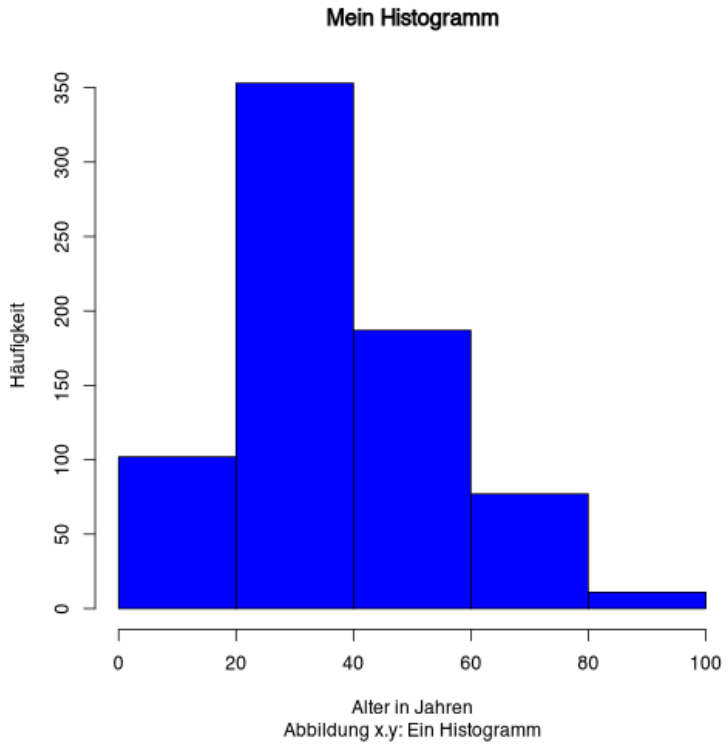
```
hist(pf8$Alter, breaks=c(10, 30, 60, 90, 100))
```




Über die generellen Parameter kann der Plot nun aufgehübscht werden.

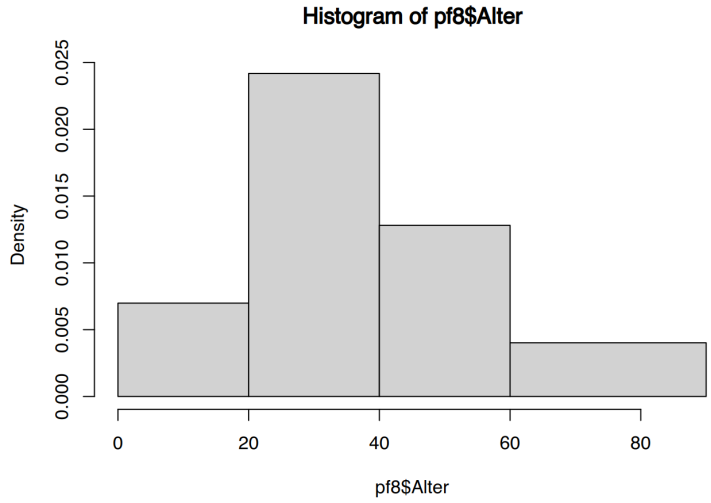
```
# in schön
hist(pf8$Alter, breaks=4,
```

```
    # Überschrift
    main="Mein Histogramm",
    # Unterschrift
    sub="Abbildung x.y: Ein Histogramm",
              # X-achse
              xlab="Alter in Jahren",
              # Y-Achse
              ylab="Häufigkeit",
              # blaue Balken
              col="blue")
```




Mittels des Parameters `freq=FALSE` kann auf relative Häufigkeiten umgeschaltet werden.

```
# relative Häufigkeiten
hist(pf8$Alter, breaks=c(0, 20, 40, 60, 90), freq=FALSE)
```

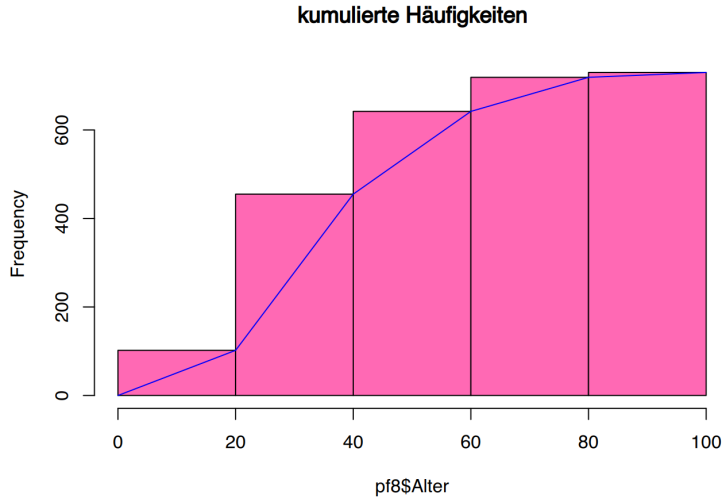



Für kumulierte Häufigkeiten muss das Histogramm zunächst in ein Objekt geschrieben werden.

```
# speichere in Objekt h
h <- hist(pf8$Alter, breaks=5, plot=FALSE)
```

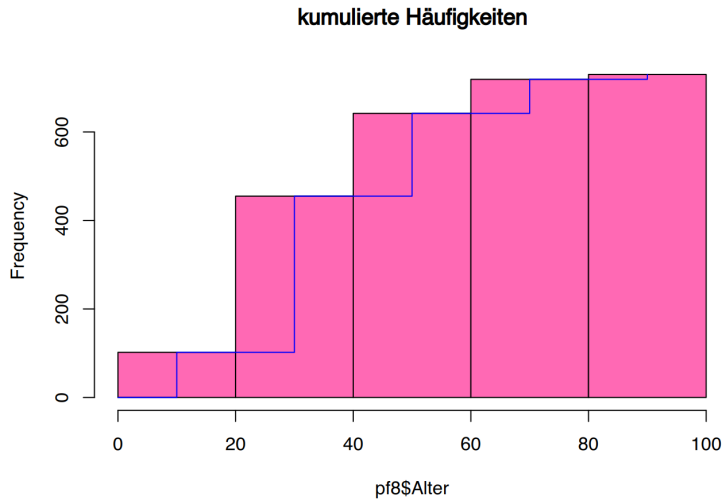
Nun können wir auf alle Werte des Histograms zugreifen. Wir ersetzen die gezählten Häufigkeiten (`h$counts`) mittels `cumsum()` durch kumulierte Werte.

```
# ersetze die Zellen durch kumulierte Häufigkeiten
h$counts <- cumsum(h$counts)

# plotte das kumulative Histogram
plot(h, col="hotpink", main = "kumulierte Häufigkeiten")
# füge Polygonzug hinzu
lines(c(h$breaks),c(0,h$counts), col="blue") # type="s" für `Steps`
```



Bei den Polygonzügen können wir die X-Werte noch mittig setzen (`h$mids`), und den Linienstil auf „`steps`“ ändern.

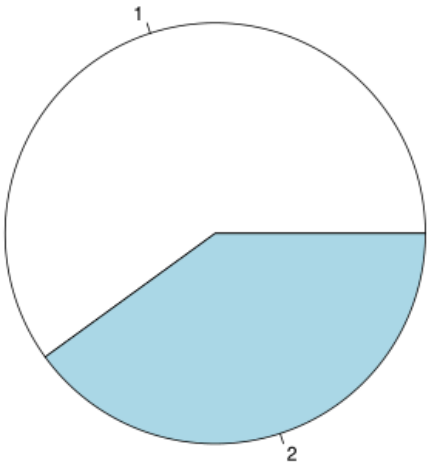
```
# plotte das kumulative Histogram
plot(h, col="hotpink", main = "kumulierte Häufigkeiten")
# füge Polygonzug hinzu
lines(c(0, h$mids),c(0,h$counts), col="blue", type="s")
```




## 35.5 Kreisdiagramm

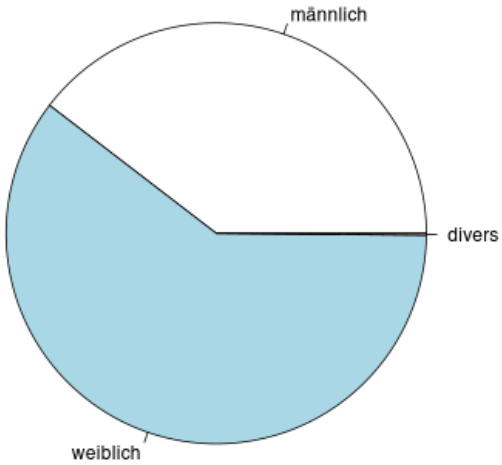
Ein Kreisdiagramm wird mit der Funktion `pie()` erzeugt. Die Funktion benötigt einen Vektor mit den Anteilsgrößen.

```
# Kreisdiagramm 60 / 40
pie(c(60,40))
```



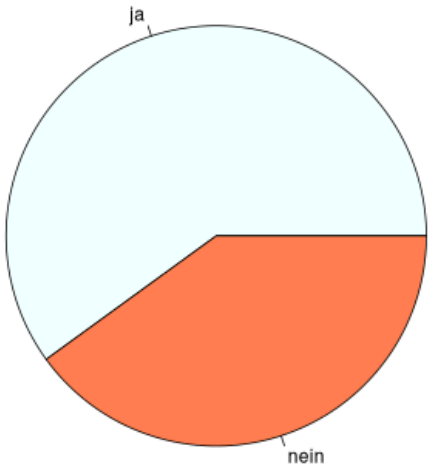

Soll z.B. ein Kreisdiagramm aus einem Faktor erzeugt werden, gelingt dies über die Integration der Funktion `table()`.

```
# Kreisdiagramm von "Geschlecht" in "pf8"
pie(table(pf8$Geschlecht))
```

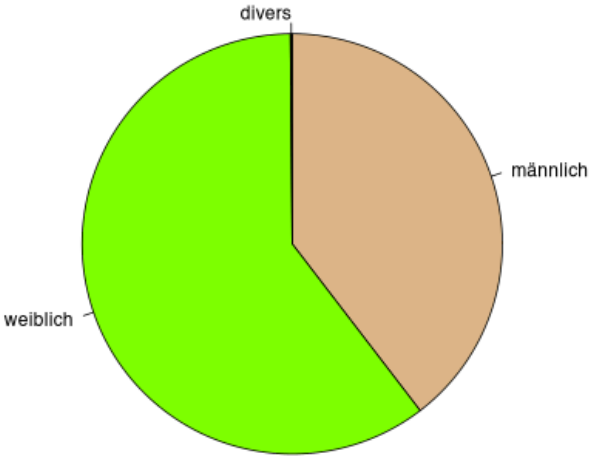



Mit den Parametern `col`, `clockwise` und `labels` können Sie weitere Anpassungen vornehmen.

```
pie(c(60,40), labels=c("ja", "nein"), col=c("azure", "coral"))
```



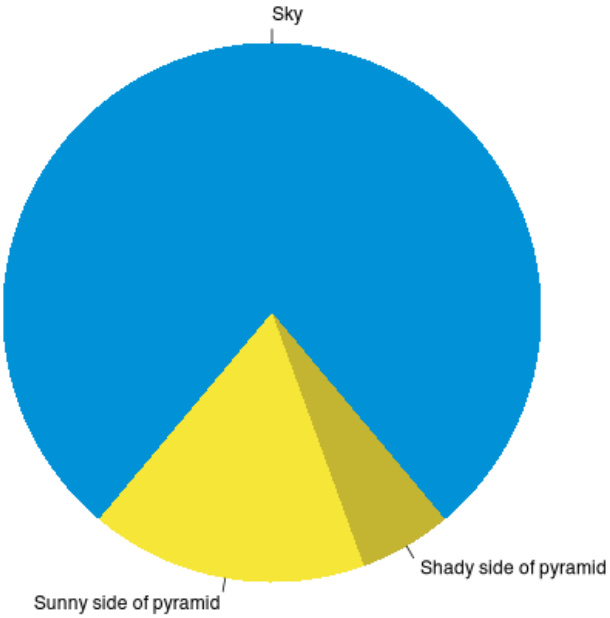
```
pie(table(pf8$Geschlecht), clockwise=TRUE, col=c("burlywood", "chartreuse","black"))
```




Und auch lustige Dinge kann man plotten[11]

```
par(mar = c(0, 1, 0, 1))
pie(
  c(280, 60, 20),
  c('Sky', 'Sunny side of pyramid', 'Shady side of pyramid'),
  col = c('#0292D8', '#F7EA39', '#C4B632'),
  init.angle = -50, border = NA
)
```

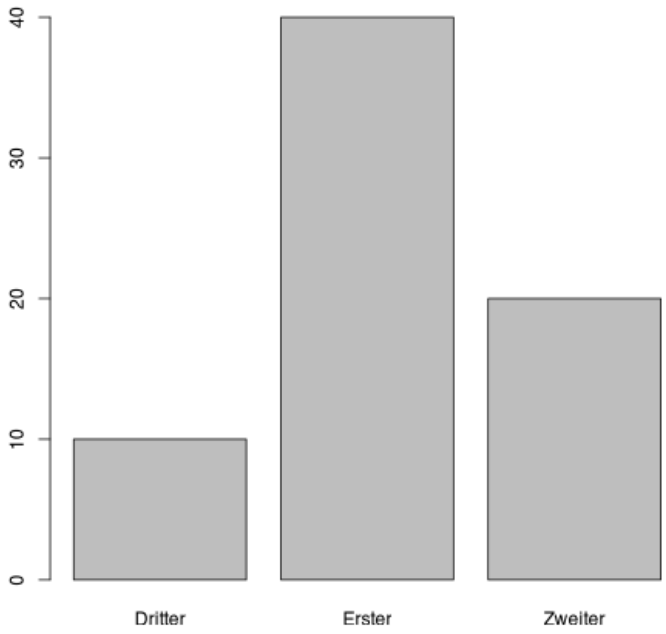
[11] https://www.shirin-glander.de/2017/09/moving-my-blog-to-blogdown/




## 35.6 Säulendiagramm

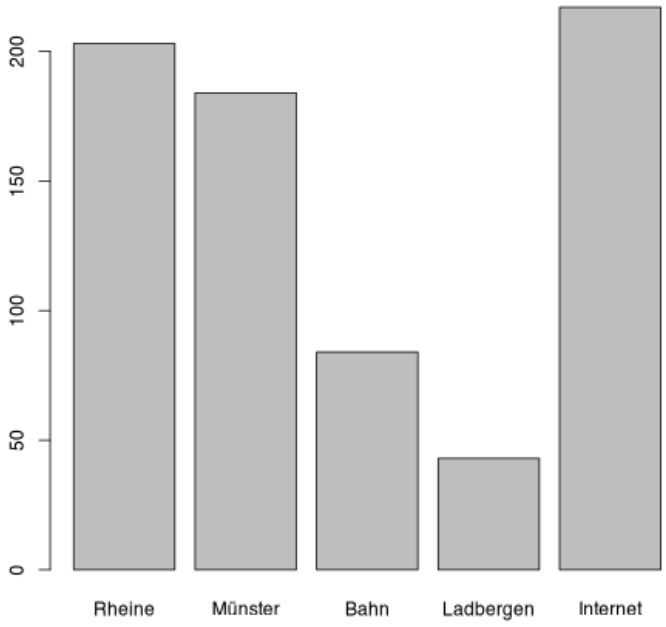
Säulendiagramme werden mit der Funktion `barplot()` erstellt. Sie benötigt einen Vektor mit den jeweiligen Ausprägungen der Säulen sowie optional die Namen der Säulen über den Parameter `names.arg`:

```
# Säulendiagramm
barplot(c(10,40,20), names.arg=c("Dritter", "Erster", "Zweiter"))
```



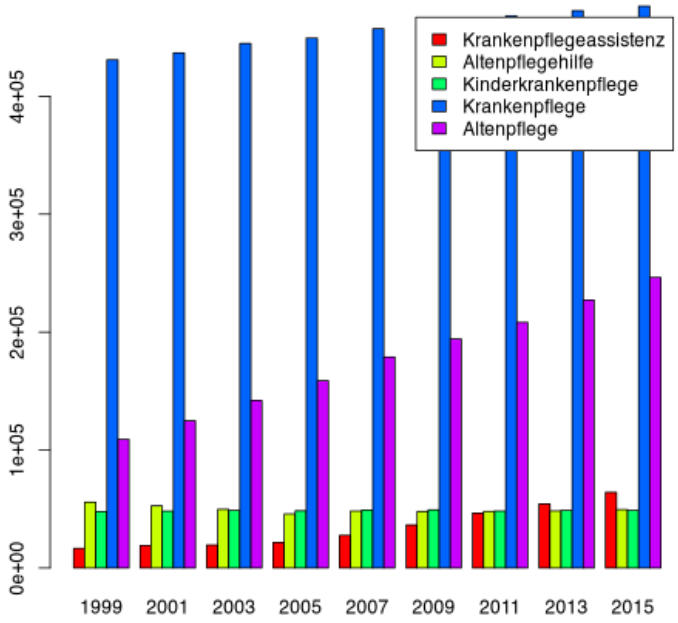

Liegen die Daten als Faktor vor, können sie mit Hilfe der Funktion `table()` übergeben werden.

```
# Säulendiagramm von "Standort" in "pf8"
barplot(table(pf8$Standort))
```



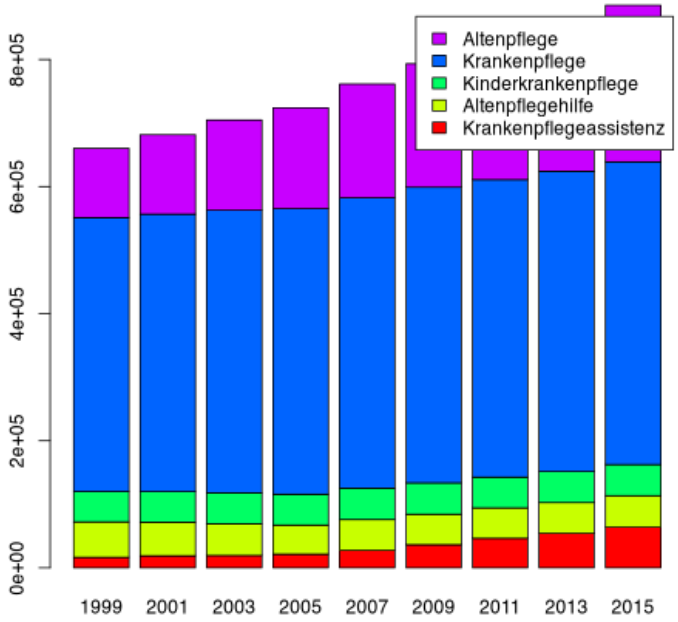
Liegen die Daten als *wide table* vor (z.B als Matrix mit bedeutsamen `rownames`), so wie unsere Matrix der Pflegeberufe, erstellt `barplot()` gruppierte Säulen. Über das Argument `legend.text` können die Reihennamen übergeben werden.

```
# Säulendiagramm der Matrix Pflegeberufe
barplot(Pflegeberufe, beside=T, col=rainbow(5), legend.text = rownames(Pflegeberufe))
```




Wird der Parameter `beside` weggelassen (entspricht `FALSE`), werden die Reihen in einer gemeinsamen Säule zusammengefasst.

```
# Säulendiagramm der Matrix Pflegeberufe
barplot(Pflegeberufe, col=rainbow(5), legend.text = rownames(Pflegeberufe))
```

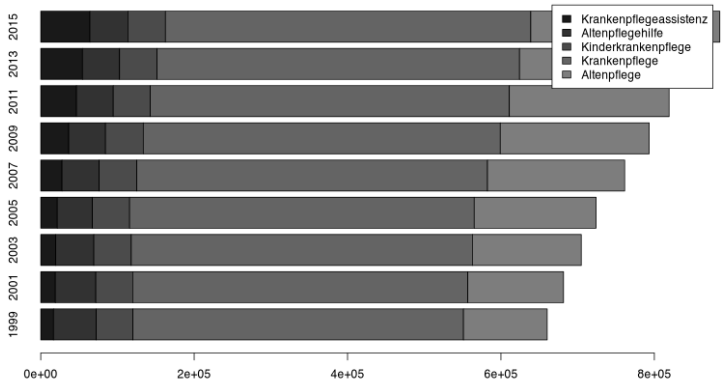



Das entspricht vom Prinzip her der Abbildung Abbildung 29.

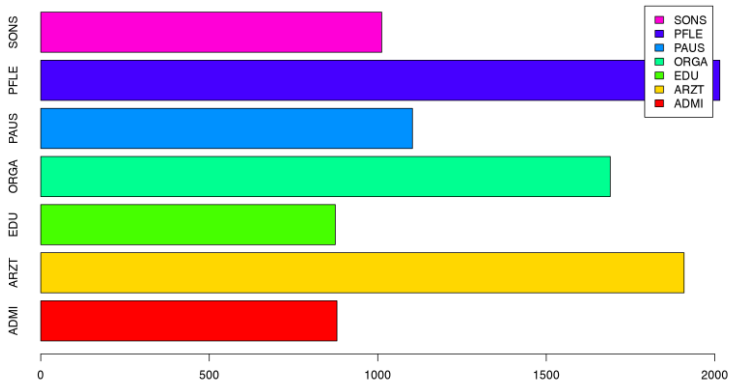
## 35.7 Balkendiagramm

Balkendiagramme werden genau so erstellt wie Säulendiagramme, nämlich über die Funktion `barplot()` mit dem Parameter `horiz=TRUE`.

```
# Balkendiagramm der Matrix Pflegeberufe
# diesmal Schwarz-weiss
barplot(Pflegeberufe,
            # schalte um auf "Balkendiagramm"
            horiz=TRUE,
            # Graustufen   führende 0 kann weggelassen werden
            col=gray(c(.1, .2, .3, .4, .5)),
            legend.text = rownames(Pflegeberufe))
```



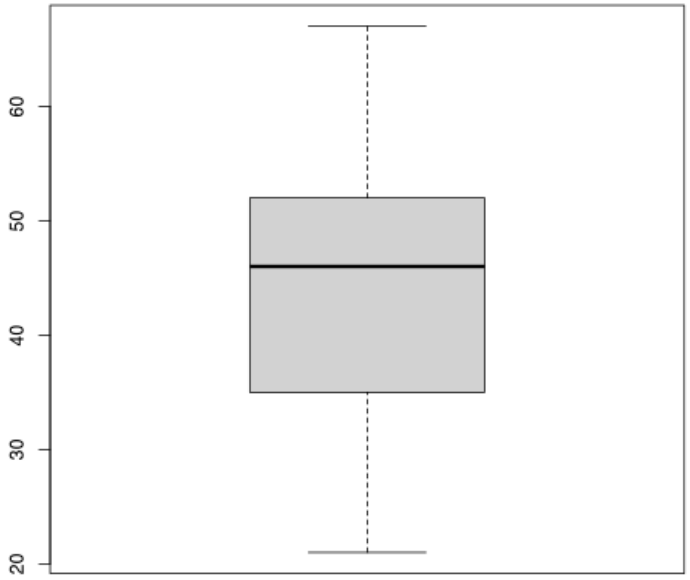

```
# Balkendiagramm "category" aus "mma"
# diesmal Schwarz-weiss
barplot(table(mma$Kategorie),
         horiz=TRUE,
         col=rainbow(7),
         # Legende aus Faktorenlevels
         legend.text = levels(mma$Kategorie))
```




## 35.8 Boxplot

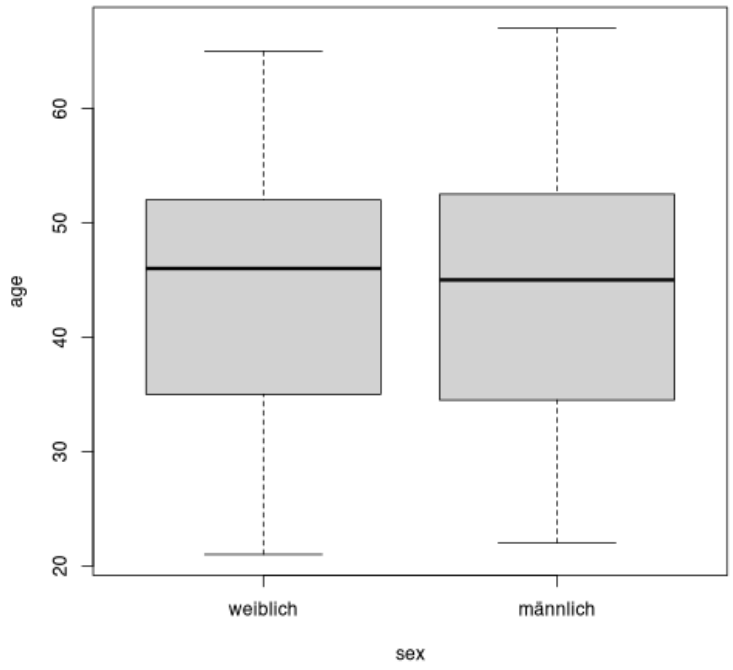
Boxplots können mit der Funktion `boxplot()` erstellt werden.

```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/nw.RData"))

# Boxplot des Alters in Datensatz "nw"
boxplot(nw$age)
```



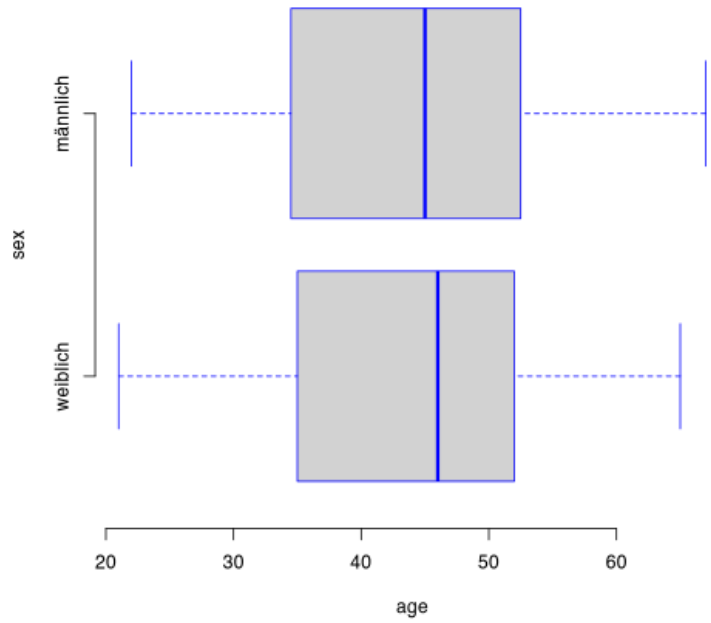

Die Funktion erkennt auch die Syntax „*erklärt durch*“.

```
# Boxplot des Alters in Datensatz "nw" erklärt durch "sex"
boxplot(age ~ sex, data=nw)
```

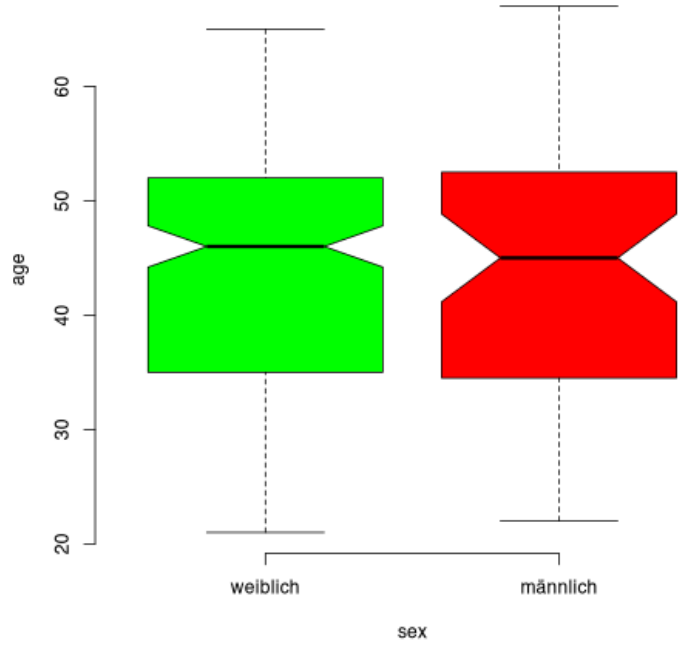


Über die Parameter `frame`, `border`, `col` und `notch` können weitere Anpassungen erfolgen.

```
boxplot(age ~ sex, data=nw, frame = FALSE, border="blue", horizontal = TRUE)
```

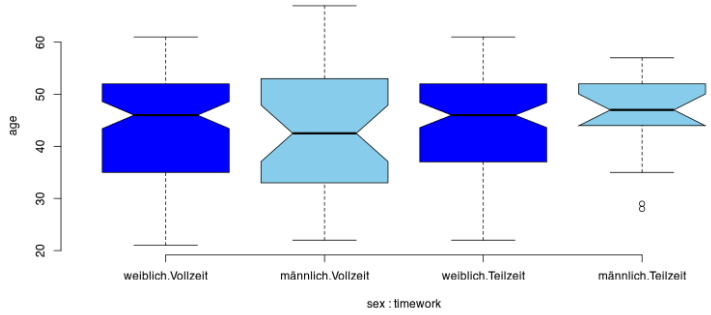



```
boxplot(age ~ sex, data=nw, frame = FALSE, col=c("green", "red"), notch = TRUE)
```




Weitere *innere* Gruppierungen können mit einem Sternchen `*` übergeben werden.

```
boxplot(age~sex*timework, data=nw, col=c("blue", "skyblue"), notch = TRUE)
```

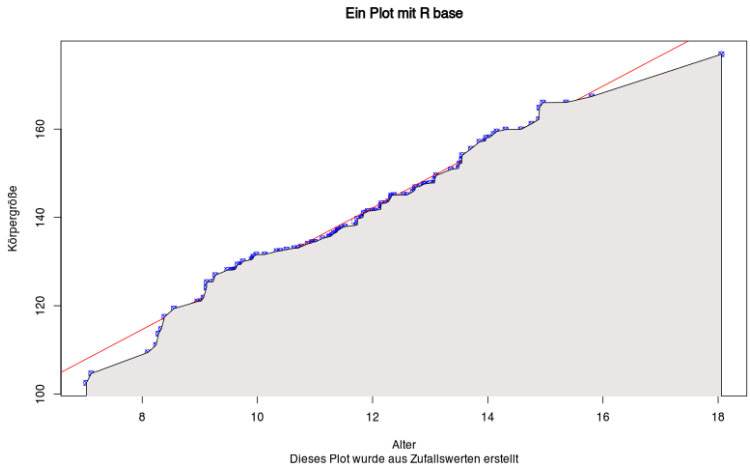



## 35.9 Polygone

Mit der Funktion `polygon()` können Polygone hinzugefügt werden. Ein Polygon wird so gezogen, als würden wir es mit einem Stift auf Papier zeichnen, ohne den Stift dabei abzusetzen. Das heisst, wir müssen „hin und zurück“ zeichnen.

```
# erzeuge Testwerte
x <- sort(rnorm(100, mean=12, sd=2))
y <- sort(rnorm(100, mean=140, sd=15))
```

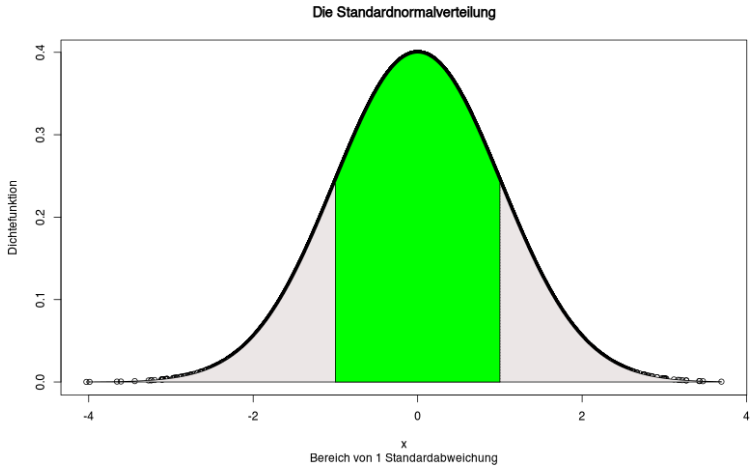
```
# Mittelwer als x-Koordinate
mx <- mean(x)

# Berechne Schnittpunkt mit Regressionsgeraden
ymx <-  coef(lm(y~x))[1] + mx*coef(lm(y~x))[2]

plot(x,y, col="blue",
          ylab="Körpergröße", xlab="Alter",
          main="Ein Plot mit R base",
          sub="Dieses Plot wurde aus Zufallswerten erstellt",
          pch=13)
abline(lm(y~x), col="red")

# Füge Mittelwertlinie hinzu
lines(x=c(mx, mx), y=c(0, ymx), lty=3)

# füge Polygon hinzu
polygon(x=c(x, max(x), min(x)), y=c(y, 0, 0), col="snow2")
```




So kann ein Diagramm der Standardnormalverteilung erstellt werden, wobei beliebige Bereiche hervorgehoben werden können.

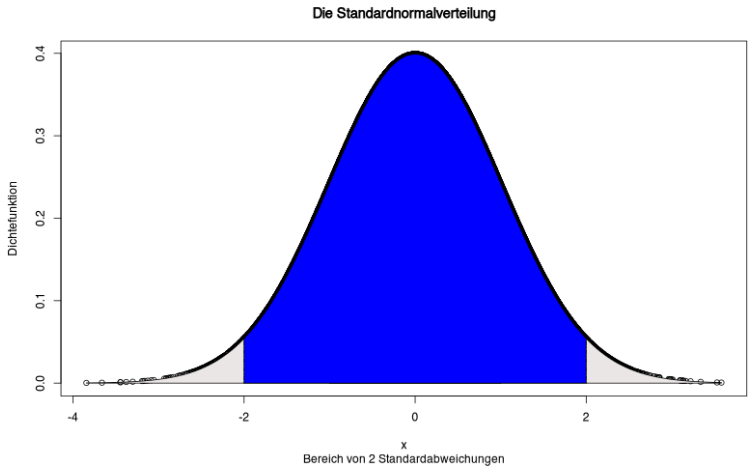
```
# erzeuge 10.000 Zufallswerte der Standardnormalverteilung
x <- sort(rnorm(10000))

# erzeuge die passenden Dichterwerte
y <- dnorm(x)

# beginne mit Plot
plot(x, y, ylab="Dichtefunktion", xlab="x", main="Die Standardnormalverteilung",
     sub="Bereich von 1 Standardabweichung")

# füge gefülltes Polygon hinzu
polygon(x=c(x, max(x), min(x)), y=c(y, 0,0 ), col="snow2")
```

```
# füge 1 Standardabweichung hinzu
lines(x=c(-1, -1), y=c(0, dnorm(-1)), lty=3)
lines(x=c(1, 1), y=c(0, dnorm(1)), lty=3)

# füge Polygon für 1. Standardbweichung hinzu
xsd1 <- x[x<1 & x>-1]
ysd1 <- dnorm(xsd1)
polygon(x=c(xsd1, max(xsd1), min(xsd1)), y=c(ysd1, 0, 0 ), col="green")
```




Der Bereich von zwei Standardabweichungen kann wie folgt hinzugefügt werden. Dies “übermalt” jedoch die grüne Fläche.

```
plot(x, y, ylab="Dichtefunktion", xlab="x", main="Die Standardnormalverteilung",
     sub="Bereich von 2 Standardabweichungen")

# füge 2. Standardabweichung hinzu
lines(x=c(-2, -2), y=c(0, dnorm(-2)), lty=6)
lines(x=c(2, 2), y=c(0, dnorm(2)), lty=6)

# füge Polygon für 2. Standardabweichung
# dies übermalt das 1. Polygon
xsd2 <- x[x<2 & x>-2]
ysd2 <- dnorm(xsd2)
polygon(x=c(xsd2, max(xsd2), min(xsd2)), y=c(ysd2, 0, 0 ), col="blue")
```

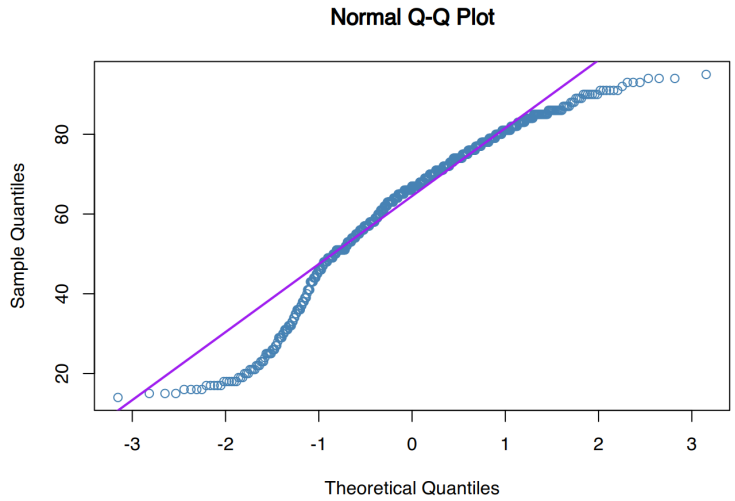



In Abschnitt 38.6 werden Polygone verwendet, um eine Übersichtsgrafik der BMI-Klassen in Abhängigkeit von Körpergröße und Körpergewicht zu erstellen.

## 35.10 QQ-Plots

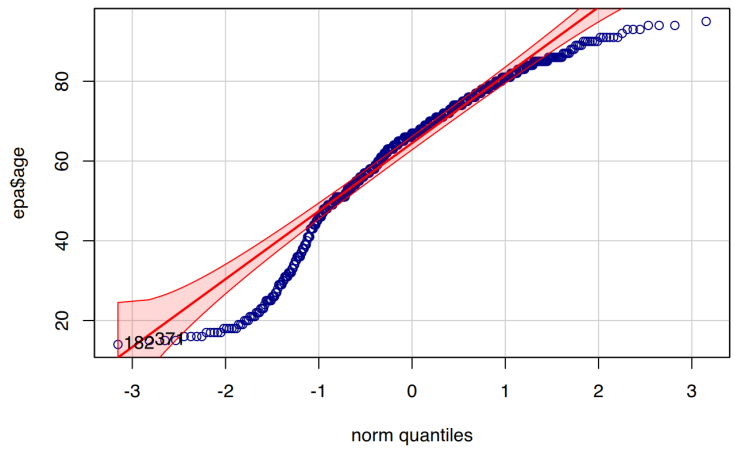
Zur Überprüfung, ob eine Variable normalverteilt ist, werden häufig Quantil-Quantil-Diagramme (QQ-Plots) erzeugt. In `R` lassen sich diese mit den Funktionen `qqnorm()` und `qqline()` erstellen.

```
# QQ-Plot für "Alter" aus dem Datensatz "epa"
qqnorm(epa$age, col = "steelblue")
qqline(epa$age, col = "purple", lwd = 2)
```




Zusätzlich steht die abgewandelte Funktion `qqPlot()` aus dem `{car}`-Paket zur Verfügung. Dieses zeichnet standardmäßig das Konfidenzintervall mit ein, und kann neben der Normalverteilung auch anderen Verteilungsformen prüfen.

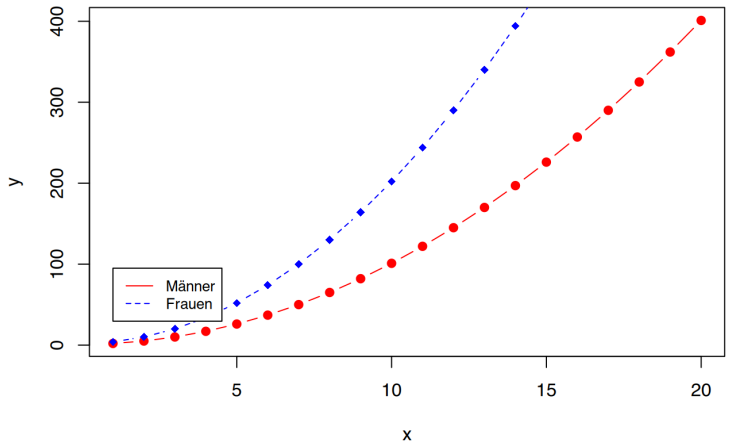
```
car::qqPlot(epa$age, col="darkblue",
                     col.lines = "red")
```




## 35.11 Legendenbox

Mit der Funktion `legend()` kann dem Plot eine Legendenbox hinzugefügt werden. Die ersten beiden Parameter legen dabei die X- und Y-Achsenpositionen der Box fest.

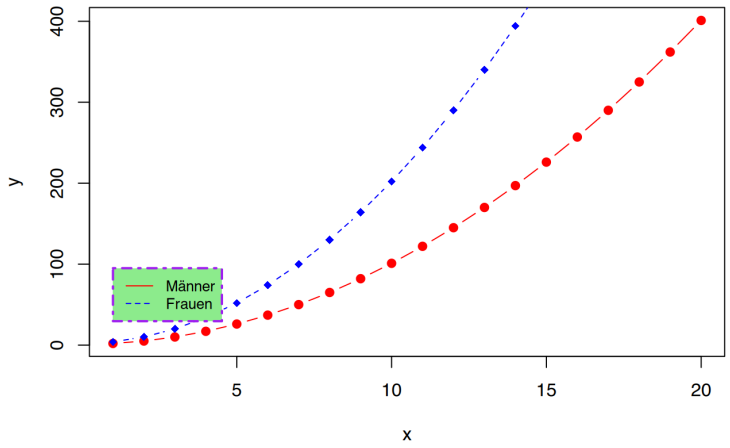
```
# Erzeuge ein paar Daten
x  <-1:20
y1 <- x*x+1
y2 <- 2*y1

#
plot(x, y1, type="b", pch=19, col="red", xlab="x", ylab="y")
# Füge Linie hinzu
lines(x, y2, pch=18, col="blue", type="b", lty=2)
# Füge Legendenbox hinzu
legend(1, 95, legend=c("Männer", "Frauen"),
       col=c("red", "blue"), lty=1:2, cex=0.8)
```




Zusätzlich nimmt `legend()` folgende Parameter entgegen:

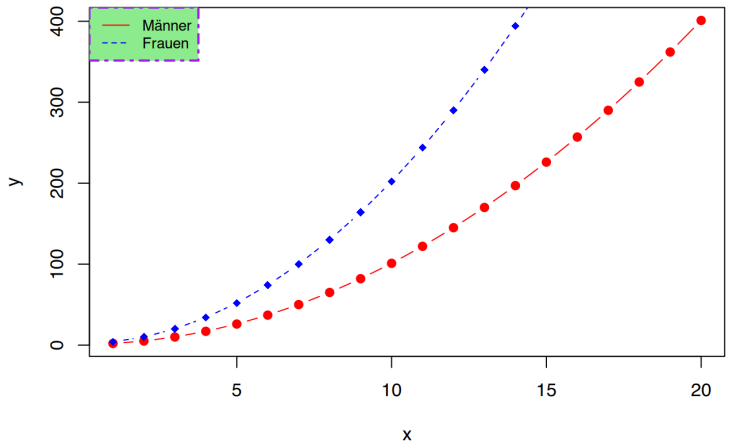
- `title` - Titel der Legendenbox
- `text.font` - ein Integer der das Aussehen festlegt:
  - `1` = normal
  - `2` = fett
  - `3` = kursiv
  - `4` = fett und kursiv
- `bg` - die Hintergrundfarbe der Legendenbox
- `box.lty` - die Strichart des Legenrahmens
- `box.lwd` - die Strichstärke des Rahmens
- `box.col` - die Farbe des Rahmens
- `horiz` - Box horizontal ausrichten (`TRUE`/`FALSE`)
- `legend` - Variablennamen der Objekte
- `lty` - Strichart der Variablen
- `col` / `fill` - Füll- und Strichfarben der Variablen

```
plot(x, y1, type="b", pch=19, col="red", xlab="x", ylab="y")
lines(x, y2, pch=18, col="blue", type="b", lty=2)
# Füge Legendenbox hinzu
legend(1, 95, legend=c("Männer", "Frauen"),
       col=c("red", "blue"), lty=1:2, cex=0.8,
       bg="lightgreen", box.lty = 4, box.lwd = 2, box.col = "purple")
```




Die Position der Box kann auch mit den Keywords `"bottomright"`, `"bottom"`, `"bottomleft"`, `"left"`, `"topleft"`, `"top"`, `"topright"`, `"right"` und `"center"` bestimmt werden.

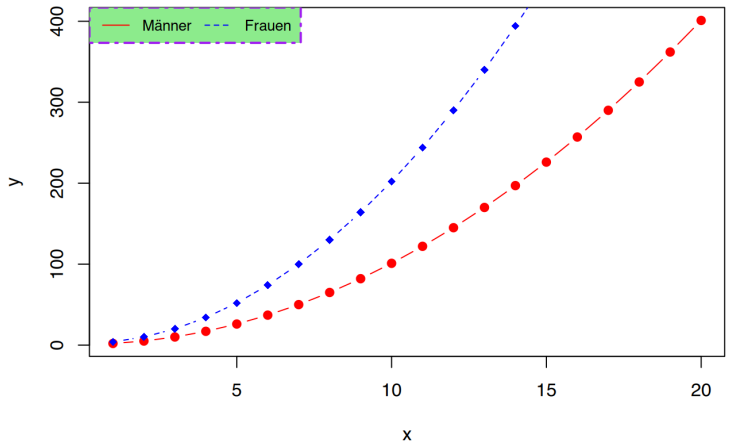
```
plot(x, y1, type="b", pch=19, col="red", xlab="x", ylab="y")
lines(x, y2, pch=18, col="blue", type="b", lty=2)
# Füge Legendenbox hinzu
legend("topleft", legend=c("Männer", "Frauen"),
       col=c("red", "blue"), lty=1:2, cex=0.8,
       bg="lightgreen", box.lty = 4, box.lwd = 2, box.col = "purple")
```




Mit dem Parameter `horiz=TRUE` werden die Variablennamen horizontal aneinandergereiht.

```
plot(x, y1, type="b", pch=19, col="red", xlab="x", ylab="y")
lines(x, y2, pch=18, col="blue", type="b", lty=2)
# Füge Legendenbox hinzu
legend("topleft", legend=c("Männer", "Frauen"),
```

```
       col=c("red", "blue"), lty=1:2, cex=0.8,
       bg="lightgreen", box.lty = 4, box.lwd = 2, box.col = "purple",
       horiz=TRUE)
```




## 35.12 Diagramme speichern

Zum Speichern der Diagramme bietet die Formate `jpeg`, `png`, `bmp` und `tiff` an. Und genau so heissen auch die jeweiligen Speicherfunktionen. Dieser Befehl speichert das Diagramm im Format `png`:

```
# Speichere nachfolgendes als PNG
png("Testplot.png", width = 500, height = 500, units = "px", pointsize = 12)

# erzeuge Diagramm
pie(c(60,40))

# speichern abschließen
dev.off()
```

Wie Sie sehen wird zunächst die Funktion `png()` aufgerufen. In ihr wird der Dateiname des Diagramms sowie dessen Dimensionen angegeben. Anschließend folgt der Aufruf der Plotbefehle, in diesem Falle `pie()`. Mit dem Befehl `dev.off()` (für ***device off***) wird das Speichern abgeschlossen. Die eigentlichen Diagrammbefehle müssen also zwischen der Speicherfunktion (`png()`) und `dev.off()` stehen.

Soll das Diagramm als jpeg gespeichert werden, lautet die Befehlskette entsprechend:

```
# Speichere nachfolgendes als JPEG
jpeg("Testplot2.jpg", width = 500, height = 500, units = "px", pointsize = 12)

# erzeuge Diagramm
barplot(c(10,40,20), names.arg=c("Dritter", "Erster", "Zweiter"))
```

```
# speichern abschließen
dev.off()
```

Genau so funktionieren auch die Funktionen `bmp()` und `tiff()`, aber diese Formate verwendet heute eigentlich niemand mehr.

# 36 Diagramme mit ggplot()

Das Zusatzpaket `ggplot` (für ***g**rammar of **g**raphics plot*) ist Hadley Wickhams 2012 `R`-Implementation der *Grammar of Graphics* von Leland Wilkinson 2005. Es ist eines der ersten Pakete des Tidyverse (welches damals noch nicht so hieß). Die Funktion zum plotten heisst `ggplot()`, das Installationspaket in `R` lautet jedoch `ggplot2`.

Unter https://ggplot2-book.org ist eine detaillierte Anleitung in englischer Sprache von Hadely Wickham et al. 2022 verfügbar.

```
# ggplot2 installieren
install.packages("ggplot2", dependencies=T)

# ggplot2 aktivieren
library(ggplot2)
```

Wenn Sie zuvor das Tidyverse (siehe Abschnitt 25) aktiviert haben…

```
library(tidyverse)
```

… wird das `ggplot2`-Paket ebenfalls aktiviert.

Da `ggplot` aus dem Tidyverse stammt, ist es von Vorteil, wenn die zu verabreitenden Datensätze dem Prinzip „ein Fall pro Zeile“ (*tidy data* bzw. *long table*) folgen. Das bedeutet, dass jede Beobachtung (auch Wiederholungen) in einer eigenen Zeile steht, und die jeweiligen Variablen durch die Spalten repräsentiert werden.

## 36.1 Satzbau

Die Idee einer Grammatik für Diagramme ist, dass jedes Diagramm aus den selben Komponenten (*Satzteilen*) aufgebaut werden kann. Benötigt werden:

1. Daten (möglichst im *Tidy Data* Format)
2. **Aes**thetische bzw. visuelle Zuordnungen der Daten zu den Komponenten des Plots
3. **Geom**etrische Objekte, die im Plot erscheinen sollen
4. **Stat**istische Transformation der Daten, bevor sie geplottet werden
5. **Coord**inates (Koordinaten), um die Lage der geometrischen Objekte zu bestimmen
6. **Scale**s (Skalen), um den Wertebereich der Datenzuordnung zu bestimmen
7. **Facette**n, um den Plot in Teil-Diagramme zu gruppieren

Diese Komponenten werden in `ggplot()` mit dem `+` Zeichen aneinander gereiht.

```
# sinnbildlich
ggplot(daten) +
   visuelle Zuordnung +
     Geometrische Objekte +
       statistische Transformationen +
         Koordinaten +
```

```
          Skalen +
            Facetten
```

Die enthaltenen Funktionen folgen dabei dieser Komponentenstruktur:

- Geome (Flächen, Linien, Punkte, usw) beginnen mit `geom_`, z.B.:
  - `gemo_area()`, `gemo_density()`, `gemo_smooth()`, `gemo_histogram()`, `gemo_point()`, `gemo_jitter()`, `gemo_line()`, `gemo_boxplot()`, `gemo_col()`, `gemo_text()`
- statistische Funktionen (Häufigkeiten, Mittelwerte, Dichte, usw.) beginnen mit `stat_`, z.B.:
  - `stat_count()`, `stat_density()`, `stat_function()`, `stat_summary()`
- Koordinatensystemfunktionen beginnen mit `coor_`, z.B.:
  - `coord_flip()`, `coord_trans()`
- Funktionen zum Manipulieren des grundlegenden Aussehens (Theme), beginnend mit `theme_`, z.B.:
  - `theme()`, `theme_bw()`, `theme_classic()`

In RStudio ist ein „Cheatsheet“ (siehe Abschnitt 31.1) zu `ggplot` verlinkt. Hier finden Sie (fast) alle verfügbaren Komponenten zusammengefasst. Klicken Sie in der Menüzeile von RStudio auf `Help` ⇒ `Cheatsheets` ⇒ `Data Visualization with ggplot2`.

## 36.2 Erstes Plot

Mit dem Datensatz `jgsbook::pf8` erzeugen wir nun unser erstes ggplot.

```
# Lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))
# oder
pf8 <- jgsbook::pf8

# Tidyverse aktivieren!
library(tidyverse)

# unser erstes Plot
ggplot(pf8)
```

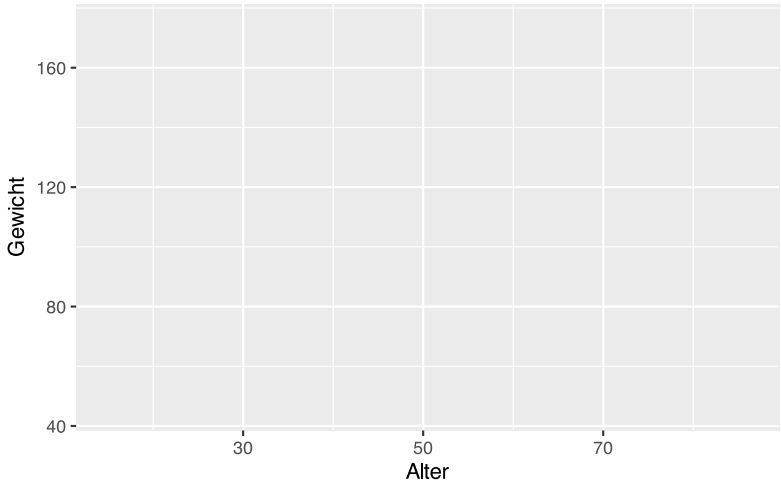
„*Wie Sie sehen, sehen Sie nichts.*“

Wir sehen deshalb nichts, weil wir noch nicht bestimmt haben, *was* (welche Variablen) *wie* (Punkte, Linien, Boxplots) *wo* (x-Achse, y-Achse) geplottet werden soll. Wir müssen diese „Aesthetics“ erst definieren.

### 36.2.1 Aesthetics

Angenommen, uns interessiert das `Gewicht` sowie das `Alter` der Probanden. Mit der Funktion `aes()` können wir die Daten visuell zuordnen. Das `Alter` soll auf der x-Achse liegen, das `Gewicht` auf der y-Achse.

```
# erster Plot mit "Aesthetics"
ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,   # x-Achse
      y = Gewicht) # y-Achse
```

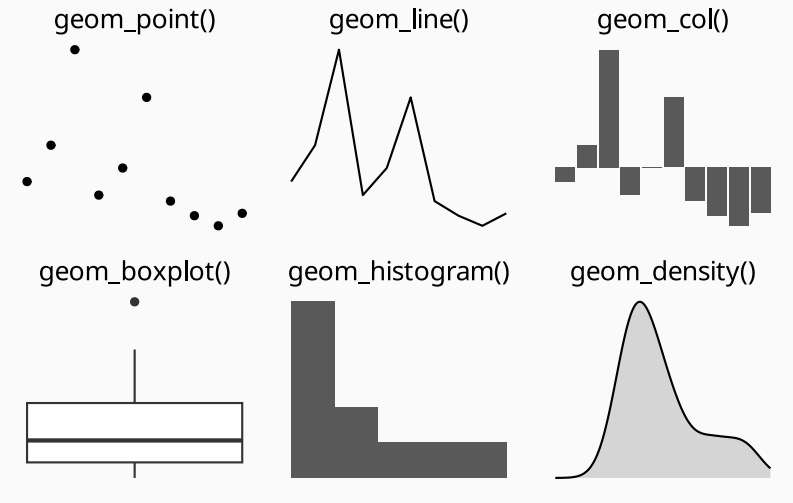



Ggplot hat die Achsen entsprechend beschriftet und die Wertebereiche anhand der vorhandenen Daten (Minimum, Maximum) ausgewählt.

### 36.2.2 Geome

Zur Darstellung von `Gewicht` und `Alter` werden geometrische Objekte (*Geome*) benötigt. Diese werden über die Funktionen `geom_*()` erzeugt, wobei das Sternchen durch die gewünschte gemoetrischen Form ersetzt werden muss.

Die 6 meist-genutzten Geome sind sicherlich:



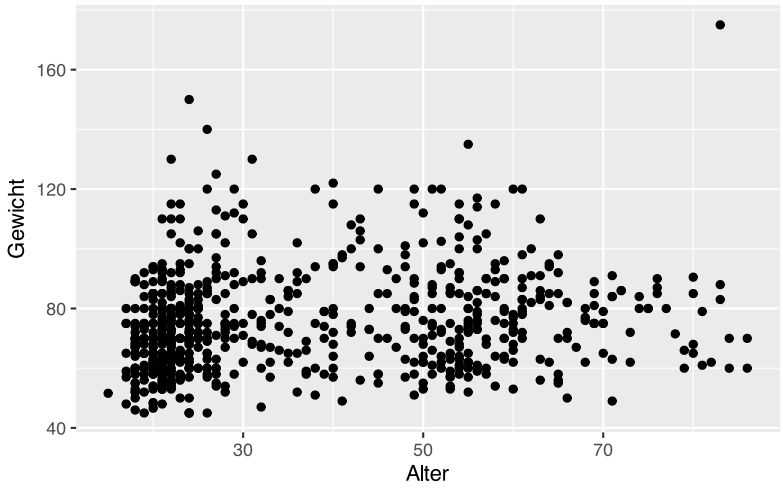

Insgesamt sind 53 Geome verfügbar:

```
 [1] "geom_abline"            "geom_area"              "geom_bar"
 [4] "geom_bin_2d"            "geom_bin2d"             "geom_blank"
 [7] "geom_boxplot"           "geom_col"               "geom_contour"
[10] "geom_contour_filled"    "geom_count"             "geom_crossbar"
[13] "geom_curve"             "geom_density"           "geom_density_2d"
[16] "geom_density_2d_filled" "geom_density2d"         "geom_density2d_filled"
[19] "geom_dotplot"           "geom_errorbar"          "geom_errorbarh"
[22] "geom_freqpoly"          "geom_function"          "geom_hex"
[25] "geom_histogram"         "geom_hline"             "geom_jitter"
[28] "geom_label"             "geom_line"              "geom_linerange"
[31] "geom_map"               "geom_path"              "geom_point"
[34] "geom_pointrange"        "geom_polygon"           "geom_qq"
[37] "geom_qq_line"           "geom_quantile"          "geom_raster"
[40] "geom_rect"              "geom_ribbon"            "geom_rug"
[43] "geom_segment"           "geom_sf"                "geom_sf_label"
[46] "geom_sf_text"           "geom_smooth"            "geom_spoke"
[49] "geom_step"              "geom_text"              "geom_tile"
[52] "geom_violin"            "geom_vline"
```

In unserem Beispiel möchten wir das Gewicht sowie das Alter der Probanden als Punktwolke darstellen. Das geeignete Geom ist `geom_point()`.

```
# unser erstes Plot, mit "Aesthetics" und "Geom"
ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,
```

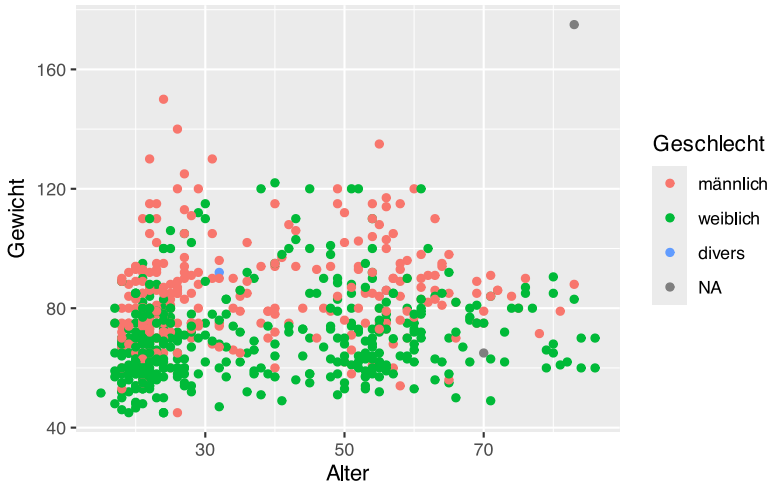
```
      y = Gewicht) +
  geom_point()
```




### 36.2.3 mehr Aesthetics

Angenommen, wir möchten das `Gewicht` sowie das `Alter` der Probanden als Punktwolke darstellen, aber graphisch zwischen den Geschlechtern unterscheiden. Hierzu erweitern wir dies `aes()`-Funktion um den Parameter `color`.

```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics” und “Geom”,
# farblich nach Geschlecht
ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,
      y = Gewicht,
      color = Geschlecht) +
  geom_point()
```



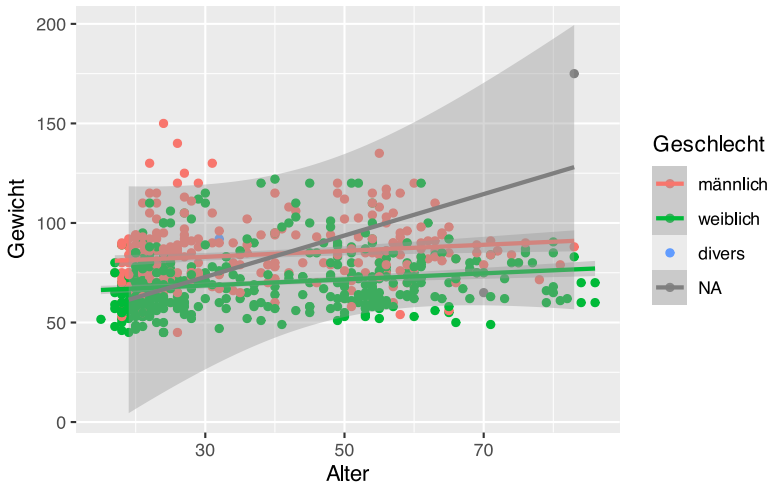
Ggplot stellt die Werte in unterschiedlichen Farben pro Geschlechterkategorie dar. Ebenso wurde das Plot um eine Legendenbox erweitert, in welcher die Farbzuordnungen pro Geschlechtskategorie angezeigt ist.

### 36.2.4 mehr Geome

Über das `+` Zeichen können beliebig viele Geome dem Plot hinzugefügt werden. Dabei werden die *aesthetics* automatisch an die Geome weitergegeben, sie können aber auch in jedem Geom per `aes()` neu definiert werden.

In unserem Beispiel möchten wir nun eine Regressionsgerade mit Konfidenzintervall einzeichnen. Dies kann mit `geom_smooth()` umgesetzt werden. Über den Parameter `method` können wir angeben, dass ein lineares Modell („`lm`“) eingezeichnet werden soll.

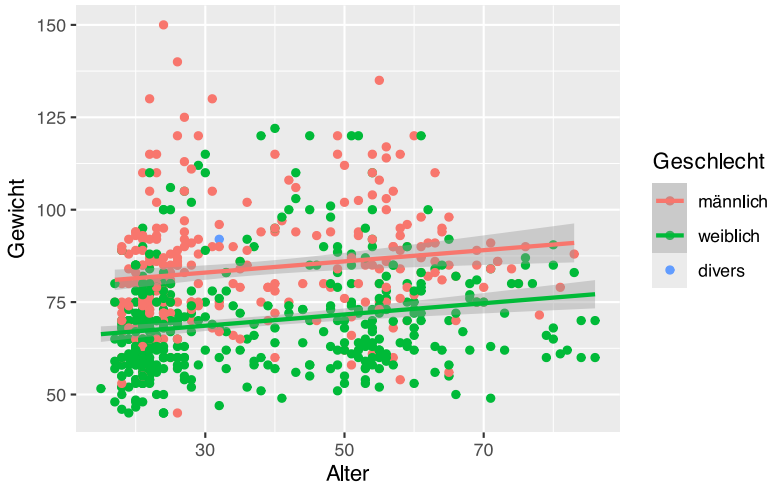
```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics” und zwei “Geomen”
# und Regressionsmodell

ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,
      y = Gewicht,
      color = Geschlecht) +
  geom_point()  +
  geom_smooth(method="lm")
```




In der Variablen `Geschlecht` sind `NA` enthalten. Diese können wir mit der Funktion `drop_na()` aussortieren und direkt an `ggplot()` weiter-pipen.

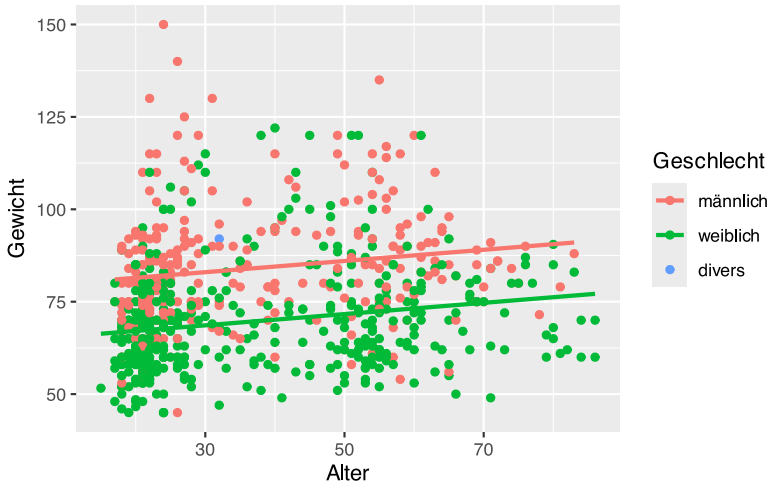
```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics” und zwei “Geomen”
# und Regressionsmodell und
# OHNE NA
pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(x = Alter,
        y = Gewicht,
        color = Geschlecht) +
```

```
    geom_point()  +
    geom_smooth(method="lm")
```




Es wird ausdrücklich empfohlen, sich über die Hilfeseiten, z.B. `?geom_smooth`, mit den Funktionen vertraut zu machen. So erfährt man dort beispielsweise, dass der Konfidenzbereich per `se=FALSE` ausgeblendet werden kann.

```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics” und zwei “Geomen”
# und Regressionsmodell ohne Konfidenzbereich
# OHNE NA
pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(x = Alter,
        y = Gewicht,
        color = Geschlecht) +
    geom_point()  +
    geom_smooth(method="lm", se=FALSE)
```

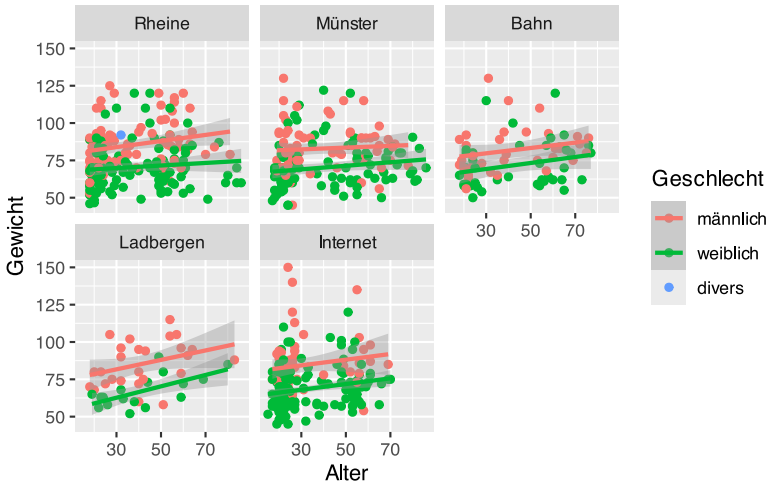


### 36.2.5 Facetten

Mit den Funktionen `facet_wrap()` und `facet_grid()` können Teil-Diagramme innerhalb des Gesamtplots erzeugt werden.

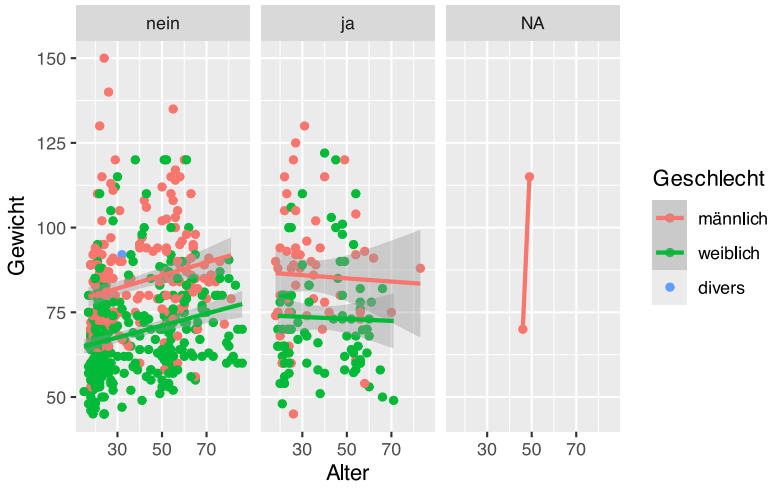
So können wir beispielsweise ein Plot pro `Standort` erstellen.

```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics”,
# “Geom” und Facetten

pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(x = Alter,
        y = Gewicht,
        color = Geschlecht) +
    geom_point() +
    geom_smooth(method="lm") +
    facet_wrap(~ Standort)
```



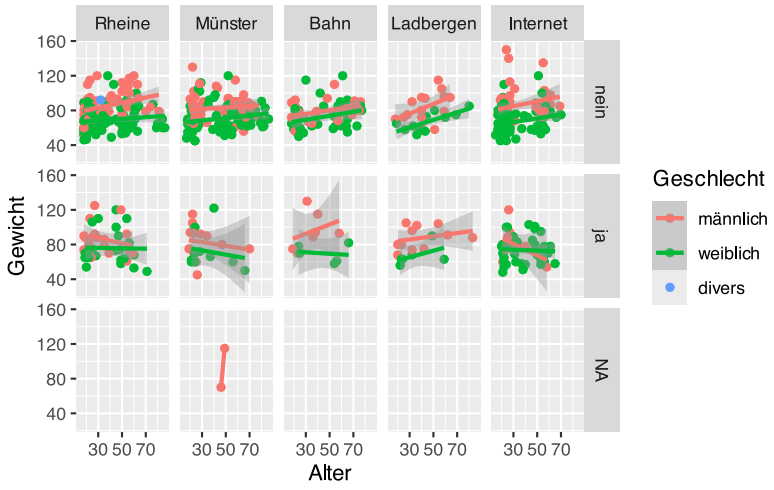

Oder wir erstellen ein Plot pro `Rauchen`-Kategorie.

```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics”,
# “Geom” und Facetten

pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(x = Alter,
        y = Gewicht,
        color = Geschlecht) +
    geom_point() +
    geom_smooth(method="lm") +
    facet_wrap(~ Rauchen)
```



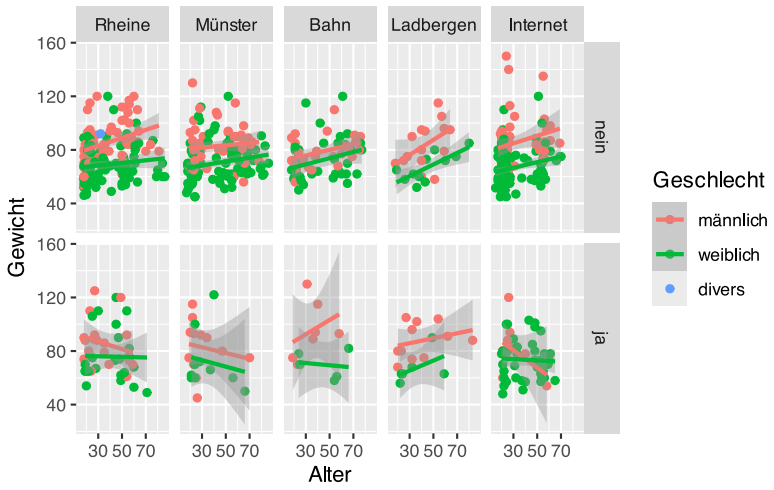

Mit der Funktion `facet_grid()` können Plot-Gitter erzeugt werden. So können wir beispielsweise ein Plot pro Standort und Rauchen erstellen.

```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics”,
# “Geom” und Facetten

pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(x = Alter,
        y = Gewicht,
        color = Geschlecht) +
    geom_point() +
    geom_smooth(method="lm") +
    facet_grid(Rauchen ~ Standort)
```




Mittels `drop_na()` können wir uns der `NA`-Zeile entledigen.

```
# unser erstes Plot, mit “Aesthetics”,
# “Geom” und Facetten

pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht, Rauchen) %>%
  ggplot() +
    aes(x = Alter,
        y = Gewicht,
        color = Geschlecht) +
    geom_point() +
    geom_smooth(method="lm") +
    facet_grid(Rauchen ~ Standort)
```




### 36.2.6 Geom-Parameter

Geome können mit verschiedenen Parametern beeinflusst werden. Welche Parameter zur Verfügung stehen, verrät die Hilfeseite der Geome. Die meisten reagieren auf:

geom_*(data, aes, stat, position, PARAMETER)

- data: Geome übernehmen das Datenobjekt aus der `ggplot()`-Funktion. Sie können aber auch eigene Daten verarbeiten
- aes: Geome erben die Zuordnungen aus der `aes()`-Funktion. Sie können aber auch eigene aesthetics haben.
- stat: Geome können statistische Transformationen vornehmen, z.B. `stat='identity'`.
- position: die Positionierung der Objekte lässt sich anpassen, z.B. `'dodge'`, `'stack'`, `'jitter'`, `'fill'`.
- weitere PARAMETER sind:
  - `color`: (Rahmen)farbe
  - `fill`: Füllfarbe
  - `size`: Objektgröße
  - `shape`: Objektformen

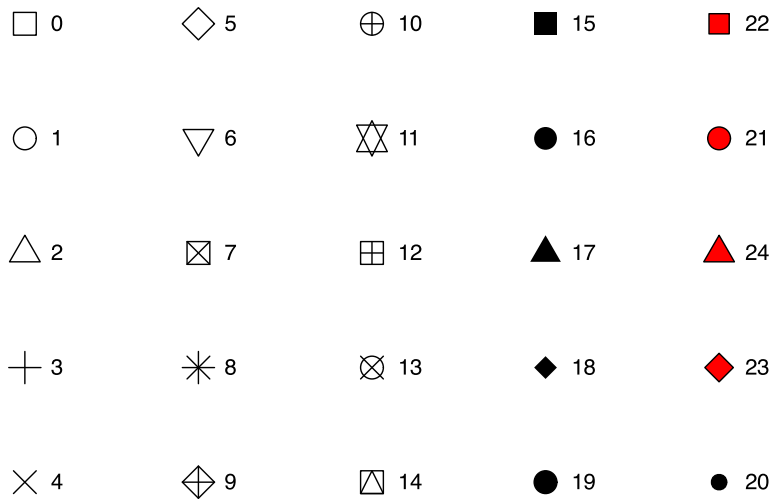
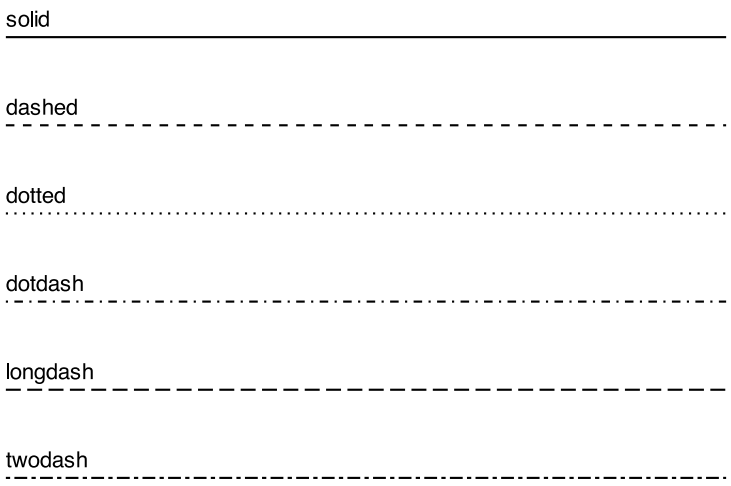



Figure 1: shape nach Zahlen

Die Parameter können auch innerhalb der `aes()`-Funktion verwendet werden, so dass anhand der Daten entschieden wird, welche Größe, Farbe und Form die Geome haben.

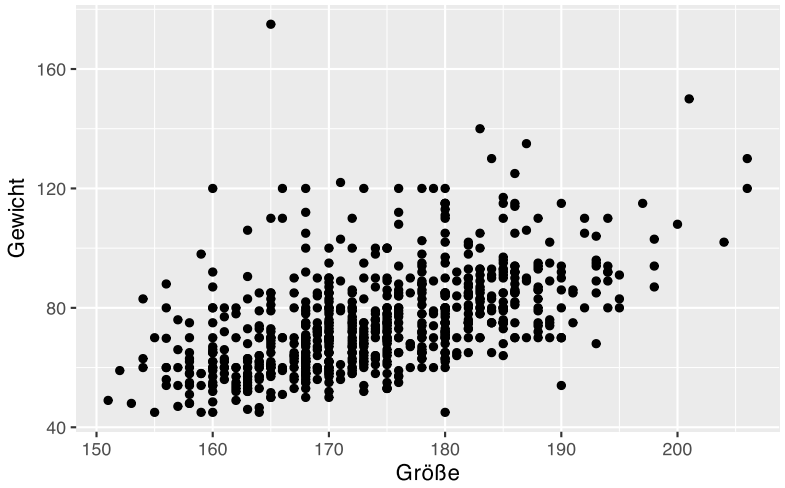
- `linetype`: Linientypen




## 36.3 Punktwolke

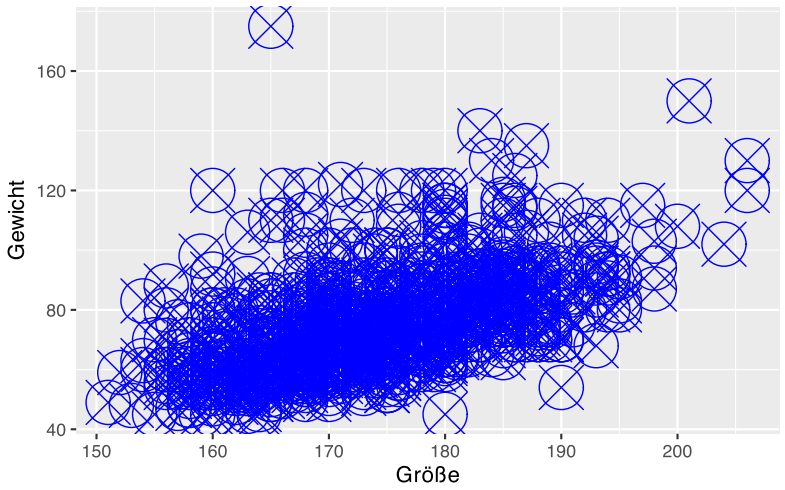
Punktwolken (Scatterplots) werden mit der Funktion `geom_point()` erzeugt. Wir plotten die Variablen `Größe` und `Gewicht` aus dem `pf8`-Datensatz.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Größe, y=Gewicht) +
  geom_point()
```



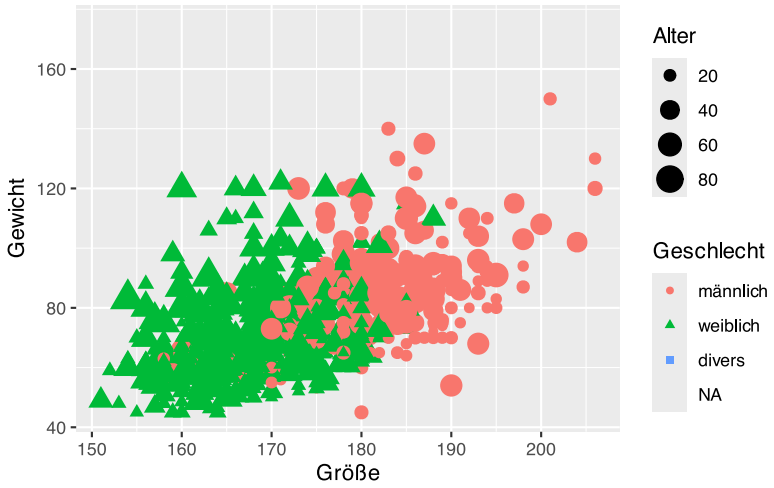

Über die Parameter `color`, `shape` und `size` können wir die Punkte manipulieren.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Größe, y=Gewicht) +
  geom_point(color="blue",
             shape=13,
             size=10)
```




Die Parameter können auch als *aesthetics* verwendet werden, so dass anhand der Daten entschieden wird, welche Größe, Farbe und Form die Punkte haben.

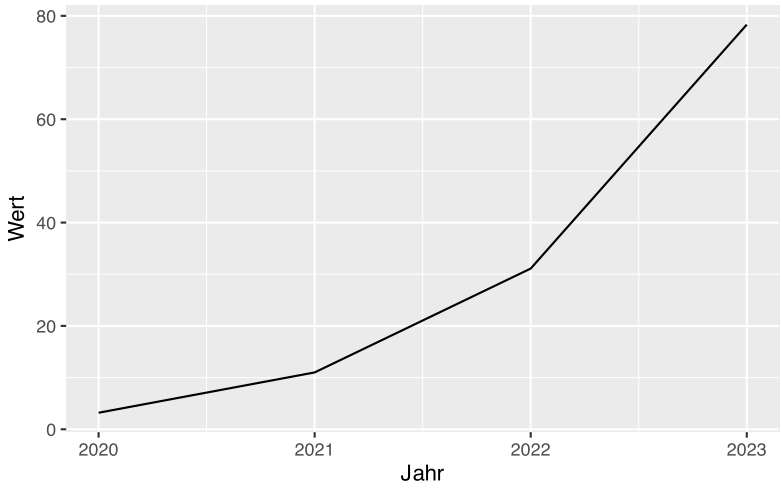
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Größe, y=Gewicht,
      color=Geschlecht,
      shape=Geschlecht,
      size=Alter) +
  geom_point()
```




## 36.4 Liniendiagramm

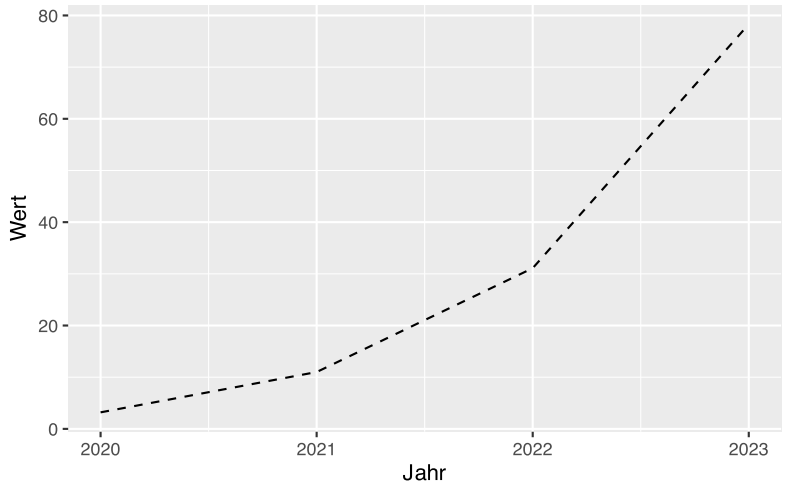
Liniendiagramme werden mit der Funktion `geom_line()` erzeugt.

```
# Erzeuge ein paar Daten
df <- data.frame(Jahr=c(2020:2023),
                 Wert=c(3.2, 11, 31.1, 78.3))

# Plotte als Liniendiagramm
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wert)) +
  geom_line()
```



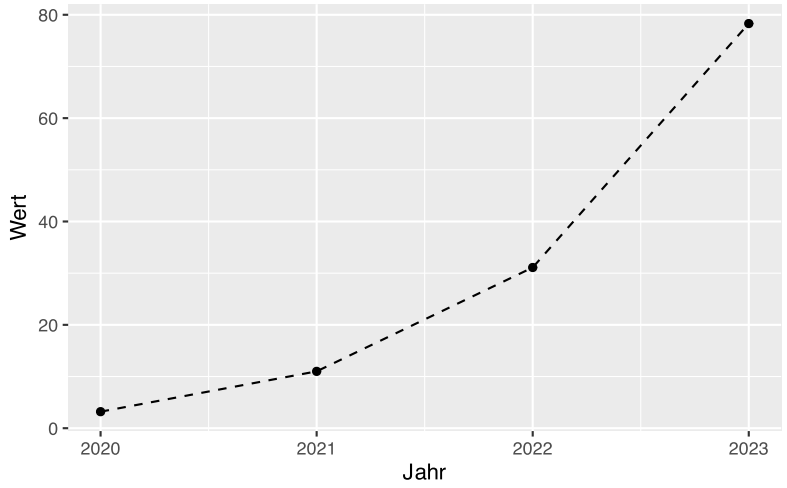

Über den Parameter `linetype` kann der Linientyp festgelegt werden.

```
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wert)) +
  geom_line(linetype = "dashed")
```



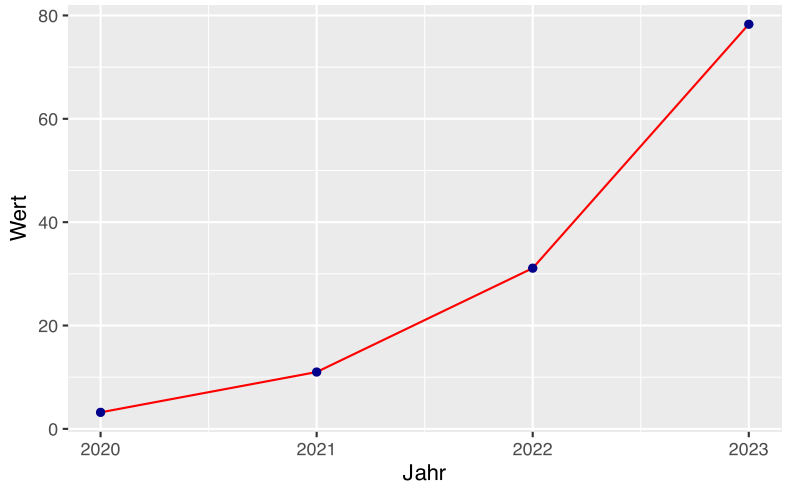

Sollen zusätzlich die Datenpunkte eingezeichnet werden (vgl. `plot(type="b")`), kann einfach das `geom_point()` angehängt werden.

```
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wert)) +
  geom_line(linetype = "dashed")+
  geom_point()
```



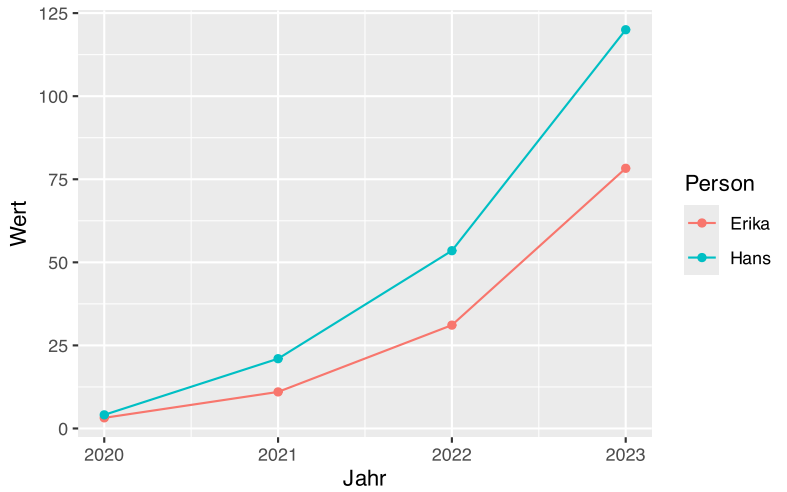

Farben können entweder per `aes()` oder direkt per `col=` gesetzt werden.

```
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wert)) +
  geom_line(color="red")+
  geom_point(color="darkblue")
```



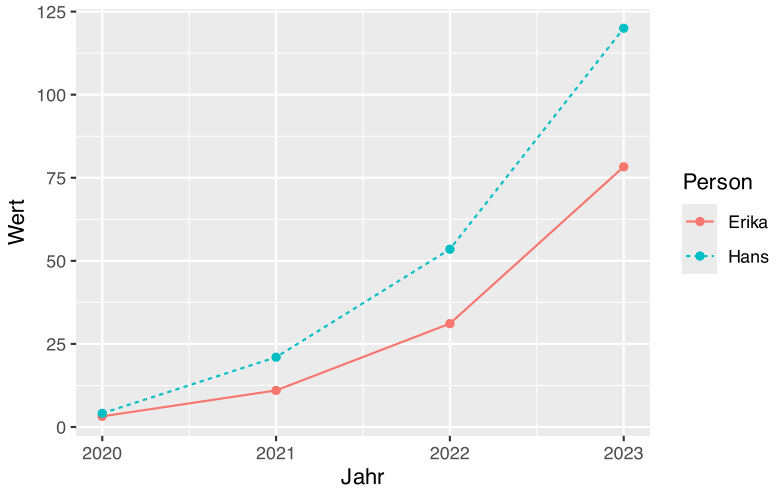

Liegen gruppierte Daten vor, kann die Farbe der Gruppen per `aes()` übergeben werden.

```
# erzeuge gruppierte Daten
df <- data.frame(Jahr=rep(c(2020:2023), 2),
                 Wert=c(3.2, 11, 31.1, 78.3,
                        4.1, 21, 53.5, 120),
                 Person=c(rep("Erika", 4), rep("Hans", 4)))

# Plotte mit unterschiedlichen Farben
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wert, color=Person)) +
  geom_line()+
  geom_point()
```



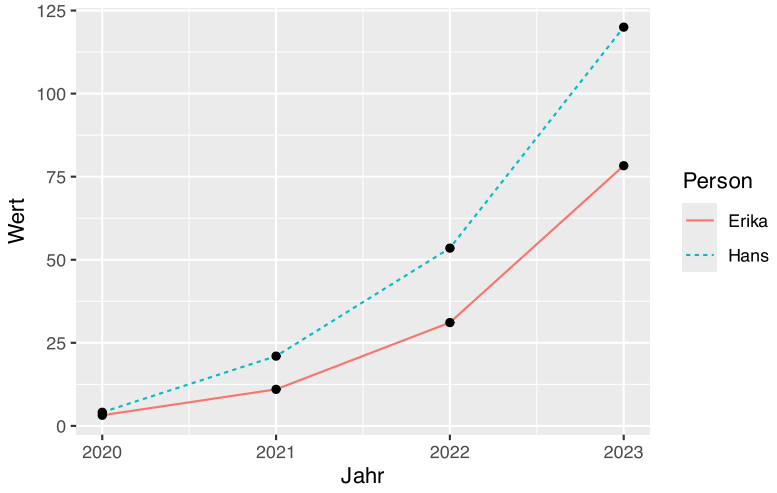

Dies funktioniert nicht nur mit Farben, sondern auch mit allen anderen Parametern.

```
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wert, color=Person,
               linetype=Person)) +
  geom_line()+
  geom_point()
```




Innerhalb der Geome können die Parameter überschrieben werden, z.B. die Geom-Farbe.

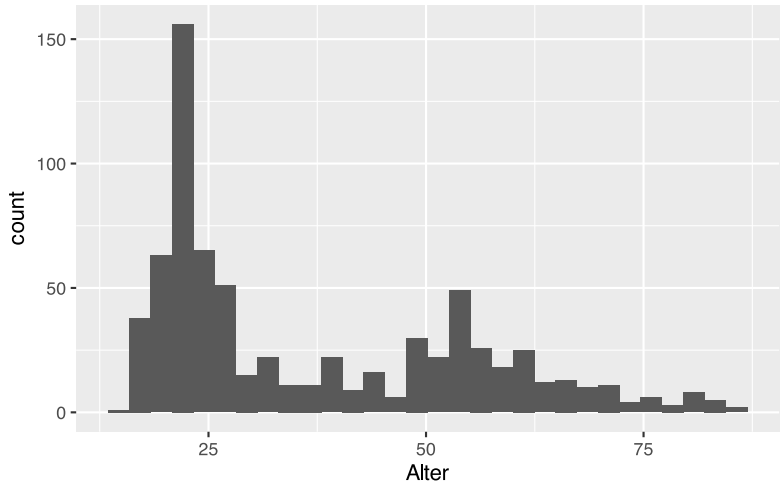
```
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wert, color=Person,
               linetype=Person)) +
  geom_line()+
  geom_point(color="black")
```




## 36.5 Histogramm

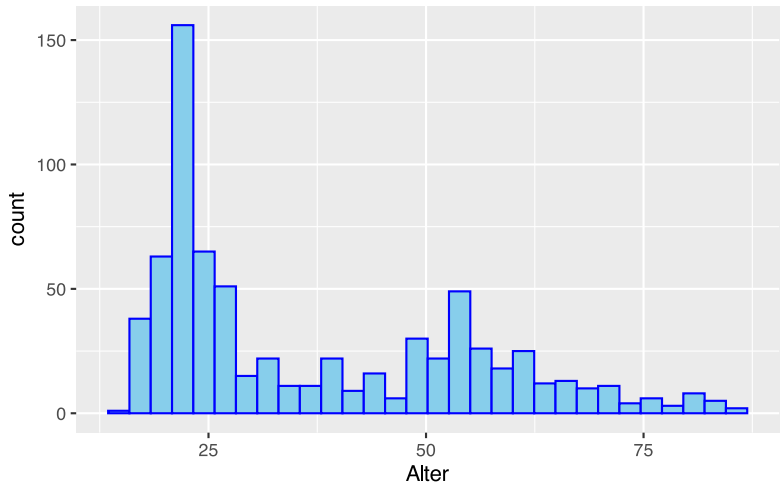
Histogramme werden mit der Funktion `geom_histogram()` erzeugt.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram()
```



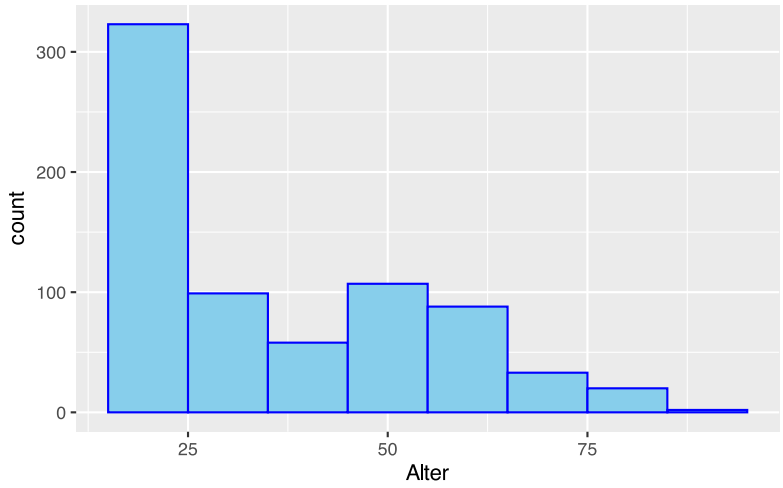

Mit den Parametern `color` und `fill` können wir das Histogramm etwas aufhübschen.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",   # Rahmenfarbe
                 fill="skyblue") # Füllfarbe
```



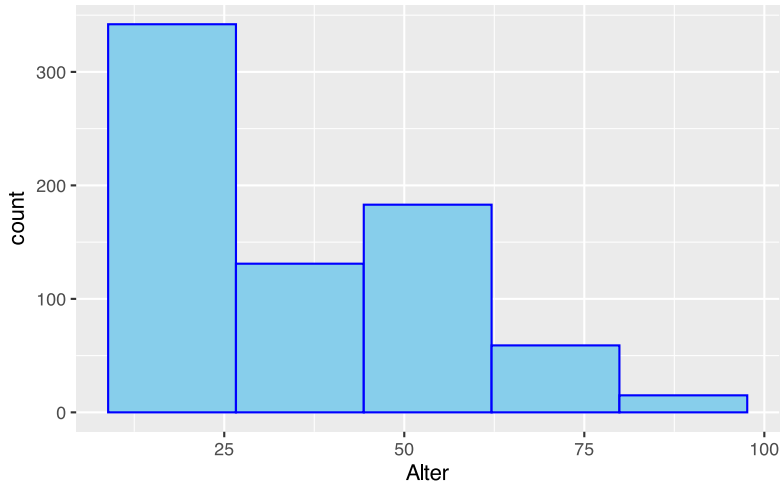

Über den Parameter `binwidth` kann die Säulenbreite bestimmt werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",   # Rahmenfarbe
                 fill="skyblue", # Füllfarbe
                 binwidth=10)    # Klassenbreite 10
```



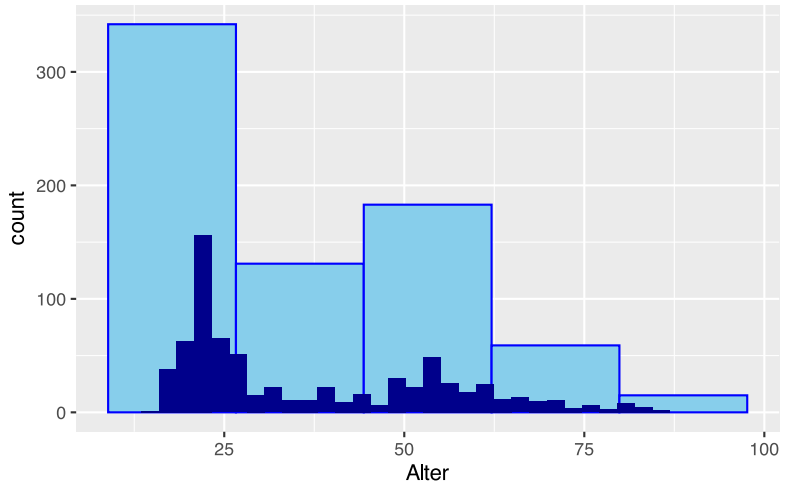

Mit dem Parameter `bins` kann die Anzahl der Säulen bestimmt werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",   # Rahmenfarbe
                 fill="skyblue", # Füllfarbe
                 bins=5)         # 5 Säulen
```




Mit der Funktion `stat_bin()` kann das „Originalhistogramm“ hinzugefügt werden. So ist leicht zu erkennen, wie grob die Klassen zusammengefasst wurden.

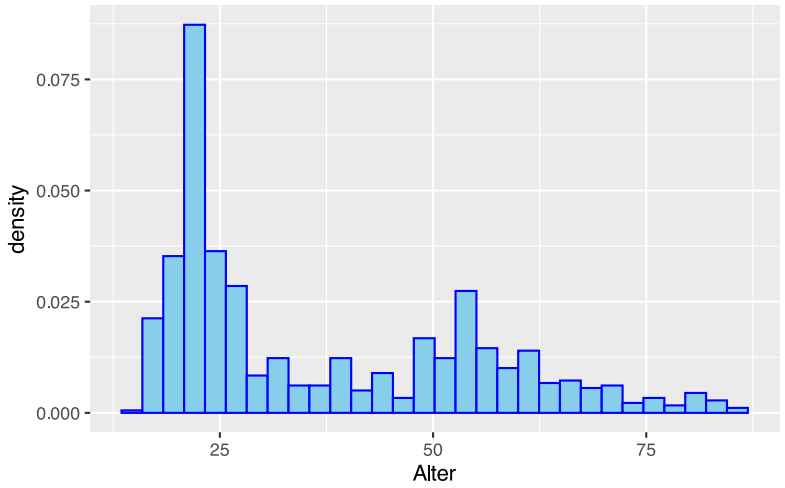
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",   # Rahmenfarbe
                 fill="skyblue", # Füllfarbe
                 bins=5) +       # 5 Säulen
  stat_bin(fill="darkblue")
```




### 36.5.1 Histogramm und Dichteverteilung

Über die Aesthetic `..density..` können wir auf die Skala der Dichtefunktion wechseln.

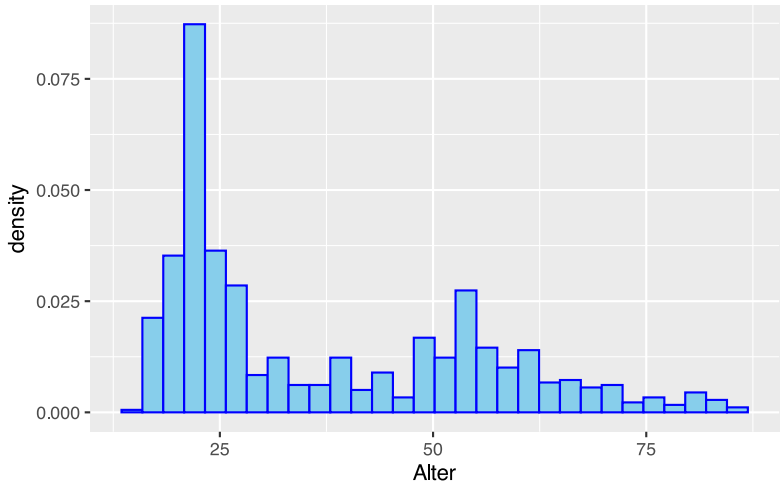
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter,
      y=..density..) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue")
```




Beachten Sie die Achseneinträge der y-Achse.

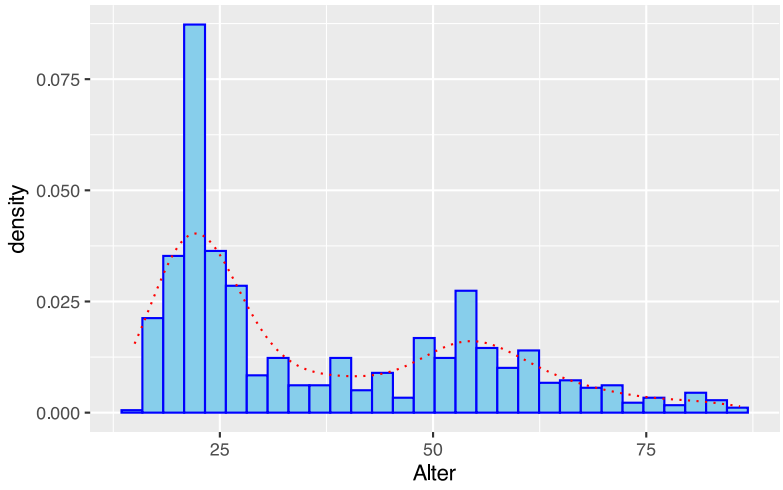
Das funktioniert auch, wenn die aesthetics im `geom_histogram()` angegeben werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(aes(y=..density..),
                 color="blue",
                 fill="skyblue")
```




Die Dichtefunktion des Histogramms lässt sich nun mit der Funktion `stat_density()` einzeichnen.

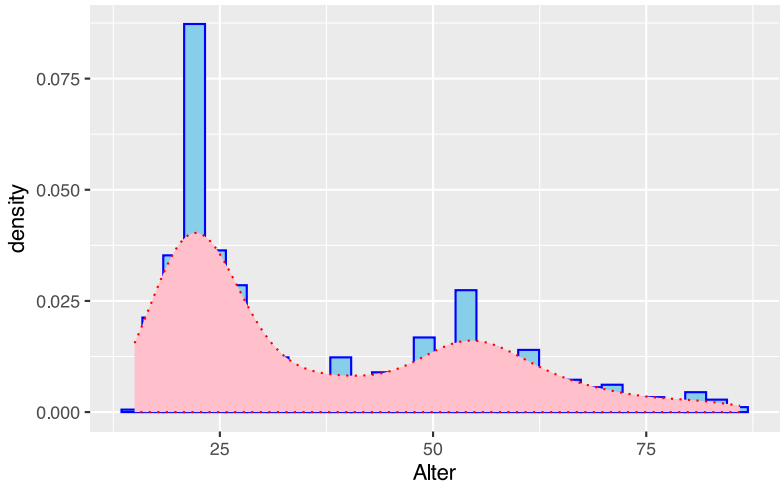
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(aes(y=..density..),
                 color="blue",
                 fill="skyblue") +
  stat_density(geom="line",
               color="red",
               linetype="dotted")
```




Wir wechseln von `geom="line"` auf `geom="area"`:

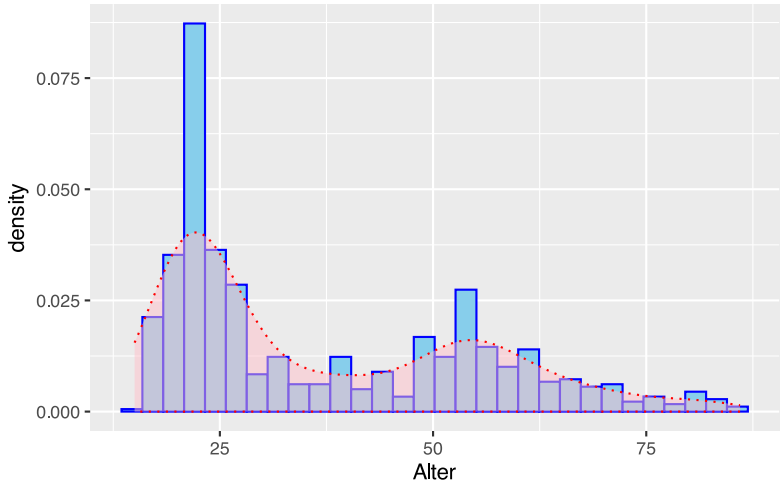
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(aes(y=..density..),
                 color="blue",
                 fill="skyblue") +
  stat_density(geom="area",
```

```
                color="red",
                fill="pink",
                linetype="dotted")
```




Über den Paramter `alpha` lässt sich die Durchsichtigkeit (so genannter Alphakanal) des Objekts eingeben.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(aes(y=..density..),
                 color="blue",
                 fill="skyblue") +
  stat_density(geom="area",
               color="red",
               fill="pink",
               linetype="dotted",
               alpha=0.5)
```




Mittels `stat_function()` und `dnorm()` lässt sich die Normalverteilung ergänzen. Hierfür bestimmen wir zunächst Mittelwert und Standardabweichung von `pf8$Alter`.

```
round(mean(pf8$Alter, na.rm=TRUE))
```

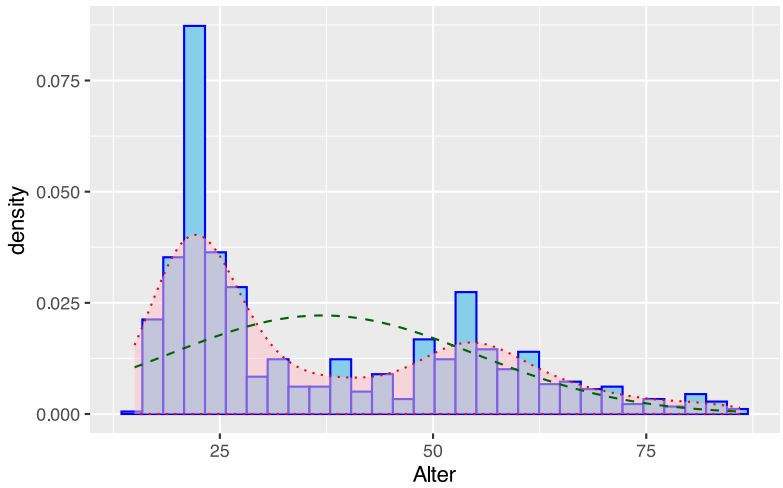
```
[1] 37
```

```
round(sd(pf8$Alter, na.rm=TRUE))
```

```
[1] 18
```

Die Werte werden nun wie folgt übertragen:

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(aes(y=..density..),
                 color="blue",
                 fill="skyblue") +
  stat_density(geom="area",
               color="red",
               fill="pink",
               linetype="dotted",
               alpha=0.5)+
  stat_function(fun=dnorm,
                args=(c(mean=37,sd=18)),
                color = "darkgreen",
                linetype = "dashed")
```

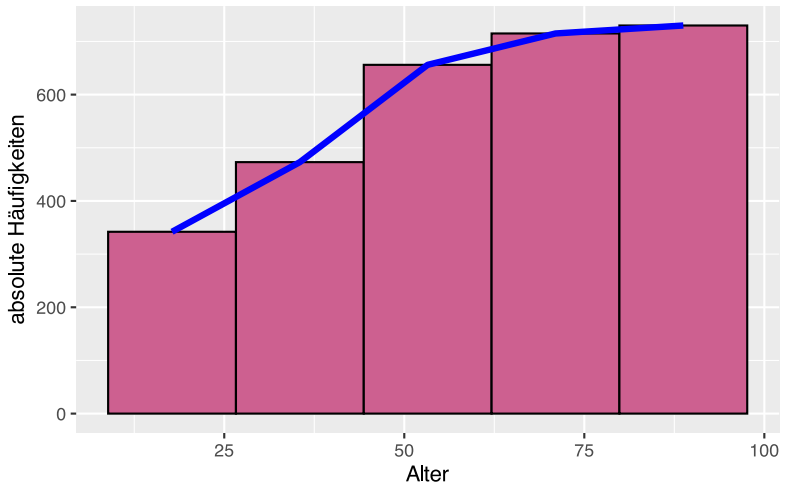



Es ist deutlich erkennbar, dass **keine** Normalverteilung vorliegt.

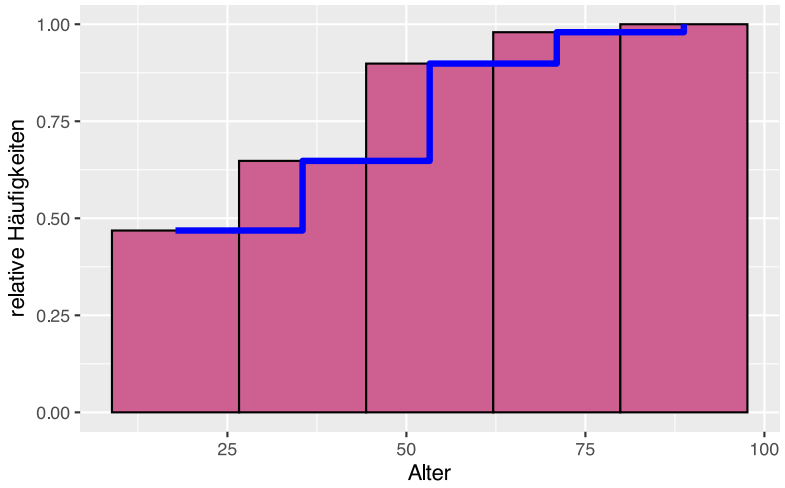
### 36.5.2 kumulierte Häufigkeiten

Für kumulierte Häufigkeiten nutzen wir innerhalb von `aes()` die Funktionen `after_stat(count)`, um die Häufigkeiten entsprechen mittels `cumsum()` und `sum()` zu manipulieren.

```
# kumulierte absolute Häufigkeiten
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) + ylab("absolute Häufigkeiten") +
  geom_histogram(aes(y=cumsum(after_stat(count))),
                 bins=5, fill="hotpink3", color="black") +
  # füge Polygonzug hinzu
  stat_bin(aes(y=cumsum(after_stat(count))),
                 bins=5,
                 geom="line", color="blue", linewidth=1.5) # oder geom="step"
```




```
# kumulierte relative Häufigkeiten
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  ylab("relative Häufigkeiten")+
  geom_histogram(aes(y=cumsum(after_stat(count)/sum(after_stat(count)))),
                 bins=5, fill="hotpink3", color="black") +
  # füge Polygonzug hinzu
  stat_bin(aes(y=cumsum(after_stat(count)/sum(after_stat(count)))),
                 bins=5,
                 geom="step", color="blue", linewidth=1.5) # oder geom="line"
```



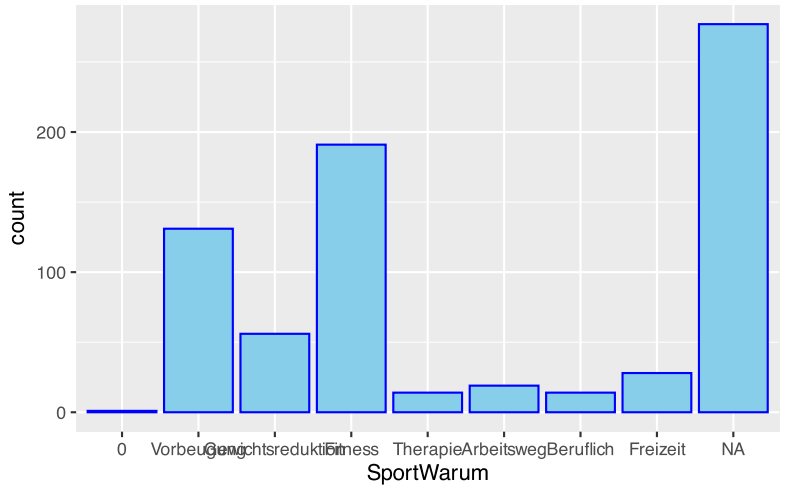

## 36.6 Säulendiagramme

Säulendiagramme werden mit den Funktionen `geom_bar()` und `geom_col()` erzeugt.

- Für `geom_bar()` müssen die Variablen als Factor vorliegen. Die Größe der Säulen wird automatisch mittels `stat_count()` berechnet.
- `geom_col()` erstellt die Größe der Säulen anhand der tatsächlichen Werte im Datenframe (vgl. `stat_identity()`; absolute Häufigkeit)

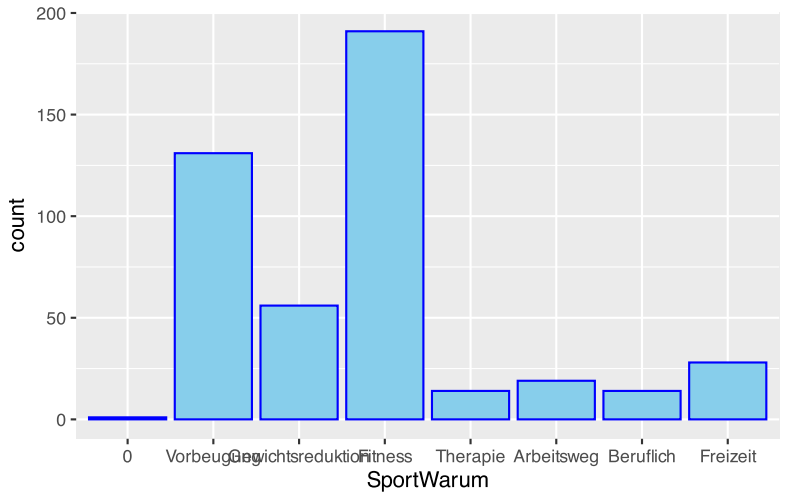
Die Variable `pf8$SportWarum` ist ein Faktor und soll mittels `geom_bar()` geplottet werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=SportWarum ) +
  geom_bar(color="blue",
           fill="skyblue")
```



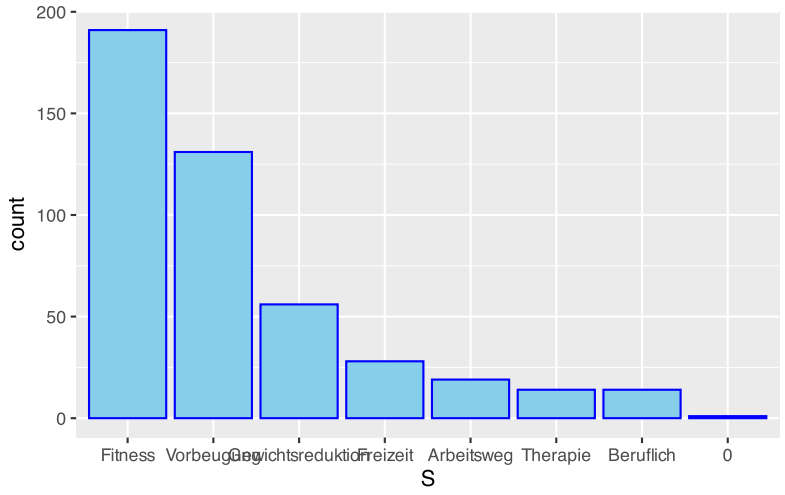

Mittels `drop_na()` kann der große `NA`-Balken entfernt werden.

```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
    ggplot() +
      aes(x=SportWarum ) +
      geom_bar(color="blue",
               fill="skyblue")
```



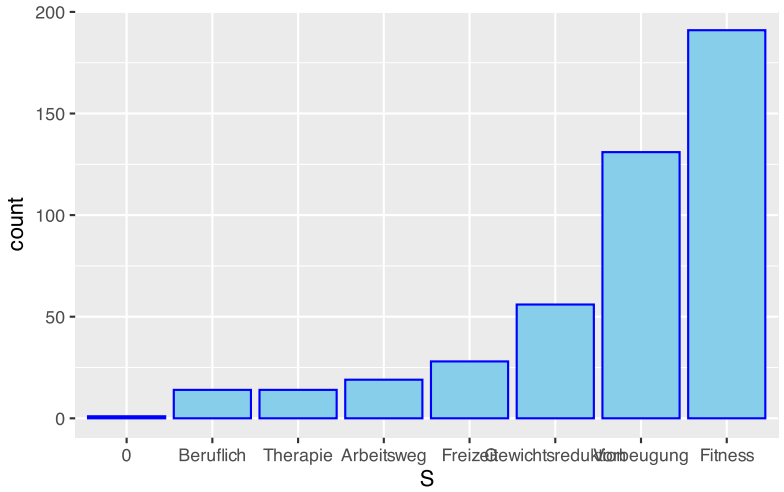

Mit Hilfe von der Funktionen `fct_infreq()` und `fct_rev()` können wir die Levels auf- und absteigend sortieren. Hierzu erzeugen wir eine neue Spalte `S`, welche wir in der `aes()`-Funktion auf die x-Achse legen.

```
# sortiere absteigend
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S ) +
    geom_bar(color="blue",
             fill="skyblue")
```



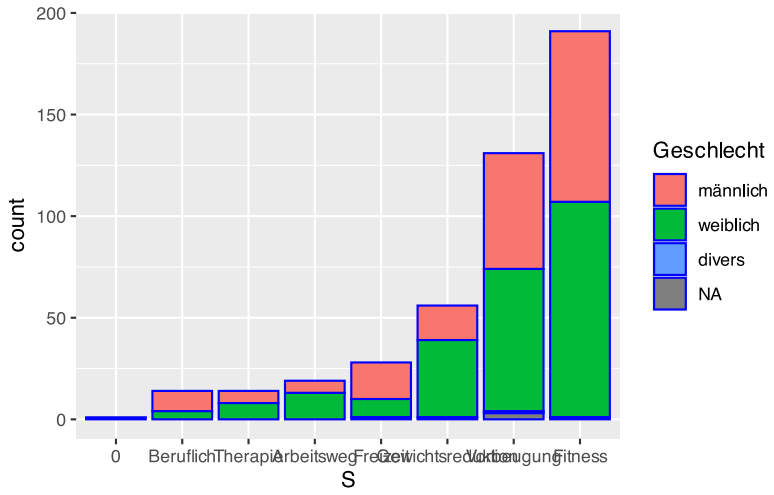
Um aufsteigend zu sortieren erweitert sich der `mutate()`-Aufruf wie folgt:

```
# sortiere aufsteigend
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum),
         S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S) +
    geom_bar(color="blue",
             fill="skyblue")
```



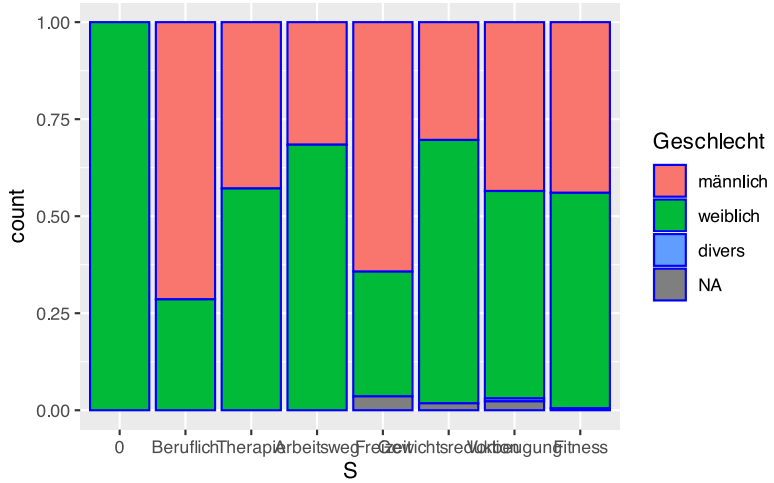

Über die Aesthetic `fill` können wir gruppieren, z.B. nach `Geschlecht`.

```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue")
```




Mit dem Parameter `position` können wir die Säulenausgabe weiter beeinflussen. Die Angabe `position="fill"` erzeugt Prozentanteile.

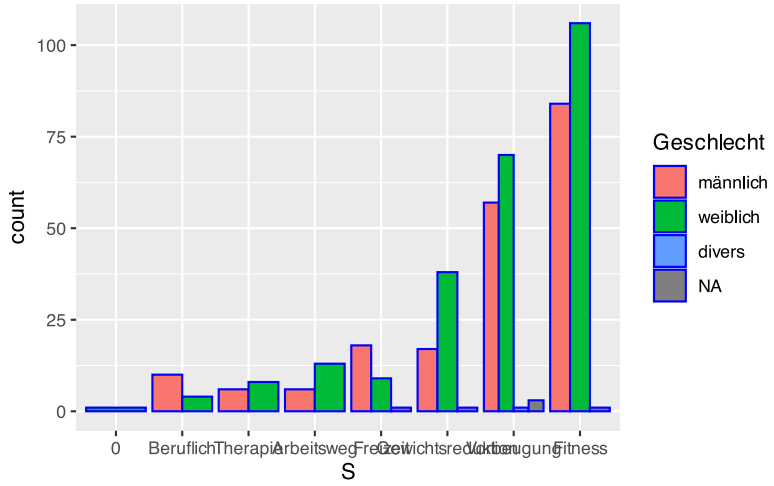
```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue",
             position="fill")
```




Mit `position="dodge"` werden die Säulen der Gruppen nebeneinander gestellt.

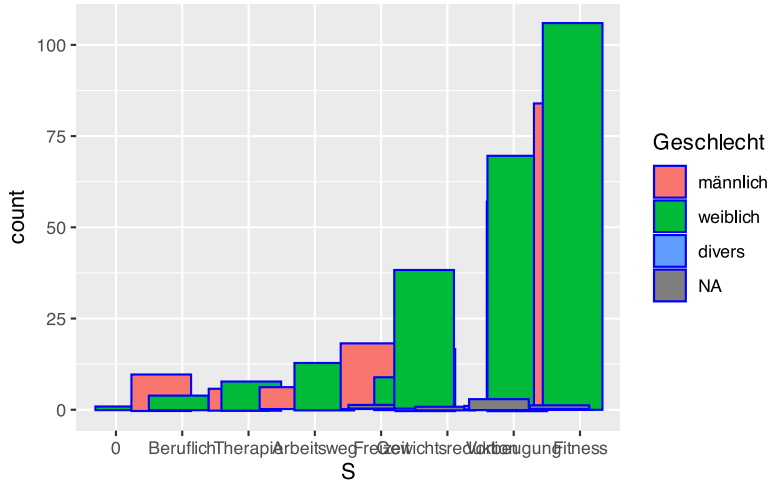
```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
```

```
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue",
             position="dodge")
```



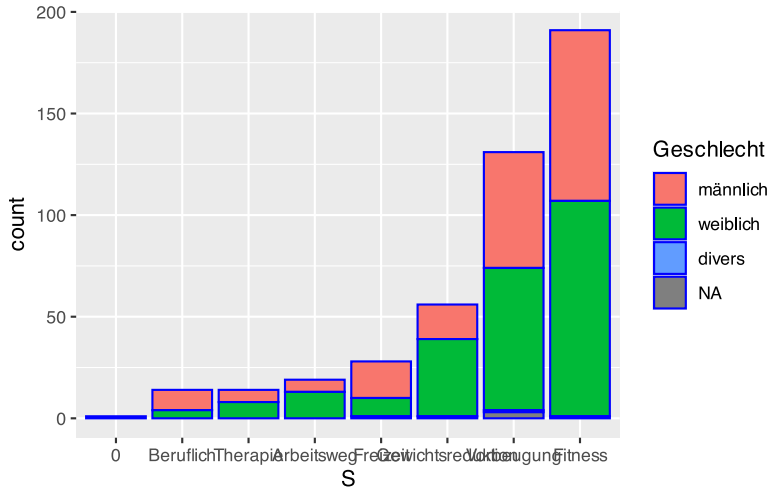

Mit `position="jitter"` wird etwas Rauschen bei der Positionierung verwendet. Das sieht nicht immer schön aus.

```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue",
             position="jitter")
```



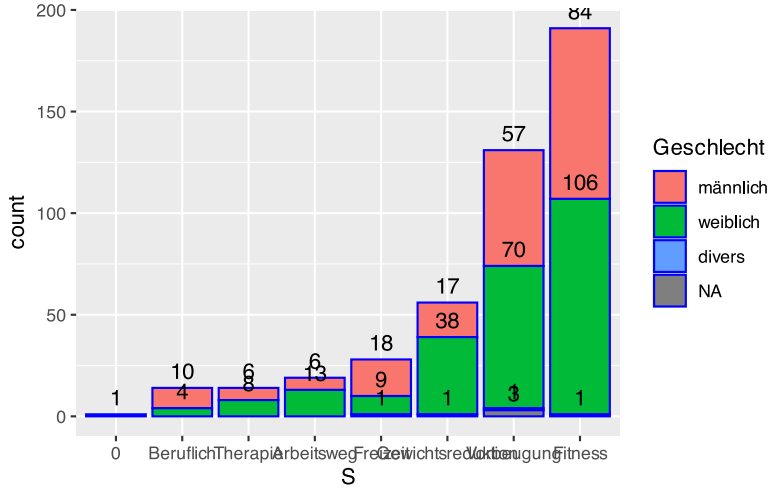
Die Default-Einstellung ist `position="stack"`.

```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue",
             position="stack")
```




Mit der Funktion `stat_count()` können die jeweiligen Werte der Balken ausgeschrieben werden.

```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue",
             position="stack")  +
    stat_count(geom = "text",
             aes(label = after_stat(count)),
             position=position_stack(),
             vjust=-0.5)
```

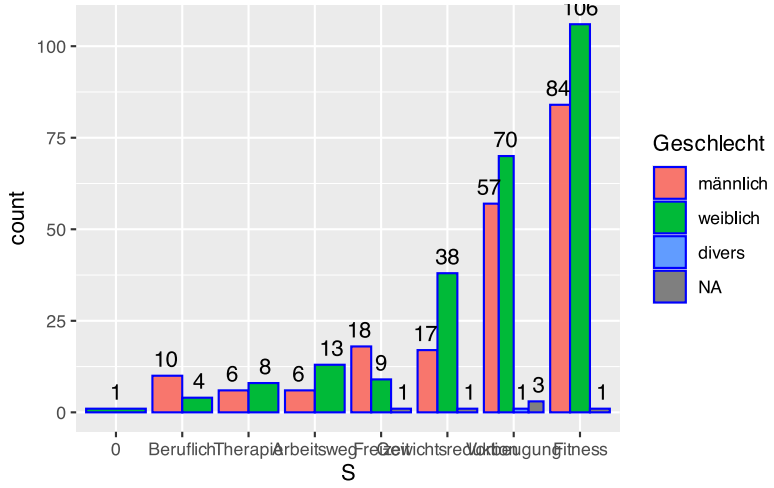



Mit dem Parameter `vjust` kann die Höhe der Beschriftungen verändert werden.

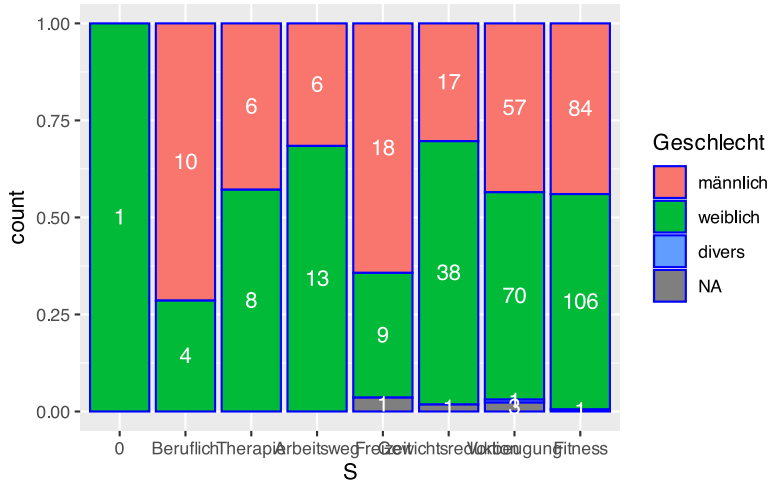
Beachten Sie, dass die Parameter `position` aus `geom_bar()` und `stat_count()` übereinstimmen müssen. Da in `geom_bar(position="stack")` gesetzt ist, muss innerhalb von `stat_count()` die Funktion `position_stack()` übergeben werden.

Ändern wir in `geom_bar()` den Parameter auf `position="dodge"`, so muss innerhalb von `stat_count()` die Funktion `position_dodge()` übergeben werden.

```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue",
             position="dodge")  +
    stat_count(geom = "text",
             aes(label = after_stat(count)),
             position=position_dodge(width=1),
             vjust=-0.5)
```



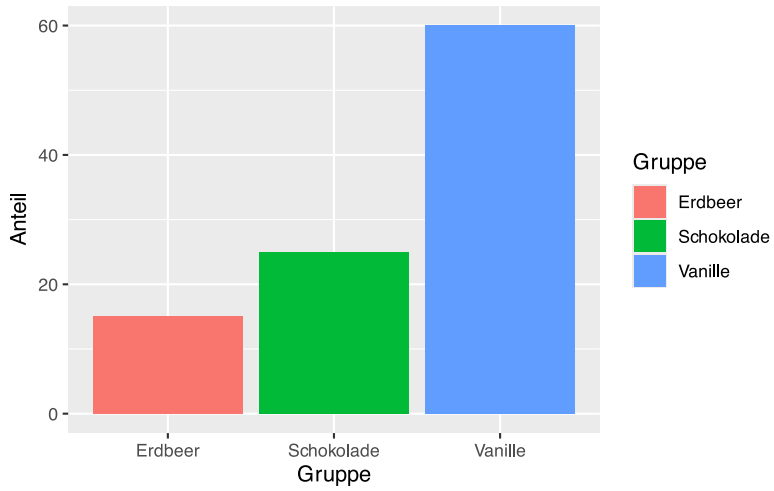

```
pf8 %>%
  drop_na(SportWarum) %>%
  mutate(S = fct_infreq(SportWarum)) %>%
  mutate(S = fct_rev(S)) %>%
  ggplot() +
    aes(x=S,
        fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="blue",
             position="fill")  +
    stat_count(geom = "text",
             aes(label = after_stat(count)),
             position=position_fill(vjust=0.5),
             color="white")
```




### 36.6.1 vorgegebene Werte

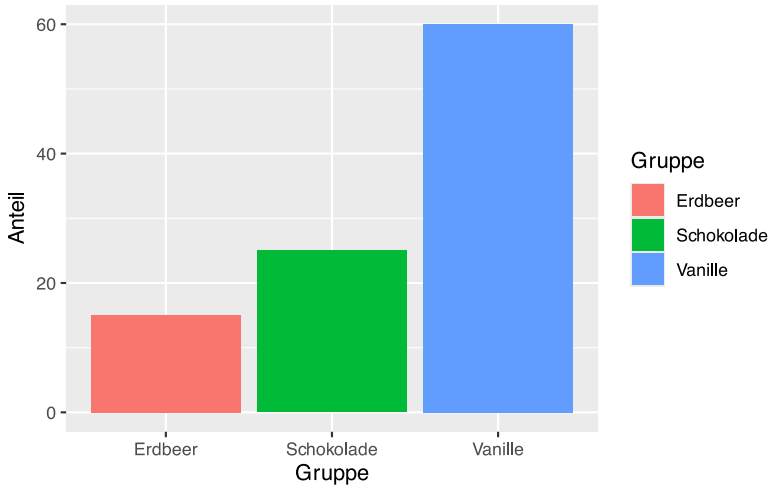
Mit dem Parameter `stat="identity"` können vorberechnete Werte (absolute Häufigkeiten) geplottet werden.

```
# vorgegebene Werte
df <- data.frame(Gruppe=c("Vanille","Schokolade","Erdbeer"),
                 Anteil=c(60, 25, 15))

# plotten
ggplot(df, aes(x=Gruppe, y=Anteil,
               fill=Gruppe)) +
    geom_bar(stat="identity",
             position="dodge")
```



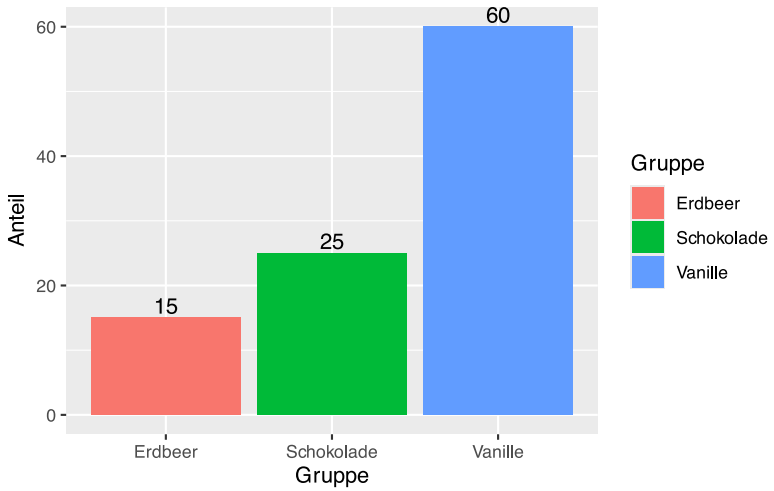

Alternativ kann das Plot mit der Funktion `geom_col()` erzeugt werden, die von Hause aus `stat_identity()` nutzt.

```
# vorgegebene Werte
df <- data.frame(Gruppe=c("Vanille","Schokolade","Erdbeer"),
                 Anteil=c(60, 25, 15))

# plotten mit geom_col()
ggplot(df, aes(x=Gruppe, y=Anteil,
               fill=Gruppe)) +
    geom_col(position="dodge")
```

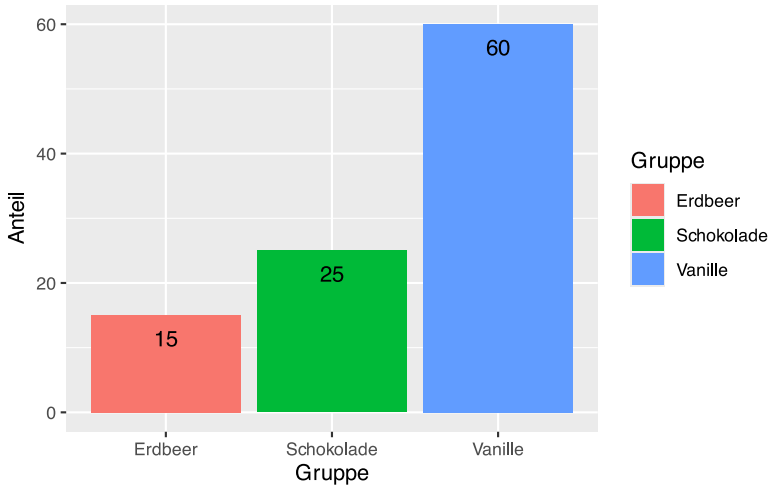



Mit der Funktion `geom_text()` können die Werte den Plot-Balken hinzugefügt werden. Über den Parameter `vjust` kann bestimmt werden, ob die Werte über oder in den Säulen stehen sollen.

```
ggplot(df, aes(x=Gruppe, y=Anteil,
               fill=Gruppe)) +
  geom_col(position="dodge")+
# Werte stehen über den Balken
  geom_text(aes(label = Anteil), vjust = -0.2)
```

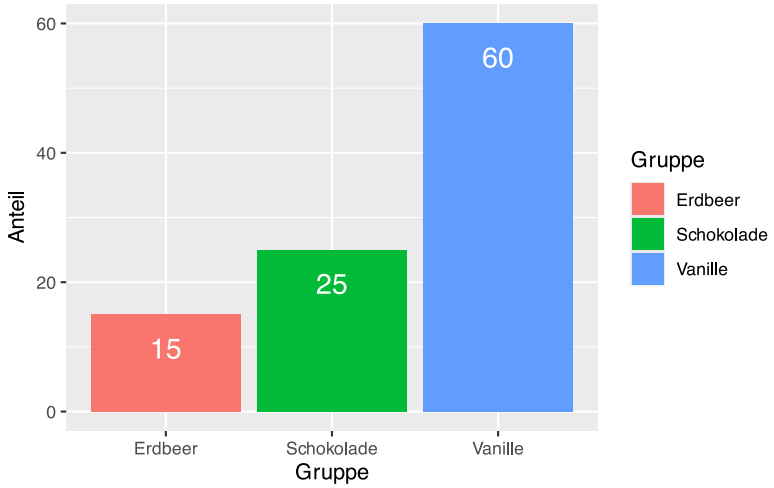



```
ggplot(df, aes(x=Gruppe, y=Anteil,
               fill=Gruppe)) +
  geom_col(position="dodge")+
# Werte stehen unter den Balken
  geom_text(aes(label = Anteil), vjust = 2)
```




Das selbe Ergebis kann auch mit der Funktion `stat_identity()` erzielt werden. Achten Sie auch hier darauf, dass die Parameter `position` von `geom_col()` (bzw. `geom_bar()`) und von `stat_identity()` gleich sein müssen.

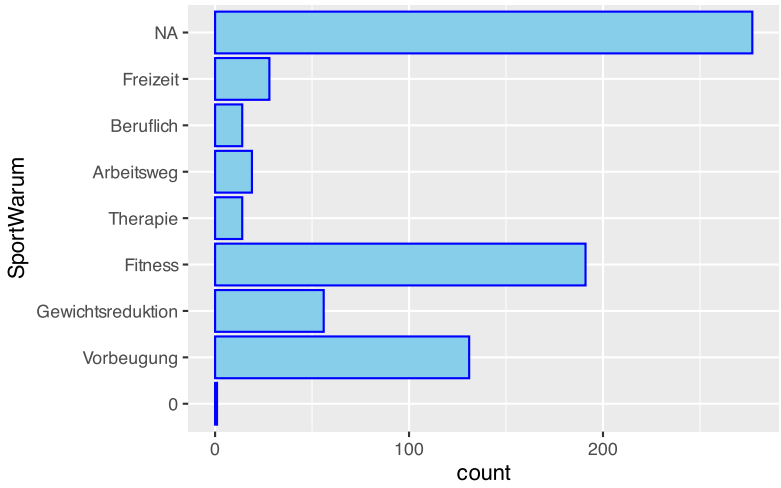
```
ggplot(df, aes(x=Gruppe, y=Anteil,
               fill=Gruppe)) +
  geom_col(position="dodge") +
  stat_identity(geom = "text",
            aes(label=Anteil),
            position=position_dodge(width=1),
            vjust=2, size=5, color="white")
```




## 36.7 Balkendiagramme

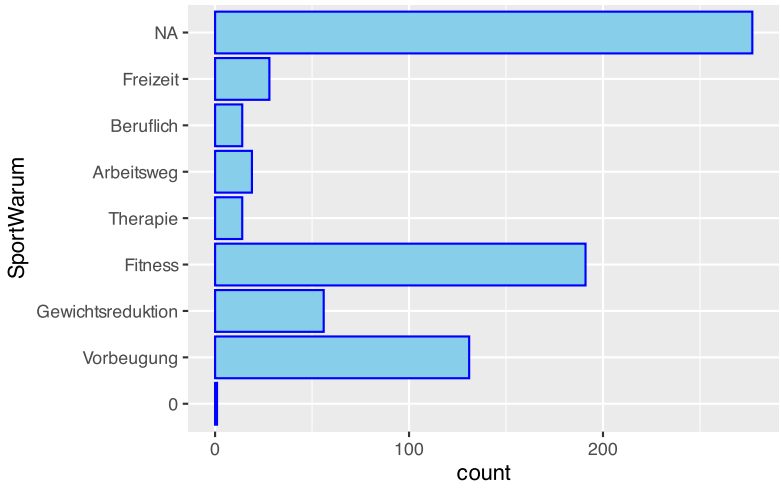
Balkendiagramme können auf zwei Arten erstellt werden. In der `aes()`-Funktion tauschen wir einfach `x` durch `y` aus:

```
ggplot(pf8) +
  aes(y=SportWarum ) +
  geom_bar(color="blue",
           fill="skyblue")
```




Alternativ kann dem Plotaufruf die Funktion `coord_flip()` angehängt werden.

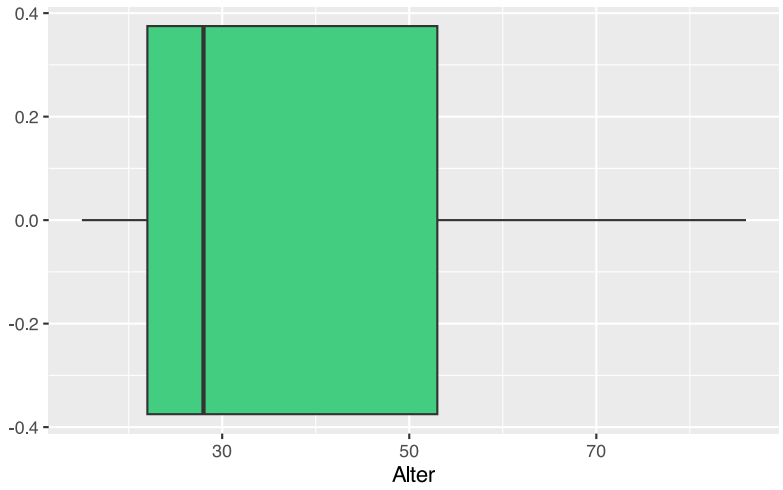
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=SportWarum ) +
  geom_bar(color="blue",
           fill="skyblue") +
  coord_flip()
```




## 36.8 Boxplots

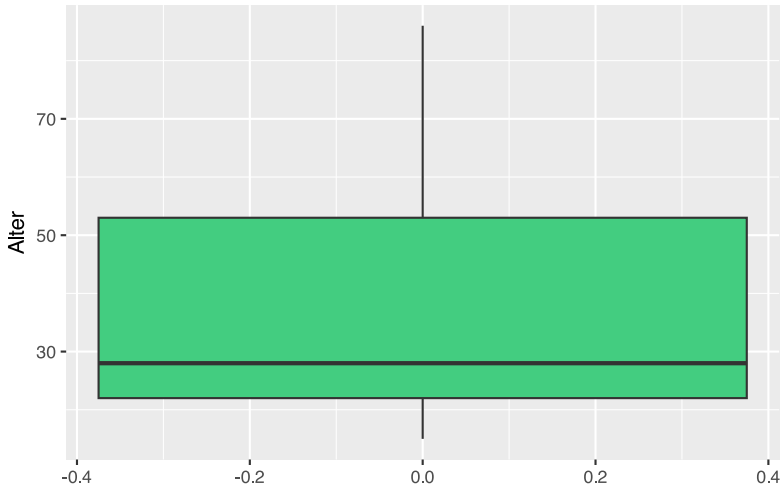
Boxplots werden mit der Funktion `geom_boxplot()` erzeugt.

```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(x = Alter) +
    geom_boxplot(fill="seagreen3")
```




Das Boxplot liegt auf dem Bauch, das `Alter` auf der x-Achse abgebildet werden soll. Um das Boxplot zu drehen, muss `aes()` entsprechend angepasst werden.

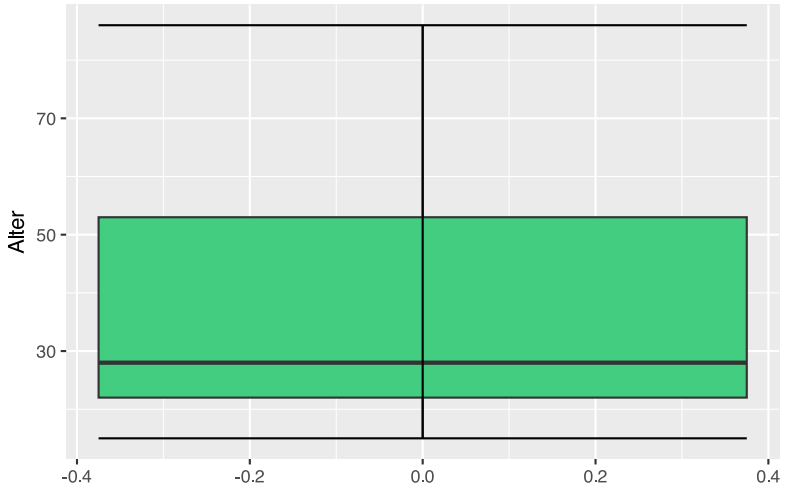
```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter) +
    geom_boxplot(fill="seagreen3")
```




Mit der Funktion `stat_boxplot()` können wir die Whiskers hinzugefügt werden.

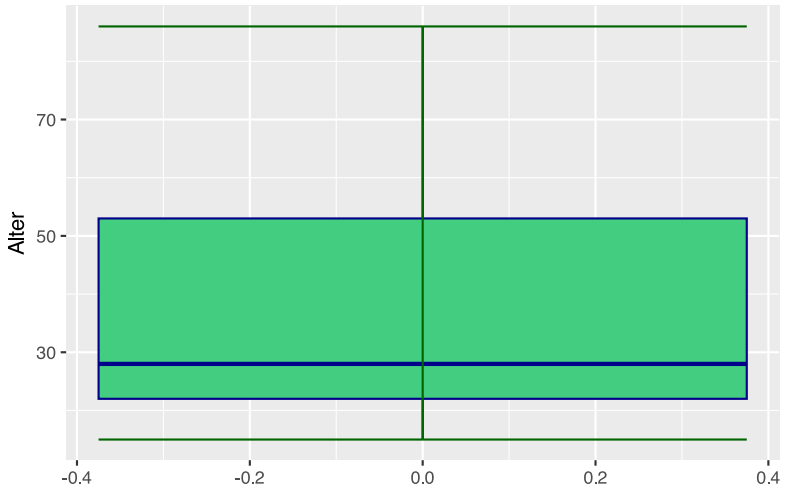
```
pf8 %>%
  ggplot() +
```

```
    aes(y = Alter) +
    geom_boxplot(fill="seagreen3") +
    stat_boxplot(geom="errorbar")
```




Über den `color`-Parameter können die Farben angepasst werden.

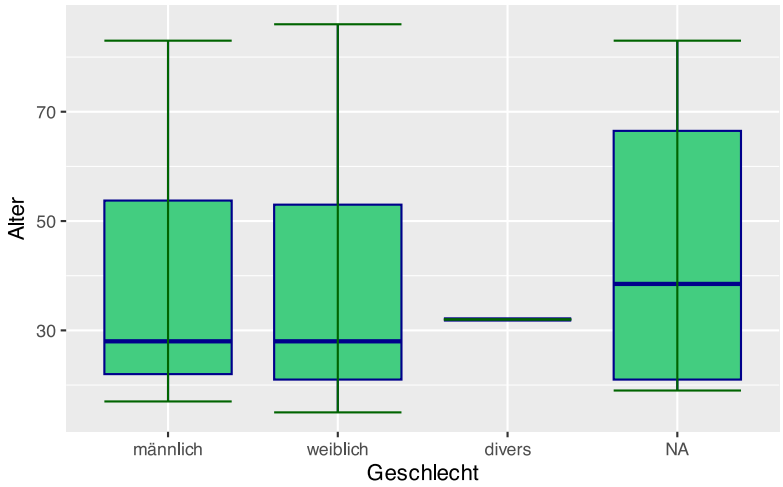
```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter) +
    geom_boxplot(fill="seagreen3",
                 color="darkblue") +
    stat_boxplot(geom="errorbar",
                 color="darkgreen")
```




Über die Aesthetics können wir nach `Geschlecht` gruppieren.

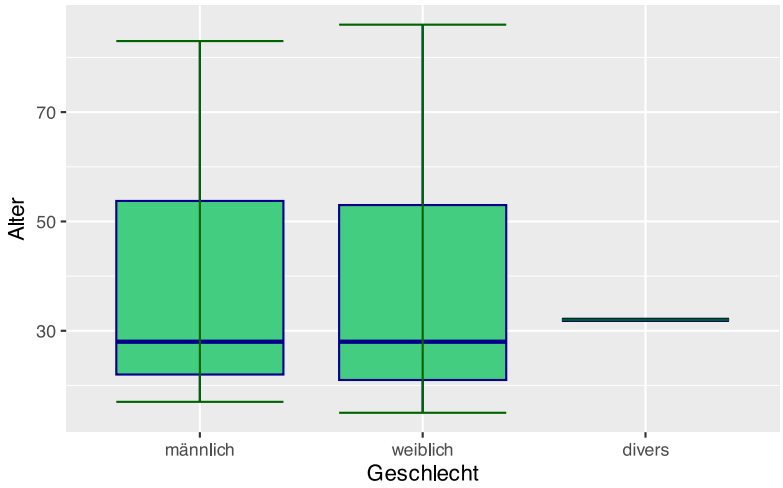
```
pf8 %>%
  ggplot() +
```

```
    aes(y = Alter,
        x = Geschlecht) +
    geom_boxplot(fill="seagreen3",
                 color="darkblue") +
    stat_boxplot(geom="errorbar",
                 color="darkgreen")
```



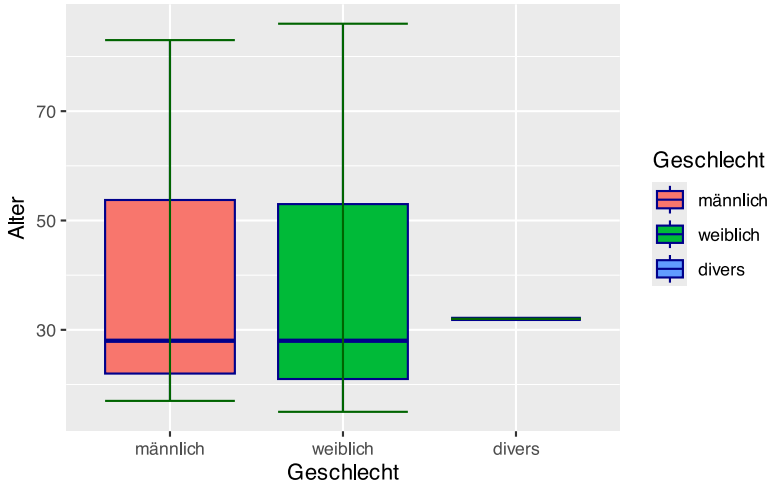

Bzw. ohne `NA`:

```
pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        x = Geschlecht) +
    geom_boxplot(fill="seagreen3",
                 color="darkblue") +
    stat_boxplot(geom="errorbar",
                 color="darkgreen")
```



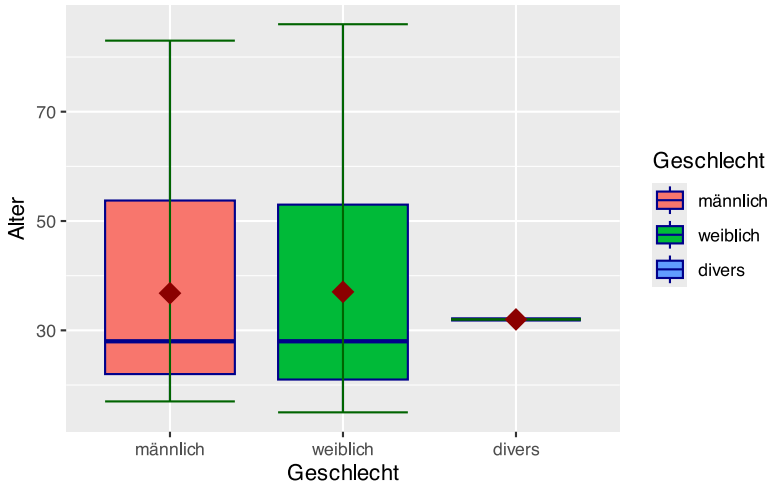
Über die Aesthetics können wir die Boxplots auch nach `Geschlecht` *färben*. Dazu muss der Parameter aus `geom_boxplot()` entfernt werden.

```
pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        x = Geschlecht,
        fill = Geschlecht) +
    geom_boxplot(color="darkblue") +
    stat_boxplot(geom="errorbar",
                 color="darkgreen")
```



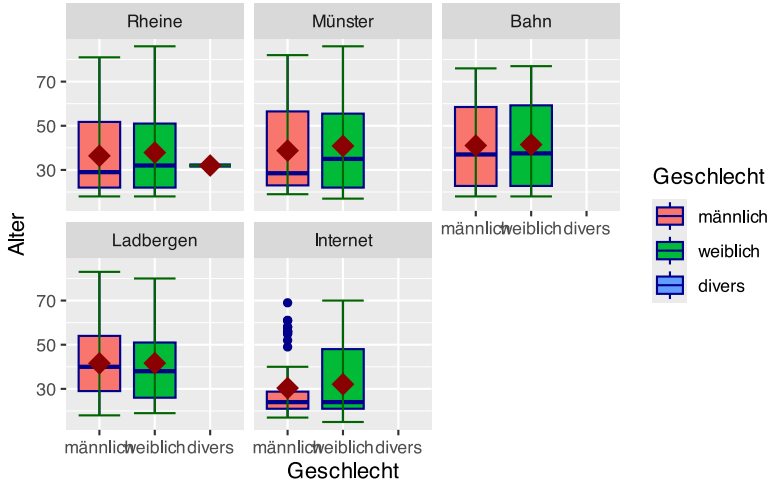

In manchen Journals ist es üblich, ebenfalls das arithmetische Mittel per Raute den Boxplots hinzuzufügen. Dies kann mit der Funktion `stat_summary()` umgesetzt werden.

```
pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        x = Geschlecht,
        fill = Geschlecht) +
    geom_boxplot(color="darkblue") +
    stat_boxplot(geom="errorbar",
                 color="darkgreen")+
    stat_summary(fun=mean,
                 colour="darkred",
                 geom="point",
                 shape=18,
                 size=5,
                 show.legend = F)
```




Mit `facet_wrap()` können wir beispielweise nach `Standort` gruppieren.

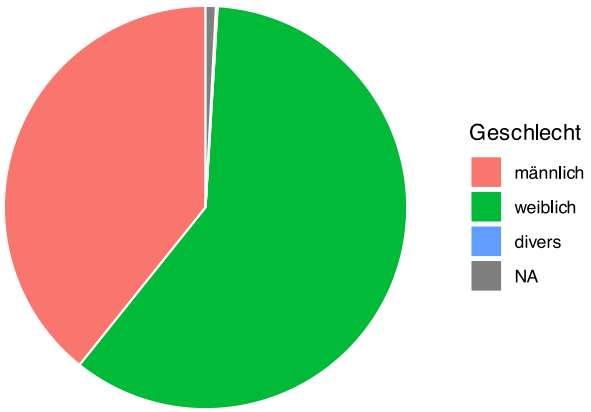
```
pf8 %>%
  drop_na(Geschlecht) %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        x = Geschlecht,
        fill = Geschlecht) +
    geom_boxplot(color="darkblue") +
    stat_boxplot(geom="errorbar",
                 color="darkgreen")+
    stat_summary(fun=mean,
                 colour="darkred",
                 geom="point",
                 shape=18,
                 size=5,
                 show.legend = F)+
    facet_wrap(~ Standort)
```



## 36.9 Kreisdiagramme

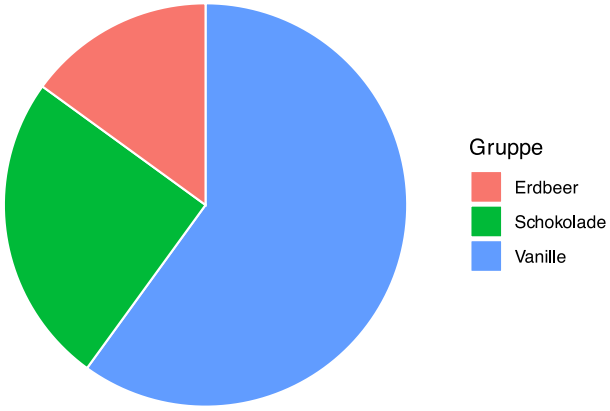
Kreisdiagramme werden von `ggplot()` nicht direkt unterstützt, können jedoch mit einem Trick erzeugt werden. Hierbei wird das Koordinatensystem eines Balkendiagramms mittels `coord_polar()` so verbogen, dass ein Kreis dabei herauskommt.

```
# pfusche Pie-Chart zurecht
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(x="", fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="white") +
    # verbiege Koordinatensystem
    coord_polar("y") +
    # entferne Achsen und Ticks
    theme_void()
```



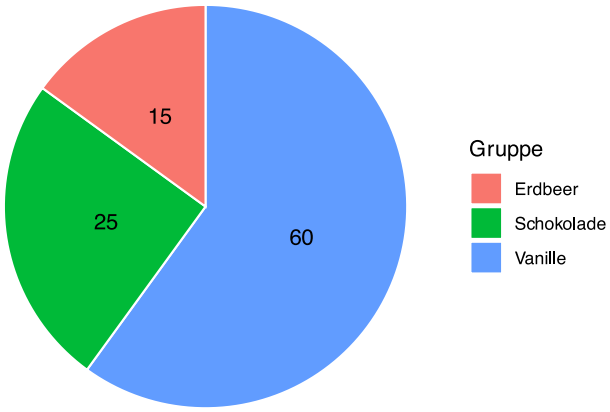

Das funktioniert auch mit `geom_col()` und absoluten Häufigkeiten.

```
# vorgegebene Werte
df <- data.frame(Gruppe=c("Vanille","Schokolade","Erdbeer"),
                 Anteil=c(60, 25, 15))

# pfusche Pie-Chart zurecht
ggplot(df, aes(x="",
               y=Anteil,
               fill=Gruppe)) +
    geom_col(color="white") +
    # verbiege Koordinatensystem
    coord_polar("y", start=0) +
    # entferne Achsen und Ticks
    theme_void()
```




Mittels `geom_text()` können die Werte in den Kreis geschrieben werden.

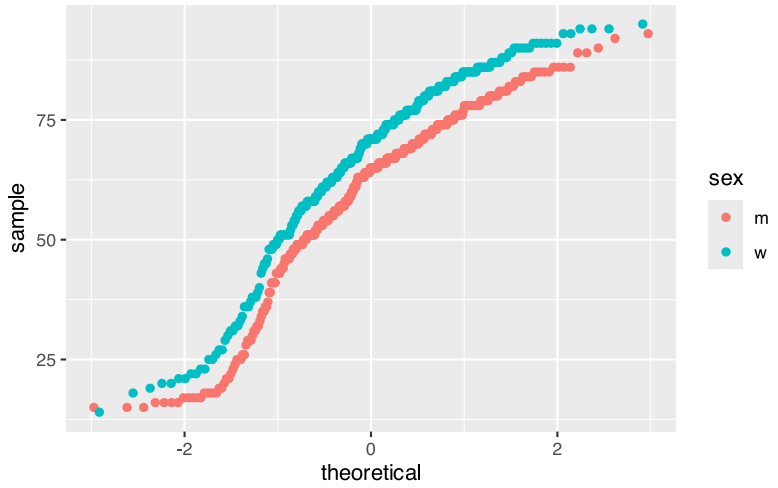
```
ggplot(df, aes(x="",
               y=Anteil,
               fill=Gruppe)) +
  geom_col(color="white") +
  # füge Werte hinzu
  geom_text(aes(label = Anteil),
            position = position_stack(vjust = 0.5)) +
  # verbiege Koordinatensystem
  coord_polar("y", start=0) +
  # entferne Achsen und Ticks
  theme_void()
```




## 36.10 QQ-Plots

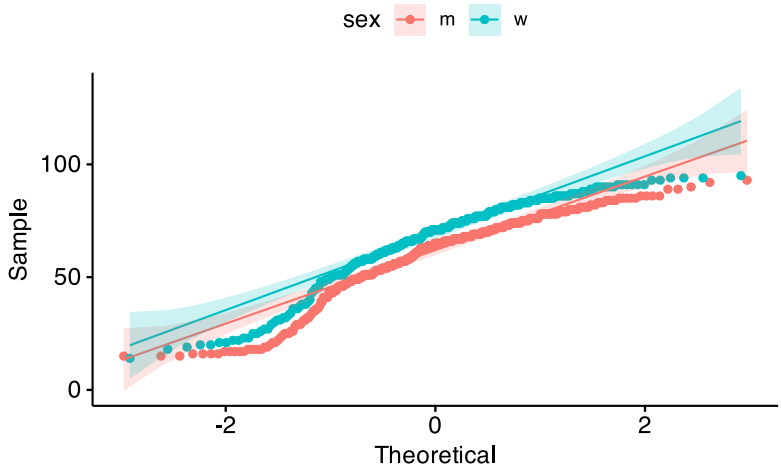
Zur Überprüfung, ob eine Variable normalverteilt ist, werden häufig Quantil-Quantil-Diagramme (QQ-Plots) erzeugt. Für `ggplot()` steht hierfür die Funktion `stat_qq()` zur Verfügung.

```
# erstelle QQ-Plot für Variable "age"
# gruppiert nach "sex"
ggplot(epa, aes(sample=age)) +
 stat_qq(aes(color=sex))
```




Mit Zusatzpaketen kann auch hier die Funktionalität erhöht werden. Beispielsweise ist im Paket `{ggpubr}` die Funktion `ggqqplot()` enthalten, die automatisch das Konfidenzintervall hinzufügt. Der Aufruf ist etwas anders als bei `ggplot()`:

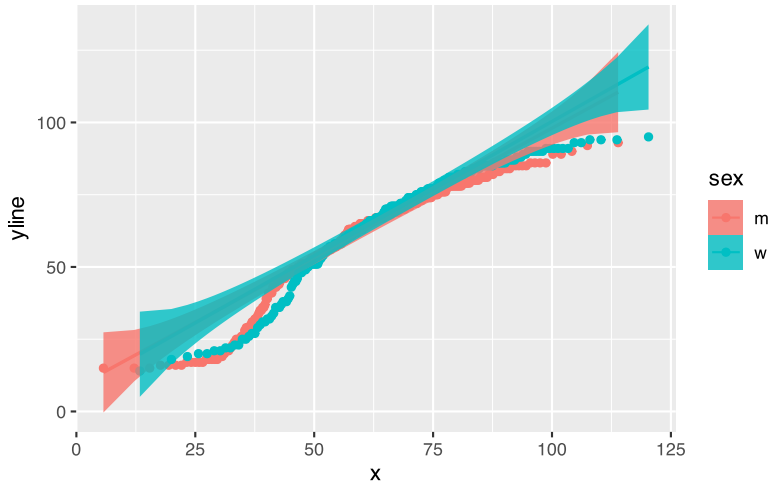
```
ggpubr::ggqqplot(epa, x="age", color="sex")
```




Weitere Möglichkeiten bietet das Zusatzpaket `{qqplotr}`. Es fügt weitere Geome und Funktionen für `ggplot` hinzu.

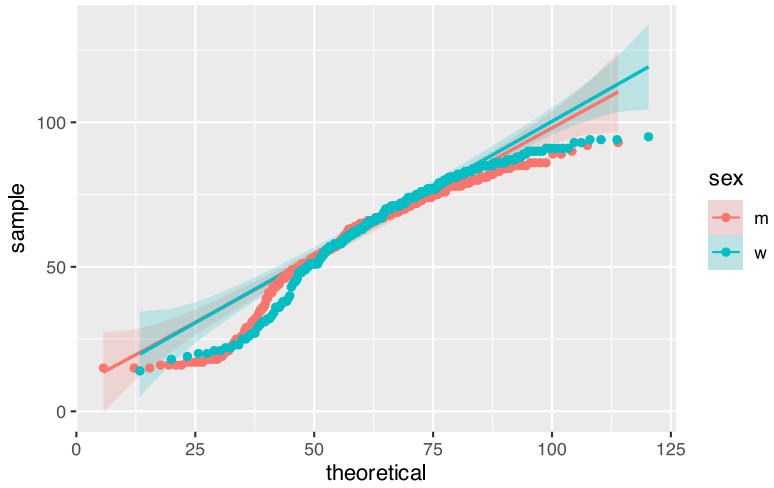
```
# aktiviere die Zusatzfunktionen
library(qqplotr)
```

```
ggplot(epa, aes(sample=age)) +
  # zeichne Punkte wie im "Original"
  stat_qq_point(aes(color=sex)) +
  # füge Linie hinzu
  stat_qq_line(aes(color=sex)) +
  # füge Konfidenzgrenzen hinzu
  stat_qq_band(aes(fill=sex))
```




Dieses Plot ist aber nicht ganz so „schön“ wie die vorangegangenen. Es wird besser, wenn wir die Layerreihenfolge vertauschen und den Alpha-Wert der Farbe herbasetzen.

```
ggplot(epa, aes(sample=age)) +
  # fange mit Konfidenzgrenzen an
  # setzte Alpha-Wert für Farbe
  stat_qq_band(aes(fill=sex), alpha=2/10) +
  # füge Linie hinzu
  stat_qq_line(aes(color=sex)) +
  # zeichne Punkte wie im "Original"
  stat_qq_point(aes(color=sex))
```

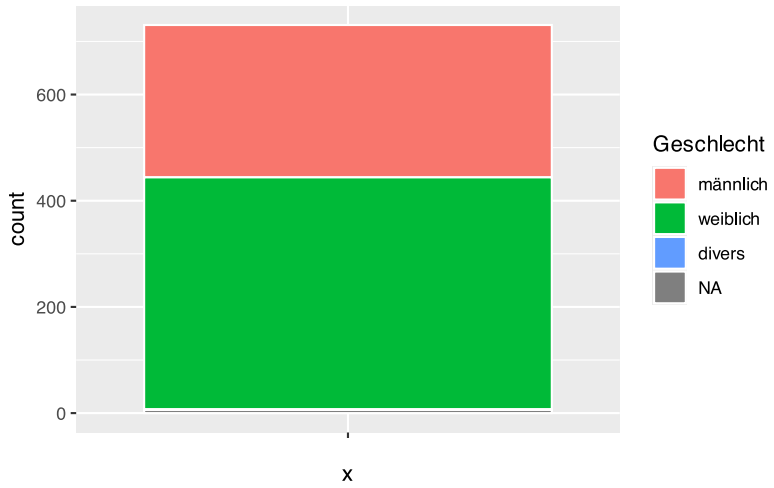



## 36.11 Diagramme speichern

### 36.11.1 R-Objekt

`ggplot()`-Diagramme können in R-Objekte (zwischen)gespeichert werden.

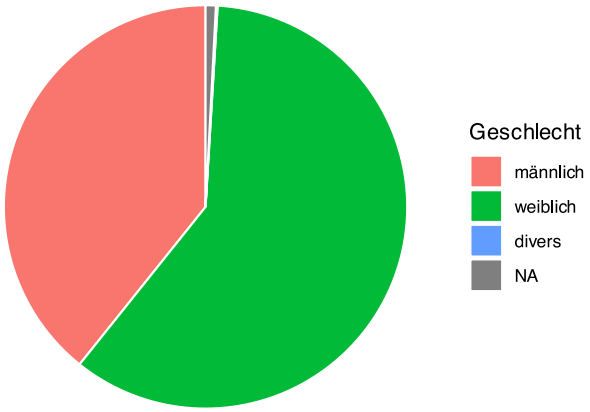
```
# Plot in Obkjekt "p" speichern
p <- ggplot(pf8) +
       aes(x="", fill=Geschlecht) +
       geom_bar(color="white")
# Plot anzeigen
p
```




Das Objekt kann nun weitere Funktionen verarbeiten.

```
# Plot in Obkjekt "p" speichern
p <- ggplot(pf8) +
```

```
       aes(x="", fill=Geschlecht) +
       geom_bar(color="white")
# Plot weiter bearbeiten
p + coord_polar("y", start=0) +
    theme_void()
```




### 36.11.2 in Datei speichern

Mit der Funktion `ggsave()` können `ggplot()`-Diagramme als Datei gespeichert werden.

```
# Plot erzeugen
ggplot(pf8) +
    aes(x="", fill=Geschlecht) +
    geom_bar(color="white") +
    coord_polar("y", start=0) +
    theme_void()

# Plot in Datei speichern
ggsave("MeinPlot.png",
       units="mm",
       width=400,
       height=200,
       dpi=300,
       pointsize=7)
```

Liegt der Plot in einem R-Objekt, kann dies mit dem Parameter `plot` angegeben werden.

```
# Plot ist in Obkjekt "p" gespeichert
ggsave("MeinPlot.png",
       plot= p,
       units="mm",
       width=400,
       height=200,
```

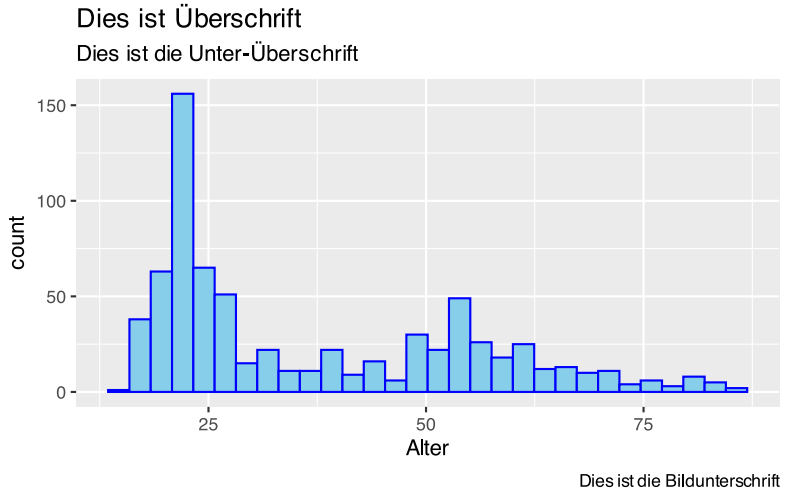
```
       dpi=300,
       pointsize=7)
```

## 36.12 Aussehen ändern

### 36.12.1 Titel und Überschriften

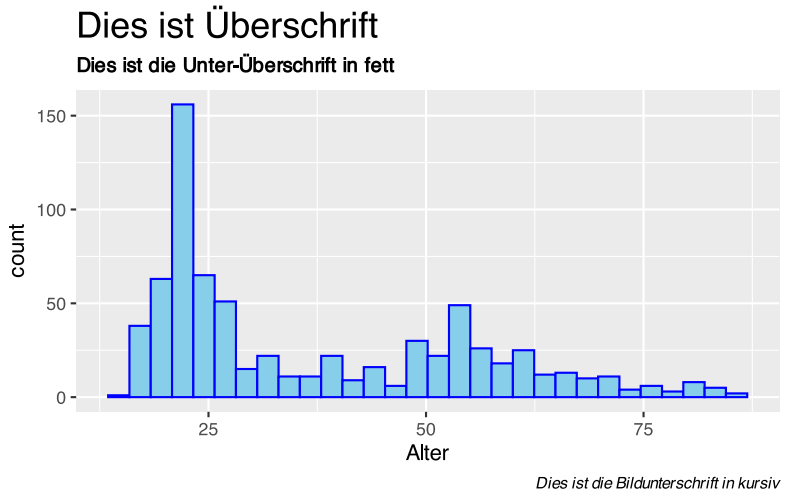
Die Plottitel können mit der Funktion `labs()` verändert werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue") +
  labs(title="Dies ist Überschrift",
       subtitle="Dies ist die Unter-Überschrift",
       caption="Dies ist die Bildunterschrift")
```




Die Schriftart kann mittels `theme()`-Funktion geändert werden.

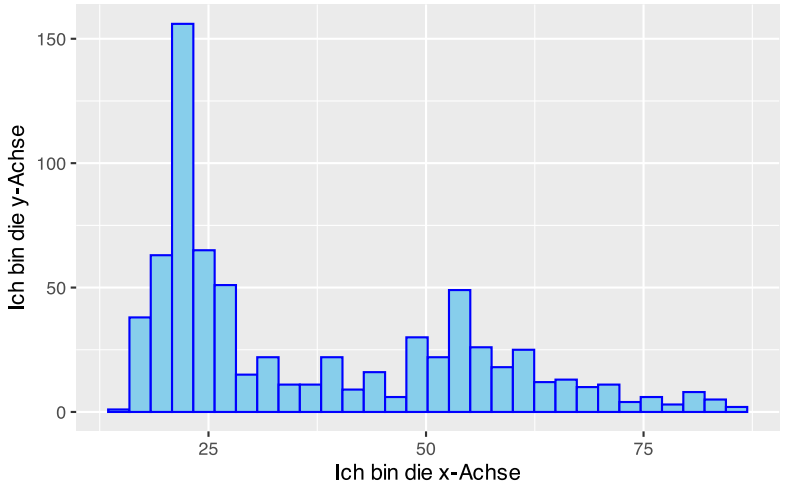
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue") +
  labs(title="Dies ist Überschrift",
       subtitle="Dies ist die Unter-Überschrift in fett",
       caption="Dies ist die Bildunterschrift in kursiv") +
  theme(plot.title = element_text(size=18)) +
  theme(plot.subtitle = element_text(size=10, face="bold")) +
  theme(plot.caption = element_text(size=8, face="italic"))
```




### 36.12.2 Achsen

Die Achsenbeschriftung kann mittels `xlab()` und `ylab()` verändert werden.

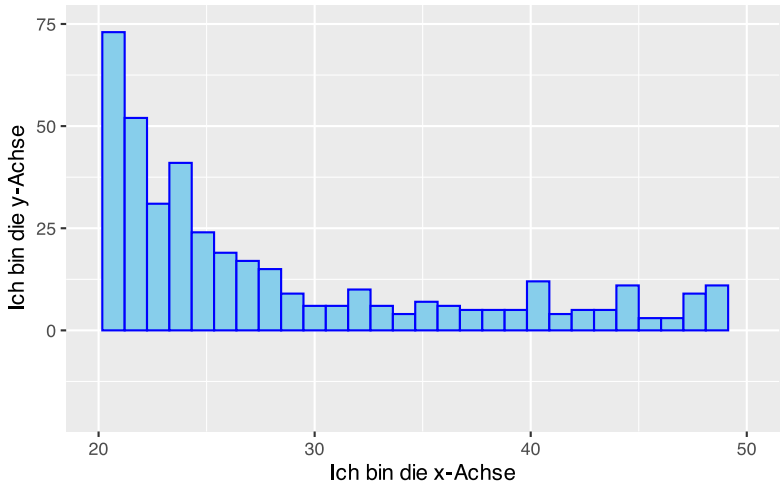
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue") +
  xlab("Ich bin die x-Achse") +
  ylab("Ich bin die y-Achse")
```




Die Längen der Achsenausschnitte können mit `xlim()` und `ylim()` angegeben werden.

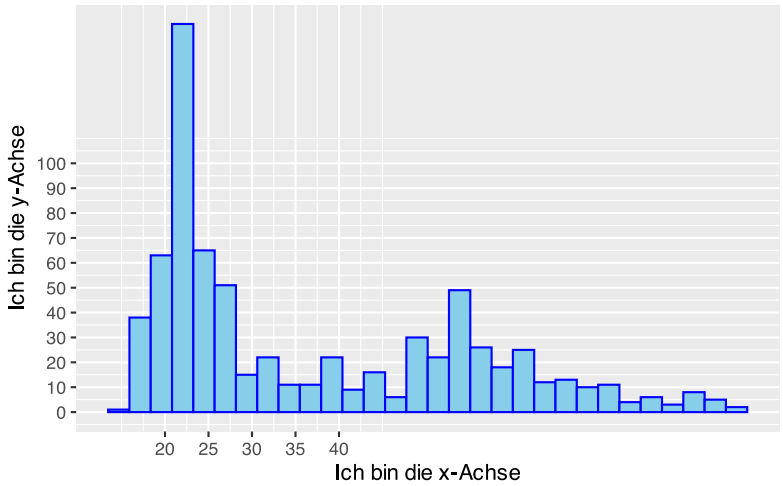
```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue") +
  xlab("Ich bin die x-Achse") +
```

```
  ylab("Ich bin die y-Achse")+
  xlim(20, 50) +
  ylim(-20, 75)
```



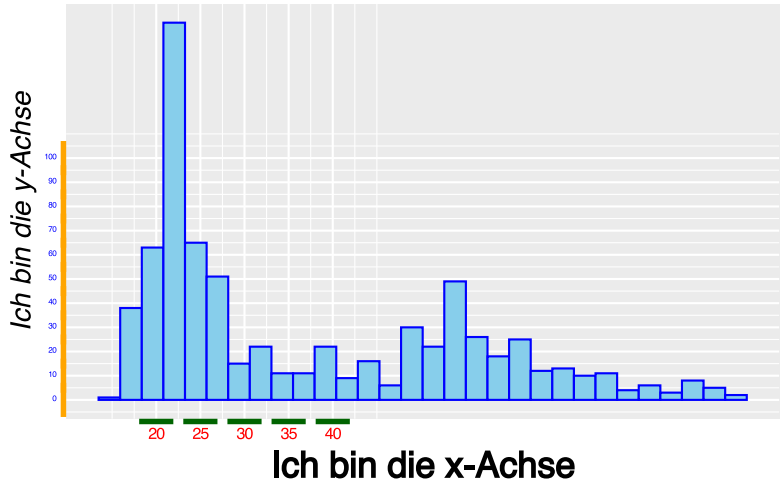

Die Anzahl und Position der Achsenmarkierungen können mit `scale_x_continuous()` und `scale_y_continuous()` angepasst werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue") +
  xlab("Ich bin die x-Achse") +
  ylab("Ich bin die y-Achse")+
  xlim(20, 50) +
  ylim(-20, 75) +
  scale_x_continuous(breaks = c(20, 25, 30, 35, 40)) +
  scale_y_continuous(breaks = seq(-20, 100, 10) )
```



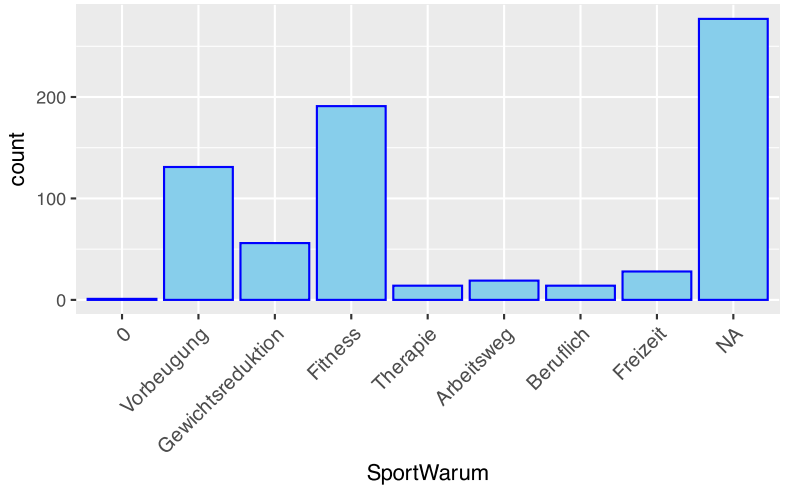

Die Schriftarten werden ebenfalls mit der `theme()`-Funktion gesteuert.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue") +
  xlab("Ich bin die x-Achse") +
  ylab("Ich bin die y-Achse")+
  xlim(20, 50) +
  ylim(-20, 75) +
  scale_x_continuous(breaks = c(20, 25, 30, 35, 40)) +
  scale_y_continuous(breaks = seq(-20, 100, 10) ) +
  theme(axis.title.x = element_text(size=18, face="bold")) +
  theme(axis.title.y = element_text(size=14, face="italic")) +
  theme(axis.text.x = element_text(size=8, color="red")) +
  theme(axis.text.y = element_text(size=4, color="blue")) +
  theme(axis.ticks.x = element_line(size=8, color="darkgreen")) +
  theme(axis.ticks.y = element_line(size=8, color="orange"))
```



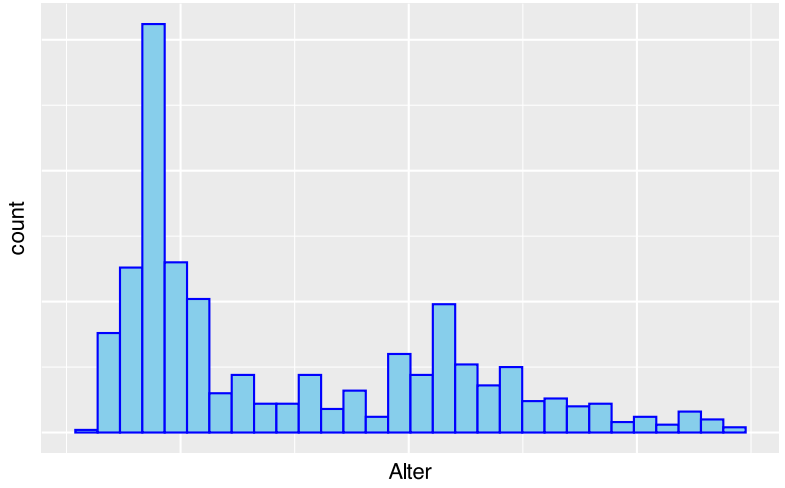

So können die Achsenbeschriftungen auch über den Parameter `angle` gedreht werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=SportWarum ) +
  geom_bar(color="blue",
           fill="skyblue") +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45,
                                   hjust = 1,
                                   size=10))
```




Sollen die Ticks und ihre Striche vollständig entfernt werden, so geht dies mit den Funktionen `theme()` und `element_blank()`.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x=Alter) +
  geom_histogram(color="blue",
                 fill="skyblue") +
  theme(axis.text.x=element_blank(),
        axis.ticks.x=element_blank(),
        axis.text.y=element_blank(),
        axis.ticks.y=element_blank())
```

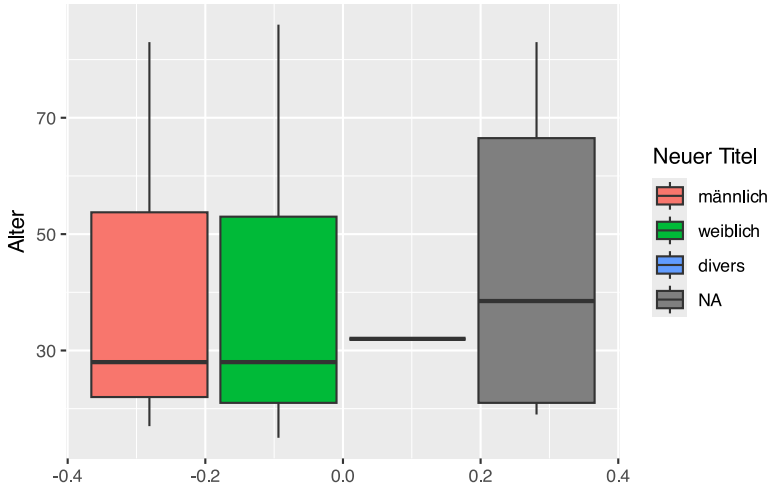



### 36.12.3 Legendenbox

Der **Title der Legendbox** kann prinzipiell geändert werden, indem die ursprüngliche Variable umbenannt wird. Dann ändert sich der Legendenboxtitel ebenfalls entsprechend. Sollte dies keine „gute“ Lösung sein, z.B. weil mehrere Wörter als Titel verwendet werden sollen, kann der Title über die `labs()`-Funktion geändert werden. Hierbei besteht eine Abhängigkeit zur Gruppierung über die `aes()`-Funktion. Im folgenden Beispiel

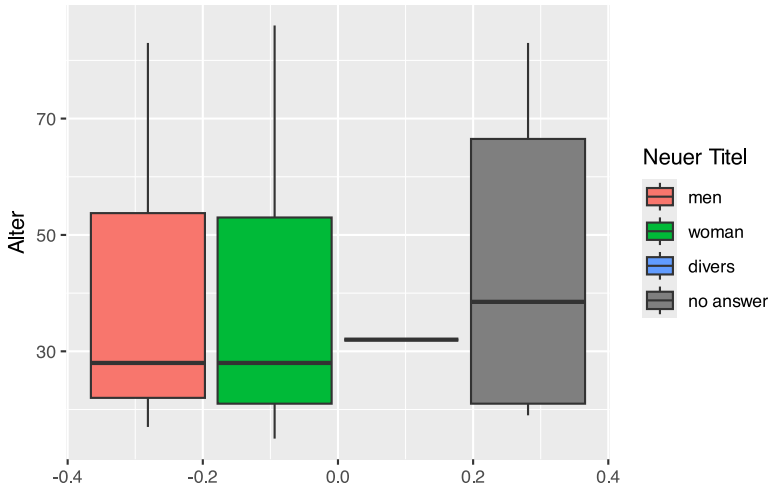
wird die Gruppierung über den Parameter `fill=Geschlecht` erzeugt. Daher muss der Legendentitel mittels `labs(fill="NEU")` geändert werden.

```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        fill= Geschlecht) +
    geom_boxplot() +
    labs(fill="Neuer Titel")
```



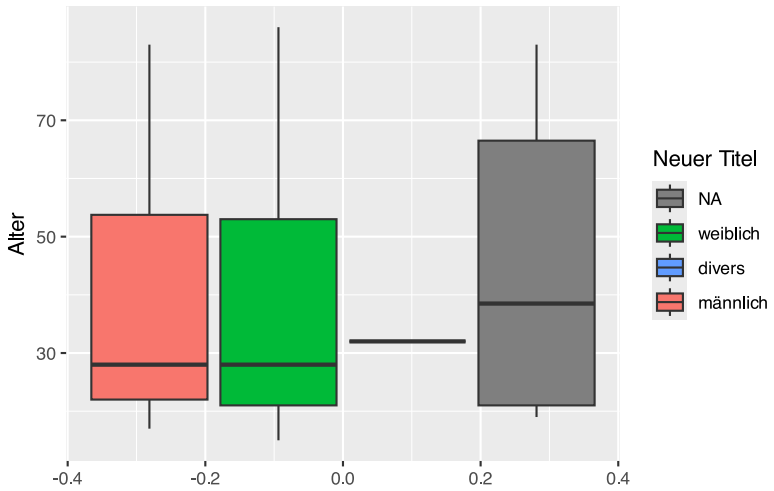

Sollen die **Einträge der Legenbox** geändert werden, kann dies zum einen erfolgen, indem die Levels des Originalfactor entsprechend umgeschrieben werden. Dann ändern sich auch die Einträge in der Legendenbox. Sollte dies keine „gute“ Lösung sein, können die Einträge von Hand über die Funktion `scale_fill_discrete()` überschrieben werden.

```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        fill= Geschlecht) +
    geom_boxplot() +
    labs(fill="Neuer Titel") +
    scale_fill_discrete(labels=c('men', 'woman', 'divers', 'no answer'))
```




Soll die **Reihenfolge der Levelboxelemte** geändert werden, kann ebenfalls auf die Funktion `scale_fill_discrete()` zurückgegriffen werden.

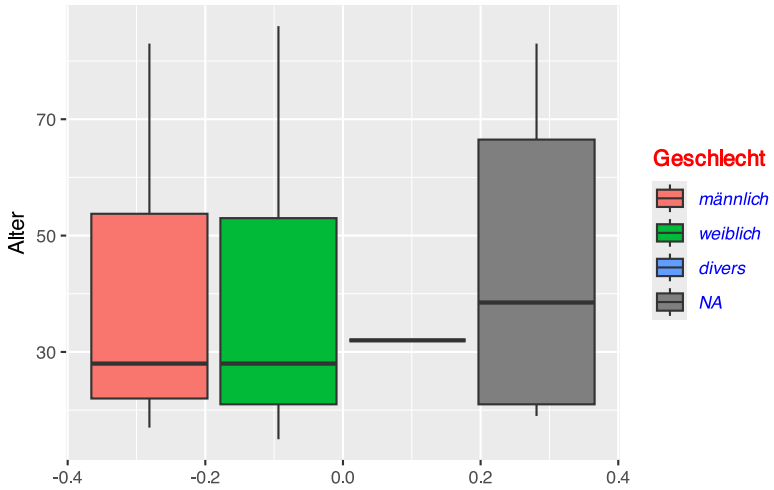
```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        fill= Geschlecht) +
    geom_boxplot() +
    labs(fill="Neuer Titel") +
    scale_fill_discrete(breaks=c(NA, "weiblich", "divers", "männlich"))
```




Die **Schriftarten** der Legendenbox können ebenfalls mit der `theme()`-Funktion verändert werden.

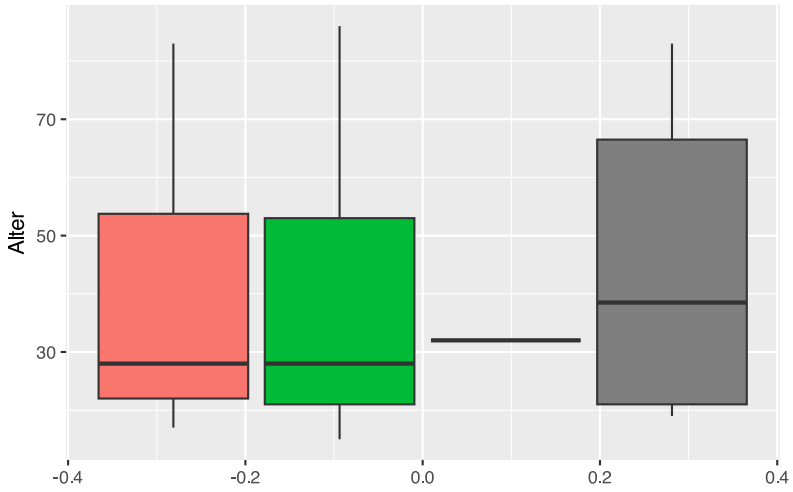
```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        fill= Geschlecht) +
    geom_boxplot() +
```

```
    theme(legend.title = element_text(color="red", face="bold")) +
    theme(legend.text = element_text(color="blue", face="italic"))
```




Soll die Legendenbox vollständig entfernt werden, so geht dies über die Funktion `theme(legend.position = "none")`

```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        fill= Geschlecht) +
    geom_boxplot() +
    theme(legend.position = "none")
```

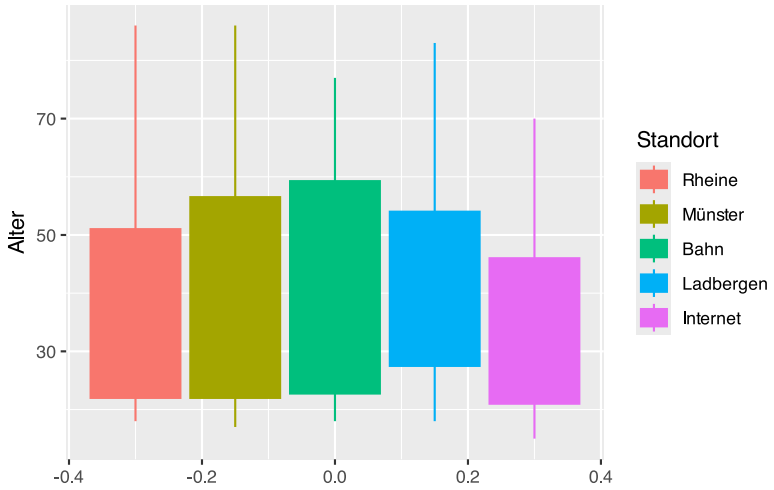



### 36.12.4 Farben

Ohne weitere Angaben verwendet `ggplot()` seine „eingebauten“ Standardfarben.

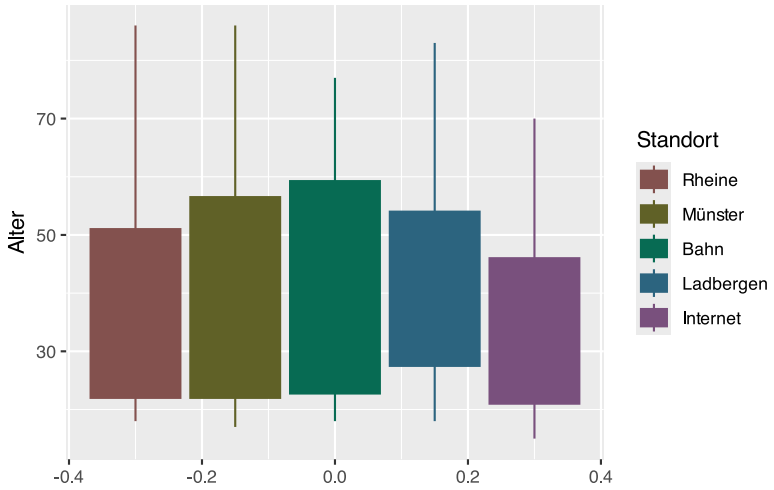
Wenn wir das `Alter` der Probanden nach `Standort` gruppieren, wählt `ggplot()` diese Farben aus:

```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        color= Standort,
        fill= Standort) +
    geom_boxplot()
```



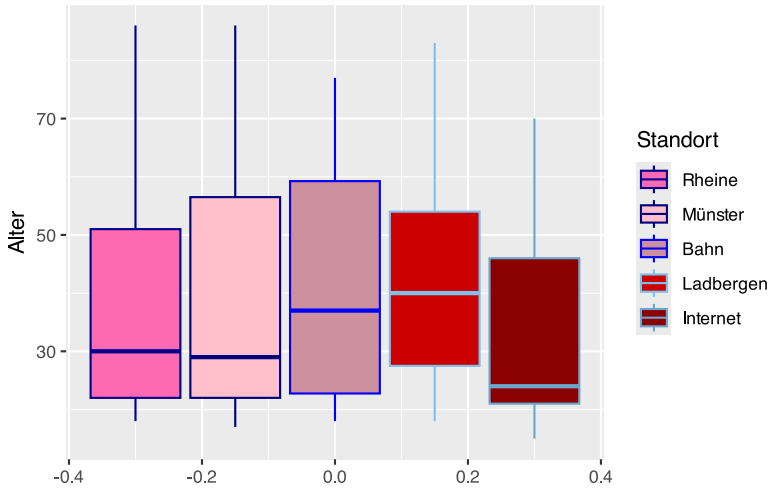

Die Farbintensität und -helligkeit der Standardfarben können über die Funktionen `scale_color_hue()` und `scale_fill_hue()` angepasst werden. Hierbei steht der Parameter `c` für die Farbintensität, und `l` für die Helligkeit.

```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        color= Standort,
        fill= Standort) +
    geom_boxplot() +
    scale_color_hue(l=40, c=35) +
    scale_fill_hue(l=40, c=35)
```




Über die Funktionen `scale_color_manual()` und `scale_fill_manual()` können die Farben manuell ausgewählt werden (eine Liste aller Farbnamen liefert die Funktion `colors()`):

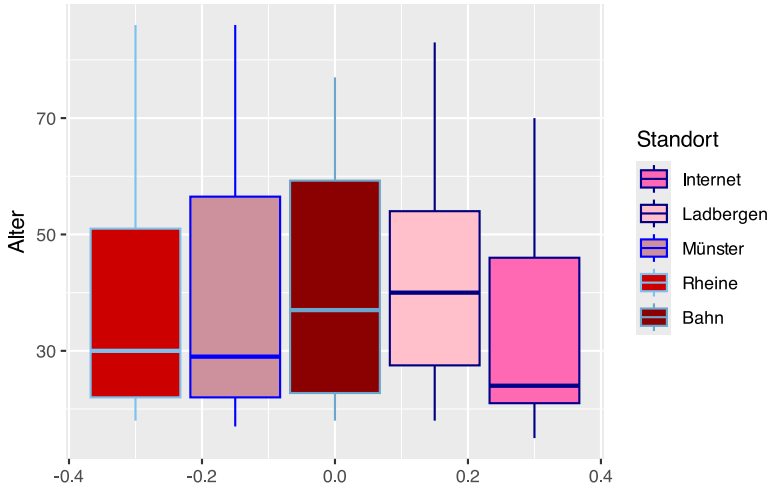
```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        color= Standort,
        fill= Standort) +
    geom_boxplot() +
    scale_color_manual(values=c("darkblue", "navy", "blue",
                                "skyblue2", "skyblue3")) +
    scale_fill_manual(values=c("hotpink", "pink", "pink3",
                               "red3", "red4"))
```




Die Farben können über den `breaks`-Parameter auch direkt den Levelausprägungen zugewiesen werden.

```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
```

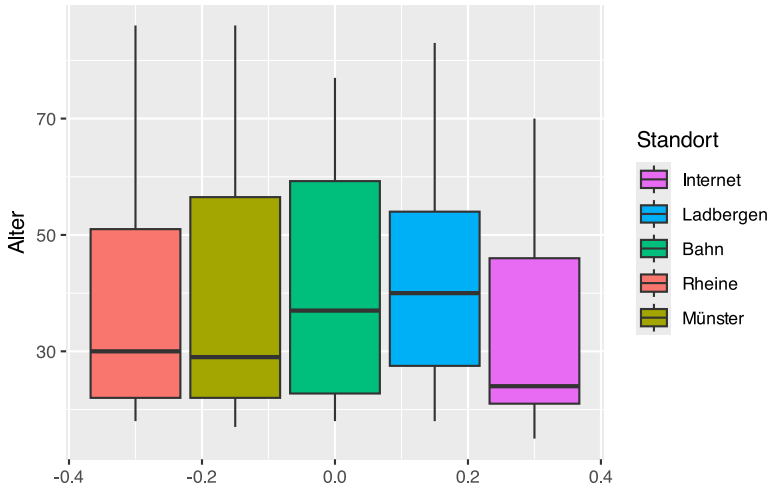
```
        color= Standort,
        fill= Standort) +
    geom_boxplot() +
    scale_color_manual(values=c("darkblue", "navy", "blue",
                                "skyblue2", "skyblue3"),
                       breaks=c("Internet", "Ladbergen", "Münster",
                                "Rheine", "Bahn")) +
    scale_fill_manual(values=c("hotpink", "pink", "pink3",
                               "red3", "red4"),
                      breaks=c("Internet", "Ladbergen", "Münster",
                               "Rheine", "Bahn"))
```




Hierdurch hat sich auch die Reihenfolge der Levelboxelemte geändert.

Soll die Reihenfolge der Levelboxelemte geändert werden, ohne dass eigene Farben definiert werden, kann auf die Funktion `scale_fill_discrete()` zurückgegriffen werden.

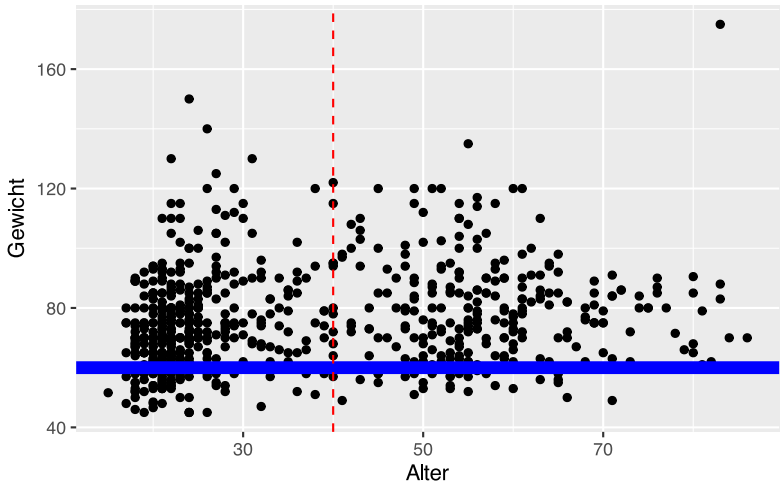
```
pf8 %>%
  ggplot() +
    aes(y = Alter,
        fill= Standort) +
    geom_boxplot() +
    scale_fill_discrete(breaks=c("Internet", "Ladbergen", "Bahn",
                                 "Rheine", "Münster"))
```




### 36.12.5 Linien

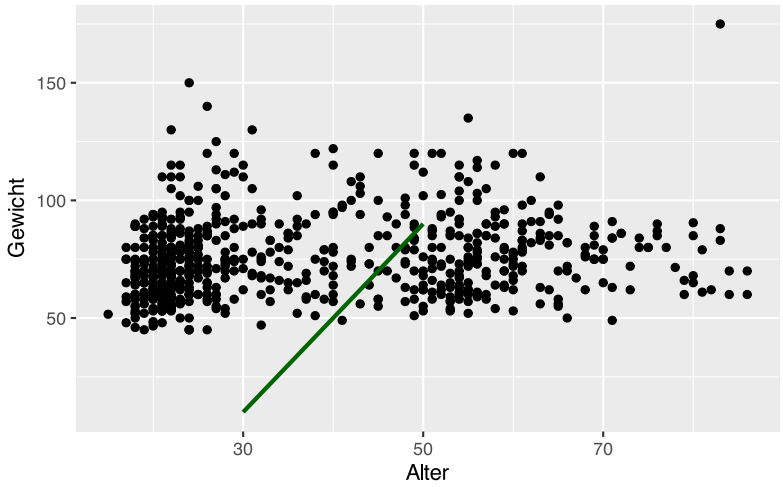
Mit den Funktionen `geom_vline()` und `geom_hline()` können vertikale und horizontale Linien hinzugefügt werden. Mit den Parametern `xintercept` und `yintercept` wird der Schnitt durch die jeweilige Achse festegelegt.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,
      y = Gewicht) +
  geom_point() +
  geom_hline(yintercept = 60,
             linetype = "solid",
             color = "blue",
             size = 3) +
  geom_vline(xintercept=40,
             linetype="dashed",
             color="red")
```



Um zwei beliebige Punkte mit einer Linie zu verbinden, muss zunächst ein Hilfsdatenframe mit den Koordinaten der Punkte erstellt werden. Dieses neue Datenframe wird dann der Funktion `geom_line()` übergeben.

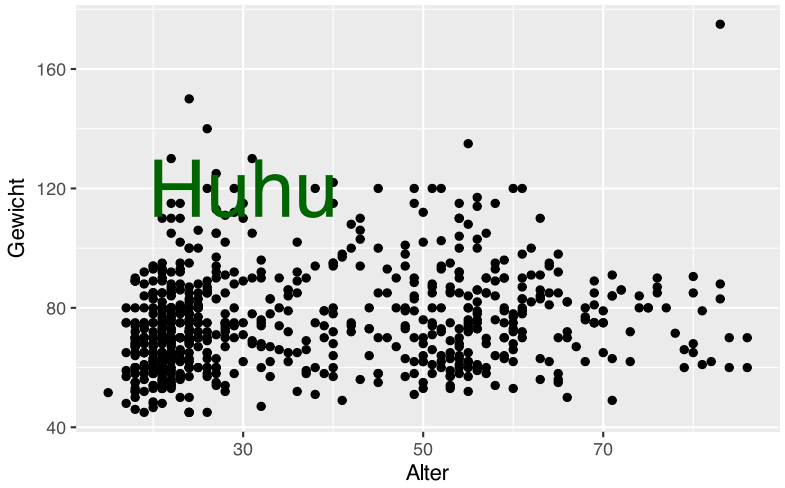
```
# Hilfsdatenframe
strich <- data.frame(x = c(30,50),
                     y = c(10,90))

ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,
      y = Gewicht) +
  geom_point() +
  geom_line(data = strich,
            aes(x=x, y=y),
            color="darkgreen",
            size=1)
```




### 36.12.6 Text

Texte können mit der `annotate()`-Funktion hinzugfügt werden.

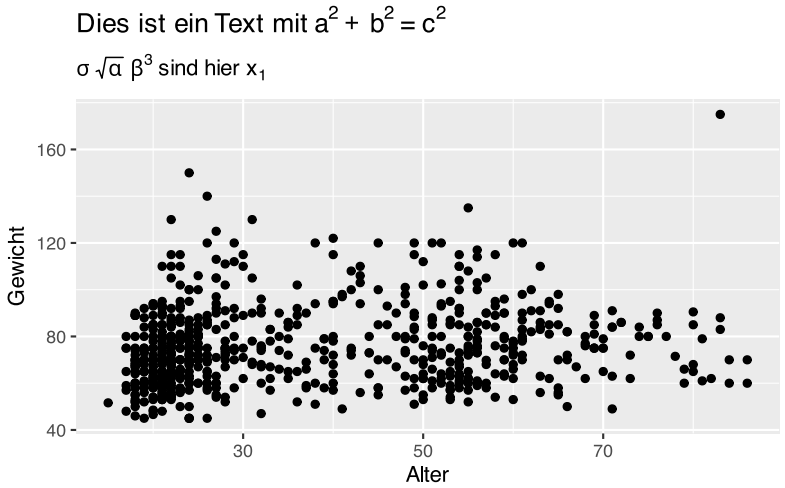
```
ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,
      y = Gewicht) +
  geom_point() +
  annotate(geom="text",
           x=30, y=120,
           label="Huhu",
           color="darkgreen",
           size=14)
```




### 36.12.7 Sonderzeichen

Sonderzeichen und Mathematiksymbole können mittels der `expression()`-Funktion hinzugefügt werden.

```
ggplot(pf8) +
  aes(x = Alter,
      y = Gewicht) +
  geom_point() +
  labs(title = expression("Dies ist ein Text mit"~a^2~+~b^2~"="~c^2),
       subtitle = expression(sigma~sqrt(alpha)~beta^3~"sind hier"~x[1])
       )
```



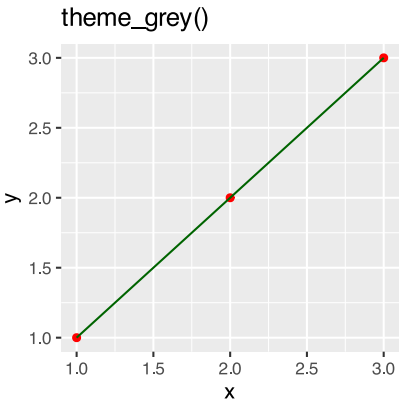

### 36.12.8 Themes

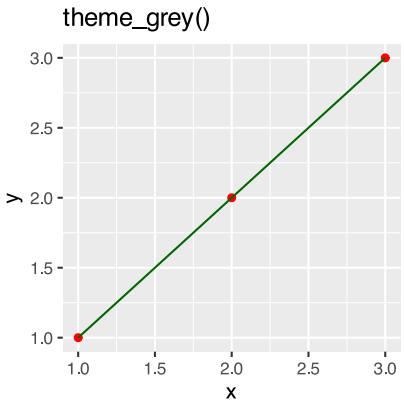
In `ggplot()` sind 8 verschiedene „Themes“ implementiert, die das Aussehen der nicht-datenbezogenen Anteile des Plots festlegen. Das Standardtheme ist `theme_grey()`, die anderen sind:

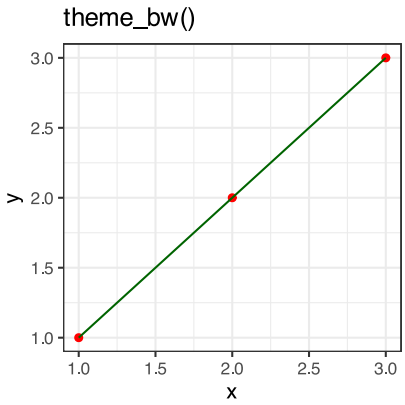
- `theme_bw()`: Eine Variante von `theme_grey()` mit weißem Hintergrund und dünnen grauen Gitterlinien.

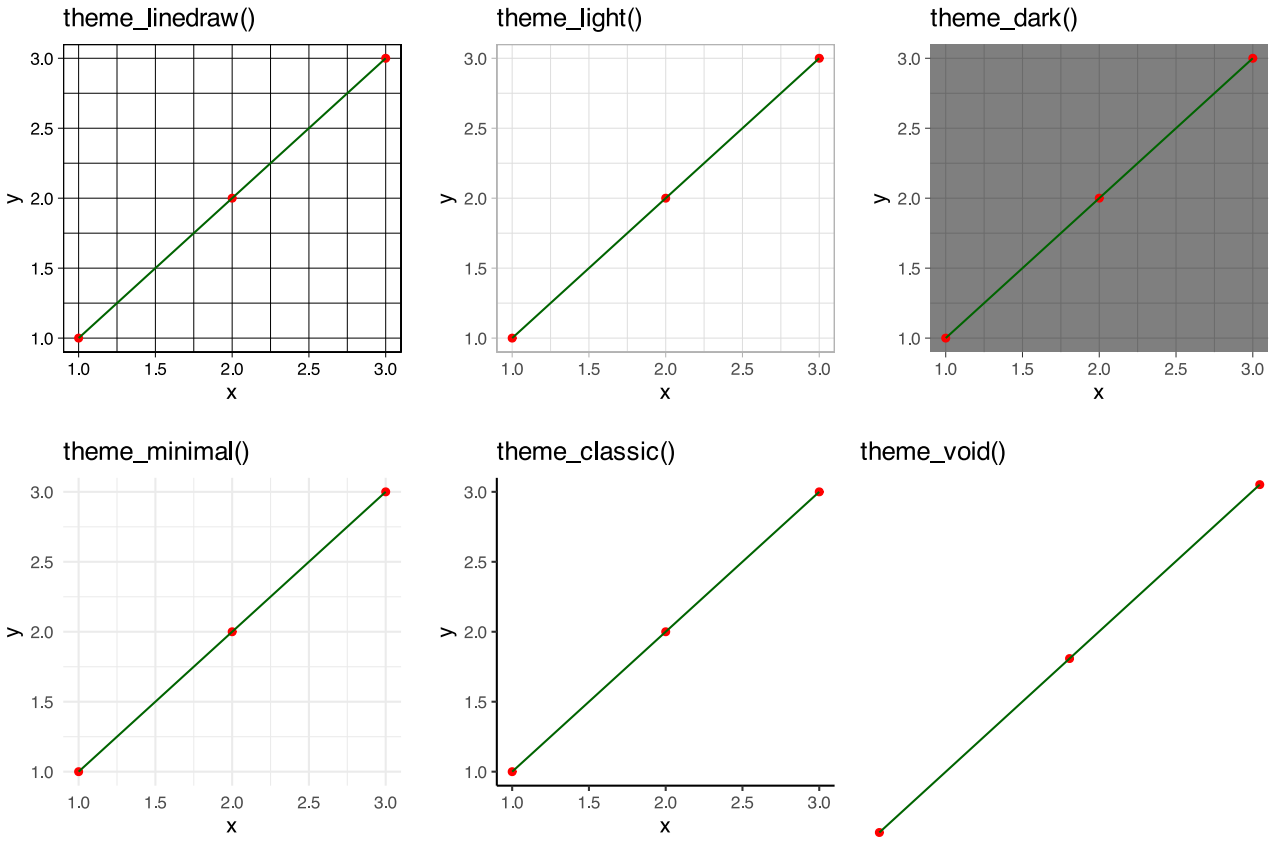
- `theme_linedraw()`: Ein Theme mit nur schwarzen Linien unterschiedlicher Stärke auf weißem Hintergrund, das an eine Zeichnung erinnert.
- `theme_light()`: Ähnlich wie `theme_linedraw()`, aber mit hellgrauen Linien und Achsen, um die Aufmerksamkeit stärker auf die Daten zu lenken.
- `theme_dark()`: Das dunkle Pendant von `theme_light()`, mit ähnlichen Linienstärken, aber dunklem Hintergrund. Nützlich, um dünne farbige Linien hervorzuheben.
- `theme_minimal()`: Ein minimalistisches Theme ohne Hintergrundanmerkungen.
- `theme_classic()`: Ein klassisch aussehendes Theme mit x- und y-Achsen-Linien und ohne Gitterlinien.
- `theme_void()`: Ein vollständig leeres Theme.

```
# dummy Daten
df <- data.frame(x = 1:3, y = 1:3)

# Basisplot
base <- ggplot(df, aes(x, y)) +
  geom_point(color="red") +
  geom_line(color="darkgreen")

# Themepark
base +  ggtitle("theme_grey()")
base + theme_grey() + ggtitle("theme_grey()")
base + theme_bw() + ggtitle("theme_bw()")
base + theme_linedraw() + ggtitle("theme_linedraw()")
base + theme_light() + ggtitle("theme_light()")
base + theme_dark() + ggtitle("theme_dark()")
base + theme_minimal()  + ggtitle("theme_minimal()")
base + theme_classic() + ggtitle("theme_classic()")
base + theme_void() + ggtitle("theme_void()")
```




theme_linedraw()
theme_light()
theme_dark()
theme_minimal()
theme_classic()
theme_void()
x
y
1.0
1.5
2.0
2.5
3.0

# 37 Daten manipulieren

## 37.1 Einer Kreuztabelle Prozentwerte hinzufügen

Ich möchte eine Kreuztabelle ausgeben, die sowohl absolute Häufigkeiten als auch Prozentwerte enthält.

Ich erstelle folgende Kreuztabelle:

```
A <- rep(c("A1", "A2", "A3"), 10)
B <- sample(1:5, size=30, replace=TRUE)
C <- sample(c("ja", "nein"), size=30, replace=TRUE)
df <- data.frame(rbind(table(B, A),
                       table(C, A)))
df
```

```
     A1 A2 A3
1     1  1  3
2     2  1  1
3     3  4  2
4     3  2  3
5     1  2  1
ja    6  8  7
nein  4  2  3
```

Die einzelnen Werte sollen nun mit den jeweiligen Prozentwerten ergänzt werden. Dies kann mit den Funktionen `transmute()` und `across()` erfolgen.

```
df %>%
            # über jede Spalte
  transmute(across(everything(),
                     # x ausgeben und " (x%)" anhängen
                   ~ paste0(.x, " (", round(.x / sum(df), 2) * 100, "%)")
                  )
           )
```

```
          A1       A2       A3
1     1 (2%)   1 (2%)   3 (5%)
2     2 (3%)   1 (2%)   1 (2%)
3     3 (5%)   4 (7%)   2 (3%)
4     3 (5%)   2 (3%)   3 (5%)
5     1 (2%)   2 (3%)   1 (2%)
ja   6 (10%) 8 (13%) 7 (12%)
nein  4 (7%)   2 (3%)   3 (5%)
```

## 37.2 Eine gemeinsame Kreuztabelle mit mehrere Variablen erstellen

Häufig erstellen wir verschiedene Kreuztabellen mit der selben „Gruppierungsvariable“, z.B. `Geschlecht` oder `Kontroll`- vs. `Interventionsgruppe`.

Nehmen wir als Beispiel den Datensatz `pf8`.

```
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pf8.RData"))
# oder
pf8 <- jgsbook::pf8
```

Möchten wir hinsichtlich der Variable `Geschlecht` unterscheiden, würden wir die Kreuztabellen mit anderen Variablen einzeln per `xtab()` oder `table()` erstellen.

```
table(pf8$Standort, pf8$Geschlecht)
```

```
           männlich weiblich divers
  Rheine          90      112      1
  Münster         75      103      0
  Bahn            36       48      0
  Ladbergen       26       17      0
  Internet        60      157      0
```

```
table(pf8$Bildung, pf8$Geschlecht)
```

```
                männlich weiblich divers
  keinen               2        3      0
  Hauptschule         30       26      0
  mittlere Reife      46       53      0
  Ausbildung          10       19      0
  Fachabitur          23       42      0
  Abitur              64       76      0
  Hochschule          50       56      1
```

```
table(pf8$Familienstand, pf8$Geschlecht)
```

```
               männlich weiblich divers
  ledig             125      162      0
  Partnerschaft      56       98      0
  verheiratet        90      136      1
  geschieden          6       23      0
```

```
  verwitwet            5       13      0
  getrennt             4        4      0
```

Eine alternative Vorgehensweise besteht darin, mit der Funktion `lapply()` eine `list` der Kreuztabellen zu erstellen.

```
tbl.list <- lapply(pf8[, c("Standort", "Bildung", "Familienstand")],
                   function(x) xtabs(~ x + pf8$Geschlecht))

tbl.list
```

```
$Standort
           pf8$Geschlecht
x           männlich weiblich divers
  Rheine          90      112      1
  Münster         75      103      0
  Bahn            36       48      0
  Ladbergen       26       17      0
  Internet        60      157      0

$Bildung
                pf8$Geschlecht
x                männlich weiblich divers
  keinen                2        3      0
  Hauptschule          30       26      0
  mittlere Reife       46       53      0
  Ausbildung           10       19      0
  Fachabitur           23       42      0
  Abitur               64       76      0
  Hochschule           50       56      1

$Familienstand
               pf8$Geschlecht
x               männlich weiblich divers
  ledig              125      162      0
  Partnerschaft       56       98      0
  verheiratet         90      136      1
  geschieden           6       23      0
  verwitwet            5       13      0
  getrennt             4        4      0
```

Wir haben Zugriff auf die einzelnen Kreuztabellen per `tbl.list[[1]]` oder `tbl.list[[2]]`.

```
 tbl.list[[3]]
```

```
               pf8$Geschlecht
x               männlich weiblich divers
```

```
  ledig             125      162      0
  Partnerschaft      56       98      0
  verheiratet        90      136      1
  geschieden          6       23      0
  verwitwet           5       13      0
  getrennt            4        4      0
```

### 37.2.1 Zeilen- und Spaltensummen

Mit der Liste können wir nun weiterarbeiten. Zum Beispiel können wir Spalten- und Zeilensummen hinzufügen…

```
lapply(tbl.list, addmargins)
```

```
$Standort
           pf8$Geschlecht
x           männlich weiblich divers Sum
  Rheine          90      112      1 203
  Münster         75      103      0 178
  Bahn            36       48      0  84
  Ladbergen       26       17      0  43
  Internet        60      157      0 217
  Sum            287      437      1 725

$Bildung
                pf8$Geschlecht
x                männlich weiblich divers Sum
  keinen                2        3      0   5
  Hauptschule          30       26      0  56
  mittlere Reife       46       53      0  99
  Ausbildung           10       19      0  29
  Fachabitur           23       42      0  65
  Abitur               64       76      0 140
  Hochschule           50       56      1 107
  Sum                 225      275      1 501

$Familienstand
               pf8$Geschlecht
x               männlich weiblich divers Sum
  ledig              125      162      0 287
  Partnerschaft       56       98      0 154
  verheiratet         90      136      1 227
  geschieden           6       23      0  29
  verwitwet            5       13      0  18
  getrennt             4        4      0   8
  Sum                286      436      1 723
```

### 37.2.2 Prozenttabellen

… oder Prozenttabellen erstellen. Um die Prozentwerte *zeilenweise* zu bilden, muss der Parameter `margin=1` angegeben werden. Für *spaltenweises* Vorgehen gilt `margin=2`.

```
lapply(tbl.list, prop.table, margin=1)
```

```
$Standort
           pf8$Geschlecht
x             männlich    weiblich      divers
  Rheine    0.443349754 0.551724138 0.004926108
  Münster   0.421348315 0.578651685 0.000000000
  Bahn      0.428571429 0.571428571 0.000000000
  Ladbergen 0.604651163 0.395348837 0.000000000
  Internet  0.276497696 0.723502304 0.000000000

$Bildung
                pf8$Geschlecht
x                   männlich    weiblich      divers
  keinen         0.400000000 0.600000000 0.000000000
  Hauptschule    0.535714286 0.464285714 0.000000000
  mittlere Reife 0.464646465 0.535353535 0.000000000
  Ausbildung     0.344827586 0.655172414 0.000000000
  Fachabitur     0.353846154 0.646153846 0.000000000
  Abitur         0.457142857 0.542857143 0.000000000
  Hochschule     0.467289720 0.523364486 0.009345794

$Familienstand
               pf8$Geschlecht
x                  männlich    weiblich      divers
  ledig         0.435540070 0.564459930 0.000000000
  Partnerschaft 0.363636364 0.636363636 0.000000000
  verheiratet   0.396475771 0.599118943 0.004405286
  geschieden    0.206896552 0.793103448 0.000000000
  verwitwet     0.277777778 0.722222222 0.000000000
  getrennt      0.500000000 0.500000000 0.000000000
```

### 37.2.3 Signifikanztests

Zudem können wir Signifikanztests rechnen.

```
lapply(tbl.list, chisq.test)
```

```
$Standort

    Pearson's Chi-squared test

data:  X[[i]]
```

```
X-squared = 26.296, df = 8, p-value = 0.0009347


$Bildung

    Pearson's Chi-squared test

data:  X[[i]]
X-squared = 9.4526, df = 12, p-value = 0.6639


$Familienstand

    Pearson's Chi-squared test

data:  X[[i]]
X-squared = 10.503, df = 10, p-value = 0.3975
```

Wenn wir die Liste in ein Objekt speichern, können wir uns nur die p-Werte ausgeben lassen.

```
chi.list <- lapply(tbl.list, chisq.test)
chi.list[[1]]$p.value
```

```
[1] 0.0009347078
```

### 37.2.4 eine große Kreuztabelle

Zu guter Letzt können wir die einzelnen Kreuztabellen zu einer „großen“ Tabelle vereinen.

```
rbind(tbl.list[[1]],
      tbl.list[[2]],
      tbl.list[[3]])
```

```
              männlich weiblich divers
Rheine              90      112      1
Münster             75      103      0
Bahn                36       48      0
Ladbergen           26       17      0
Internet            60      157      0
keinen               2        3      0
Hauptschule         30       26      0
mittlere Reife      46       53      0
Ausbildung          10       19      0
Fachabitur          23       42      0
Abitur              64       76      0
Hochschule          50       56      1
```

```
ledig              125      162      0
Partnerschaft       56       98      0
verheiratet         90      136      1
geschieden           6       23      0
verwitwet            5       13      0
getrennt             4        4      0
```

```
dummy <- rbind(tbl.list[[1]],
      tbl.list[[2]],
      tbl.list[[3]])
# erzeuge ein Datenframe aus den Zeilennamen und den Werten
dummy <- data.frame( row.names(dummy), dummy )

# lösche die alten Rownames
rownames(dummy) <- NULL
dummy
```

```
   row.names.dummy. männlich weiblich divers
1            Rheine       90      112      1
2           Münster       75      103      0
3              Bahn       36       48      0
4         Ladbergen       26       17      0
5          Internet       60      157      0
6            keinen        2        3      0
7       Hauptschule       30       26      0
8    mittlere Reife       46       53      0
9        Ausbildung       10       19      0
10       Fachabitur       23       42      0
11           Abitur       64       76      0
12       Hochschule       50       56      1
13            ledig      125      162      0
14    Partnerschaft       56       98      0
15      verheiratet       90      136      1
16       geschieden        6       23      0
17        verwitwet        5       13      0
18         getrennt        4        4      0
```

## 37.3 Zeilen und Spalten tauschen

Ich möchte bei meinem Datensatz Zeilen und Spalten vertauschen.

Dies kann mit der Funktion `apply()` gemacht werden. Angenommen das Datenframe `datensatz` sieht wie folgt aus …

```
# lade Testdatensatz datensatz
datensatz <-read.table(url("http://www.produnis.de/R/data/DieDaten.csv"), sep=";",
header=TRUE)
```

```
# zeige "datensaz" an
datensatz
```

```
    Name   Geschlecht Lieblingsfarbe Einkommen
1   Hans    maennlich          gruen      1233
2   Caro     weiblich           blau       800
3   Lars intersexuell           gelb      2400
4   Ines     weiblich        schwarz      4000
5 Samira     weiblich           gelb       899
6  Peter    maennlich          gruen      1100
7  Sarah     weiblich           blau      1900
```

…so tauschen wir Zeilen und Spalten mittels

```
# vertausche Spalten und Zeilen
apply(datensatz, MARGIN=1, FUN=function(x) {x})
```

```
              [,1]        [,2]       [,3]           [,4]       [,5]
Name          "Hans"      "Caro"     "Lars"         "Ines"     "Samira"
Geschlecht    "maennlich" "weiblich" "intersexuell" "weiblich" "weiblich"
Lieblingsfarbe "gruen"    "blau"     "gelb"         "schwarz"  "gelb"
Einkommen     "1233"      " 800"     "2400"         "4000"     " 899"
              [,6]        [,7]
Name          "Peter"     "Sarah"
Geschlecht    "maennlich" "weiblich"
Lieblingsfarbe "gruen"    "blau"
Einkommen     "1100"      "1900"
```

Da die Funktion `apply()` eine Typkonversion in die Klasse `matrix` vornimmt, (und somit alle Datentypen auf den kleinsten gemeinsamen Nenner `character` zurückfallen, siehe die Anführungszeichen im Output) muss bei Bedarf zurück in die Klasse `data.frame` konvertiert werden.

```
# vertausche Spalten und Zeilen
as.data.frame(apply(datensatz, MARGIN=1, FUN=function(x) {x}))
```

```
                    V1       V2          V3       V4       V5        V6
Name              Hans     Caro        Lars     Ines   Samira     Peter
Geschlecht    maennlich weiblich intersexuell weiblich weiblich maennlich
Lieblingsfarbe    gruen     blau        gelb  schwarz     gelb     gruen
Einkommen          1233      800        2400     4000      899      1100
                    V7
Name             Sarah
Geschlecht    weiblich
Lieblingsfarbe    blau
Einkommen         1900
```

## 37.4 binäre Dummy-Variablen zusammenführen

Manchmal liegen Daten in Dummy-Variablen vor. So wird beispielsweise der Beruf einer Person nicht als Ausprägung der Variable `Beruf` gespeichert, sondern es gibt für jeden Beruf eine Dummy-Variable, die „`Ja`“ oder „`Nein`“ enthält, je nachdem, welchen Beruf die Person ausübt.

```
# erzeuge Testdaten
df <- data.frame(
  id = 1:5,
  Busfahrer_in = factor(c("ja", "nein", "nein", "ja", "nein")),
  Aerztin = factor(c("nein", "ja", "nein", "nein", "nein")),
  Lehrer_in = factor(c("nein", "nein", "ja", "nein", "nein")),
  Ingenieur_in = factor(c("nein", "nein", "nein", "nein", "ja"))
)
# anzeigen
df
```

```
  id Busfahrer_in Aerztin Lehrer_in Ingenieur_in
1  1           ja    nein      nein         nein
2  2         nein      ja      nein         nein
3  3         nein    nein        ja         nein
4  4           ja    nein      nein         nein
5  5         nein    nein      nein           ja
```

Die Aufteilung in solche Dummy-Variablen wird beispielsweise gemacht, um logistische Regression zu berechnen.

In manchen Fällen kann es unerwünscht sein, solche Dummys im Datensatz zu haben.

Mit den Funktionen `mutate()` und `case_when()` können die Dummyeinträge in einer neuen Variable vereinigt werden. Das klappt allerdings nur, wenn sich die Dummyeinträge gegenseitig ausschließen (also keine Mehrfachauswahl).

```
# führe Dummys in "Beruf" zusammen
df %>%
  mutate(Beruf = case_when(
                   Busfahrer_in == "ja" ~ "Busfahrer_in",
                   Aerztin == "ja" ~ "Arzt/Ärztin",
                   Lehrer_in == "ja" ~ "Lehrer/in",
                   Ingenieur_in == "ja" ~ "Ingenieur/in")
    )
```

```
  id Busfahrer_in Aerztin Lehrer_in Ingenieur_in        Beruf
1  1           ja    nein      nein         nein Busfahrer_in
2  2         nein      ja      nein         nein  Arzt/Ärztin
3  3         nein    nein        ja         nein    Lehrer/in
4  4           ja    nein      nein         nein Busfahrer_in
5  5         nein    nein      nein           ja Ingenieur/in
```

# 38 Diagramme plotten

Ich möchte Diagramme plotten!

## 38.1 Alle R-Farben

Ich möchte alle Farben, die per `colors()` ausgegeben werden, in eine Übersichtsgrafik plotten.

```
# ggplot laden
library(ggplot2)

# Datenframe vorbereiten
d=data.frame(c=colors(),
             y=seq(0, length(colors())-1)%%66,
             x=seq(0, length(colors())-1)%/%66)
# Alle Farben plotten
p <- ggplot() +
  scale_x_continuous(name="", breaks=NULL, expand=c(0, 0)) +
  scale_y_continuous(name="", breaks=NULL, expand=c(0, 0)) +
  scale_fill_identity() +
  # weisse Boxen für Text
  geom_rect(data=d, mapping=aes(xmin=x,
                                xmax=x+1,
                                ymin=y,
                                ymax=y+1),
            fill="white") +
  # Farbboxen
  geom_rect(data=d, mapping=aes(xmin=x+0.05,
                                xmax=x+0.95,
                                ymin=y+0.5,
                                ymax=y+1,
                                fill=c)) +
  # Farbnamen
  geom_text(data=d, mapping=aes(x=x+0.5, y=y+0.5, label=c),
            colour="black", hjust=0.5, vjust=1, size=3)

# Plot ansehen
p
```

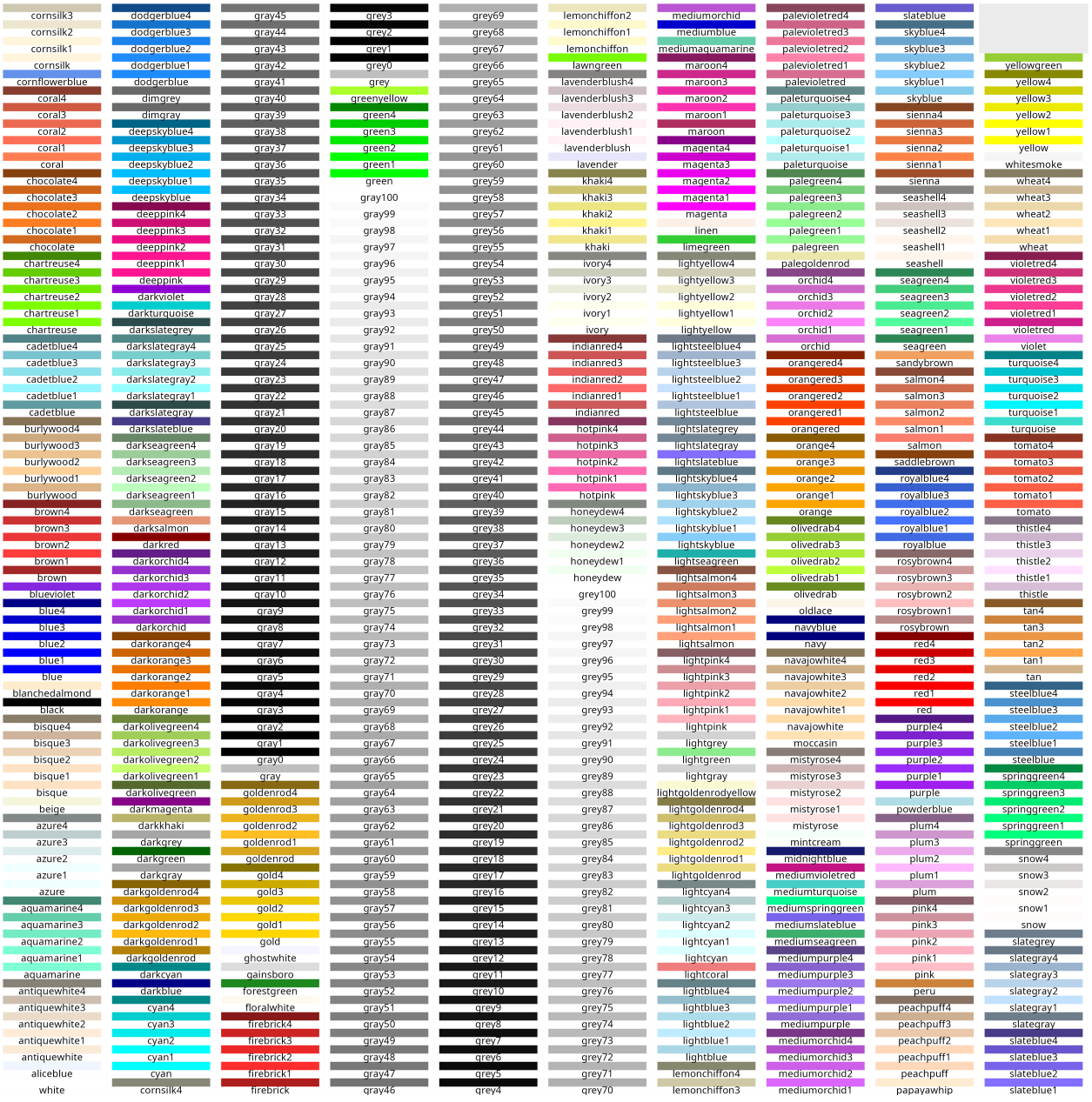


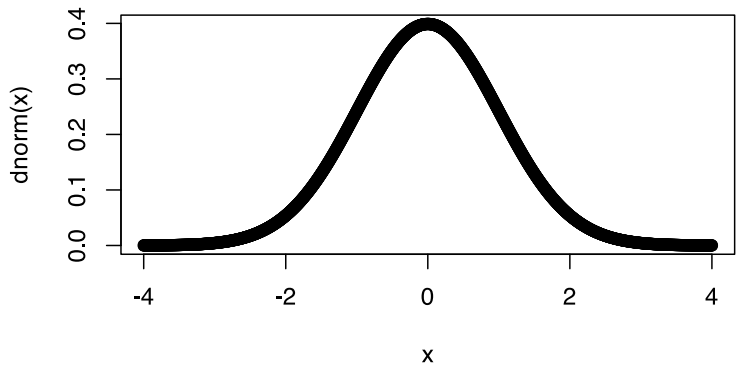

Figure 2: Alle R Farben

```
# Plot speichern
ggsave("rbase-Farben.png",
       plot= p,
       units="px",
       width=4000,
       height=4000,
       dpi=300)
```

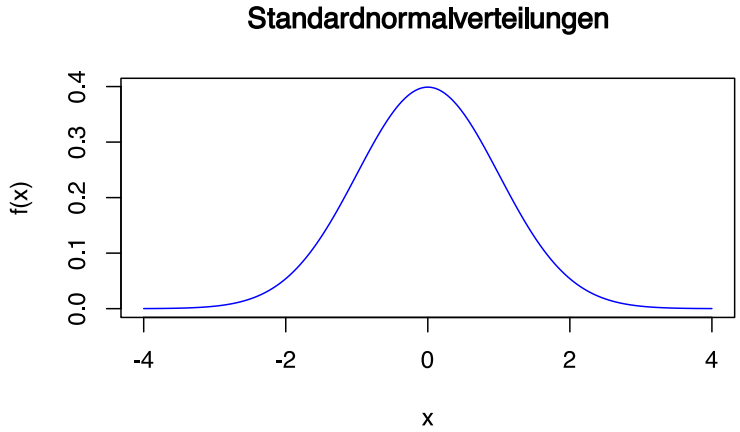
## 38.2 Normalverteilung

Zum Plotten von Normalverteilungen kann man mit der Funktion `plot()` so vorgehen:

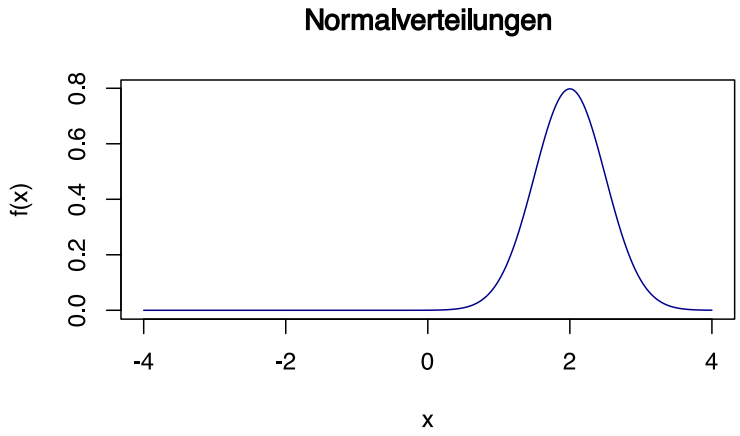
```
# erstelle Werte von -4 bis 4 in 0.005er-Schritten
x <- seq(-4, 4, by=0.005)

# plotte die Standardnormalverteilung
plot(x,dnorm(x))
```



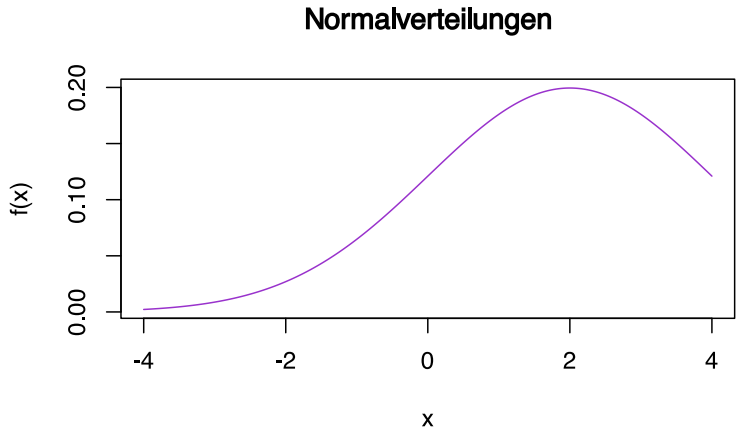

```
# etwas hübscher
plot(x,dnorm(x), col="blue", type="l", xlab="x", ylab="f(x)",
main="Standardnormalverteilungen")
```



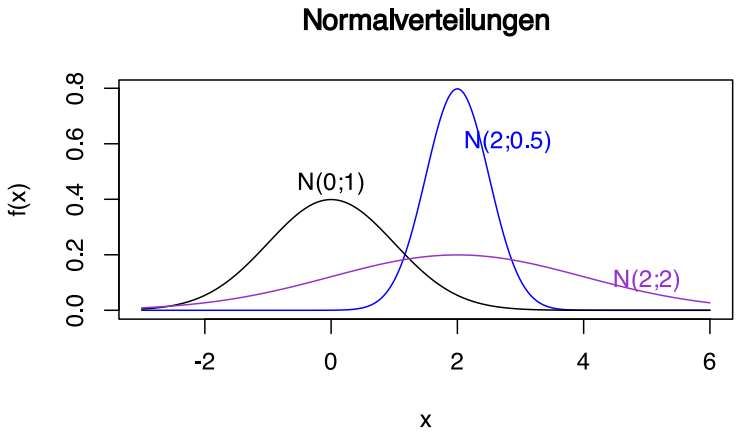

```
# mit Mittelwert 2 und sd = 0,5
plot(x,dnorm(x,mean=2,s=0.5), col="darkblue", type="l", xlab="x", ylab="f(x)",
main="Normalverteilungen")
```




```
# mit Mittelwert 2 und sd = 2
plot(x,dnorm(x,mean=2,s=2), col="darkorchid", type="l", xlab="x", ylab="f(x)",
main="Normalverteilungen")
```

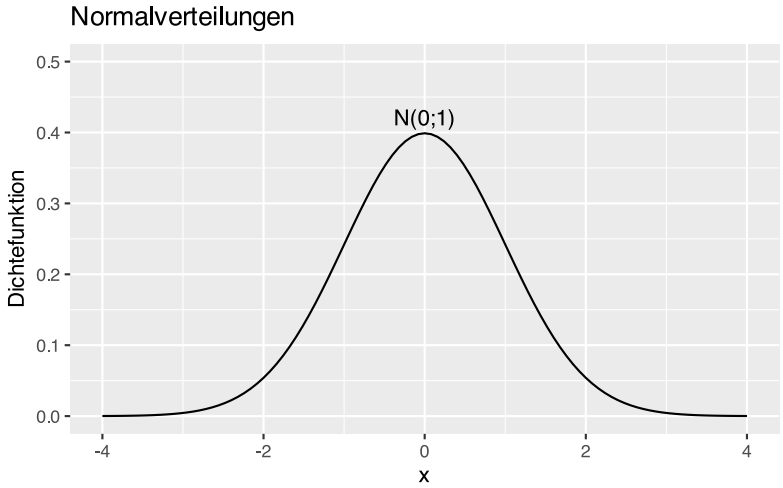



```
# erzeuge neue Werte von -3 bis 6
x <- seq(-3,6, by=0.005)

# Alles zusammen plotten
plot(x,dnorm(x,mean=2,s=0.5), col="blue", type="l",
xlab="x", ylab="f(x)",main="Normalverteilungen")
lines(x,dnorm(x,mean=0,s=1), col="black")
lines(x,dnorm(x,mean=2,s=2), col="darkorchid")
text(0,.45,"N(0;1)")
text(2.8, 0.6, "N(2;0.5)", col="blue")
text(5, 0.1, "N(2;2)", col="darkorchid")
```

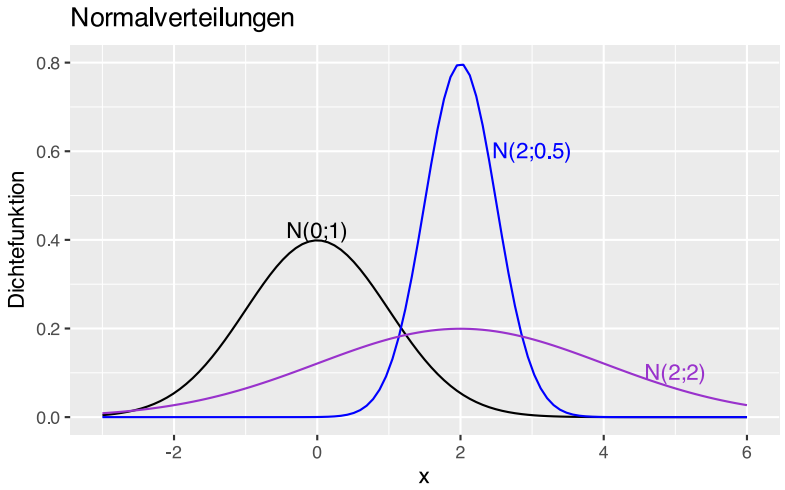



Mit `ggplot` kann es so aussehen:

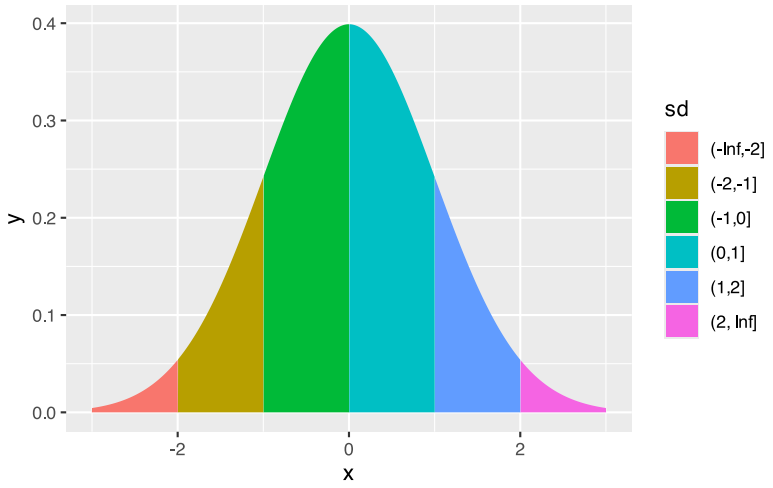
```
# aktiviere ggplot
library(ggplot2)

# erzeuge Werte von -3 bis 3
x <- seq(-3,3, by=0.005)

# übergebe in ein data.frame
df <- data.frame(x)

# ggplot erstellen
p <- ggplot(data=df, aes(x)) +
                     xlim(-4,4) + ylim(0,0.5) +
                     xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
                     ggtitle("Normalverteilungen")
p + stat_function(fun=dnorm, args=(c(mean=0,sd=1)), colour="black")+
    annotate(geom="text", x=0, y=0.42, label="N(0;1)", color="black")
```



```
# erzeuge Werte von -3 bis 6
x <- seq(-3,6, by=0.005)

# übergebe in ein data.frame
df <- data.frame(x)

# ggplot erstellen
p <- ggplot(data=df, aes(x)) +
                     xlim(-3,6) + ylim(0, 0.8) +
                     xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
                     ggtitle("Normalverteilungen")
p + stat_function(fun=dnorm, args=(c(mean=0,sd=1)), colour="black")+
  annotate(geom="text", x=0, y=0.42, label="N(0;1)", color="black")+
  stat_function(fun=dnorm, args=(c(mean=2,sd=0.5)), colour="blue") +
  annotate(geom="text", x=3, y=0.6, label="N(2;0.5)", color="blue")+
  stat_function(fun=dnorm, args=(c(mean=2,sd=2)), colour="darkorchid") +
  annotate(geom="text", x=5, y=0.1, label="N(2;2)", color="darkorchid")
```

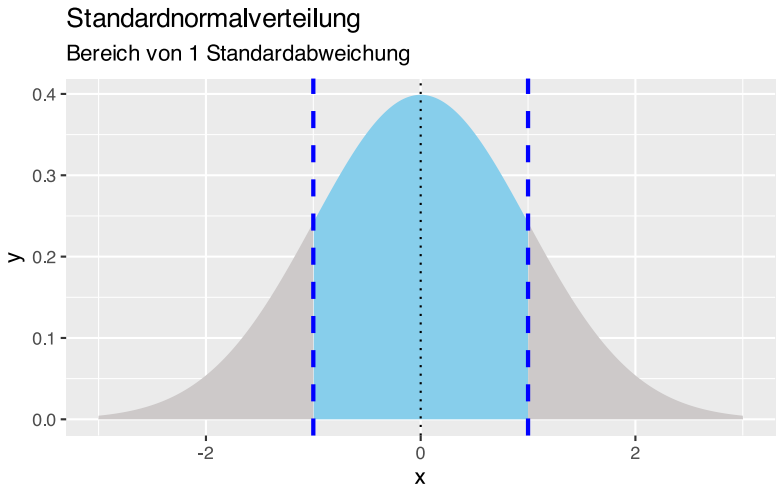



```
# erzeuge X-Werte
df    <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))
# berechne Y-Werte
df$y  <- dnorm(df$x)
# Setze Cuts
df$sd <- cut(df$x, breaks = c(-Inf, 1 *(-2:2), Inf))

# plotte als area
ggplot(df, aes(x, y, fill=sd)) + geom_area()
```



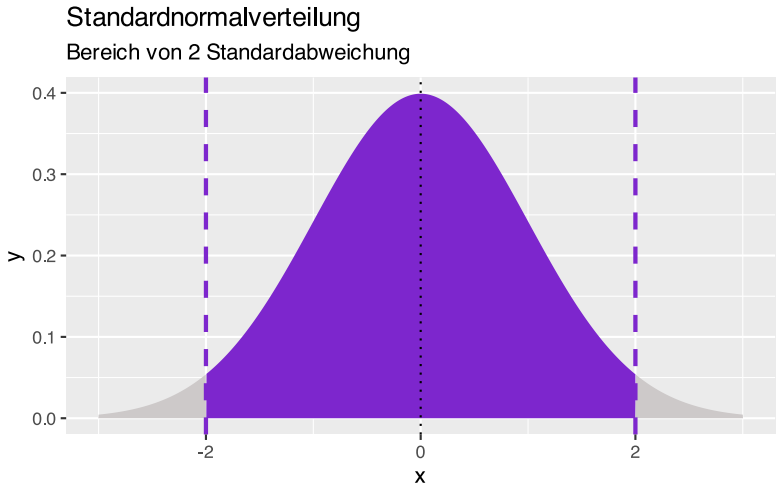

Erzeugen wir den Bereich von 1 Standardabweichung.

```
df <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))
df$y  <- dnorm(df$x)
df$sd <- cut(df$x, breaks = c(-1,1))
df <- rbind(df, data.frame(x=c(-1, 1), y=c(0,0),sd=c(-1,1)))
df$sd <- forcats::fct_explicit_na(df$sd, na_level="x")

ggplot(df, aes(x, y, fill=sd)) +
  ggtitle("Standardnormalverteilung", subtitle = "Bereich von 1 Standardabweichung") +
  geom_area() + theme(legend.position = "none") +
  geom_vline(xintercept=0, linetype="dotted")+
  geom_vline(xintercept=-1, linetype="dashed", col="blue", size=1)+
  geom_vline(xintercept=1, linetype="dashed", col="blue", size=1)+
  scale_fill_manual(name=c("x","(-1,1]"), values=c("skyblue", "snow3"))
```



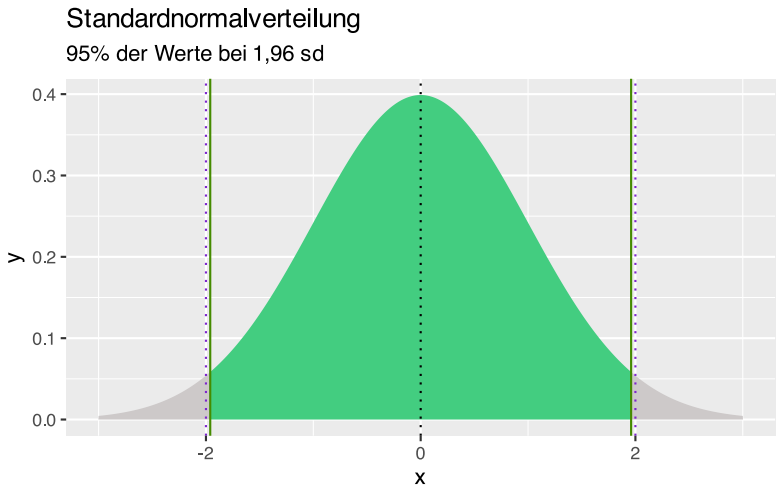

Nun erzeugen wir den Bereich von 2 Standardabweichungen.

```
df    <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))
df$y  <- dnorm(df$x)
df$sd <- cut(df$x, breaks = c(-2,2))
df    <- rbind(df, data.frame(x=c(-2, 2), y=c(0,0),sd=c(-2,2)))
df$sd <- forcats::fct_explicit_na(df$sd, na_level="x")

ggplot(df, aes(x, y, fill=sd)) +
  ggtitle("Standardnormalverteilung", subtitle = "Bereich von 2 Standardabweichung") +
  geom_area() + theme(legend.position = "none") +
  geom_vline(xintercept=0, linetype="dotted")+
  geom_vline(xintercept=-2, linetype="dashed", col="purple3", size=1)+
  geom_vline(xintercept=2, linetype="dashed", col="purple3", size=1)+
  scale_fill_manual(name=c("x","(-2,2]"), values=c("purple3", "snow3"))
```



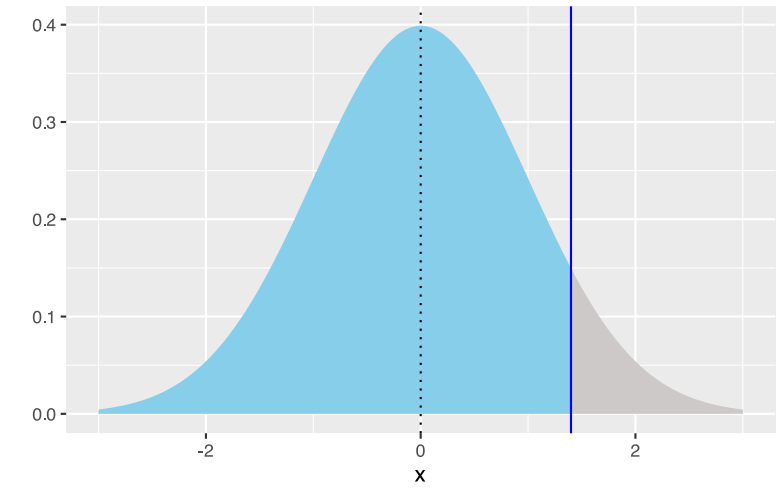

Erzeugen wir die Fläche, in der 95% der Werte liegen, also von 1,96 Standardabweichungen.

```
df    <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))
df$y  <- dnorm(df$x)
df$sd <- cut(df$x, breaks = c(-1.96, 1.96))
df    <- rbind(df, data.frame(x=c(-1.96, 1.96), y=c(0,0),sd=c(-1.96,1.96)))
df$sd <- forcats::fct_explicit_na(df$sd, na_level="x")

ggplot(df, aes(x, y, fill=sd)) +
  ggtitle("Standardnormalverteilung", subtitle = "95% der Werte bei 1,96 sd") +
  geom_area() + theme(legend.position = "none") +
  geom_vline(xintercept=0, linetype="dotted")+
  geom_vline(xintercept=-2, linetype="dotted", col="purple3", size=0.5)+
  geom_vline(xintercept=2, linetype="dotted", col="purple3", size=0.5)+
  geom_vline(xintercept=-1.96, col="chartreuse4", size=0.5)+
  geom_vline(xintercept=1.96, col="chartreuse4", size=0.5)+
  scale_fill_manual(name=c("x","(-1.96,1.96]"), values=c("seagreen3", "snow3"))
```



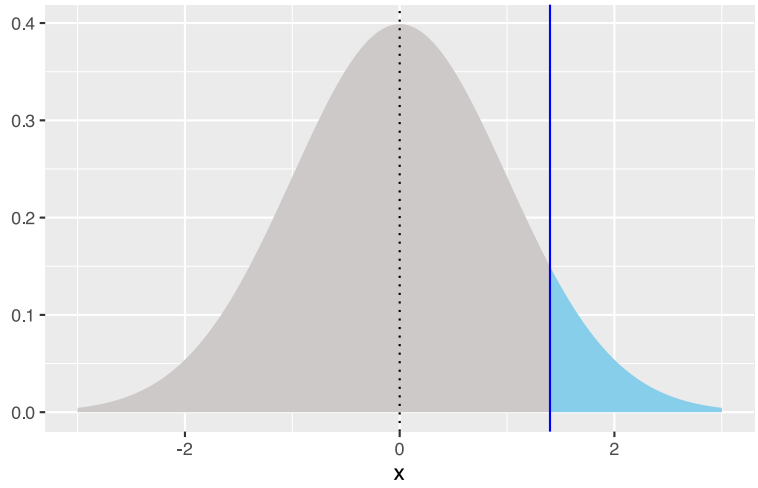

Dieser Code kann für die Erzeugung der Grafiken von Tabelle 4 und Tabelle 5 verwendet werden.

```
df    <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))
df$y  <- dnorm(df$x)
df$sd <- "B"
df$sd[df$x < 1.4] <- "A"

ggplot(df, aes(x, y, fill=sd)) +
  geom_area() + theme(legend.position = "none") +
  geom_vline(xintercept=0, linetype="dotted")+
  geom_vline(xintercept=1.4, col="blue", size=0.5)+
  ylab("") + scale_fill_manual(values=c("skyblue", "snow3"))
```




```
df    <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))
df$y  <- dnorm(df$x)
df$sd <- "B"
df$sd[df$x < 1.4] <- "A"

ggplot(df, aes(x, y, fill=sd)) +
```

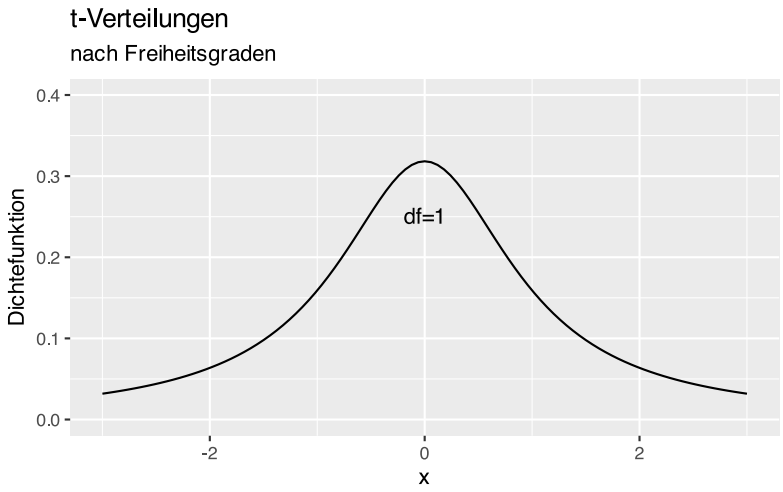
```
  geom_area() + theme(legend.position = "none") +
  geom_vline(xintercept=0, linetype="dotted")+
  geom_vline(xintercept=1.4, col="blue", size=0.5)+
  ylab("") + scale_fill_manual(values=c("snow3", "skyblue"))
```




## 38.3 t-Verteilung

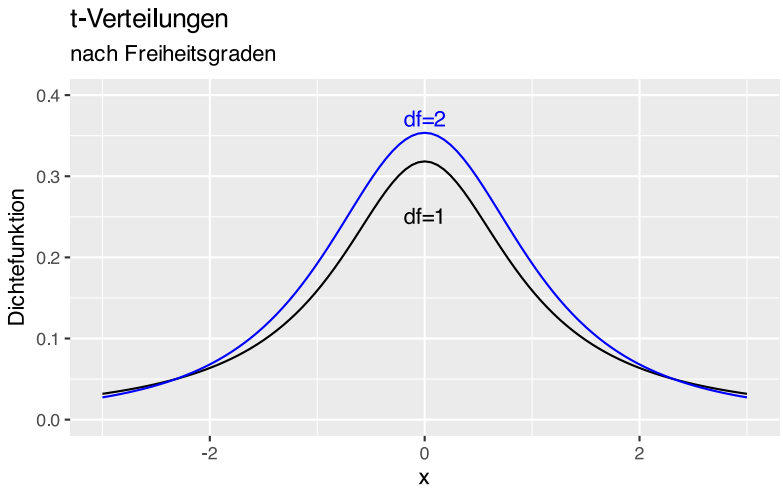
Die t-Verteilung kann mit `ggplot` geplottet werden.

```
# Erzeuge x-werte
df <- data.frame(x=seq(-3,3, by=0.005))

# Grundlegene Plotangaben
p <- ggplot(data=df, aes(x)) +
  # begrenze die Achsen
  xlim(-3,3) + ylim(0, 0.4) +
  # Achsen-Titel
  xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
  # Plot-Titel
  ggtitle("t-Verteilungen", subtitle = "nach Freiheitsgraden")

  # t-Verteilung plotten
p +
  stat_function(fun=dt, args=list(df=1), col="black") +
  # Textfeld hinzufügen
  annotate(geom="text", x=0, y=0.25, label="df=1", color="black")
```




Dem Plott können weitere Freiheitsgrade hinzugefügt werden.

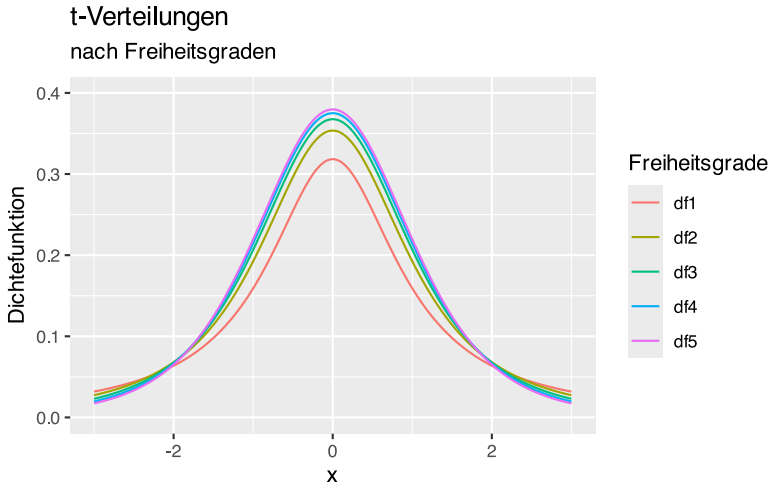
```
# t-Verteilungen plotten
p +
  stat_function(fun=dt, args=list(df=1), col="black") +
  annotate(geom="text", x=0, y=0.25, label="df=1", color="black")+
  stat_function(fun=dt, args=list(df=2), col="blue") +
  annotate(geom="text", x=0, y=0.37, label="df=2", color="blue")
```




Wenn die t-Werte bereits berechnet wurden, kann eine alternative Vorgehensweise so aussehen:

```
# berechne t-Werte für Freiheitsgrade 1 bis 5
x=seq(-3,3, by=0.005)
df <- data.frame(
    x,
    df1 = dt(x,df=1),
    df2 = dt(x,df=2),
    df3 = dt(x,df=3),
    df4 = dt(x,df=4),
```

```
    df5 = dt(x,df=5)
)

# wandle ins Format "long table" um
df <- pivot_longer(df, cols=c(df1, df2, df3, df4, df5))

# grundlegende Ploteinstellungen
p <- ggplot(data=df, aes(x,value)) +
  xlim(-3,3) + ylim(0, 0.4) +
  xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("t-Verteilungen", subtitle = "nach Freiheitsgraden")

# plotte t-Verteilungen
p + geom_line(aes(col=name))+
  labs(col="Freiheitsgrade")
```

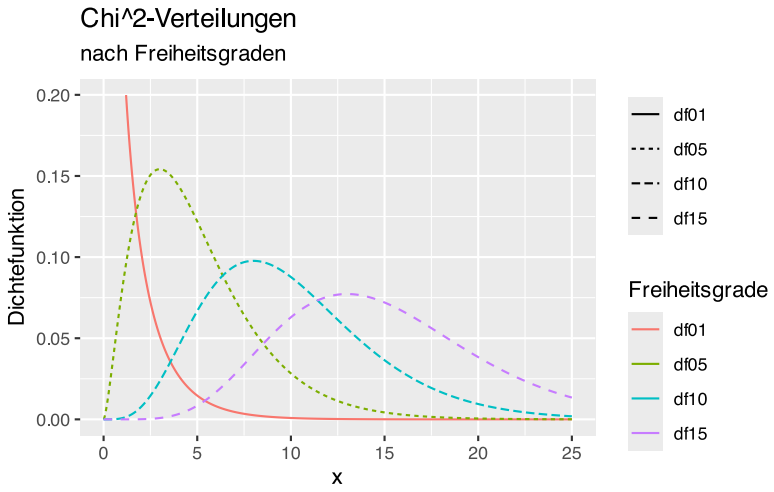



## 38.4 $X^2$-Verteilung

Die $X^2$-Verteilung kann mit `ggplot` geplottet werden.

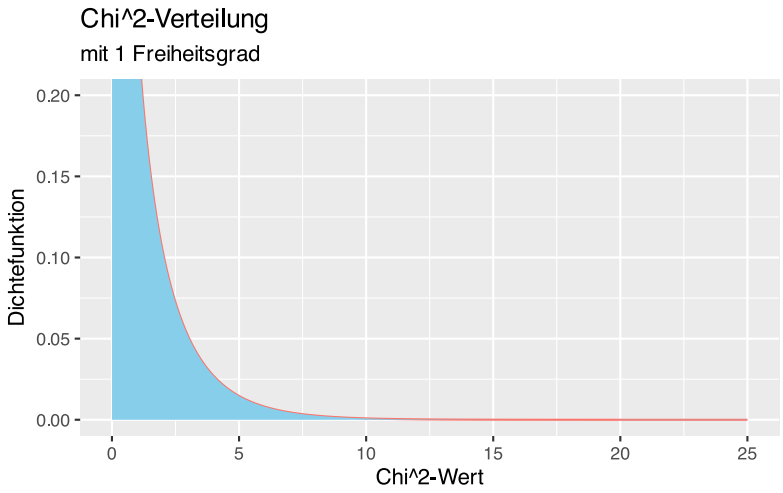
```
# Erzeuge x-werte
x=seq(0,25, by=0.005)
df <- data.frame(  x,
  df01 = dchisq(x, df=1),
  df05 = dchisq(x, df=5),
  df10 = dchisq(x, df=10),
  df15 = dchisq(x, df=15)
)

# erzeuge long-table
df <- pivot_longer(df, cols=c(df01, df05, df10, df15))

p <- ggplot(data=df, aes(x, value, fill=name)) +
  xlim(0,25) + ylim(0, 0.2) +
```

```
  xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("Chi^2-Verteilungen", subtitle = "nach Freiheitsgraden")
p + geom_line(aes(col=name,linetype=name))+
labs(col="Freiheitsgrade",linetype="")
```



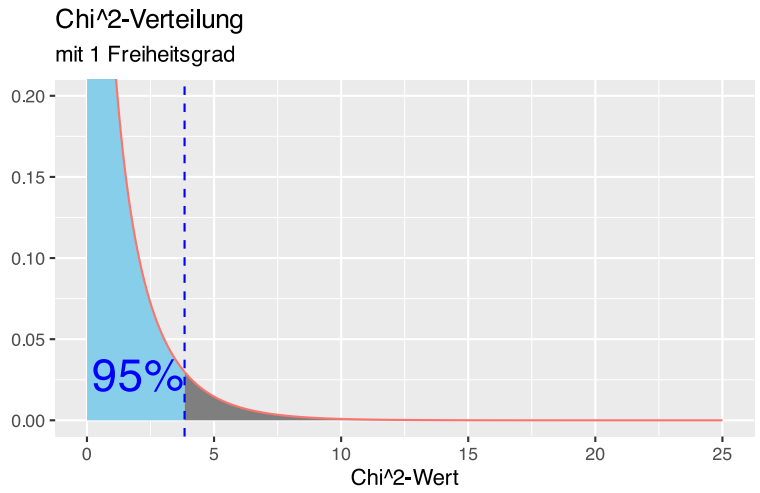

Die Fläche unterhalb der Kurve kann mit `geom_area()` erzeugt werden. Für `df=1` lautet der Aufruf:

```
# erzeuge Dummy-Werte
x=seq(0,25, by=0.005)
# überführe in Datenframe
df <- data.frame(  x, df01 = dchisq(x, df=1))
ggplot(data=df, aes(x, df01)) +
  xlim(0,25)  + coord_cartesian(ylim=c(0, 0.2)) +
  xlab("Chi^2-Wert") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("Chi^2-Verteilung", subtitle = "mit 1 Freiheitsgrad") +
  geom_line(col="#F8766D") +geom_area(fill="skyblue")
```



Ähnlich wie bei der Normalverteilung können wir die Fläche für bestimmte $\chi^2$-Werte einfärben. Bei einem Freiheitsgrad und $\alpha = 0,05$ ergibt sich ein kritischer $\chi^2$-Wert von 3,84. Der Flächenanteil unterhalb dieses Wertes lässt sich wie folgt darstellen:

```
# Dummy-Werte erzeugen
df <- data.frame(x=seq(0.005,25, by=0.005))
# Chi^2-Werte für df=1 erstellen
df$y  <- dchisq(df$x, df=1)
# Grenze bei 3.84 einziehen
df$sd <- cut(df$x, breaks = c(0.00, 3.84))
ggplot(df, aes(x, y, fill=sd)) +
  geom_area() + theme(legend.position = "none") +
  geom_line(aes(col="#F8766D")) +
  xlim(0,25) + coord_cartesian(ylim=c(0, 0.2)) +
  xlab("Chi^2-Wert") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("Chi^2-Verteilung", subtitle = "mit 1 Freiheitsgrad")+
  geom_vline(xintercept=3.84, col="blue", size=0.5, linetype="dashed")+
  ylab("") + scale_fill_manual(values=c("skyblue", "snow3")) +
  annotate(geom="text", x=2, y=0.028, size=8,label="95%", color="blue")
```

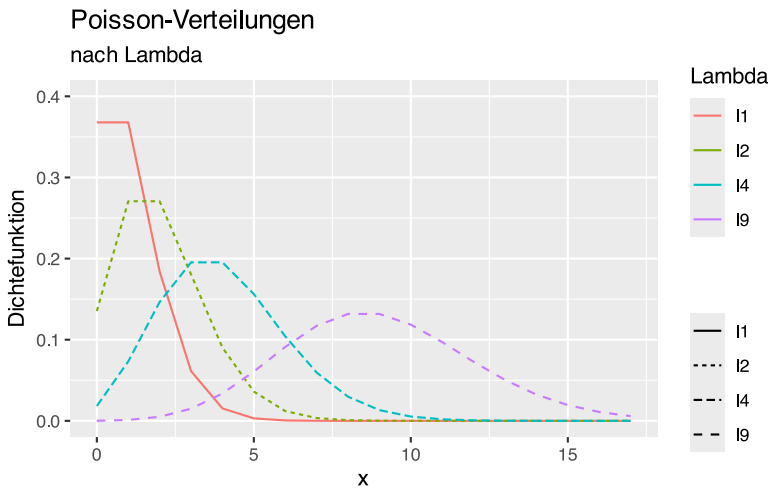



## 38.5 Poisson-Verteilung

Die Poisson-Verteilung kann mit `ggplot` geplottet werden.

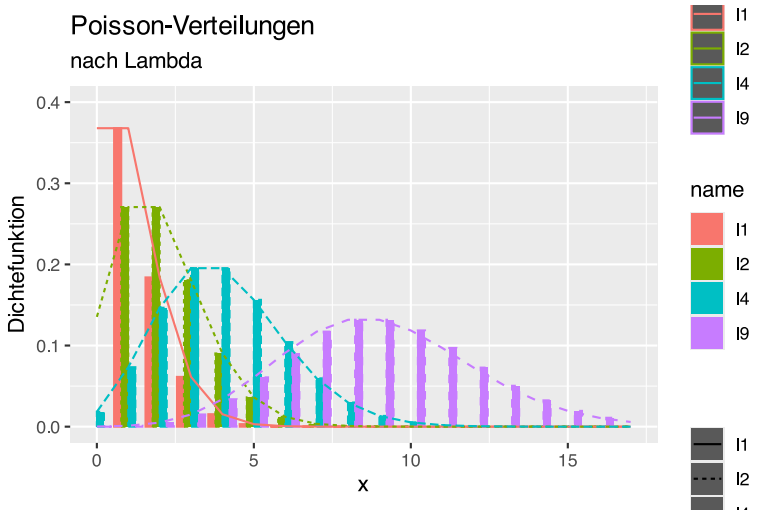
```
# Erzeuge x-Werte
x=seq(0,25)
df <- data.frame(  x,
                   l1 = dpois(x, 1),
                   l2 = dpois(x, 2),
                   l4 = dpois(x, 4),
                   l9 = dpois(x, 9)
)

# erzeuge eine long-table
```

```
df <- pivot_longer(df, cols=c(l1, l2, l4, l9))

# plot vorbereiten
p <- ggplot(data=df, aes(x, value, fill=name)) +
  xlim(0,17) + ylim(0, 0.4) +
  xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("Poisson-Verteilungen", subtitle = "nach Lambda")
p + geom_line(aes(col=name,linetype=name))+
  labs(col="Lambda",linetype="")
```



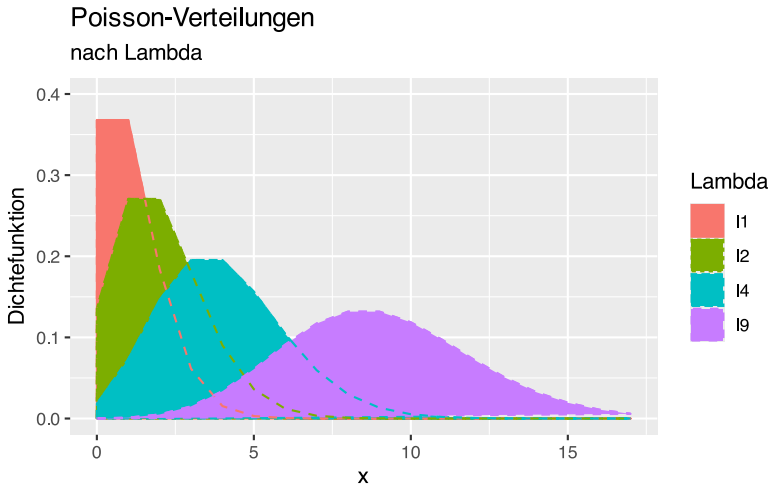

Da wir die Plot-Grundlagen in `p` gespeichert haben, können wir ergänzen:

```
p + geom_bar(aes(col=name,linetype=name), stat="identity", position="dodge")+
   geom_line(aes(col=name,linetype=name))+
  labs(col="Lambda",linetype="")
```




Möchte man einen Polygonzug, müssen als Ausgangspunkt die Koordinaten (0,0) festegelegt werden.

```
x=seq(0,25)#, by=0.005)
df <- data.frame(  x=c(0,x),
                   l1 = c(0, dpois(x, 1)),
                   l2 = c(0, dpois(x, 2)),
                   l4 = c(0, dpois(x, 4)),
                   l9 = c(0, dpois(x, 9))
)
df <- pivot_longer(df, cols=c(l1, l2, l4, l9))

p <- ggplot(data=df, aes(x, value, fill=name)) +
  xlim(0,17) + ylim(0, 0.4) +
  xlab("x") + ylab("Dichtefunktion") +
  ggtitle("Poisson-Verteilungen", subtitle = "nach Lambda")
p + geom_polygon(aes(col=name,linetype=name))+
  geom_line(aes(col=name),linetype="dashed")+
  labs(col="Lambda", fill="Lambda", linetype="Lambda")
```




## 38.6 BMI-Gewichtskategorien

Wir benötigen eine Übersichtsgrafik, aus der hervorgeht, in welcher BMI-Klasse sich ein Patient in Abhängigkeit von Körpergröße und Körpergewicht befindet.

Erzeugen wir zunächst unsere Daten.

```
# BMI-Gewichtsklassen
Gewichtsklassen <- c(0, 18.5, 25, 30, 35, 40, 100)
# Schöne Farben
Farben <- c("skyblue4", "darkgreen", "yellow", "orange", "red", "darkred", "black")
# 100 Körpergrößen von 1,4m bis 2,2m
Koerpergroesse <- seq(1.4, 2.2, length = 100)

# Funktion um das BMI-Grenzgewicht pro Klasse
# für jede Körpergröße zu bestimmen
bmi.k <- function(groesse, konstant) {
```

```
  return(groesse^2 * konstant)
}
```

### 38.6.1 R base

Wir erzeugen das Diagramm mit der `plot()`-Funktion, wobei wir die Klassen als Polygone einzeichnen.

Ein Polygon wird so gezogen, als würden wir es mit einem Stift auf Papier zeichnen, ohne den Stift dabei abzusetzen. Das heisst, wir müssen „hin und zurück“ zeichnen. Wir beginnen unten links, zeichnen von dort nach rechts, dann nach oben, und von dort wieder zurück nach links und wieder hinunter.

Für die Körpergröße (x-Achse) bedeutet das, dass wir die Körpergrößen in umgekehrter Reihenfolge an die „Originalreihe“ kleben müssen, um wieder „zurück“ zum Ausgangspunkt zu kommen.

```
Gross <- c(Koerpergroesse, rev(Koerpergroesse))
```

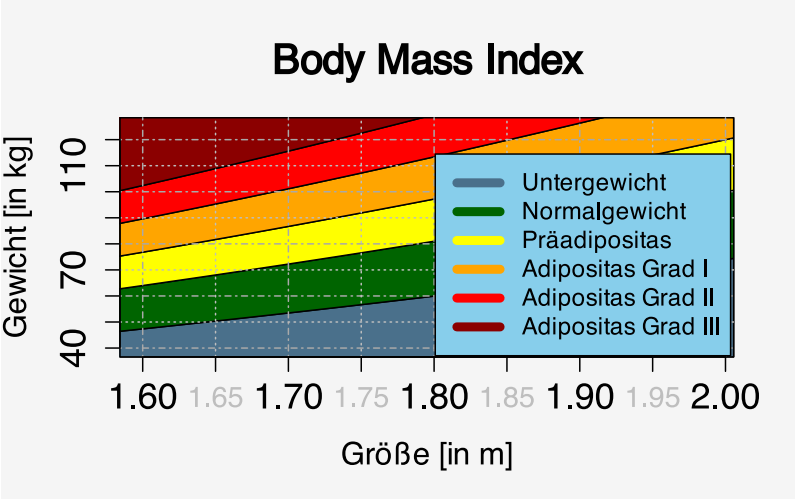
Für die Klassengrenzen (y-Achse) benötigen wir für das „Zurückkehren“ die Werte der *nächsten* Klasse in umgekehrter Reihenfolge.

```
# Berechne alle Klassengrenzen
Klasse1 <- c(bmi.k(Koerpergroesse, Gewichtsklassen[1]), rev(bmi.k(Koerpergroesse,
Gewichtsklassen[2])))
Klasse2 <- c(bmi.k(Koerpergroesse, Gewichtsklassen[2]), rev(bmi.k(Koerpergroesse,
Gewichtsklassen[3])))
Klasse3 <- c(bmi.k(Koerpergroesse, Gewichtsklassen[3]), rev(bmi.k(Koerpergroesse,
Gewichtsklassen[4])))
Klasse4 <- c(bmi.k(Koerpergroesse, Gewichtsklassen[4]), rev(bmi.k(Koerpergroesse,
Gewichtsklassen[5])))
Klasse5 <- c(bmi.k(Koerpergroesse, Gewichtsklassen[5]), rev(bmi.k(Koerpergroesse,
Gewichtsklassen[6])))
Klasse6 <- c(bmi.k(Koerpergroesse, Gewichtsklassen[6]), rev(bmi.k(Koerpergroesse,
Gewichtsklassen[7])))
Klasse7 <- c(bmi.k(Koerpergroesse, Gewichtsklassen[7]), rev(bmi.k(Koerpergroesse,
Gewichtsklassen[8])))
```

Jetzt können wir das Diagramm plotten.

```
# Plotparameter festlegen
par(bg="whitesmoke")
plot(Koerpergroesse, bmi.k(Koerpergroesse, 18), type="n",
     xlim=c(1.60, 1.99), ylim=c(40, 125),
     xaxt="n", yaxt="n",
     cex.axis=1.4, cex.lab=1.3, cex.main=1.7,
     xlab="Größe [in m]", ylab="Gewicht [in kg]", main="Body Mass Index")

# Polygone der Gewichtsklassen einzeichnen
polygon(Gross, Klasse1, col=Farben[1])
polygon(Gross, Klasse2, col=Farben[2])
```

```
polygon(Gross, Klasse3, col=Farben[3])
polygon(Gross, Klasse4, col=Farben[4])
polygon(Gross, Klasse5, col=Farben[5])
polygon(Gross, Klasse6, col=Farben[6])
polygon(Gross, Klasse7, col=Farben[7])

# graues Gitter
box()
grid(lty="dotdash" ,col="darkgrey")
abline(v=seq(1.65, 1.95, by=0.1), h=seq(50, 110, by=20), lty="dotted", col="grey")

# Legendenbox
legend(x="bottomright", inset=0.005,
       legend=c("Untergewicht", "Normalgewicht", "Präadipositas",
                "Adipositas Grad I", "Adipositas Grad II", "Adipositas Grad III"),
       col=Farben, lwd=6, bg="skyblue")

# X-Achse in Groß
axis(1, at=format(seq(1.60, 2, by=0.1), nsmall=2),
     labels=format(seq(1.60, 2, by=0.1), nsmall=2), cex.axis=1.5)
# X-Achse Zwischenschritte in Klein und Grau
axis(1, at=seq(1.65, 2, by=0.1), cex.axis=1.2, col.axis="grey")
# Y-Achse Ticks
axis(2, at=seq(40, 120, by=10), cex.axis=1.5)
```




### 38.6.2 ggplot()

Schauen wir nun, wie wir das Diagramm mit ggplot() zeichnen würden. Dafür müssen wir die Daten zunächst als „long table“ schreiben (siehe Abschnitt 25). Wie Sie evtl. im obigen Beispiel bemerkt haben, kommt Klasse7 in den Plotdimensionen gar nicht vor, daher lassen wir sie direkt weg.

```
# bereite "long table" vor
df1 <- data.frame(Gross, Wert=Klasse1, BMI="Untergewicht")
df2 <- data.frame(Gross, Wert=Klasse2, BMI="Normalgewicht")
```

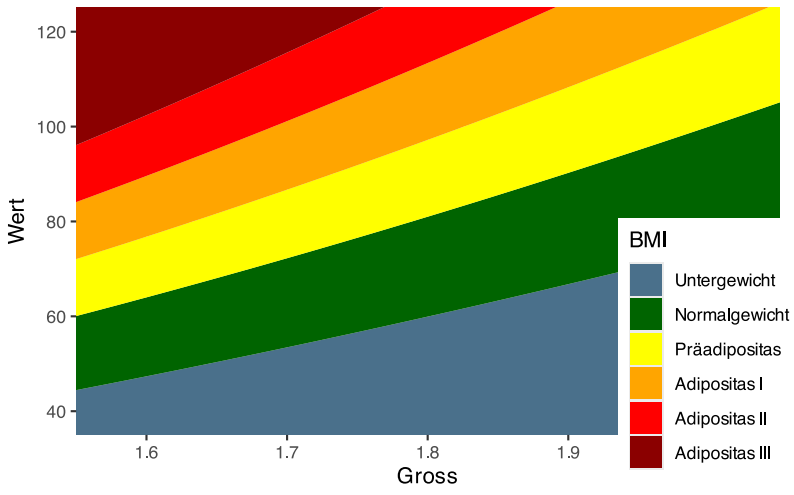
```
df3 <- data.frame(Gross, Wert=Klasse3, BMI="Präadipositas")
df4 <- data.frame(Gross, Wert=Klasse4, BMI="Adipositas I")
df5 <- data.frame(Gross, Wert=Klasse5, BMI="Adipositas II")
df6 <- data.frame(Gross, Wert=Klasse6, BMI="Adipositas III")
# schreibe alles ins Datenframe df
df <- rbind(df1, df2, df3, df4, df5, df6)
df$BMI <- factor(df$BMI, ordered = TRUE,
                 levels=c("Untergewicht", "Normalgewicht", "Präadipositas",
                          "Adipositas I", "Adipositas II", "Adipositas III"))
```

Das geht auch auf diese Weise:

```
df <- data.frame(Gross=rep(Gross, 6),
                 Wert=c(Klasse1, Klasse2, Klasse3, Klasse4, Klasse5, Klasse6),
                 BMI=factor(c(rep("Untergewicht", 200), rep("Normalgewicht", 200),
                              rep("Präadipositas", 200), rep("Adipositas I", 200),
                              rep("Adipositas II", 200), rep("Adipositas III", 200)),
                            ordered=TRUE,
                            levels=c("Untergewicht", "Normalgewicht", "Präadipositas",
                                     "Adipositas I", "Adipositas II", "Adipositas III")
                            )
                 )
```

Nun können wir die Daten an `ggplot()` übergeben.

```
## Plotten mittels ggplot
library(ggplot2)
ggplot(df) + aes(x=Gross, y=Wert, fill=BMI) +
  geom_polygon()+
  coord_cartesian(xlim = c(1.55, 2.05), ylim = c(35, 125), expand = FALSE)+
  scale_fill_manual(values = Farben) +
  theme(legend.position = c(0.9, 0.2))
```



#### 38.6.2.1 Alternative

Eine alternative Lösung kann mit `geom_contour_filled()` erreicht werden. Dieses Geom kennt außer `x` und `y` noch eine zusätzliche virtuelle `z`-Achse. Wenn wir das Gewicht auf der `y`-Achse darstellen wollen, und die Körpergröße auf der `x`-Achse, so können wir auf der virtuellen `z`-Achse den jeweils dazugehörigen BMI-Wert angeben. Dem Geom `geom_contour_filled()` können wir dann über den `breaks`-Parameter die BMI-Grenzwerte mitteilen, und die jeweiligen Bereiche manuell einfärben.

Zunächst erzeugen wir mittels `expand.grid()` eine Tabelle mit Kombinationen von Körpergröße und Gewicht.

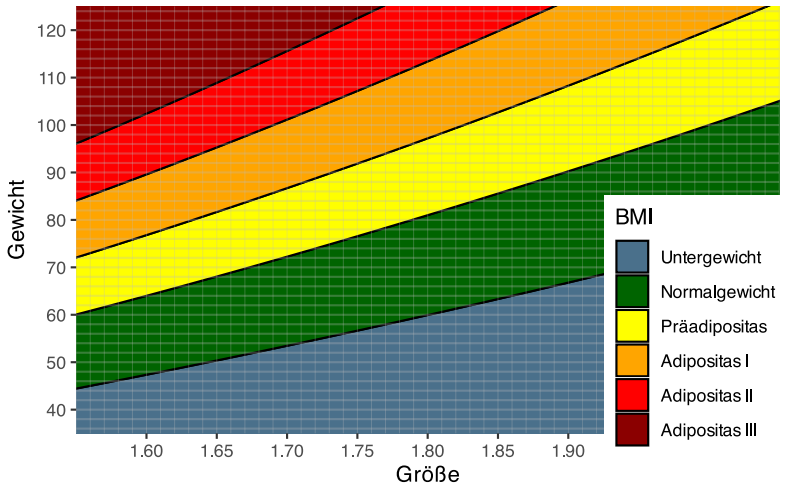
```
# erzeuge alle Kombinationen von
# Körpergröße und Gewicht
df <- expand.grid(Gewicht = seq(30, 130, 0.1),
                  Größe = seq(1.5, 2.1, 0.01))
# erste Zeilen anzeigen
head(df)
```

```
  Gewicht Größe
1    30.0   1.5
2    30.1   1.5
3    30.2   1.5
4    30.3   1.5
5    30.4   1.5
6    30.5   1.5
```

Jetzt können wir `ggplot()` wie folgt aufrufen:

```
library(ggplot2)
ggplot(df) +
  aes(Größe, Gewicht) +
  # berechne für "z" den BMI (kg/m^2)
  geom_contour_filled(aes(z = Gewicht/Größe^2),
                      # schwarzer Rahmen
                      color = "black",
                      # BMI Grenzwerte
                      breaks = c(0, 18.5, 25, 30, 35, 40, 100)) +
  # manuell umfärben und umbenennen
  scale_fill_manual("BMI",
                    values = rev(c("#8b0000", "red", "#ffa500", "yellow",
                                   "#006400", "#4a708b")),
                    labels=c("Untergewicht", "Normalgewicht", "Präadipositas",
                             "Adipositas I", "Adipositas II", "Adipositas III")) +
  # Plot-Dimensionen festlegen
  coord_cartesian(xlim = c(1.55, 2.05),
                  ylim = c(35, 125),
                  expand = FALSE) +
  # X-Ticks
  scale_x_continuous(breaks = seq(1.6, 2.0, 0.05)) +
  #Y-Ticks
  scale_y_continuous(breaks = seq(40, 120, 10) )+
```

```
  # legendenbox innerhalb des Plots platzieren
  theme(legend.position = c(0.88, 0.25)) +
  # Graues Gitter per vline und hline hinzufügen
  geom_vline(xintercept = seq(1.55, 2.05, 0.01),
             linetype = "solid",
             color = "gray",
             size = 0.1,
             alpha=0.3) +
  geom_hline(yintercept=seq(36, 124, 2),
             linetype="solid",
             color="gray",
             alpha=0.3)
```

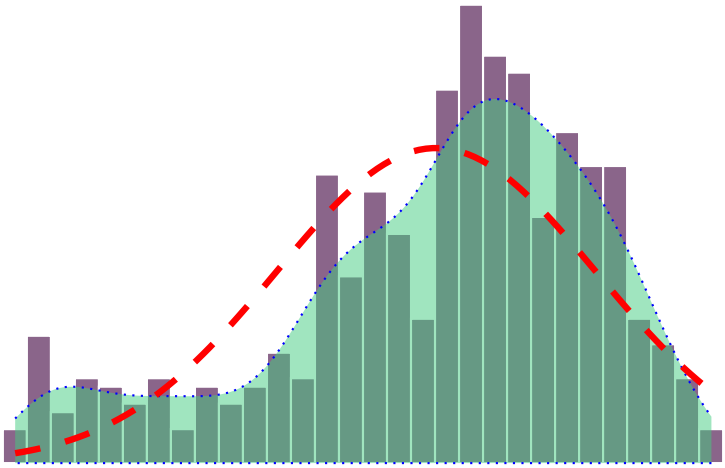



## 38.7 Wie hast du das Titelbild erzeugt?

Das Titelbild ist mit der Altersverteilung aus dem `epa`-Datensatz erstellt.

```
# datensatz laden
epa <- jgsbook::epa

# ggplot
library(ggplot2)

# plotten
ggplot(epa) +
  aes(x=age) +
  geom_histogram(aes(y=after_stat(density)),
                 color="white",
                 fill="#8a658a") +
  stat_density(geom="area",
               color="blue",
               fill="seagreen3",
               linetype="dotted",
               alpha=0.5)+
```

```
  stat_function(fun=dnorm,
                args=(c(mean=mean(epa$age),sd=sd(epa$age))),
                color = "red", lwd=1.5,
                linetype = "dashed") +
  theme_void()
```



Mit dem Paket `hexSticker` kann daraus ein schöner Hex-Sticker erstellt werden.

```
library(hexSticker)
# Titelbild in Objekt speichern
titelbild <- ggplot(epa) +
  aes(x=age) +
  geom_histogram(aes(y=after_stat(density)),
                 color="white", lwd=0.3,
                 fill="#8a658a") +
  stat_density(geom="area",
               color="blue",
               fill="seagreen3",
               linetype="dotted",
               alpha=0.5)+
  stat_function(fun=dnorm,
                args=(c(mean=mean(epa$age),sd=sd(epa$age))),
                color = "red",
                linetype = "dashed") +
  theme_void()

# Sticker erzeugen
sticker(titelbild, package="jgsbook", p_color="white", p_x=0.7, p_size=20,
        s_x=1.05, s_y=1.06, s_width=1.5, s_height=1.4,
        h_fill="#07A1E2", h_color="#185191",
        url="produnis.de/R", u_size=5, u_color="white",
        filename="jgsbook-hexsticker.png")
```


# 39 Karten plotten

Ich möchte meine Daten mit Landschaftskarten kombinieren!

## 39.1 Deutschland

Wir verwenden zum plotten das Zusatzpaket `sf`, mit dessen Hilfe `shape geopackages` verarbeitet werden können. Das zu diesem Format passende Kartenmaterial wird vom Bundesamt für Kartographie und Geodäsie kostenfrei zur Verfügung gestellt, siehe https://gdz.bkg.bund.de/index.php/default/digitale-geodaten/verwaltungsgebiete.html. Als Starterpaket ist der Datensatz der Verwaltungsgebiete `VG2500` zu empfehlen. Dieser enthält die Verwaltungsebenen vom Staat bis zu den Kreisen mit den jeweiligen Grenzen:

- `VG2500_STA` - Staat
- `VG2500_LAN` - Bundesländer
- `VG2500_RBZ` - Regierungsbezirke
- `VG2500_KRS` - Kreise

Dabei besteht jeder Kartensatz aus den Unterdateien

- `*.shp` - Shape-Datei. Diese lesen wir in R ein
- `*.shx` - Geometrieindex
- `*.prj` - Projektion
- `*.dbf` - Attribute
- `*.cpg` - Zeichensatz

### 39.1.1 Kartendaten einlesen

Sind die Kartendaten heruntergeladen, müssen **alle** Dateien (nicht nur die `.shp` Datei) mit Dateinamen `VG2500_KRS` (beispielhaft für Kreise) in den R-Studio-Projektordner gelegt werden. Ich persönlich habe dort den Unterordner `data` erstellt, von dem aus ich die Daten einlese. Der Import erfolgt mit der Funktion `read_sf()` wie folgt:

```
# Paket aktivieren
library(sf)
```

```
Linking to GEOS 3.13.0, GDAL 3.10.0, PROJ 9.5.0; sf_use_s2() is TRUE
```

```r
# Lade Kartendaten der Bundesländer
bundeslaender <- read_sf("data/VG2500_LAN.shp")

# anschauen
head(bundeslaender)
```

```
Simple feature collection with 6 features and 24 fields
Geometry type: MULTIPOLYGON
Dimension:     XY
Bounding box:  xmin: 280353.1 ymin: 5471359 xmax: 674168.3 ymax: 6101335
Projected CRS: ETRS89 / UTM zone 32N
# A tibble: 6 × 25
  OBJID BEGINN       ADE    GF   BSG ARS   AGS   SDV_ARS GEN   BEZ     IBZ BEM
  <chr> <date>     <int> <int> <int> <chr> <chr> <chr>   <chr> <chr> <int> <chr>
1 DEBK… 2021-09-01     2     9     1 01    01    010020… Schl… Land     20 --
2 DEBK… 2021-09-01     2     9     1 02    02    020000… Hamb… Frei…    22 --
3 DEBK… 2021-09-01     2     9     1 03    03    032410… Nied… Land     20 --
4 DEBK… 2021-09-01     2     9     1 04    04    040110… Brem… Frei…    23 --
5 DEBK… 2021-09-01     2     9     1 05    05    051110… Nord… Land     20 --
6 DEBK… 2021-09-01     2     9     1 06    06    064140… Hess… Land     20 --
# ℹ 13 more variables: NBD <chr>, SN_L <chr>, SN_R <chr>, SN_K <chr>,
#   SN_V1 <chr>, SN_V2 <chr>, SN_G <chr>, FK_S3 <chr>, NUTS <chr>, ARS_0 <chr>,
#   AGS_0 <chr>, WSK <date>, geometry <MULTIPOLYGON [m]>
```

```r
# Lade Kartendaten der Kreise
kreise <- read_sf("data/VG2500_KRS.shp")
head(kreise)
```

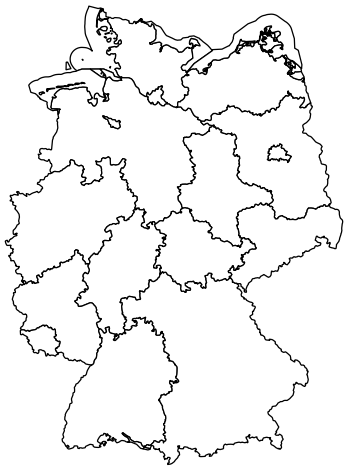
```
Simple feature collection with 6 features and 24 fields
Geometry type: MULTIPOLYGON
Dimension:     XY
Bounding box:  xmin: 478836.8 ymin: 5913378 xmax: 629246.8 ymax: 6075267
Projected CRS: ETRS89 / UTM zone 32N
# A tibble: 6 × 25
  OBJID BEGINN       ADE    GF   BSG ARS   AGS   SDV_ARS GEN   BEZ     IBZ BEM
  <chr> <date>     <int> <int> <int> <chr> <chr> <chr>   <chr> <chr> <int> <chr>
1 DEBK… 2021-09-01     4     9     1 01001 01001 010010… Flen… Krei…    40 --
2 DEBK… 2021-09-01     4     9     1 01002 01002 010020… Kiel  Krei…    40 --
3 DEBK… 2021-09-01     4     9     1 01003 01003 010030… Lübe… Krei…    40 --
4 DEBK… 2021-09-01     4     9     1 01004 01004 010040… Neum… Krei…    40 --
5 DEBK… 2021-09-01     4     9     1 01051 01051 010510… Dith… Kreis    42 --
6 DEBK… 2021-09-01     4     9     1 01053 01053 010530… Herz… Kreis    42 --
# ℹ 13 more variables: NBD <chr>, SN_L <chr>, SN_R <chr>, SN_K <chr>,
#   SN_V1 <chr>, SN_V2 <chr>, SN_G <chr>, FK_S3 <chr>, NUTS <chr>, ARS_0 <chr>,
#   AGS_0 <chr>, WSK <date>, geometry <MULTIPOLYGON [m]>
```

Die in den Datensätzen für uns interessanten Variablen sind `ARS` (Amtlicher Regionalschlüssel), `AGS` (Amtlicher Gemeindeschlüssel) und `GEN` (geographischer Name), denn über diese können die entsprechenden Flächen der Karte manipuliert werden. Die eigentlichen Positionsangaben sind in der Variable `geometry` enthalten.

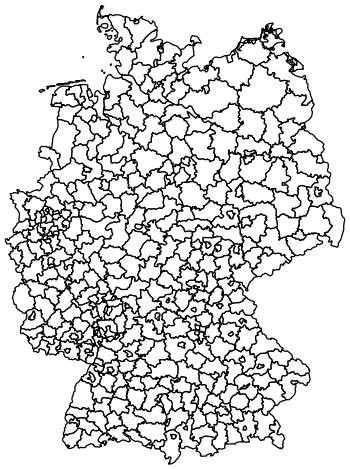
### 39.1.2 Karten erzeugen

Erzeugen wir zunächst eine grobe Deutschlandkarte der Bundesländer mit `ggplot()`. Hierfür kann die Funktion `geom_sf()` genutzt werden.

```
library(ggplot2)
# Hier wird eine weiße Karte der Bundesländer
# mit schwarzen Grenzen und dünner Linie gezeichnet
ggplot(bundeslaender) +
  geom_sf(fill="white", color="black", linewidth=0.3) +
  theme_void()
```



```
# Hier eine Karte der Kreise
ggplot(kreise) +
  geom_sf(fill="white", color="black", linewidth=0.3) +
  theme_void()
```



### 39.1.3 Kacheln füllen

Auf den Seiten des Bundesinstituts für Bau-, Stadt-, und Raumforschung können interessante Kennzahlen heruntergeladen werden, siehe https://www.inkar.de. Die Daten aus Tabelle `Bevoelkerung2022.txt` stammen aus diesem riesigen Datensatz und beschreiben die Bevölkerungszahlen der Kreise von 2021 und 2022. Diese Daten sollen genutzt werden, um die Kartenkacheln einzufärben.

```
# Daten einlesen
Einwohner <- read.table(url("https://www.produnis.de/R/data/Bevoelkerung2022.txt"),
                        header=TRUE, sep=",")

head(Einwohner)
```

```
  Kennziffer            Raumeinheit Aggregat  J2021  J2022
1       1001       Flensburg, Stadt   Kreise  91113  90050
2       1002 Kiel, Landeshauptstadt   Kreise 246243 245217
3       1003     Lübeck, Hansestadt   Kreise 216277 215595
4       1004      Neumünster, Stadt   Kreise  79496  77002
5       1051           Dithmarschen   Kreise 133969 132752
6       1053    Herzogtum Lauenburg   Kreise 200819 201212
```

In der Spalte `Kennziffer` der Tabelle sind die amtlichen Regionalschlüssel enthalten. Diese stimmen mit den `ARS` und `AGS` Kennziffern aus den Kartendaten überein. Wir können also über diese Variable die Datensätze zusammenführen.

Beachten Sie, dass in der ersten Spalte führende Nullen angegeben sind. Um sicherzustellen, dass die führenden Nullen beim Einlesen in `R` erhalten bleiben, muss die Option `colClasses="character"` verwendet werden.

```
# Daten "richtrig" einlesen
Einwohner <- read.table(url("https://www.produnis.de/R/data/Bevoelkerung2022.txt"),
                        header=TRUE, sep=",", colClasses = "character")
```

```
# Anschauen
head(Einwohner)
```

```
  Kennziffer            Raumeinheit Aggregat  J2021  J2022
1      01001       Flensburg, Stadt   Kreise  91113  90050
2      01002 Kiel, Landeshauptstadt   Kreise 246243 245217
3      01003     Lübeck, Hansestadt   Kreise 216277 215595
4      01004      Neumünster, Stadt   Kreise  79496  77002
5      01051           Dithmarschen   Kreise 133969 132752
6      01053    Herzogtum Lauenburg   Kreise 200819 201212
```

```
# Datenniveaus anpassen, weil ja alles als
# "character" eingelesen wurde
Einwohner$Kennziffer <- factor(Einwohner$Kennziffer)
Einwohner$Raumeinheit <- factor(Einwohner$Raumeinheit)
Einwohner$Aggregat <- factor(Einwohner$Aggregat)
Einwohner$J2021 <- as.numeric(Einwohner$J2021)
Einwohner$J2022 <- as.numeric(Einwohner$J2022)
```

In einer neuen Variable `Diff` soll die prozentuale Veränderung der Bevölkerungsanzahl von 2021 nach 2022 gespeichert werden.

```
Einwohner$Diff <- ((Einwohner$J2022 - Einwohner$J2021) / Einwohner$J2021)*100
```

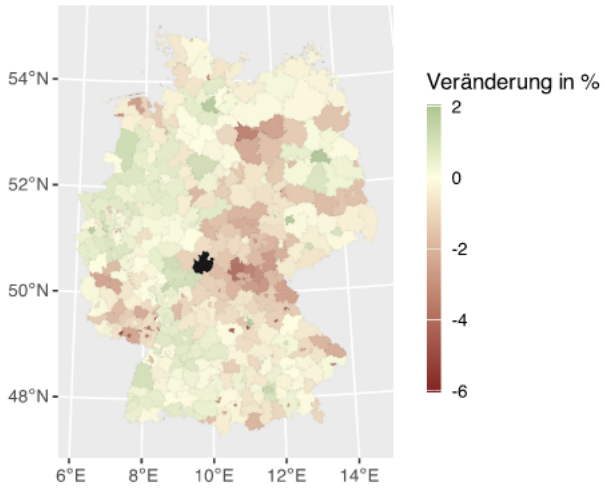
Jetzt können wir die beiden Datensätze mittels `left_join()` über die Variablen `Kennziffer` und `ARS`zusammenführen.

```
library(dplyr)
# Einwohnerzahlen und Kartenmaterial verbinden
kreise2 <- left_join(kreise, Einwohner,
                     join_by(ARS==Kennziffer))
```

Das neue Objekt `kreise2` kann nun zum Plotten verwendet werden. Hierbei werden die Kartensegmente in Abhängigkeit zur prozentualen Bevölkerungsveränderung eingefärbt. Um einen schönen Farbverlauf zu erzeugen, nutzen wir die `muted()` Funktion aus dem `{scales}` Paket.

```
library(scales)
ggplot(kreise2) +
  geom_sf(aes(fill=Diff),linewidth =0, alpha=0.9) +
  # Färbefarben festlegen
  scale_fill_gradient2(low=muted("red"),
                       mid="lightyellow", high= muted("green"),
                       midpoint=0, na.value="black") +
  coord_sf() +
  # Legende der Färbung
  guides(fill=guide_colorbar(barwidth=0.5,
```

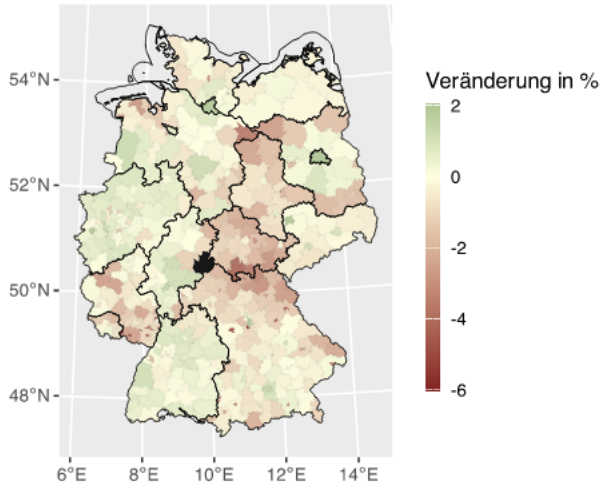
```
                        barheight=10,
                        title="Veränderung in %"))
```




Die Karten können auch kombiniert werden. So könnten wir unserer Karte noch die Bundsländergrenzen hinzufügen.

```
# nochmal der selbe Plot
ggplot(kreise2) +
  geom_sf(aes(fill=Diff),linewidth =0, alpha=0.9) +
  # Färbefarben festlegen
  scale_fill_gradient2(low=muted("red"),
                       mid="lightyellow", high= muted("green"),
                       midpoint=0, na.value="black") +
  coord_sf() +
  # Legende der Färbung
  guides(fill=guide_colorbar(barwidth=0.5,
                             barheight=10,
                             title="Veränderung in %")) +
  # Grenzen der Bundesländer drüberlegen
  geom_sf(data=bundeslaender, fill=NA, color="black", linewidth=0.3)
```

```
Coordinate system already present. Adding new coordinate system, which will
replace the existing one.
```




# 40 Pakete verwalten

Ich möchte Zusatzpakete verwalten.

## 40.1 Pakete beim Start automatisch laden

Ich möchte, dass Pakete direkt beim Start von `R` geladen werden.

Legen Sie hierzu in Ihrem Arbeitsverzichnis die Datei `.Rprofile` an. In diese Datei können Sie alle Befehle schreiben, die beim Start ausgeführt werden sollen. Das geht auch direkt in `R`:

```
file.edit(".Rprofile")

# Inhalt von .Rprofile
print("Willkommen zurück!")
print("Ich lade Paket tidyverse")
library(tidyverse)
```

# 41 Rmarkdown

Ich möchte RMarkdown individualisieren.

## 41.1 Ausgabeformat per `.css`-Datei ändern

Ich möchte die Ausgabe der `html`-Datei ändern.

Hierfür kann eine `css`-Datei angelegt werden. Im Kopf des `RMarkdown`-Dokumentes wird die Datei `MeinStyle.css` wie folgt eingebunden:

```
```

```
---
title: "Test"
output:
  html_document:
       css:  MeinStyle.css
---
```

In der `css`-Datei können dann wie gewohnt Style-Angaben gemacht werden, z.B. das Aussehen der Codebox. Diese sind über die Parameter `class.source` (`R`-Befehle) und `class.output` (`R`-Ausgabe) referenzierbar. In der `css`-Datei definieren wir unsere eigene Klasse „`meine`“ und hinterlegen gewünschte Parameter.

```
 .meine {
    background-color: rgb(100, 0, 0);
}
```

Auf diese Klasse können wir in den Chunks verweisen mit

````
```{r class.output="meine"}
# hier steht der R-Code
```
````

````
```{r class.source="meine"}
# hier steht der R-Code
```
````

Möchte man alle Chunks automatisch auf `class.output="meine"` setzen, kann dies im YAML-Kopfbereich wie folgt angegeben werden:

```
knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE, class.output="meine")
```

Es gibt auch vordefinierte Klassen für die Chunks, probieren Sie `bg-primary`, `bg-success`, `bg-info`, `bg-warning`, und `bg-danger` aus.

# 42 quarto

## 42.1 eigene LaTeX Vorlagen erstellen

Quarto ermöglicht es, zusätzlichen LaTeX-Code einzufügen (siehe https://quarto.org/docs/output-formats/pdf-basics.html#latex-includes) oder nur einzelne Teile des Templates auszutauschen (siehe https://quarto.org/docs/journals/templates.html#template-partials).

Es können aber auch eigene vollständige LaTeX-Vorlagen erzeugt werden.

Folgende Punkte sind dabei zu beachten:

- Möchten Sie alle Funktionen von `quarto` verfügbar und Ihre Vorlage so flexibel wie möglich machen, sollten Sie die `quarto`-Vorlage kopieren (siehe https://github.com/quarto-dev/quarto-cli/tree/main/src/resources/formats/pdf/pandoc) und Ihre Änderungen direkt dort einfügen.
- Möchten Sie sich z.B. eine Briefvorlage erstellen, deren wesentlichen Parameter (Dokumentenklasse, Schriftgröße, Geomtery, etc.) sich eh nie ändern werden, ist es durchaus legitim, eine eigene „rudimentäre" LaTeX-Datei zu erstellen.

### 42.1.1 `.tex`-Datei

Ich habe mir einen „zentralen" Ordner erstellt (z.B. `Dokumente/Vorlagen/quarto`), in welchem ich alle Vorlagendateien ablege. So kann ich sie später bequem in jeder `.qmd`-Datei einbinden.

Die LaTeX-Vorlage sollte mindestens folgende Werte enthalten, damit die rudimentären `quarto`-Funktionen unterstützt werden.

```
\documentclass[a4paper, 10pt]{scrartcl} % Dokumentenklasse wählen
\usepackage[utf8]{inputenc}
\usepackage[ngerman]{babel}             % deutsche Sprache harcoded
\usepackage{lmodern}
\usepackage[numbered]{bookmark}
\usepackage{graphicx}
\usepackage{longtable}
\usepackage{booktabs}
\usepackage{calc}
\usepackage{lastpage}
\usepackage{geometry}
\usepackage{tabularx}
\usepackage{colortbl}
\usepackage{multirow}
\usepackage{float}
\usepackage{amsmath}
\usepackage{hhline}
\usepackage{blindtext}
\usepackage{xcolor}
\usepackage[normalem]{ulem}

\definecolor{linkblue}{RGB}{17, 40, 73}

\hypersetup{
colorlinks,
linkcolor=linkblue,
urlcolor=blue,
bookmarks=true,
plainpages=false,
hypertexnames=true,
pdftitle={$title$},
pdfauthor={$author$}
}

\providecommand{\tightlist}{%
  \setlength{\itemsep}{0pt}\setlength{\parskip}{0pt}}
```

```
%% Callout-Boxen
\makeatletter
\@ifpackageloaded{tcolorbox}{}{\usepackage[many]{tcolorbox}}
\@ifpackageloaded{fontawesome5}{}{\usepackage{fontawesome5}}
\definecolor{quarto-callout-color}{HTML}{909090}
\definecolor{quarto-callout-note-color}{HTML}{0758E5}
\definecolor{quarto-callout-important-color}{HTML}{CC1914}
\definecolor{quarto-callout-warning-color}{HTML}{EB9113}
\definecolor{quarto-callout-tip-color}{HTML}{00A047}
\definecolor{quarto-callout-caution-color}{HTML}{FC5300}
\definecolor{quarto-callout-color-frame}{HTML}{acacac}
\definecolor{quarto-callout-note-color-frame}{HTML}{4582ec}
\definecolor{quarto-callout-important-color-frame}{HTML}{d9534f}
\definecolor{quarto-callout-warning-color-frame}{HTML}{f0ad4e}
\definecolor{quarto-callout-tip-color-frame}{HTML}{02b875}
\definecolor{quarto-callout-caution-color-frame}{HTML}{fd7e14}
\makeatother

$if(highlighting-macros)$
$highlighting-macros$
$endif$

\begin{document}

$body$

\end{document}
```

Die Variable `$body$` fügt den Inhalte der `qmd`-Datei (alles unterhalb des YAML-Headers) ein.

### 42.1.2 Vorlage einbinden

Die Vorlage wird wie folgt im YAML-Header eingebunden:

```
---
format:
  pdf:
    template: /pfad/zur/vorlage.tex
---
```

### 42.1.3 YAML-Variablen

Im YAML-Header können Variablen gesetzt werden, welche in der `.tex`-Datei abgerufen werden können.

```
---
title: Meine Vorlage
variable1: "Test"
variable2: "Noch ein Test"
```

```
format:
  pdf:
    template: /pfad/zur/vorlage.tex
---
```

In der `.tex`-Datei sind die oben definierten Variablen verfügbar per `$variable1$` und `$variable2$`.

```
\begin{document}

$title$

$body$

Dies ist ein $variable1$.
Und dies ist $variable2$.

\end{document}
```

Eine Beispiel für die oben erwähnte Briefvorlage finden Sie unter https://www.produnis.de/blog/post/quarto-briefvorlage/.

## 42.2 quarto am Handy oder Tablet

Am Handy oder am Tablet sind `quarto` und LaTeX nicht verfügbar.

Eine Möglichkeit, dennoch `.qmd`-Dateien zu rendern, besteht darin, das Rendern an einen Server auszulagern. Wenn Sie zu Hause einen kleinen Linux-Heimserver betreiben, könnten Ihnen diese beiden Bots weiterhelfen. Beide setzen voraus, dass `quarto` auf dem Server installiert ist. Ebenfalls sollte LaTeX via `quarto install tool tinytex` installiert worden sein, damit eventuell benötigte Pakete automatisch nachgeladen werden.

1. quarto-Bot für Nextcloud
   - Der Bot ist ein kleines Shell-Script.
   - Der Bot mountet ein Nextcloud-Verzeichnis per Webdav und schaut nach, ob in dem Verzeichnis eine `.qmd`-Datei enthalten ist.
   - Sollte dies der Fall sein, führt der Bot den Befehl `quarto render DATEI.qmd` aus.
   - Da die erzeugt PDF-Datei im selben Verzeichnis liegt, ist sie über die Nextcloud-Dateiansicht verfügbar und wird ebenfalls an alle Clients synchronisiert.
   - https://www.produnis.de/blog/post/simpler-quarto-bot-fuer-nextcloud/
2. quarto-matrix-bot
   - Der Bot ist in `python` geschrieben.
   - Der Bot lauscht in vorher angegebenen Matrix-Räumen.
   - Wird eine `.qmd`-Datei in den Raum gesendet, führt der Bot den Befehl `quarto render DATEI.qmd` aus.
   - Wenn eine PDF-Datei erzeugt wurde, sendet der Bot diese Datei in den Matrix-Raum.
   - Sollte das Rendern fehlschlagen, postet der Bot die Fehlermeldungen in den Raum.
   - https://github.com/rgomez90/matrix-bot

# 43 Referenztabellen erstellen

Ich möchte Referenztabellen erstellen und benötige die Werte.

## 43.1 Fallzahlen nach Effektstärke und Power

### 43.1.1 $\alpha = 0,05$

| | Effektstärke | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Power | 0.1 | 0.15 | 0.2 | 0.25 | 0.3 | 0.35 | 0.4 | 0.45 | 0.5 | 0.55 | 0.6 | 0.65 | 0.7 | 0.75 | 0.8 |
| 0.6 | 981 | 436 | 246 | 158 | 110 | 81 | 62 | 49 | 40 | 33 | 28 | 24 | 21 | 18 | 16 |
| 0.7 | 1235 | 550 | 310 | 198 | 138 | 102 | 78 | 62 | 50 | 42 | 35 | 30 | 26 | 23 | 20 |
| 0.8 | 1571 | 699 | 393 | 252 | 175 | 129 | 99 | 78 | 64 | 53 | 45 | 38 | 33 | 29 | 26 |
| 0.9 | 2102 | 935 | 526 | 337 | 234 | 173 | 132 | 105 | 85 | 70 | 59 | 51 | 44 | 38 | 34 |
| 0.95 | 2600 | 1156 | 651 | 417 | 290 | 213 | 163 | 129 | 105 | 87 | 73 | 62 | 54 | 47 | 42 |
| 0.99 | 3675 | 1634 | 920 | 589 | 409 | 301 | 231 | 182 | 148 | 122 | 103 | 88 | 76 | 66 | 58 |

Tabelle 2: Anzahl Probanden *pro Gruppe* nach Power und Effektstärke bei $\alpha = 0,05$

### 43.1.2 $\alpha = 0,01$

| | Effektstärke | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Power | 0.1 | 0.15 | 0.2 | 0.25 | 0.3 | 0.35 | 0.4 | 0.45 | 0.5 | 0.55 | 0.6 | 0.65 | 0.7 | 0.75 | 0.8 |
| 0.6 | 1603 | 713 | 402 | 258 | 180 | 132 | 102 | 81 | 66 | 55 | 46 | 40 | 34 | 30 | 27 |
| 0.7 | 1924 | 856 | 482 | 309 | 215 | 159 | 122 | 97 | 79 | 65 | 55 | 47 | 41 | 36 | 32 |
| 0.8 | 2337 | 1040 | 586 | 375 | 261 | 192 | 148 | 117 | 95 | 79 | 67 | 57 | 49 | 43 | 38 |
| 0.9 | 2978 | 1324 | 746 | 478 | 332 | 245 | 188 | 149 | 121 | 100 | 84 | 72 | 62 | 55 | 48 |
| 0.95 | 3564 | 1585 | 892 | 572 | 398 | 293 | 224 | 178 | 144 | 119 | 101 | 86 | 74 | 65 | 57 |
| 0.99 | 4808 | 2138 | 1203 | 771 | 536 | 394 | 302 | 239 | 194 | 161 | 135 | 115 | 100 | 87 | 77 |

Tabelle 3: Anzahl Probanden *pro Gruppe* nach Power und Effektstärke bei $\alpha = 0,01$

Der Quellcode für die Werte in Tabelle 3 ist etwas komplizierter, da wir zunächst eine Funktion programmieren müssen, um die Tabelle ausgeben zu können.

```
# lade Paket zur Poweranalyse
library(pwr)
# erzeuge Hilfsfunktion, die nur die errechnete Fallzahl ausgibt
#---------------------------------
powertabelle <- function(alpha, d, power) { round(pwr::pwr.t.test(d = d,
                                                                  sig.level = alpha,
                                                                  power = power,
                                                                  type = "two.sample",
                                                                           alternative
```

```
= "two.sided")$n)}
# Ende der Funktion

# ein Datenframe aus allen gewünschten Kombinationen
# von power, alpha und d
scen <- expand.grid( alpha = c(0.05, 0.01),
                     d = seq(from = 0.1, to = 0.8, by = 0.05),
                     power = c(seq(0.6, 0.9, 0.1), 0.95, 0.99)
                )

# füge Datenframe "scen" eine neue Spalte "n" hinzu
# per apply() wird auf jede Datenreihe die Funktion "powertabelle" angewendet.
# line() hilft dabei, die richtigen Werte aus dem
# Datenframe "scen" an die Funktion "powertabelle" zu übergeben
scen$n  <-  apply(scen,  1,  function(line)  powertabelle(line["alpha"],  line["d"],
line["power"]))

# zeige die ersten 20 Datenreihen an
head(scen, 20)
```

```
   alpha    d power    n
1   0.05 0.10   0.6  981
2   0.01 0.10   0.6 1603
3   0.05 0.15   0.6  436
4   0.01 0.15   0.6  713
5   0.05 0.20   0.6  246
6   0.01 0.20   0.6  402
7   0.05 0.25   0.6  158
8   0.01 0.25   0.6  258
9   0.05 0.30   0.6  110
10  0.01 0.30   0.6  180
11  0.05 0.35   0.6   81
12  0.01 0.35   0.6  132
13  0.05 0.40   0.6   62
14  0.01 0.40   0.6  102
15  0.05 0.45   0.6   49
16  0.01 0.45   0.6   81
17  0.05 0.50   0.6   40
18  0.01 0.50   0.6   66
19  0.05 0.55   0.6   33
20  0.01 0.55   0.6   55
```

Jetzt können Teilmengen von `scen` erstellt werden, um die Werte entsprechend der gewünschten Tabellen ($\alpha = 0.05$ und $\alpha = 0.01$) zu erzeugen.

```
# erstelle ein subset für "alpha=0.05"
subset05 <- subset(scen, alpha == .05)

# benenne die Spalten um
# und bringe per "reshape" die Tabelle ins "wide"-Format
```

```
tabelle05 <- reshape(subset05, v.names = "n", timevar = "d",  idvar = "power", direction
= "wide")

# gib tabelle aus
print(tabelle05)
```

```
    alpha power n.0.1 n.0.15 n.0.2 n.0.25 n.0.3 n.0.35 n.0.4 n.0.45 n.0.5
1    0.05  0.60   981    436   246    158   110     81    62     49    40
31   0.05  0.70  1235    550   310    198   138    102    78     62    50
61   0.05  0.80  1571    699   393    252   175    129    99     78    64
91   0.05  0.90  2102    935   526    337   234    173   132    105    85
121  0.05  0.95  2600   1156   651    417   290    213   163    129   105
151  0.05  0.99  3675   1634   920    589   409    301   231    182   148
    n.0.55 n.0.6 n.0.65 n.0.7 n.0.75 n.0.8
1       33    28     24    21     18    16
31      42    35     30    26     23    20
61      53    45     38    33     29    26
91      70    59     51    44     38    34
121     87    73     62    54     47    42
151    122   103     88    76     66    58
```

```
# erstelle ein subset für "alpha=0.01"
subset01 <- subset(scen, alpha == .01)

# benenne die Spalten um
# und bringe per "reshape" die Tabelle ins "wide"-Format
tabelle01 <- reshape(subset01, v.names = "n", timevar = "d",  idvar = "power", direction
= "wide")

# gib tabelle aus
print(tabelle01)
```

```
    alpha power n.0.1 n.0.15 n.0.2 n.0.25 n.0.3 n.0.35 n.0.4 n.0.45 n.0.5
2    0.01  0.60  1603    713   402    258   180    132   102     81    66
32   0.01  0.70  1924    856   482    309   215    159   122     97    79
62   0.01  0.80  2337   1040   586    375   261    192   148    117    95
92   0.01  0.90  2978   1324   746    478   332    245   188    149   121
122  0.01  0.95  3564   1585   892    572   398    293   224    178   144
152  0.01  0.99  4808   2138  1203    771   536    394   302    239   194
    n.0.55 n.0.6 n.0.65 n.0.7 n.0.75 n.0.8
2       55    46     40    34     30    27
32      65    55     47    41     36    32
62      79    67     57    49     43    38
92     100    84     72    62     55    48
122    119   101     86    74     65    57
152    161   135    115   100     87    77
```

Wenn Sie den Abschnitt über `Tidy Data` in Abschnitt 25 gelesen haben, ist Ihnen evtl. aufgefallen, dass wir hier eine `long table` in eine `wide table` umgeformt haben. Das erwähne ich deshalb, da wir sonst immer genau das Gegenteil machen, nämlich `wide table` ins Format `long table` zu überführen.

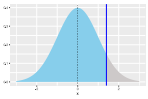
Übrigens, die PDF-Version dieses Buch ist mit LaTeX erstellt worden, und ich hatte keine Lust, die Werte für die Tabellen von Hand in LaTeX zu übertragen.

Mit der Funktion `xtable()` aus dem Zusatzpaket `xtable` kann die Ausgabe der Tabelle in LaTeX-Quellcode erfolgen:

```
# lade Paket "xtable"
library(xtable)

# gib die Tabelle als LaTeX-Code aus
xtable(tabelle01)
```

```
% latex table generated in R 4.4.2 by xtable 1.8-4 package
% Sun Nov 24 20:49:33 2024
\begin{table}[ht]
\centering
\begin{tabular}{rrrrrrrrrrrrrrrr}
  \hline
 & alpha & power & n.0.1 & n.0.15 & n.0.2 & n.0.25 & n.0.3 & n.0.35 & n.0.4 & n.0.45 &
n.0.5 & n.0.55 & n.0.6 & n.0.65 & n.0.7 & n.0.75 & n.0.8 \\
  \hline
2 & 0.01 & 0.60 & 1603.00 & 713.00 & 402.00 & 258.00 & 180.00 & 132.00 & 102.00 & 81.00
& 66.00 & 55.00 & 46.00 & 40.00 & 34.00 & 30.00 & 27.00 \\
  32 & 0.01 & 0.70 & 1924.00 & 856.00 & 482.00 & 309.00 & 215.00 & 159.00 & 122.00 &
97.00 & 79.00 & 65.00 & 55.00 & 47.00 & 41.00 & 36.00 & 32.00 \\
  62 & 0.01 & 0.80 & 2337.00 & 1040.00 & 586.00 & 375.00 & 261.00 & 192.00 & 148.00 &
117.00 & 95.00 & 79.00 & 67.00 & 57.00 & 49.00 & 43.00 & 38.00 \\
  92 & 0.01 & 0.90 & 2978.00 & 1324.00 & 746.00 & 478.00 & 332.00 & 245.00 & 188.00 &
149.00 & 121.00 & 100.00 & 84.00 & 72.00 & 62.00 & 55.00 & 48.00 \\
  122 & 0.01 & 0.95 & 3564.00 & 1585.00 & 892.00 & 572.00 & 398.00 & 293.00 & 224.00 &
178.00 & 144.00 & 119.00 & 101.00 & 86.00 & 74.00 & 65.00 & 57.00 \\
  152 & 0.01 & 0.99 & 4808.00 & 2138.00 & 1203.00 & 771.00 & 536.00 & 394.00 & 302.00 &
239.00 & 194.00 & 161.00 & 135.00 & 115.00 & 100.00 & 87.00 & 77.00 \\
   \hline
\end{tabular}
\end{table}
```

## 43.2 Verteilungsfunktion und Quantile der Standardnormalverteilung



Bei der z-Transformation benötigt man die Werte dieser Tabelle beispielsweise für Fragen wie „*Wie hoch ist der prozentuale Anteil für Werte, die **höchstens** X sind*“

| $\phi z$ | .00 | .01 | .02 | .03 | .04 | .05 | .06 | .07 | .08 | .09 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 0.0 | .5000 | .5040 | .5080 | .5120 | .5160 | .5199 | .5239 | .5279 | .5319 | .5359 |
| 0.1 | .5398 | .5438 | .5478 | .5517 | .5557 | .5596 | .5636 | .5675 | .5714 | .5753 |
| 0.2 | .5793 | .5832 | .5871 | .5910 | .5948 | .5987 | .6026 | .6064 | .6103 | .6141 |
| 0.3 | .6179 | .6217 | .6255 | .6293 | .6331 | .6368 | .6406 | .6443 | .6480 | .6517 |
| 0.4 | .6554 | .6591 | .6628 | .6664 | .6700 | .6736 | .6772 | .6808 | .6844 | .6879 |
| 0.5 | .6915 | .6950 | .6985 | .7019 | .7054 | .7088 | .7123 | .7157 | .7190 | .7224 |
| 0.6 | .7257 | .7291 | .7324 | .7357 | .7389 | .7422 | .7454 | .7486 | .7517 | .7549 |
| 0.7 | .7580 | .7611 | .7642 | .7673 | .7704 | .7734 | .7764 | .7794 | .7823 | .7852 |
| 0.8 | .7881 | .7910 | .7939 | .7967 | .7995 | .8023 | .8051 | .8078 | .8106 | .8133 |
| 0.9 | .8159 | .8186 | .8212 | .8238 | .8264 | .8289 | .8315 | .8340 | .8365 | .8389 |
| 1.0 | .8413 | .8438 | .8461 | .8485 | .8508 | .8531 | .8554 | .8577 | .8599 | .8621 |
| 1.1 | .8643 | .8665 | .8686 | .8708 | .8729 | .8749 | .8770 | .8790 | .8810 | .8830 |
| 1.2 | .8849 | .8869 | .8888 | .8907 | .8925 | .8944 | .8962 | .8980 | .8997 | .9015 |
| 1.3 | .9032 | .9049 | .9066 | .9082 | .9099 | .9115 | .9131 | .9147 | .9162 | .9177 |
| 1.4 | .9192 | .9207 | .9222 | .9236 | .9251 | .9265 | .9279 | .9292 | .9306 | .9319 |
| 1.5 | .9332 | .9345 | .9357 | .9370 | .9382 | .9394 | .9406 | .9418 | .9429 | .9441 |
| 1.6 | .9452 | .9463 | .9474 | .9484 | .9495 | .9505 | .9515 | .9525 | .9535 | .9545 |
| 1.7 | .9554 | .9564 | .9573 | .9582 | .9591 | .9599 | .9608 | .9616 | .9625 | .9633 |
| 1.8 | .9641 | .9649 | .9656 | .9664 | .9671 | .9678 | .9686 | .9693 | .9699 | .9706 |
| 1.9 | .9713 | .9719 | .9726 | .9732 | .9738 | .9744 | .9750 | .9756 | .9761 | .9767 |
| 2.0 | .9772 | .9778 | .9783 | .9788 | .9793 | .9798 | .9803 | .9808 | .9812 | .9817 |
| 2.1 | .9821 | .9826 | .9830 | .9834 | .9838 | .9842 | .9846 | .9850 | .9854 | .9857 |
| 2.2 | .9861 | .9864 | .9868 | .9871 | .9875 | .9878 | .9881 | .9884 | .9887 | .9890 |
| 2.3 | .9893 | .9896 | .9898 | .9901 | .9904 | .9906 | .9909 | .9911 | .9913 | .9916 |
| 2.4 | .9918 | .9920 | .9922 | .9925 | .9927 | .9929 | .9931 | .9932 | .9934 | .9936 |
| 2.5 | .9938 | .9940 | .9941 | .9943 | .9945 | .9946 | .9948 | .9949 | .9951 | .9952 |
| 2.6 | .9953 | .9955 | .9956 | .9957 | .9959 | .9960 | .9961 | .9962 | .9963 | .9964 |
| 2.7 | .9965 | .9966 | .9967 | .9968 | .9969 | .9970 | .9971 | .9972 | .9973 | .9974 |
| 2.8 | .9974 | .9975 | .9976 | .9977 | .9977 | .9978 | .9979 | .9979 | .9980 | .9981 |
| 2.9 | .9981 | .9982 | .9982 | .9983 | .9984 | .9984 | .9985 | .9985 | .9986 | .9986 |
| 3.0 | .9987 | .9987 | .9987 | .9988 | .9988 | .9989 | .9989 | .9989 | .9990 | .9990 |
| p = | 0.5000 | 0.7500 | 0.8000 | 0.9000 | 0.9500 | 0.9750 | 0.9900 | 0.9950 | 0.9975 | 0.9990 |
| $z_p$ = | 0.0000 | 0.6745 | 0.8416 | 1.2816 | 1.6449 | 1.9600 | 2.3263 | 2.5758 | 2.8070 | 3.0902 |

Tabelle 4: Verteilungsfunktion und Quantile der Standardnormalverteilung

Die Werte werden erzeugt mit:

```
# erstelle Werte von 0.00 bis 3.09
z <- seq(from=0, to=3.09, by = 0.01)

# P-Werte berechnen
pnorm(z)
```

```
  [1] 0.5000000 0.5039894 0.5079783 0.5119665 0.5159534 0.5199388 0.5239222
  [8] 0.5279032 0.5318814 0.5358564 0.5398278 0.5437953 0.5477584 0.5517168
 [15] 0.5556700 0.5596177 0.5635595 0.5674949 0.5714237 0.5753454 0.5792597
 [22] 0.5831662 0.5870644 0.5909541 0.5948349 0.5987063 0.6025681 0.6064199
 [29] 0.6102612 0.6140919 0.6179114 0.6217195 0.6255158 0.6293000 0.6330717
 [36] 0.6368307 0.6405764 0.6443088 0.6480273 0.6517317 0.6554217 0.6590970
 [43] 0.6627573 0.6664022 0.6700314 0.6736448 0.6772419 0.6808225 0.6843863
 [50] 0.6879331 0.6914625 0.6949743 0.6984682 0.7019440 0.7054015 0.7088403
 [57] 0.7122603 0.7156612 0.7190427 0.7224047 0.7257469 0.7290691 0.7323711
 [64] 0.7356527 0.7389137 0.7421539 0.7453731 0.7485711 0.7517478 0.7549029
 [71] 0.7580363 0.7611479 0.7642375 0.7673049 0.7703500 0.7733726 0.7763727
 [78] 0.7793501 0.7823046 0.7852361 0.7881446 0.7910299 0.7938919 0.7967306
 [85] 0.7995458 0.8023375 0.8051055 0.8078498 0.8105703 0.8132671 0.8159399
 [92] 0.8185887 0.8212136 0.8238145 0.8263912 0.8289439 0.8314724 0.8339768
 [99] 0.8364569 0.8389129 0.8413447 0.8437524 0.8461358 0.8484950 0.8508300
[106] 0.8531409 0.8554277 0.8576903 0.8599289 0.8621434 0.8643339 0.8665005
[113] 0.8686431 0.8707619 0.8728568 0.8749281 0.8769756 0.8789995 0.8809999
[120] 0.8829768 0.8849303 0.8868606 0.8887676 0.8906514 0.8925123 0.8943502
[127] 0.8961653 0.8979577 0.8997274 0.9014747 0.9031995 0.9049021 0.9065825
[134] 0.9082409 0.9098773 0.9114920 0.9130850 0.9146565 0.9162067 0.9177356
[141] 0.9192433 0.9207302 0.9221962 0.9236415 0.9250663 0.9264707 0.9278550
[148] 0.9292191 0.9305634 0.9318879 0.9331928 0.9344783 0.9357445 0.9369916
[155] 0.9382198 0.9394292 0.9406201 0.9417924 0.9429466 0.9440826 0.9452007
[162] 0.9463011 0.9473839 0.9484493 0.9494974 0.9505285 0.9515428 0.9525403
[169] 0.9535213 0.9544860 0.9554345 0.9563671 0.9572838 0.9581849 0.9590705
[176] 0.9599408 0.9607961 0.9616364 0.9624620 0.9632730 0.9640697 0.9648521
[183] 0.9656205 0.9663750 0.9671159 0.9678432 0.9685572 0.9692581 0.9699460
[190] 0.9706210 0.9712834 0.9719334 0.9725711 0.9731966 0.9738102 0.9744119
[197] 0.9750021 0.9755808 0.9761482 0.9767045 0.9772499 0.9777844 0.9783083
[204] 0.9788217 0.9793248 0.9798178 0.9803007 0.9807738 0.9812372 0.9816911
[211] 0.9821356 0.9825708 0.9829970 0.9834142 0.9838226 0.9842224 0.9846137
[218] 0.9849966 0.9853713 0.9857379 0.9860966 0.9864474 0.9867906 0.9871263
[225] 0.9874545 0.9877755 0.9880894 0.9883962 0.9886962 0.9889893 0.9892759
[232] 0.9895559 0.9898296 0.9900969 0.9903581 0.9906133 0.9908625 0.9911060
[239] 0.9913437 0.9915758 0.9918025 0.9920237 0.9922397 0.9924506 0.9926564
[246] 0.9928572 0.9930531 0.9932443 0.9934309 0.9936128 0.9937903 0.9939634
[253] 0.9941323 0.9942969 0.9944574 0.9946139 0.9947664 0.9949151 0.9950600
[260] 0.9952012 0.9953388 0.9954729 0.9956035 0.9957308 0.9958547 0.9959754
[267] 0.9960930 0.9962074 0.9963189 0.9964274 0.9965330 0.9966358 0.9967359
[274] 0.9968333 0.9969280 0.9970202 0.9971099 0.9971972 0.9972821 0.9973646
[281] 0.9974449 0.9975229 0.9975988 0.9976726 0.9977443 0.9978140 0.9978818
[288] 0.9979476 0.9980116 0.9980738 0.9981342 0.9981929 0.9982498 0.9983052
[295] 0.9983589 0.9984111 0.9984618 0.9985110 0.9985588 0.9986051 0.9986501
```

```
[302] 0.9986938 0.9987361 0.9987772 0.9988171 0.9988558 0.9988933 0.9989297
[309] 0.9989650 0.9989992
```

```
# In Matrix mit 10 Spalten übertragen
matrix(pnorm(z),ncol=10, byrow=TRUE)
```

```
          [,1]      [,2]      [,3]      [,4]      [,5]      [,6]      [,7]
 [1,] 0.5000000 0.5039894 0.5079783 0.5119665 0.5159534 0.5199388 0.5239222
 [2,] 0.5398278 0.5437953 0.5477584 0.5517168 0.5556700 0.5596177 0.5635595
 [3,] 0.5792597 0.5831662 0.5870644 0.5909541 0.5948349 0.5987063 0.6025681
 [4,] 0.6179114 0.6217195 0.6255158 0.6293000 0.6330717 0.6368307 0.6405764
 [5,] 0.6554217 0.6590970 0.6627573 0.6664022 0.6700314 0.6736448 0.6772419
 [6,] 0.6914625 0.6949743 0.6984682 0.7019440 0.7054015 0.7088403 0.7122603
 [7,] 0.7257469 0.7290691 0.7323711 0.7356527 0.7389137 0.7421539 0.7453731
 [8,] 0.7580363 0.7611479 0.7642375 0.7673049 0.7703500 0.7733726 0.7763727
 [9,] 0.7881446 0.7910299 0.7938919 0.7967306 0.7995458 0.8023375 0.8051055
[10,] 0.8159399 0.8185887 0.8212136 0.8238145 0.8263912 0.8289439 0.8314724
[11,] 0.8413447 0.8437524 0.8461358 0.8484950 0.8508300 0.8531409 0.8554277
[12,] 0.8643339 0.8665005 0.8686431 0.8707619 0.8728568 0.8749281 0.8769756
[13,] 0.8849303 0.8868606 0.8887676 0.8906514 0.8925123 0.8943502 0.8961653
[14,] 0.9031995 0.9049021 0.9065825 0.9082409 0.9098773 0.9114920 0.9130850
[15,] 0.9192433 0.9207302 0.9221962 0.9236415 0.9250663 0.9264707 0.9278550
[16,] 0.9331928 0.9344783 0.9357445 0.9369916 0.9382198 0.9394292 0.9406201
[17,] 0.9452007 0.9463011 0.9473839 0.9484493 0.9494974 0.9505285 0.9515428
[18,] 0.9554345 0.9563671 0.9572838 0.9581849 0.9590705 0.9599408 0.9607961
[19,] 0.9640697 0.9648521 0.9656205 0.9663750 0.9671159 0.9678432 0.9685572
[20,] 0.9712834 0.9719334 0.9725711 0.9731966 0.9738102 0.9744119 0.9750021
[21,] 0.9772499 0.9777844 0.9783083 0.9788217 0.9793248 0.9798178 0.9803007
[22,] 0.9821356 0.9825708 0.9829970 0.9834142 0.9838226 0.9842224 0.9846137
[23,] 0.9860966 0.9864474 0.9867906 0.9871263 0.9874545 0.9877755 0.9880894
[24,] 0.9892759 0.9895559 0.9898296 0.9900969 0.9903581 0.9906133 0.9908625
[25,] 0.9918025 0.9920237 0.9922397 0.9924506 0.9926564 0.9928572 0.9930531
[26,] 0.9937903 0.9939634 0.9941323 0.9942969 0.9944574 0.9946139 0.9947664
[27,] 0.9953388 0.9954729 0.9956035 0.9957308 0.9958547 0.9959754 0.9960930
[28,] 0.9965330 0.9966358 0.9967359 0.9968333 0.9969280 0.9970202 0.9971099
[29,] 0.9974449 0.9975229 0.9975988 0.9976726 0.9977443 0.9978140 0.9978818
[30,] 0.9981342 0.9981929 0.9982498 0.9983052 0.9983589 0.9984111 0.9984618
[31,] 0.9986501 0.9986938 0.9987361 0.9987772 0.9988171 0.9988558 0.9988933
          [,8]      [,9]     [,10]
 [1,] 0.5279032 0.5318814 0.5358564
 [2,] 0.5674949 0.5714237 0.5753454
 [3,] 0.6064199 0.6102612 0.6140919
 [4,] 0.6443088 0.6480273 0.6517317
 [5,] 0.6808225 0.6843863 0.6879331
 [6,] 0.7156612 0.7190427 0.7224047
 [7,] 0.7485711 0.7517478 0.7549029
 [8,] 0.7793501 0.7823046 0.7852361
 [9,] 0.8078498 0.8105703 0.8132671
[10,] 0.8339768 0.8364569 0.8389129
```

```
[11,] 0.8576903 0.8599289 0.8621434
[12,] 0.8789995 0.8809999 0.8829768
[13,] 0.8979577 0.8997274 0.9014747
[14,] 0.9146565 0.9162067 0.9177356
[15,] 0.9292191 0.9305634 0.9318879
[16,] 0.9417924 0.9429466 0.9440826
[17,] 0.9525403 0.9535213 0.9544860
[18,] 0.9616364 0.9624620 0.9632730
[19,] 0.9692581 0.9699460 0.9706210
[20,] 0.9755808 0.9761482 0.9767045
[21,] 0.9807738 0.9812372 0.9816911
[22,] 0.9849966 0.9853713 0.9857379
[23,] 0.9883962 0.9886962 0.9889893
[24,] 0.9911060 0.9913437 0.9915758
[25,] 0.9932443 0.9934309 0.9936128
[26,] 0.9949151 0.9950600 0.9952012
[27,] 0.9962074 0.9963189 0.9964274
[28,] 0.9971972 0.9972821 0.9973646
[29,] 0.9979476 0.9980116 0.9980738
[30,] 0.9985110 0.9985588 0.9986051
[31,] 0.9989297 0.9989650 0.9989992
```

```
# auf 4 Stellen runden
matrix(round(pnorm(z),4),ncol=10, byrow=TRUE)
```

```
       [,1]   [,2]   [,3]   [,4]   [,5]   [,6]   [,7]   [,8]   [,9]  [,10]
 [1,] 0.5000 0.5040 0.5080 0.5120 0.5160 0.5199 0.5239 0.5279 0.5319 0.5359
 [2,] 0.5398 0.5438 0.5478 0.5517 0.5557 0.5596 0.5636 0.5675 0.5714 0.5753
 [3,] 0.5793 0.5832 0.5871 0.5910 0.5948 0.5987 0.6026 0.6064 0.6103 0.6141
 [4,] 0.6179 0.6217 0.6255 0.6293 0.6331 0.6368 0.6406 0.6443 0.6480 0.6517
 [5,] 0.6554 0.6591 0.6628 0.6664 0.6700 0.6736 0.6772 0.6808 0.6844 0.6879
 [6,] 0.6915 0.6950 0.6985 0.7019 0.7054 0.7088 0.7123 0.7157 0.7190 0.7224
 [7,] 0.7257 0.7291 0.7324 0.7357 0.7389 0.7422 0.7454 0.7486 0.7517 0.7549
 [8,] 0.7580 0.7611 0.7642 0.7673 0.7704 0.7734 0.7764 0.7794 0.7823 0.7852
 [9,] 0.7881 0.7910 0.7939 0.7967 0.7995 0.8023 0.8051 0.8078 0.8106 0.8133
[10,] 0.8159 0.8186 0.8212 0.8238 0.8264 0.8289 0.8315 0.8340 0.8365 0.8389
[11,] 0.8413 0.8438 0.8461 0.8485 0.8508 0.8531 0.8554 0.8577 0.8599 0.8621
[12,] 0.8643 0.8665 0.8686 0.8708 0.8729 0.8749 0.8770 0.8790 0.8810 0.8830
[13,] 0.8849 0.8869 0.8888 0.8907 0.8925 0.8944 0.8962 0.8980 0.8997 0.9015
[14,] 0.9032 0.9049 0.9066 0.9082 0.9099 0.9115 0.9131 0.9147 0.9162 0.9177
[15,] 0.9192 0.9207 0.9222 0.9236 0.9251 0.9265 0.9279 0.9292 0.9306 0.9319
[16,] 0.9332 0.9345 0.9357 0.9370 0.9382 0.9394 0.9406 0.9418 0.9429 0.9441
[17,] 0.9452 0.9463 0.9474 0.9484 0.9495 0.9505 0.9515 0.9525 0.9535 0.9545
[18,] 0.9554 0.9564 0.9573 0.9582 0.9591 0.9599 0.9608 0.9616 0.9625 0.9633
[19,] 0.9641 0.9649 0.9656 0.9664 0.9671 0.9678 0.9686 0.9693 0.9699 0.9706
[20,] 0.9713 0.9719 0.9726 0.9732 0.9738 0.9744 0.9750 0.9756 0.9761 0.9767
[21,] 0.9772 0.9778 0.9783 0.9788 0.9793 0.9798 0.9803 0.9808 0.9812 0.9817
[22,] 0.9821 0.9826 0.9830 0.9834 0.9838 0.9842 0.9846 0.9850 0.9854 0.9857
[23,] 0.9861 0.9864 0.9868 0.9871 0.9875 0.9878 0.9881 0.9884 0.9887 0.9890
```

```
[24,] 0.9893 0.9896 0.9898 0.9901 0.9904 0.9906 0.9909 0.9911 0.9913 0.9916
[25,] 0.9918 0.9920 0.9922 0.9925 0.9927 0.9929 0.9931 0.9932 0.9934 0.9936
[26,] 0.9938 0.9940 0.9941 0.9943 0.9945 0.9946 0.9948 0.9949 0.9951 0.9952
[27,] 0.9953 0.9955 0.9956 0.9957 0.9959 0.9960 0.9961 0.9962 0.9963 0.9964
[28,] 0.9965 0.9966 0.9967 0.9968 0.9969 0.9970 0.9971 0.9972 0.9973 0.9974
[29,] 0.9974 0.9975 0.9976 0.9977 0.9977 0.9978 0.9979 0.9979 0.9980 0.9981
[30,] 0.9981 0.9982 0.9982 0.9983 0.9984 0.9984 0.9985 0.9985 0.9986 0.9986
[31,] 0.9987 0.9987 0.9987 0.9988 0.9988 0.9989 0.9989 0.9989 0.9990 0.9990
```

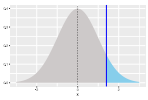
```
# In Dataframe übertragen
tabelle1 <- data.frame(matrix(round(pnorm(z),4),ncol=10, byrow=TRUE))
# benenne die Spalten
colnames(tabelle1) <- c(seq(0.00, 0.09, 0.01))
# benenne die Zeilen
row.names(tabelle1) <- c(seq(0, 3, 0.1))
# gib fertige Tabelle aus
tabelle1
```

```
        0   0.01   0.02   0.03   0.04   0.05   0.06   0.07   0.08   0.09
0   0.5000 0.5040 0.5080 0.5120 0.5160 0.5199 0.5239 0.5279 0.5319 0.5359
0.1 0.5398 0.5438 0.5478 0.5517 0.5557 0.5596 0.5636 0.5675 0.5714 0.5753
0.2 0.5793 0.5832 0.5871 0.5910 0.5948 0.5987 0.6026 0.6064 0.6103 0.6141
0.3 0.6179 0.6217 0.6255 0.6293 0.6331 0.6368 0.6406 0.6443 0.6480 0.6517
0.4 0.6554 0.6591 0.6628 0.6664 0.6700 0.6736 0.6772 0.6808 0.6844 0.6879
0.5 0.6915 0.6950 0.6985 0.7019 0.7054 0.7088 0.7123 0.7157 0.7190 0.7224
0.6 0.7257 0.7291 0.7324 0.7357 0.7389 0.7422 0.7454 0.7486 0.7517 0.7549
0.7 0.7580 0.7611 0.7642 0.7673 0.7704 0.7734 0.7764 0.7794 0.7823 0.7852
0.8 0.7881 0.7910 0.7939 0.7967 0.7995 0.8023 0.8051 0.8078 0.8106 0.8133
0.9 0.8159 0.8186 0.8212 0.8238 0.8264 0.8289 0.8315 0.8340 0.8365 0.8389
1   0.8413 0.8438 0.8461 0.8485 0.8508 0.8531 0.8554 0.8577 0.8599 0.8621
1.1 0.8643 0.8665 0.8686 0.8708 0.8729 0.8749 0.8770 0.8790 0.8810 0.8830
1.2 0.8849 0.8869 0.8888 0.8907 0.8925 0.8944 0.8962 0.8980 0.8997 0.9015
1.3 0.9032 0.9049 0.9066 0.9082 0.9099 0.9115 0.9131 0.9147 0.9162 0.9177
1.4 0.9192 0.9207 0.9222 0.9236 0.9251 0.9265 0.9279 0.9292 0.9306 0.9319
1.5 0.9332 0.9345 0.9357 0.9370 0.9382 0.9394 0.9406 0.9418 0.9429 0.9441
1.6 0.9452 0.9463 0.9474 0.9484 0.9495 0.9505 0.9515 0.9525 0.9535 0.9545
1.7 0.9554 0.9564 0.9573 0.9582 0.9591 0.9599 0.9608 0.9616 0.9625 0.9633
1.8 0.9641 0.9649 0.9656 0.9664 0.9671 0.9678 0.9686 0.9693 0.9699 0.9706
1.9 0.9713 0.9719 0.9726 0.9732 0.9738 0.9744 0.9750 0.9756 0.9761 0.9767
2   0.9772 0.9778 0.9783 0.9788 0.9793 0.9798 0.9803 0.9808 0.9812 0.9817
2.1 0.9821 0.9826 0.9830 0.9834 0.9838 0.9842 0.9846 0.9850 0.9854 0.9857
2.2 0.9861 0.9864 0.9868 0.9871 0.9875 0.9878 0.9881 0.9884 0.9887 0.9890
2.3 0.9893 0.9896 0.9898 0.9901 0.9904 0.9906 0.9909 0.9911 0.9913 0.9916
2.4 0.9918 0.9920 0.9922 0.9925 0.9927 0.9929 0.9931 0.9932 0.9934 0.9936
2.5 0.9938 0.9940 0.9941 0.9943 0.9945 0.9946 0.9948 0.9949 0.9951 0.9952
2.6 0.9953 0.9955 0.9956 0.9957 0.9959 0.9960 0.9961 0.9962 0.9963 0.9964
2.7 0.9965 0.9966 0.9967 0.9968 0.9969 0.9970 0.9971 0.9972 0.9973 0.9974
2.8 0.9974 0.9975 0.9976 0.9977 0.9977 0.9978 0.9979 0.9979 0.9980 0.9981
```

```
2.9 0.9981 0.9982 0.9982 0.9983 0.9984 0.9984 0.9985 0.9985 0.9986 0.9986
3   0.9987 0.9987 0.9987 0.9988 0.9988 0.9989 0.9989 0.9989 0.9990 0.9990
```

Im Gegensatz zu Tabelle Tabelle 4 zeigt Tabelle Tabelle 5 auf der nächsten Seitedie Überschreitungswahrscheinlichkeiten $P$ für Abszissenwerte $z$ der Standardnormalverteilung ($\mu = 0$ und $\sigma = 1$).

Die p-Werte entsprechen der Fläche unter der Standardnormalverteilung zwischen $z$ und $+\infty$ und damit einer *einseitigen* Fragestellung. Sie müssen bei *zweiseitigen* Fragestellungen verdoppelt werden!



Bei der z-Transformation benötigt man die Werte dieser Tabelle beispielsweise für Fragen wie „*Wie hoch ist der prozentuale Anteil für Werte, die* ***mindestens*** *X sind*“

| $\phi z$ | .00 | .01 | .02 | .03 | .04 | .05 | .06 | .07 | .08 | .09 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 0.0 | .5000 | .4960 | .4920 | .4880 | .4840 | .4801 | .4761 | .4721 | .4681 | .4641 |
| 0.1 | .4602 | .4562 | .4522 | .4483 | .4443 | .4404 | .4364 | .4325 | .4286 | .4247 |
| 0.2 | .4207 | .4168 | .4129 | .4090 | .4052 | .4013 | .3974 | .3936 | .3897 | .3859 |
| 0.3 | .3821 | .3783 | .3745 | .3707 | .3669 | .3632 | .3594 | .3557 | .3520 | .3483 |
| 0.4 | .3446 | .3409 | .3372 | .3336 | .3300 | .3264 | .3228 | .3192 | .3156 | .3121 |
| 0.5 | .3085 | .3050 | .3015 | .2981 | .2946 | .2912 | .2887 | .2843 | .2810 | .2776 |
| 0.6 | .2743 | .2709 | .2676 | .2643 | .2611 | .2578 | .2546 | .2514 | .2483 | .2451 |
| 0.7 | .2420 | .2389 | .2358 | .2327 | .2296 | .2266 | .2236 | .2206 | .2177 | .2148 |
| 0.8 | .2119 | .2090 | .2061 | .2033 | .2005 | .1977 | .1949 | .1922 | .1894 | .1867 |
| 0.9 | .1841 | .1814 | .1788 | .1762 | .1736 | .1711 | .1685 | .1660 | .1635 | .1611 |
| 1.0 | .1587 | .1562 | .1539 | .1515 | .1492 | .1469 | .1446 | .1423 | .1401 | .1379 |
| 1.1 | .1357 | .1335 | .1314 | .1291 | .1271 | .1251 | .1230 | .1210 | .1190 | .1170 |
| 1.2 | .1151 | .1131 | .1112 | .1093 | .1075 | .1056 | .1038 | .1020 | .1003 | .0985 |
| 1.3 | .0968 | .0951 | .0934 | .0918 | .0901 | .0885 | .0869 | .0853 | .0838 | .0823 |
| 1.4 | .0808 | .0793 | .0778 | .0764 | .0749 | .0735 | .0721 | .0708 | .0694 | .0681 |
| 1.5 | .0668 | .0655 | .0643 | .0630 | .0618 | .0606 | .0594 | .0582 | .0571 | .0559 |
| 1.6 | .0548 | .0537 | .0526 | .0516 | .0505 | .0495 | .0485 | .0475 | .0465 | .0455 |
| 1.7 | .0446 | .0436 | .0427 | .0418 | .0409 | .0401 | .0392 | .0384 | .0375 | .0367 |
| 1.8 | .0359 | .0351 | .0344 | .0336 | .0329 | .0322 | .0314 | .0307 | .0301 | .0294 |
| 1.9 | .0287 | .0281 | .0274 | .0268 | .0262 | .0256 | .0250 | .0244 | .0239 | .0233 |
| 2.0 | .0228 | .0222 | .0217 | .0212 | .0207 | .0202 | .0197 | .0192 | .0188 | .0183 |
| 2.1 | .0179 | .0174 | .0170 | .0166 | .0162 | .0158 | .0154 | .0150 | .0146 | .0143 |
| 2.2 | .0139 | .0136 | .0132 | .0129 | .0125 | .0122 | .0119 | .0116 | .0113 | .0110 |
| 2.3 | .0107 | .0104 | .0102 | .0099 | .0096 | .0093 | .0091 | .0088 | .0086 | .0083 |
| 2.4 | .0081 | .0078 | .0076 | .0073 | .0071 | .0069 | .0067 | .0065 | .0062 | .0060 |
| 2.5 | .0059 | .0057 | .0055 | .0053 | .0051 | .0049 | .0047 | .0045 | .0043 | .0041 |
| 2.6 | .0040 | .0038 | .0037 | .0035 | .0034 | .0032 | .0031 | .0029 | .0028 | .0026 |
| 2.7 | .0025 | .0024 | .0023 | .0021 | .0020 | .0019 | .0018 | .0017 | .0016 | .0015 |
| 2.8 | .0014 | .0013 | .0013 | .0012 | .0011 | .0010 | .0009 | .0009 | .0008 | .0008 |
| 2.9 | .0007 | .0007 | .0006 | .0006 | .0005 | .0005 | .0005 | .0004 | .0004 | .0004 |
| 3.0 | .0013 | .0013 | .0013 | .0012 | .0012 | .0011 | .0011 | .0011 | .0010 | .0010 |
| p = | 0.5000 | 0.7500 | 0.8000 | 0.9000 | 0.9500 | 0.9750 | 0.9900 | 0.9950 | 0.9975 | 0.9990 |
| $z_p$ = | 0.0000 | 0.6745 | 0.8416 | 1.2816 | 1.6449 | 1.9600 | 2.3263 | 2.5758 | 2.8070 | 3.0902 |

Tabelle 5: Überschreitungswahrscheinlichkeiten $P$ für Abszissenwerte $z$ der Standardnormalverteilung

Die Werte werden erzeugt mit:

```r
# erstelle Werte von 0.00 bis 3.09
z <- seq(from=0, to=3.09, by = 0.01)

# P-Werte berechnen
1 - pnorm(z)
```

```
  [1] 0.500000000 0.496010644 0.492021686 0.488033527 0.484046563 0.480061194
  [7] 0.476077817 0.472096830 0.468118628 0.464143607 0.460172163 0.456204687
 [13] 0.452241574 0.448283213 0.444329995 0.440382308 0.436440537 0.432505068
 [19] 0.428576284 0.424654565 0.420740291 0.416833837 0.412935577 0.409045885
 [25] 0.405165128 0.401293674 0.397431887 0.393580127 0.389738752 0.385908119
 [31] 0.382088578 0.378280478 0.374484165 0.370699981 0.366928264 0.363169349
 [37] 0.359423567 0.355691245 0.351972708 0.348268273 0.344578258 0.340902974
 [43] 0.337242727 0.333597821 0.329968554 0.326355220 0.322758110 0.319177509
 [49] 0.315613697 0.312066949 0.308537539 0.305025731 0.301531788 0.298055965
 [55] 0.294598516 0.291159687 0.287739719 0.284338849 0.280957309 0.277595325
 [61] 0.274253118 0.270930904 0.267628893 0.264347292 0.261086300 0.257846111
 [67] 0.254626915 0.251428895 0.248252230 0.245097094 0.241963652 0.238852068
 [73] 0.235762498 0.232695092 0.229649997 0.226627352 0.223627292 0.220649946
 [79] 0.217695438 0.214763884 0.211855399 0.208970088 0.206108054 0.203269392
 [85] 0.200454193 0.197662543 0.194894521 0.192150202 0.189429655 0.186732943
 [91] 0.184060125 0.181411255 0.178786380 0.176185542 0.173608780 0.171056126
 [97] 0.168527607 0.166023246 0.163543059 0.161087060 0.158655254 0.156247645
[103] 0.153864230 0.151505003 0.149169950 0.146859056 0.144572300 0.142309654
[109] 0.140071090 0.137856572 0.135666061 0.133499513 0.131356881 0.129238112
[115] 0.127143151 0.125071936 0.123024403 0.121000484 0.119000107 0.117023196
[121] 0.115069670 0.113139446 0.111232437 0.109348552 0.107487697 0.105649774
[127] 0.103834681 0.102042315 0.100272568 0.098525329 0.096800485 0.095097918
[133] 0.093417509 0.091759136 0.090122672 0.088507991 0.086914962 0.085343451
[139] 0.083793322 0.082264439 0.080756659 0.079269841 0.077803841 0.076358510
[145] 0.074933700 0.073529260 0.072145037 0.070780877 0.069436623 0.068112118
[151] 0.066807201 0.065521712 0.064255488 0.063008364 0.061780177 0.060570758
[157] 0.059379941 0.058207556 0.057053433 0.055917403 0.054799292 0.053698928
[163] 0.052616138 0.051550748 0.050502583 0.049471468 0.048457226 0.047459682
[169] 0.046478658 0.045513977 0.044565463 0.043632937 0.042716221 0.041815138
[175] 0.040929509 0.040059157 0.039203903 0.038363570 0.037537980 0.036726956
[181] 0.035930319 0.035147894 0.034379502 0.033624969 0.032884119 0.032156775
[187] 0.031442763 0.030741909 0.030054039 0.029378980 0.028716560 0.028066607
[193] 0.027428950 0.026803419 0.026189845 0.025588060 0.024997895 0.024419185
[199] 0.023851764 0.023295468 0.022750132 0.022215594 0.021691694 0.021178270
[205] 0.020675163 0.020182215 0.019699270 0.019226172 0.018762766 0.018308900
[211] 0.017864421 0.017429178 0.017003023 0.016585807 0.016177383 0.015777607
[217] 0.015386335 0.015003423 0.014628731 0.014262118 0.013903448 0.013552581
[223] 0.013209384 0.012873721 0.012545461 0.012224473 0.011910625 0.011603792
[229] 0.011303844 0.011010658 0.010724110 0.010444077 0.010170439 0.009903076
[235] 0.009641870 0.009386706 0.009137468 0.008894043 0.008656319 0.008424186
[241] 0.008197536 0.007976260 0.007760254 0.007549411 0.007343631 0.007142811
[247] 0.006946851 0.006755653 0.006569119 0.006387155 0.006209665 0.006036558
[253] 0.005867742 0.005703126 0.005542623 0.005386146 0.005233608 0.005084926
[259] 0.004940016 0.004798797 0.004661188 0.004527111 0.004396488 0.004269243
[265] 0.004145301 0.004024589 0.003907033 0.003792562 0.003681108 0.003572601
```

```
[271] 0.003466974 0.003364160 0.003264096 0.003166716 0.003071959 0.002979763
[277] 0.002890068 0.002802815 0.002717945 0.002635402 0.002555130 0.002477075
[283] 0.002401182 0.002327400 0.002255677 0.002185961 0.002118205 0.002052359
[289] 0.001988376 0.001926209 0.001865813 0.001807144 0.001750157 0.001694810
[295] 0.001641061 0.001588870 0.001538195 0.001488999 0.001441242 0.001394887
[301] 0.001349898 0.001306238 0.001263873 0.001222769 0.001182891 0.001144207
[307] 0.001106685 0.001070294 0.001035003 0.001000782
```

```
# In Matrix mit 10 Spalten übertragen
matrix(1-pnorm(z),ncol=10, byrow=TRUE)
```

```
            [,1]        [,2]        [,3]        [,4]        [,5]        [,6]
 [1,] 0.500000000 0.496010644 0.492021686 0.488033527 0.484046563 0.480061194
 [2,] 0.460172163 0.456204687 0.452241574 0.448283213 0.444329995 0.440382308
 [3,] 0.420740291 0.416833837 0.412935577 0.409045885 0.405165128 0.401293674
 [4,] 0.382088578 0.378280478 0.374484165 0.370699981 0.366928264 0.363169349
 [5,] 0.344578258 0.340902974 0.337242727 0.333597821 0.329968554 0.326355220
 [6,] 0.308537539 0.305025731 0.301531788 0.298055965 0.294598516 0.291159687
 [7,] 0.274253118 0.270930904 0.267628893 0.264347292 0.261086300 0.257846111
 [8,] 0.241963652 0.238852068 0.235762498 0.232695092 0.229649997 0.226627352
 [9,] 0.211855399 0.208970088 0.206108054 0.203269392 0.200454193 0.197662543
[10,] 0.184060125 0.181411255 0.178786380 0.176185542 0.173608780 0.171056126
[11,] 0.158655254 0.156247645 0.153864230 0.151505003 0.149169950 0.146859056
[12,] 0.135666061 0.133499513 0.131356881 0.129238112 0.127143151 0.125071936
[13,] 0.115069670 0.113139446 0.111232437 0.109348552 0.107487697 0.105649774
[14,] 0.096800485 0.095097918 0.093417509 0.091759136 0.090122672 0.088507991
[15,] 0.080756659 0.079269841 0.077803841 0.076358510 0.074933700 0.073529260
[16,] 0.066807201 0.065521712 0.064255488 0.063008364 0.061780177 0.060570758
[17,] 0.054799292 0.053698928 0.052616138 0.051550748 0.050502583 0.049471468
[18,] 0.044565463 0.043632937 0.042716221 0.041815138 0.040929509 0.040059157
[19,] 0.035930319 0.035147894 0.034379502 0.033624969 0.032884119 0.032156775
[20,] 0.028716560 0.028066607 0.027428950 0.026803419 0.026189845 0.025588060
[21,] 0.022750132 0.022215594 0.021691694 0.021178270 0.020675163 0.020182215
[22,] 0.017864421 0.017429178 0.017003023 0.016585807 0.016177383 0.015777607
[23,] 0.013903448 0.013552581 0.013209384 0.012873721 0.012545461 0.012224473
[24,] 0.010724110 0.010444077 0.010170439 0.009903076 0.009641870 0.009386706
[25,] 0.008197536 0.007976260 0.007760254 0.007549411 0.007343631 0.007142811
[26,] 0.006209665 0.006036558 0.005867742 0.005703126 0.005542623 0.005386146
[27,] 0.004661188 0.004527111 0.004396488 0.004269243 0.004145301 0.004024589
[28,] 0.003466974 0.003364160 0.003264096 0.003166716 0.003071959 0.002979763
[29,] 0.002555130 0.002477075 0.002401182 0.002327400 0.002255677 0.002185961
[30,] 0.001865813 0.001807144 0.001750157 0.001694810 0.001641061 0.001588870
[31,] 0.001349898 0.001306238 0.001263873 0.001222769 0.001182891 0.001144207
            [,7]        [,8]        [,9]       [,10]
 [1,] 0.476077817 0.472096830 0.468118628 0.464143607
 [2,] 0.436440537 0.432505068 0.428576284 0.424654565
 [3,] 0.397431887 0.393580127 0.389738752 0.385908119
 [4,] 0.359423567 0.355691245 0.351972708 0.348268273
 [5,] 0.322758110 0.319177509 0.315613697 0.312066949
```

```
 [6,] 0.287739719 0.284338849 0.280957309 0.277595325
 [7,] 0.254626915 0.251428895 0.248252230 0.245097094
 [8,] 0.223627292 0.220649946 0.217695438 0.214763884
 [9,] 0.194894521 0.192150202 0.189429655 0.186732943
[10,] 0.168527607 0.166023246 0.163543059 0.161087060
[11,] 0.144572300 0.142309654 0.140071090 0.137856572
[12,] 0.123024403 0.121000484 0.119000107 0.117023196
[13,] 0.103834681 0.102042315 0.100272568 0.098525329
[14,] 0.086914962 0.085343451 0.083793322 0.082264439
[15,] 0.072145037 0.070780877 0.069436623 0.068112118
[16,] 0.059379941 0.058207556 0.057053433 0.055917403
[17,] 0.048457226 0.047459682 0.046478658 0.045513977
[18,] 0.039203903 0.038363570 0.037537980 0.036726956
[19,] 0.031442763 0.030741909 0.030054039 0.029378980
[20,] 0.024997895 0.024419185 0.023851764 0.023295468
[21,] 0.019699270 0.019226172 0.018762766 0.018308900
[22,] 0.015386335 0.015003423 0.014628731 0.014262118
[23,] 0.011910625 0.011603792 0.011303844 0.011010658
[24,] 0.009137468 0.008894043 0.008656319 0.008424186
[25,] 0.006946851 0.006755653 0.006569119 0.006387155
[26,] 0.005233608 0.005084926 0.004940016 0.004798797
[27,] 0.003907033 0.003792562 0.003681108 0.003572601
[28,] 0.002890068 0.002802815 0.002717945 0.002635402
[29,] 0.002118205 0.002052359 0.001988376 0.001926209
[30,] 0.001538195 0.001488999 0.001441242 0.001394887
[31,] 0.001106685 0.001070294 0.001035003 0.001000782
```

```
# auf 4 Stellen runden
matrix(round(1-pnorm(z),4),ncol=10, byrow=TRUE)
```

```
       [,1]   [,2]   [,3]   [,4]   [,5]   [,6]   [,7]   [,8]   [,9]  [,10]
 [1,] 0.5000 0.4960 0.4920 0.4880 0.4840 0.4801 0.4761 0.4721 0.4681 0.4641
 [2,] 0.4602 0.4562 0.4522 0.4483 0.4443 0.4404 0.4364 0.4325 0.4286 0.4247
 [3,] 0.4207 0.4168 0.4129 0.4090 0.4052 0.4013 0.3974 0.3936 0.3897 0.3859
 [4,] 0.3821 0.3783 0.3745 0.3707 0.3669 0.3632 0.3594 0.3557 0.3520 0.3483
 [5,] 0.3446 0.3409 0.3372 0.3336 0.3300 0.3264 0.3228 0.3192 0.3156 0.3121
 [6,] 0.3085 0.3050 0.3015 0.2981 0.2946 0.2912 0.2877 0.2843 0.2810 0.2776
 [7,] 0.2743 0.2709 0.2676 0.2643 0.2611 0.2578 0.2546 0.2514 0.2483 0.2451
 [8,] 0.2420 0.2389 0.2358 0.2327 0.2296 0.2266 0.2236 0.2206 0.2177 0.2148
 [9,] 0.2119 0.2090 0.2061 0.2033 0.2005 0.1977 0.1949 0.1922 0.1894 0.1867
[10,] 0.1841 0.1814 0.1788 0.1762 0.1736 0.1711 0.1685 0.1660 0.1635 0.1611
[11,] 0.1587 0.1562 0.1539 0.1515 0.1492 0.1469 0.1446 0.1423 0.1401 0.1379
[12,] 0.1357 0.1335 0.1314 0.1292 0.1271 0.1251 0.1230 0.1210 0.1190 0.1170
[13,] 0.1151 0.1131 0.1112 0.1093 0.1075 0.1056 0.1038 0.1020 0.1003 0.0985
[14,] 0.0968 0.0951 0.0934 0.0918 0.0901 0.0885 0.0869 0.0853 0.0838 0.0823
[15,] 0.0808 0.0793 0.0778 0.0764 0.0749 0.0735 0.0721 0.0708 0.0694 0.0681
[16,] 0.0668 0.0655 0.0643 0.0630 0.0618 0.0606 0.0594 0.0582 0.0571 0.0559
[17,] 0.0548 0.0537 0.0526 0.0516 0.0505 0.0495 0.0485 0.0475 0.0465 0.0455
[18,] 0.0446 0.0436 0.0427 0.0418 0.0409 0.0401 0.0392 0.0384 0.0375 0.0367
```

```
[19,] 0.0359 0.0351 0.0344 0.0336 0.0329 0.0322 0.0314 0.0307 0.0301 0.0294
[20,] 0.0287 0.0281 0.0274 0.0268 0.0262 0.0256 0.0250 0.0244 0.0239 0.0233
[21,] 0.0228 0.0222 0.0217 0.0212 0.0207 0.0202 0.0197 0.0192 0.0188 0.0183
[22,] 0.0179 0.0174 0.0170 0.0166 0.0162 0.0158 0.0154 0.0150 0.0146 0.0143
[23,] 0.0139 0.0136 0.0132 0.0129 0.0125 0.0122 0.0119 0.0116 0.0113 0.0110
[24,] 0.0107 0.0104 0.0102 0.0099 0.0096 0.0094 0.0091 0.0089 0.0087 0.0084
[25,] 0.0082 0.0080 0.0078 0.0075 0.0073 0.0071 0.0069 0.0068 0.0066 0.0064
[26,] 0.0062 0.0060 0.0059 0.0057 0.0055 0.0054 0.0052 0.0051 0.0049 0.0048
[27,] 0.0047 0.0045 0.0044 0.0043 0.0041 0.0040 0.0039 0.0038 0.0037 0.0036
[28,] 0.0035 0.0034 0.0033 0.0032 0.0031 0.0030 0.0029 0.0028 0.0027 0.0026
[29,] 0.0026 0.0025 0.0024 0.0023 0.0023 0.0022 0.0021 0.0021 0.0020 0.0019
[30,] 0.0019 0.0018 0.0018 0.0017 0.0016 0.0016 0.0015 0.0015 0.0014 0.0014
[31,] 0.0013 0.0013 0.0013 0.0012 0.0012 0.0011 0.0011 0.0011 0.0010 0.0010
```

```
# In Dataframe übertragen
tabelle2 <- data.frame(matrix(round(1-pnorm(z),4),ncol=10, byrow=TRUE))
# benenne die Spalten
colnames(tabelle2) <- c(seq(0.00, 0.09, 0.01))
# benenne die Zeilen
row.names(tabelle2) <- c(seq(0, 3, 0.1))
# gib fertige Tabelle aus
tabelle2
```

```
         0   0.01   0.02   0.03   0.04   0.05   0.06   0.07   0.08   0.09
0   0.5000 0.4960 0.4920 0.4880 0.4840 0.4801 0.4761 0.4721 0.4681 0.4641
0.1 0.4602 0.4562 0.4522 0.4483 0.4443 0.4404 0.4364 0.4325 0.4286 0.4247
0.2 0.4207 0.4168 0.4129 0.4090 0.4052 0.4013 0.3974 0.3936 0.3897 0.3859
0.3 0.3821 0.3783 0.3745 0.3707 0.3669 0.3632 0.3594 0.3557 0.3520 0.3483
0.4 0.3446 0.3409 0.3372 0.3336 0.3300 0.3264 0.3228 0.3192 0.3156 0.3121
0.5 0.3085 0.3050 0.3015 0.2981 0.2946 0.2912 0.2877 0.2843 0.2810 0.2776
0.6 0.2743 0.2709 0.2676 0.2643 0.2611 0.2578 0.2546 0.2514 0.2483 0.2451
0.7 0.2420 0.2389 0.2358 0.2327 0.2296 0.2266 0.2236 0.2206 0.2177 0.2148
0.8 0.2119 0.2090 0.2061 0.2033 0.2005 0.1977 0.1949 0.1922 0.1894 0.1867
0.9 0.1841 0.1814 0.1788 0.1762 0.1736 0.1711 0.1685 0.1660 0.1635 0.1611
1   0.1587 0.1562 0.1539 0.1515 0.1492 0.1469 0.1446 0.1423 0.1401 0.1379
1.1 0.1357 0.1335 0.1314 0.1292 0.1271 0.1251 0.1230 0.1210 0.1190 0.1170
1.2 0.1151 0.1131 0.1112 0.1093 0.1075 0.1056 0.1038 0.1020 0.1003 0.0985
1.3 0.0968 0.0951 0.0934 0.0918 0.0901 0.0885 0.0869 0.0853 0.0838 0.0823
1.4 0.0808 0.0793 0.0778 0.0764 0.0749 0.0735 0.0721 0.0708 0.0694 0.0681
1.5 0.0668 0.0655 0.0643 0.0630 0.0618 0.0606 0.0594 0.0582 0.0571 0.0559
1.6 0.0548 0.0537 0.0526 0.0516 0.0505 0.0495 0.0485 0.0475 0.0465 0.0455
1.7 0.0446 0.0436 0.0427 0.0418 0.0409 0.0401 0.0392 0.0384 0.0375 0.0367
1.8 0.0359 0.0351 0.0344 0.0336 0.0329 0.0322 0.0314 0.0307 0.0301 0.0294
1.9 0.0287 0.0281 0.0274 0.0268 0.0262 0.0256 0.0250 0.0244 0.0239 0.0233
2   0.0228 0.0222 0.0217 0.0212 0.0207 0.0202 0.0197 0.0192 0.0188 0.0183
2.1 0.0179 0.0174 0.0170 0.0166 0.0162 0.0158 0.0154 0.0150 0.0146 0.0143
2.2 0.0139 0.0136 0.0132 0.0129 0.0125 0.0122 0.0119 0.0116 0.0113 0.0110
2.3 0.0107 0.0104 0.0102 0.0099 0.0096 0.0094 0.0091 0.0089 0.0087 0.0084
2.4 0.0082 0.0080 0.0078 0.0075 0.0073 0.0071 0.0069 0.0068 0.0066 0.0064
```

```
2.5 0.0062 0.0060 0.0059 0.0057 0.0055 0.0054 0.0052 0.0051 0.0049 0.0048
2.6 0.0047 0.0045 0.0044 0.0043 0.0041 0.0040 0.0039 0.0038 0.0037 0.0036
2.7 0.0035 0.0034 0.0033 0.0032 0.0031 0.0030 0.0029 0.0028 0.0027 0.0026
2.8 0.0026 0.0025 0.0024 0.0023 0.0023 0.0022 0.0021 0.0021 0.0020 0.0019
2.9 0.0019 0.0018 0.0018 0.0017 0.0016 0.0016 0.0015 0.0015 0.0014 0.0014
3   0.0013 0.0013 0.0013 0.0012 0.0012 0.0011 0.0011 0.0011 0.0010 0.0010
```

## 43.3 Kritische Werte $t^*$ der $t$-Verteilung

| | Irrtumswahrscheinlichkeit $\alpha/2$ für zweiseitige Fragestellung | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | 0.10 | 0.05 | 0.025 | 0.01 | 0.005 | 0.0005 |
| | Irrtumswahrscheinlichkeit $\alpha$ für einseitige Fragestellung | | | | | |
| **df** | 0.20 | 0.10 | 0.050 | 0.020 | 0.010 | 0.0010 |
| 1 | 3.078 | 6.314 | 12.706 | 31.821 | 63.657 | 318.309 |
| 2 | 1.886 | 2.920 | 4.303 | 6.965 | 9.925 | 22.327 |
| 3 | 1.638 | 2.353 | 3.182 | 4.541 | 5.841 | 10.215 |
| 4 | 1.533 | 2.132 | 2.776 | 3.747 | 4.604 | 7.173 |
| 5 | 1.476 | 2.015 | 2.571 | 3.365 | 4.032 | 5.893 |
| 6 | 1.440 | 1.943 | 2.447 | 3.143 | 3.707 | 5.208 |
| 7 | 1.415 | 1.895 | 2.365 | 2.998 | 3.499 | 4.785 |
| 8 | 1.397 | 1.860 | 2.306 | 2.896 | 3.355 | 4.501 |
| 9 | 1.383 | 1.833 | 2.262 | 2.821 | 3.250 | 4.297 |
| 10 | 1.372 | 1.812 | 2.228 | 2.764 | 3.169 | 4.144 |
| 11 | 1.363 | 1.796 | 2.201 | 2.718 | 3.106 | 4.025 |
| 12 | 1.356 | 1.782 | 2.179 | 2.681 | 3.055 | 3.930 |
| 13 | 1.350 | 1.771 | 2.160 | 2.650 | 3.012 | 3.852 |
| 14 | 1.345 | 1.761 | 2.145 | 2.624 | 2.977 | 3.787 |
| 15 | 1.341 | 1.753 | 2.131 | 2.602 | 2.947 | 3.733 |
| 16 | 1.337 | 1.746 | 2.120 | 2.583 | 2.921 | 3.686 |
| 17 | 1.333 | 1.740 | 2.110 | 2.567 | 2.898 | 3.646 |
| 18 | 1.330 | 1.734 | 2.101 | 2.552 | 2.878 | 3.611 |
| 19 | 1.328 | 1.729 | 2.093 | 2.539 | 2.861 | 3.579 |
| 20 | 1.325 | 1.725 | 2.086 | 2.528 | 2.845 | 3.552 |
| 21 | 1.323 | 1.721 | 2.080 | 2.518 | 2.831 | 3.527 |
| 22 | 1.321 | 1.717 | 2.074 | 2.508 | 2.819 | 3.505 |
| 23 | 1.319 | 1.714 | 2.069 | 2.500 | 2.807 | 3.485 |
| 24 | 1.318 | 1.711 | 2.064 | 2.492 | 2.797 | 3.467 |
| 25 | 1.316 | 1.708 | 2.060 | 2.485 | 2.787 | 3.450 |
| 26 | 1.315 | 1.706 | 2.056 | 2.479 | 2.779 | 3.435 |
| 27 | 1.314 | 1.703 | 2.052 | 2.473 | 2.771 | 3.421 |
| 28 | 1.313 | 1.701 | 2.048 | 2.467 | 2.763 | 3.408 |
| 29 | 1.311 | 1.699 | 2.045 | 2.462 | 2.756 | 3.396 |
| 30 | 1.310 | 1.697 | 2.042 | 2.457 | 2.750 | 3.385 |
| 40 | 1.303 | 1.684 | 2.021 | 2.423 | 2.704 | 3.307 |
| 50 | 1.299 | 1.676 | 2.009 | 2.403 | 2.678 | 3.261 |
| 60 | 1.296 | 1.671 | 2.000 | 2.390 | 2.660 | 3.232 |
| 70 | 1.294 | 1.667 | 1.994 | 2.381 | 2.648 | 3.211 |
| 80 | 1.292 | 1.664 | 1.990 | 2.374 | 2.639 | 3.195 |
| 90 | 1.291 | 1.662 | 1.987 | 2.368 | 2.632 | 3.183 |
| 100 | 1.290 | 1.660 | 1.984 | 2.364 | 2.626 | 3.174 |
| 200 | 1.286 | 1.653 | 1.972 | 2.345 | 2.601 | 3.131 |
| 300 | 1.284 | 1.650 | 1.968 | 2.339 | 2.592 | 3.118 |
| 400 | 1.284 | 1.649 | 1.966 | 2.336 | 2.588 | 3.111 |
| 500 | 1.283 | 1.648 | 1.965 | 2.334 | 2.586 | 3.107 |
| $\infty$ | 1.282 | 1.645 | 1.960 | 2.326 | 2.576 | 3.090 |

Tabelle 6: Kritische Werte $t^*$ der $t$-Verteilung

Die Werte werden erzeugt mit:

```
# erstelle Werte von 1 bis 100, und 200, 300, 400, 500
df <- c(seq(from=1, to=100, by = 1), 200, 300, 400, 500)

# für alpha= 0.2
qt(0.9,df=df)
```

```
  [1] 3.077684 1.885618 1.637744 1.533206 1.475884 1.439756 1.414924 1.396815
  [9] 1.383029 1.372184 1.363430 1.356217 1.350171 1.345030 1.340606 1.336757
 [17] 1.333379 1.330391 1.327728 1.325341 1.323188 1.321237 1.319460 1.317836
 [25] 1.316345 1.314972 1.313703 1.312527 1.311434 1.310415 1.309464 1.308573
 [33] 1.307737 1.306952 1.306212 1.305514 1.304854 1.304230 1.303639 1.303077
 [41] 1.302543 1.302035 1.301552 1.301090 1.300649 1.300228 1.299825 1.299439
 [49] 1.299069 1.298714 1.298373 1.298045 1.297730 1.297426 1.297134 1.296853
 [57] 1.296581 1.296319 1.296066 1.295821 1.295585 1.295356 1.295134 1.294920
 [65] 1.294712 1.294511 1.294315 1.294126 1.293942 1.293763 1.293589 1.293421
 [73] 1.293256 1.293097 1.292941 1.292790 1.292643 1.292500 1.292360 1.292224
 [81] 1.292091 1.291961 1.291835 1.291711 1.291591 1.291473 1.291358 1.291246
 [89] 1.291136 1.291029 1.290924 1.290821 1.290721 1.290623 1.290527 1.290432
 [97] 1.290340 1.290250 1.290161 1.290075 1.285799 1.284380 1.283672 1.283247
```

```
# erstelle Datenframe
tabelle_t <- data.frame(qt(0.9,df=df), qt(0.95,df=df), qt(0.975,df=df), qt(0.99,df=df),
qt(0.995,df=df), qt(0.9995,df=df))
# benenne Spalten
colnames(tabelle_t) <- c("0.01","0.05","0.025","0.01","0.005","0.0005")
# benenne Zeilen
row.names(tabelle_t) <- df
# gib Tabelle aus
tabelle_t
```

```
       0.01     0.05     0.025      0.01     0.005     0.0005
1   3.077684 6.313752 12.706205 31.820516 63.656741 636.619249
2   1.885618 2.919986  4.302653  6.964557  9.924843  31.599055
3   1.637744 2.353363  3.182446  4.540703  5.840909  12.923979
4   1.533206 2.131847  2.776445  3.746947  4.604095   8.610302
5   1.475884 2.015048  2.570582  3.364930  4.032143   6.868827
6   1.439756 1.943180  2.446912  3.142668  3.707428   5.958816
7   1.414924 1.894579  2.364624  2.997952  3.499483   5.407883
8   1.396815 1.859548  2.306004  2.896459  3.355387   5.041305
9   1.383029 1.833113  2.262157  2.821438  3.249836   4.780913
10  1.372184 1.812461  2.228139  2.763769  3.169273   4.586894
11  1.363430 1.795885  2.200985  2.718079  3.105807   4.436979
12  1.356217 1.782288  2.178813  2.680998  3.054540   4.317791
13  1.350171 1.770933  2.160369  2.650309  3.012276   4.220832
14  1.345030 1.761310  2.144787  2.624494  2.976843   4.140454
15  1.340606 1.753050  2.131450  2.602480  2.946713   4.072765
```

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 16 | 1.336757 | 1.745884 | 2.119905 | 2.583487 | 2.920782 | 4.014996 |
| 17 | 1.333379 | 1.739607 | 2.109816 | 2.566934 | 2.898231 | 3.965126 |
| 18 | 1.330391 | 1.734064 | 2.100922 | 2.552380 | 2.878440 | 3.921646 |
| 19 | 1.327728 | 1.729133 | 2.093024 | 2.539483 | 2.860935 | 3.883406 |
| 20 | 1.325341 | 1.724718 | 2.085963 | 2.527977 | 2.845340 | 3.849516 |
| 21 | 1.323188 | 1.720743 | 2.079614 | 2.517648 | 2.831360 | 3.819277 |
| 22 | 1.321237 | 1.717144 | 2.073873 | 2.508325 | 2.818756 | 3.792131 |
| 23 | 1.319460 | 1.713872 | 2.068658 | 2.499867 | 2.807336 | 3.767627 |
| 24 | 1.317836 | 1.710882 | 2.063899 | 2.492159 | 2.796940 | 3.745399 |
| 25 | 1.316345 | 1.708141 | 2.059539 | 2.485107 | 2.787436 | 3.725144 |
| 26 | 1.314972 | 1.705618 | 2.055529 | 2.478630 | 2.778715 | 3.706612 |
| 27 | 1.313703 | 1.703288 | 2.051831 | 2.472660 | 2.770683 | 3.689592 |
| 28 | 1.312527 | 1.701131 | 2.048407 | 2.467140 | 2.763262 | 3.673906 |
| 29 | 1.311434 | 1.699127 | 2.045230 | 2.462021 | 2.756386 | 3.659405 |
| 30 | 1.310415 | 1.697261 | 2.042272 | 2.457262 | 2.749996 | 3.645959 |
| 31 | 1.309464 | 1.695519 | 2.039513 | 2.452824 | 2.744042 | 3.633456 |
| 32 | 1.308573 | 1.693889 | 2.036933 | 2.448678 | 2.738481 | 3.621802 |
| 33 | 1.307737 | 1.692360 | 2.034515 | 2.444794 | 2.733277 | 3.610913 |
| 34 | 1.306952 | 1.690924 | 2.032245 | 2.441150 | 2.728394 | 3.600716 |
| 35 | 1.306212 | 1.689572 | 2.030108 | 2.437723 | 2.723806 | 3.591147 |
| 36 | 1.305514 | 1.688298 | 2.028094 | 2.434494 | 2.719485 | 3.582150 |
| 37 | 1.304854 | 1.687094 | 2.026192 | 2.431447 | 2.715409 | 3.573675 |
| 38 | 1.304230 | 1.685954 | 2.024394 | 2.428568 | 2.711558 | 3.565678 |
| 39 | 1.303639 | 1.684875 | 2.022691 | 2.425841 | 2.707913 | 3.558120 |
| 40 | 1.303077 | 1.683851 | 2.021075 | 2.423257 | 2.704459 | 3.550966 |
| 41 | 1.302543 | 1.682878 | 2.019541 | 2.420803 | 2.701181 | 3.544184 |
| 42 | 1.302035 | 1.681952 | 2.018082 | 2.418470 | 2.698066 | 3.537745 |
| 43 | 1.301552 | 1.681071 | 2.016692 | 2.416250 | 2.695102 | 3.531626 |
| 44 | 1.301090 | 1.680230 | 2.015368 | 2.414134 | 2.692278 | 3.525801 |
| 45 | 1.300649 | 1.679427 | 2.014103 | 2.412116 | 2.689585 | 3.520251 |
| 46 | 1.300228 | 1.678660 | 2.012896 | 2.410188 | 2.687013 | 3.514957 |
| 47 | 1.299825 | 1.677927 | 2.011741 | 2.408345 | 2.684556 | 3.509901 |
| 48 | 1.299439 | 1.677224 | 2.010635 | 2.406581 | 2.682204 | 3.505068 |
| 49 | 1.299069 | 1.676551 | 2.009575 | 2.404892 | 2.679952 | 3.500443 |
| 50 | 1.298714 | 1.675905 | 2.008559 | 2.403272 | 2.677793 | 3.496013 |
| 51 | 1.298373 | 1.675285 | 2.007584 | 2.401718 | 2.675722 | 3.491766 |
| 52 | 1.298045 | 1.674689 | 2.006647 | 2.400225 | 2.673734 | 3.487691 |
| 53 | 1.297730 | 1.674116 | 2.005746 | 2.398790 | 2.671823 | 3.483777 |
| 54 | 1.297426 | 1.673565 | 2.004879 | 2.397410 | 2.669985 | 3.480016 |
| 55 | 1.297134 | 1.673034 | 2.004045 | 2.396081 | 2.668216 | 3.476398 |
| 56 | 1.296853 | 1.672522 | 2.003241 | 2.394801 | 2.666512 | 3.472916 |
| 57 | 1.296581 | 1.672029 | 2.002465 | 2.393568 | 2.664870 | 3.469562 |
| 58 | 1.296319 | 1.671553 | 2.001717 | 2.392377 | 2.663287 | 3.466329 |
| 59 | 1.296066 | 1.671093 | 2.000995 | 2.391229 | 2.661759 | 3.463210 |
| 60 | 1.295821 | 1.670649 | 2.000298 | 2.390119 | 2.660283 | 3.460200 |
| 61 | 1.295585 | 1.670219 | 1.999624 | 2.389047 | 2.658857 | 3.457294 |
| 62 | 1.295356 | 1.669804 | 1.998972 | 2.388011 | 2.657479 | 3.454485 |
| 63 | 1.295134 | 1.669402 | 1.998341 | 2.387008 | 2.656145 | 3.451769 |
| 64 | 1.294920 | 1.669013 | 1.997730 | 2.386037 | 2.654854 | 3.449142 |
| 65 | 1.294712 | 1.668636 | 1.997138 | 2.385097 | 2.653604 | 3.446598 |
| 66 | 1.294511 | 1.668271 | 1.996564 | 2.384186 | 2.652394 | 3.444135 |
| 67 | 1.294315 | 1.667916 | 1.996008 | 2.383302 | 2.651220 | 3.441749 |

```
68  1.294126 1.667572  1.995469  2.382446  2.650081   3.439435
69  1.293942 1.667239  1.994945  2.381615  2.648977   3.437192
70  1.293763 1.666914  1.994437  2.380807  2.647905   3.435015
71  1.293589 1.666600  1.993943  2.380024  2.646863   3.432901
72  1.293421 1.666294  1.993464  2.379262  2.645852   3.430848
73  1.293256 1.665996  1.992997  2.378522  2.644869   3.428854
74  1.293097 1.665707  1.992543  2.377802  2.643913   3.426916
75  1.292941 1.665425  1.992102  2.377102  2.642983   3.425031
76  1.292790 1.665151  1.991673  2.376420  2.642078   3.423197
77  1.292643 1.664885  1.991254  2.375757  2.641198   3.421413
78  1.292500 1.664625  1.990847  2.375111  2.640340   3.419676
79  1.292360 1.664371  1.990450  2.374482  2.639505   3.417985
80  1.292224 1.664125  1.990063  2.373868  2.638691   3.416337
81  1.292091 1.663884  1.989686  2.373270  2.637897   3.414732
82  1.291961 1.663649  1.989319  2.372687  2.637123   3.413167
83  1.291835 1.663420  1.988960  2.372119  2.636369   3.411641
84  1.291711 1.663197  1.988610  2.371564  2.635632   3.410152
85  1.291591 1.662978  1.988268  2.371022  2.634914   3.408699
86  1.291473 1.662765  1.987934  2.370493  2.634212   3.407282
87  1.291358 1.662557  1.987608  2.369977  2.633527   3.405897
88  1.291246 1.662354  1.987290  2.369472  2.632858   3.404546
89  1.291136 1.662155  1.986979  2.368979  2.632204   3.403225
90  1.291029 1.661961  1.986675  2.368497  2.631565   3.401935
91  1.290924 1.661771  1.986377  2.368026  2.630940   3.400674
92  1.290821 1.661585  1.986086  2.367566  2.630330   3.399442
93  1.290721 1.661404  1.985802  2.367115  2.629732   3.398236
94  1.290623 1.661226  1.985523  2.366674  2.629148   3.397057
95  1.290527 1.661052  1.985251  2.366243  2.628576   3.395904
96  1.290432 1.660881  1.984984  2.365821  2.628016   3.394775
97  1.290340 1.660715  1.984723  2.365407  2.627468   3.393670
98  1.290250 1.660551  1.984467  2.365002  2.626931   3.392588
99  1.290161 1.660391  1.984217  2.364606  2.626405   3.391529
100 1.290075 1.660234  1.983972  2.364217  2.625891   3.390491
200 1.285799 1.652508  1.971896  2.345137  2.600634   3.339835
300 1.284380 1.649949  1.967903  2.338842  2.592316   3.323252
400 1.283672 1.648672  1.965912  2.335706  2.588176   3.315015
500 1.283247 1.647907  1.964720  2.333829  2.585698   3.310091
```

## 43.4 Kritische Werte der $\chi^2$-Verteilung

| $\alpha$ | 0.10 | 0.05 | 0.025 | 0.01 | 0.005 | 0.0005 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| **df** | | | | | | |
| 1 | 2.71 | 3.84 | 5.02 | 6.63 | 7.88 | 12.12 |
| 2 | 4.61 | 5.99 | 7.38 | 9.21 | 10.60 | 15.20 |
| 3 | 6.25 | 7.81 | 9.35 | 11.34 | 12.84 | 17.73 |
| 4 | 7.78 | 9.49 | 11.14 | 13.28 | 14.86 | 20.00 |
| 5 | 9.24 | 11.07 | 12.83 | 15.09 | 16.75 | 22.11 |
| 6 | 10.64 | 12.59 | 14.45 | 16.81 | 18.55 | 24.10 |
| 7 | 12.02 | 14.07 | 16.01 | 18.48 | 20.28 | 26.02 |
| 8 | 13.36 | 15.51 | 17.53 | 20.09 | 21.95 | 27.87 |
| 9 | 14.68 | 16.92 | 19.02 | 21.67 | 23.59 | 29.67 |
| 10 | 15.99 | 18.31 | 20.48 | 23.21 | 25.19 | 31.42 |
| 11 | 17.28 | 19.68 | 21.92 | 24.72 | 26.76 | 33.14 |
| 12 | 18.55 | 21.03 | 23.34 | 26.22 | 28.30 | 34.82 |
| 13 | 19.81 | 22.36 | 24.74 | 27.69 | 29.82 | 36.48 |
| 14 | 21.06 | 23.68 | 26.12 | 29.14 | 31.32 | 38.11 |
| 15 | 22.31 | 25.00 | 27.49 | 30.58 | 32.80 | 39.72 |
| 16 | 23.54 | 26.30 | 28.85 | 32.00 | 34.27 | 41.31 |
| 17 | 24.77 | 27.59 | 30.19 | 33.41 | 35.72 | 42.88 |
| 18 | 25.99 | 28.87 | 31.53 | 34.81 | 37.16 | 44.43 |
| 19 | 27.20 | 30.14 | 32.85 | 36.19 | 38.58 | 45.97 |
| 20 | 28.41 | 31.41 | 34.17 | 37.57 | 40.00 | 47.50 |
| 21 | 29.62 | 32.67 | 35.48 | 38.93 | 41.40 | 49.01 |
| 22 | 30.81 | 33.92 | 36.78 | 40.29 | 42.80 | 50.51 |
| 23 | 32.01 | 35.17 | 38.08 | 41.64 | 44.18 | 52.00 |
| 24 | 33.20 | 36.42 | 39.36 | 42.98 | 45.56 | 53.48 |
| 25 | 34.38 | 37.65 | 40.65 | 44.31 | 46.93 | 54.95 |
| 26 | 35.56 | 38.89 | 41.92 | 45.64 | 48.29 | 56.41 |
| 27 | 36.74 | 40.11 | 43.19 | 46.96 | 49.64 | 57.86 |
| 28 | 37.92 | 41.34 | 44.46 | 48.28 | 50.99 | 59.30 |
| 29 | 39.09 | 42.56 | 45.72 | 49.59 | 52.34 | 60.73 |
| 30 | 40.26 | 43.77 | 46.98 | 50.89 | 53.67 | 62.16 |
| 31 | 41.42 | 44.99 | 48.23 | 52.19 | 55.00 | 63.58 |
| 32 | 42.58 | 46.19 | 49.48 | 53.49 | 56.33 | 65.00 |
| 33 | 43.75 | 47.40 | 50.73 | 54.78 | 57.65 | 66.40 |
| 34 | 44.90 | 48.60 | 51.97 | 56.06 | 58.96 | 67.80 |
| 35 | 46.06 | 49.80 | 53.20 | 57.34 | 60.27 | 69.20 |
| 36 | 47.21 | 51.00 | 54.44 | 58.62 | 61.58 | 70.59 |
| 37 | 48.36 | 52.19 | 55.67 | 59.89 | 62.88 | 71.97 |
| 38 | 49.51 | 53.38 | 56.90 | 61.16 | 64.18 | 73.35 |
| 39 | 50.66 | 54.57 | 58.12 | 62.43 | 65.48 | 74.73 |
| 40 | 51.81 | 55.76 | 59.34 | 63.69 | 66.77 | 76.09 |

Tabelle 7: Kritische Werte der $\chi^2$-Verteilung

Die Werte werden erzeugt mit:

```
# werte von 1 bis 40
df <- c(seq(from=1, to=40, by = 1))
# chi^2-Werte für unterschiedliche alpha berechnen
tabelle_chi <- data.frame(qchisq(0.9,df=df), qchisq(0.95,df=df), qchisq(0.975,df=df),
qchisq(0.99,df=df), qchisq(0.995,df=df), qchisq(0.9995,df=df))
# benenne Spalten nach alpha-Werten
colnames(tabelle_chi) <- c("0.01","0.05","0.025","0.01","0.005","0.0005")
# benenne Zeilen nach df-Werten
row.names(tabelle_chi) <- df
# gib Tabelle aus
tabelle_chi
```

```
        0.01      0.05     0.025      0.01     0.005   0.0005
1   2.705543  3.841459  5.023886  6.634897  7.879439 12.11567
2   4.605170  5.991465  7.377759  9.210340 10.596635 15.20180
3   6.251389  7.814728  9.348404 11.344867 12.838156 17.73000
4   7.779440  9.487729 11.143287 13.276704 14.860259 19.99735
5   9.236357 11.070498 12.832502 15.086272 16.749602 22.10533
6  10.644641 12.591587 14.449375 16.811894 18.547584 24.10280
7  12.017037 14.067140 16.012764 18.475307 20.277740 26.01777
8  13.361566 15.507313 17.534546 20.090235 21.954955 27.86805
9  14.683657 16.918978 19.022768 21.665994 23.589351 29.66581
10 15.987179 18.307038 20.483177 23.209251 25.188180 31.41981
11 17.275009 19.675138 21.920049 24.724970 26.756849 33.13662
12 18.549348 21.026070 23.336664 26.216967 28.299519 34.82127
13 19.811929 22.362032 24.735605 27.688250 29.819471 36.47779
14 21.064144 23.684791 26.118948 29.141238 31.319350 38.10940
15 22.307130 24.995790 27.488393 30.577914 32.801321 39.71876
16 23.541829 26.296228 28.845351 31.999927 34.267187 41.30807
17 24.769035 27.587112 30.191009 33.408664 35.718466 42.87921
18 25.989423 28.869299 31.526378 34.805306 37.156451 44.43377
19 27.203571 30.143527 32.852327 36.190869 38.582257 45.97312
20 28.411981 31.410433 34.169607 37.566235 39.996846 47.49845
21 29.615089 32.670573 35.478876 38.932173 41.401065 49.01081
22 30.813282 33.924438 36.780712 40.289360 42.795655 50.51112
23 32.006900 35.172462 38.075627 41.638398 44.181275 52.00019
24 33.196244 36.415029 39.364077 42.979820 45.558512 53.47875
25 34.381587 37.652484 40.646469 44.314105 46.927890 54.94746
26 35.563171 38.885139 41.923170 45.641683 48.289882 56.40689
27 36.741217 40.113272 43.194511 46.962942 49.644915 57.85759
28 37.915923 41.337138 44.460792 48.278236 50.993376 59.30003
29 39.087470 42.556968 45.722286 49.587884 52.335618 60.73465
30 40.256024 43.772972 46.979242 50.892181 53.671962 62.16185
31 41.421736 44.985343 48.231890 52.191395 55.002704 63.58201
32 42.584745 46.194260 49.480438 53.485772 56.328115 64.99546
33 43.745180 47.399884 50.725080 54.775540 57.648445 66.40251
34 44.903158 48.602367 51.965995 56.060909 58.963926 67.80346
35 46.058788 49.801850 53.203349 57.342073 60.274771 69.19856
36 47.212174 50.998460 54.437294 58.619215 61.581179 70.58807
```

```
37 48.363408 52.192320 55.667973 59.892500 62.883335 71.97222
38 49.512580 53.383541 56.895521 61.162087 64.181412 73.35123
39 50.659770 54.572228 58.120060 62.428121 65.475571 74.72529
40 51.805057 55.758479 59.341707 63.690740 66.765962 76.09460
```

# 44 COVID19 Fallzahlen analysieren

Ich möchte die COVID19-Fallahlen analysieren.

Hierfür gibt es eine schöne Anleitung von der Universität Toronto: https://mdl.library.utoronto.ca/technology/tutorials/covid-19-data-r

Zunächst holen wir uns die aktuellen Daten.

```
# aktiviere das Tidyverse
library(tidyverse)

# Importiere Johns Hopkins Github data
confirmedraw <- read.csv( "https://raw.githubusercontent.com/CSSEGISandData/COVID-19/master/csse_covid_19_data/csse_covid_19_time_series/time_series_covid19_confirmed_global.csv")
deathsraw <- read.csv( "https://raw.githubusercontent.com/CSSEGISandData/COVID-19/master/csse_covid_19_data/csse_covid_19_time_series/time_series_covid19_deaths_global.csv")
recoveredraw <- read.csv( "https://raw.githubusercontent.com/CSSEGISandData/COVID-19/master/csse_covid_19_data/csse_covid_19_time_series/time_series_covid19_recovered_global.csv")
```

Dann bringen wir sie ins richtige Format.

```
confirmed <- confirmedraw %>%
  gather(key="date", value="confirmed", -c(Country.Region, Province.State, Lat, Long)) %>%
  group_by(Country.Region, date) %>%
  summarize(confirmed=sum(confirmed))
deaths <- deathsraw %>%
  gather(key="date", value="deaths", -c(Country.Region, Province.State, Lat, Long)) %>%
  group_by(Country.Region, date) %>%
  summarize(deaths=sum(deaths))
recovered <- recoveredraw %>%
  gather(key="date", value="recovered", -c(Country.Region, Province.State, Lat, Long)) %>%
  group_by(Country.Region, date) %>%
  summarize(recovered=sum(recovered))
summary(confirmed)
```

```
 Country.Region         date             confirmed
 Length:229743      Length:229743      Min.   :        0
```

```
 Class :character   Class :character   1st Qu.:     3831
 Mode  :character   Mode  :character   Median :    52933
                                       Mean   :  1379412
                                       3rd Qu.:   499592
                                       Max.   :103802702
```

Jetzt kombinieren wir alles in ein Datenframe und korrigieren die Datumsangaben.

```
# Final data: combine all three
country <- full_join(confirmed, deaths) %>%
  full_join(recovered)
```

```
# Date variable
# repariere Datumsangaben von character nach date
country$date <- country$date %>%
  sub("X", "", .) %>%
  as.Date("%m.%d.%y")

# Neue variable: Anzahl der Tage
country <- country %>%
  group_by(Country.Region) %>%
  mutate(cumconfirmed=cumsum(confirmed), days = date - first(date) + 1)
```

Jetzt aggregieren wir auf Weltperspektive und Deutschland.

```
world <- country %>%
  group_by(date) %>%
  summarize(confirmed=sum(confirmed), cumconfirmed=sum(cumconfirmed),
deaths=sum(deaths), recovered=sum(recovered)) %>%
  mutate(days = date - first(date) + 1)
# Extract specific country: Germany
germany <- country %>% dplyr::filter(Country.Region=="Germany")
```

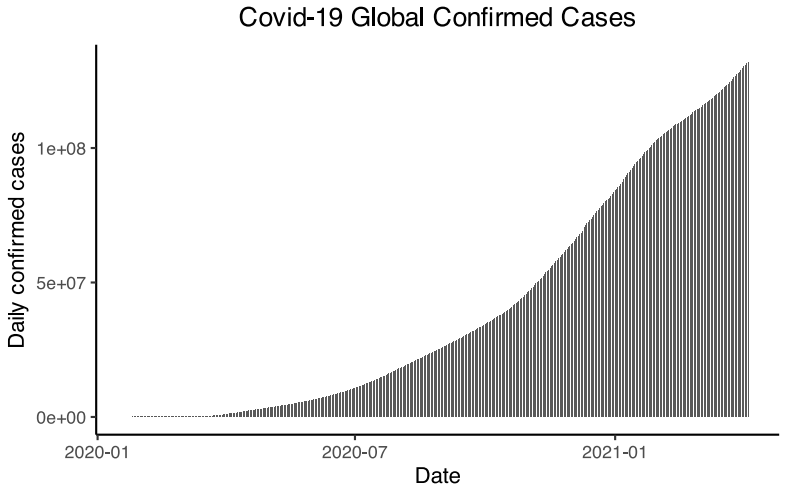
So vorbereitet können wir Statistiken ausgeben …

```
# SUMMARY STATISTICS
summary(country)
by(country$confirmed, country$Country.Region, summary)
by(country$cumconfirmed, country$Country.Region, summary)
by(country$deaths, country$Country.Region, summary)
by(country$recovered, country$Country.Region, summary)
summary(world)
summary(germany)
```

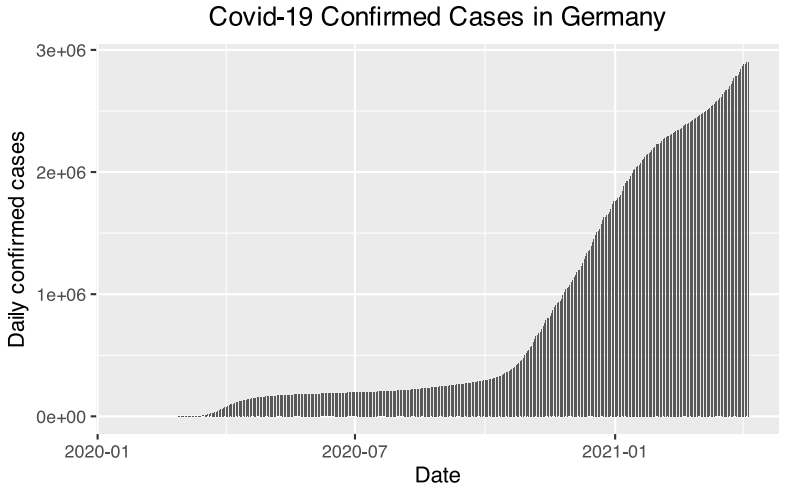
… und Grafiken plotten.

```
```

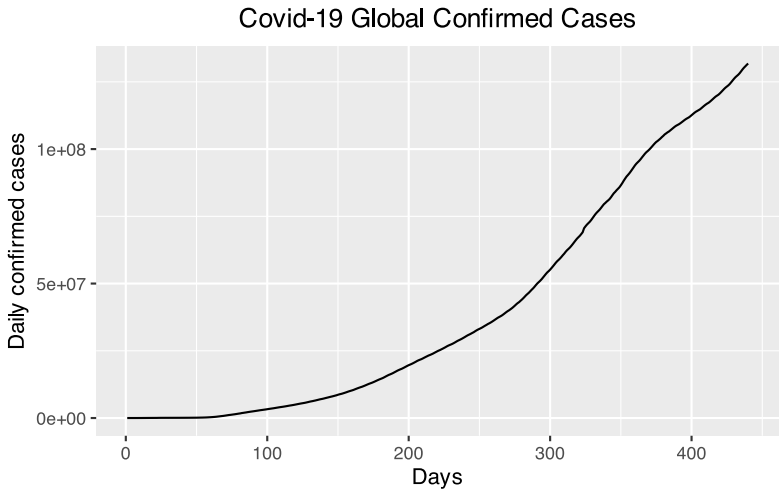
```
# World confirmed
ggplot(world, aes(x=date, y=confirmed)) + geom_bar(stat="identity", width=0.1) +
  theme_classic() +
  labs(title = "Covid-19 Global Confirmed Cases", x= "Date", y= "Daily confirmed cases") +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```



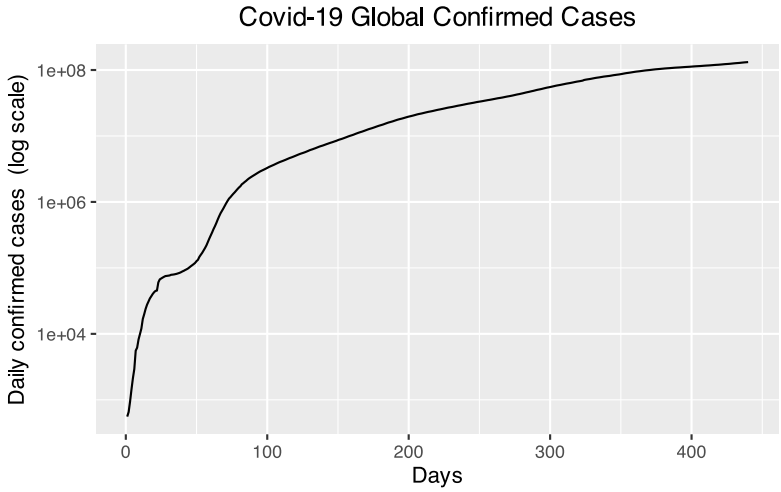

```
# Germany confirmed
ggplot(germany, aes(x=date, y=confirmed)) + geom_bar(stat="identity", width=0.1) +
  labs(title = "Covid-19 Confirmed Cases in Germany", x= "Date", y= "Daily confirmed
cases") +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```



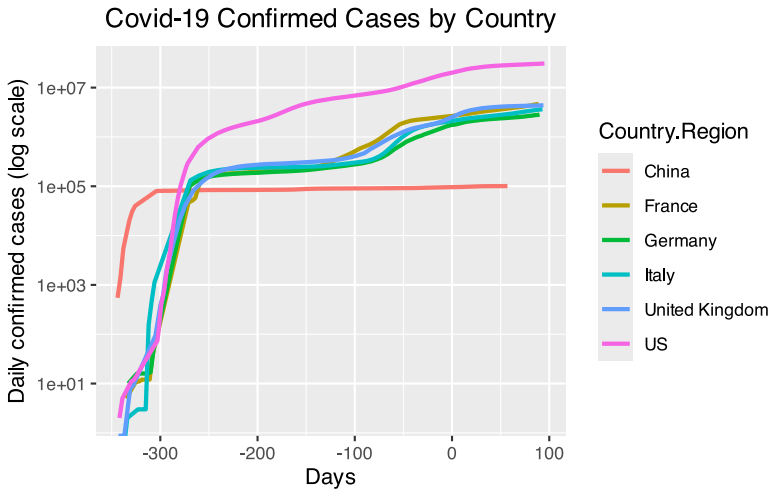

```
# Line graph of cases over time
# World confirmed
ggplot(world, aes(x=days, y=confirmed)) + geom_line() +
  labs(title = "Covid-19 Global Confirmed Cases", x= "Days", y= "Daily confirmed cases") +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```



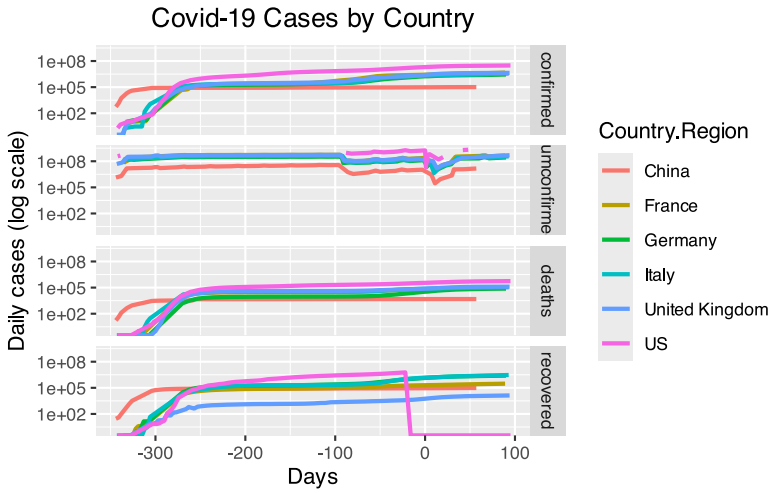

```
# Ignore warning
# World confirmed with counts in log10 scale
ggplot(world, aes(x=days, y=confirmed)) + geom_line() +
  labs(title = "Covid-19 Global Confirmed Cases", x= "Days", y= "Daily confirmed cases
(log scale)") +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5)) +
  scale_y_continuous(trans="log10")
```




```
# Confirmed by country for select countries with counts in log10 scale
countryselection <- country %>% filter(Country.Region==c("US", "Italy", "China",
"France", "United Kingdom", "Germany"))
ggplot(countryselection, aes(x=days, y=confirmed, colour=Country.Region)) +
geom_line(size=1) +
  labs(title = "Covid-19 Confirmed Cases by Country", x= "Days", y= "Daily confirmed
cases (log scale)") +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5)) +
  scale_y_continuous(trans="log10")
```




```
# Matrix of line graphs of confirmed, deaths and recovered for select countries in log10 scale
countryselection %>% gather("Type", "Cases", -c(date, days, Country.Region)) %>%
  ggplot(aes(x=days, y=Cases, colour=Country.Region)) + geom_line(size=1) +
  labs(title = "Covid-19 Cases by Country", x= "Days", y= "Daily cases (log scale)") +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5)) +
  scale_y_continuous(trans="log10") +
  facet_grid(rows=vars(Type))
```



# 45 Übungsaufgaben

In diesem Kapitel werden Übungsaufgaben zu verschiedenen Teilen der Statistik vorgestellt und gelöst.

Die Aufgaben stammen von (Gimeno et al., 2022)[12]. Dort werden die Lösungswege nur teilweise und nur unter Verwendung der Software `RKWard`[13], aber ohne konkreten `R`-Code besprochen.

Auf den Seiten ab Abschnitt 46 werden die Lösungen „zu Fuß“ mit `R`-Code erarbeitet. Versuchen Sie möglichst, zunächst selbst eine Lösung zu finden, bevor Sie sich die Auflösungen anschauen.

Die Aufgaben und Lösungen stehen auch als Quartodokument auf GitHub zur Verfügung, siehe https://github.com/produnis/angewandte_uebungen_in_R.

Weitere Aufgaben finden Sie zudem im `trainingslageR` unter https://www.produnis.de/trainingslager.

> Die vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In `R` führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

Die Aufgaben sind nach unterschiedlichen Bereichen der Statistik gegliedert.

- Häufigkeitsverteilungen
- Stichprobenstatistik
- Lineare Regression
- Nicht-lineare Regression
- Wahrscheinlichkeiten
- Diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilung
- Kontinuierliche Wahrscheinlichkeitsverteilung
- Konfidenzintervalle (eine Stichprobe)
- Konfidenzintervalle (zwei Stichproben)
- Signifikanztests
- ANOVA
- Chiquadrat-Test

[12] siehe https://github.com/asalber/statistics_practice_rkteaching
[13] siehe https://rkward.kde.org/

## 45.1 Häufigkeitsverteilungen

### 45.1.1 Kinder in Familien

Für 25 Familien liegt die Anzahl an Kindern vor:

1, 2, 4, 2, 2, 2, 3, 2, 1, 1, 0, 2, 2, 0, 2, 2, 1, 2, 2, 3, 1, 2, 2, 1, 2

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Kinder` und übertragen Sie die Daten.
b) Erzeugen Sie eine einfache Häufigkeitstabelle
c) Erzeugen Sie ein Balkendiagramm der Häufigkeiten
d) Erzeugen Sie eine vollständige Häufigkeitstabelle, inklusive absoluter, relativer und jeweils kumulativer Häufigkeiten

Für die Lösung siehe Abschnitt 46.1

### 45.1.2 Patienten in der Notaufnahme

Den gesamten November über wurde die Anzahl an Patienten in der Notaufnahme erhoben

15 23 12 10 28 50 12 17 20 21 18 13 11 12 26 0 6 16 19 22 14 17 21 28 9 16 13 11 16 20

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Patienten` und übertragen Sie die Daten.
b) Erzeugen Sie ein Boxplot. Gibt es Ausreißer? Wenn ja, entfernen Sie diese, bevor Sie weitermachen.
c) Erzeugen Sie eine Häufigkeitstabelle, welche die Daten in 5 Klassen gruppiert.
d) Erzeugen Sie ein Histogram der klassierten absoluten Häufigkeiten.
e) Erzeugen Sie ebenso Histogramme der relativen und jeweils kumulativen Häufigkeiten, inklusive Polygonzügen.

Für die Lösung siehe Abschnitt 46.2

### 45.1.3 Blutgruppen

Von 30 Personen wurden die Blutgruppen wie folgt bestimmt:

A, B, B, A, AB, 0, 0, A, B, B, A, A, A, A, AB, A, A, A, B, 0, B, B, B, A, A, A, 0, A, AB, 0

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Blutgruppe` und übertragen Sie die Daten.
b) Erzeugen Sie eine Häufigkeitstabelle
c) Erzeugen Sie ein Kreisdiagramm

Für die Lösung siehe Abschnitt 46.3.

### 45.1.4 Familienstand

Das Alter und der Familienstand von 28 Personen wurden wie folgt erhoben:

| Familienstand | Alter | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Single | 31 | 45 | 35 | 65 | 21 | 38 | 62 | 22 | 31 |
| Verheiratet | 72 | 39 | 62 | 59 | 25 | 44 | 54 | | |
| Verwitwet | 80 | 68 | 65 | 40 | 78 | 69 | 75 | | |
| Geschieden | 31 | 65 | 59 | 58 | 50 | | | | |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Alter` und `Familienstand` und übertragen Sie die Daten.
b) Erzeugen Sie für jeden `Familienstand` eine Häufigkeitstabelle des `Alters`.
c) Erzeugen Sie für jeden `Familienstand` eine Boxplot des `Alters`. Gibt es Ausreißer? In welcher Gruppe streut das Alter am meisten?
d) Erzeugen Sie für jeden `Familienstand` eine Histogram des `Alters`. Wie unterscheiden sich die Histogramme?

Für die Lösung siehe Abschnitt 46.4

### 45.1.5 Handballverletzungen

Die Anzahl der Verletzungen von Handballspielern eines Teams wurden wie folgt erhoben:

0, 1, 2, 1, 3, 0, 1, 0, 1, 2, 0, 1, 1, 1, 2, 0, 1, 3, 2, 1, 2, 1, 0, 1

a) Erstellen Sie eine Häufigkeitstabelle
b) Erzeugen Sie ein Säulendiagramm der relativen und kumulativen relativen Häufigkeiten.
c) Erzeugen Sie ein Boxplot

Für die Lösung siehe Abschnitt 46.5

### 45.1.6 Körpergröße

Von 30 Studierenden wurde die Körpergröße gemessen

179, 173, 181, 170, 158, 174, 172, 166, 194, 185, 162, 187, 198, 177, 178, 165, 154, 188, 166, 171, 175, 182, 167, 169, 172, 186, 172, 176, 168, 187

a) Erstellen Sie ein Histogram der Körpergröße mit Klassen von 150cm bis 200cm, die jeweils 10cm breit sind.
b) Gibt es Ausreißer?

Für die Lösung siehe Abschnitt 46.6

### 45.1.7 Neugeborene

Der Datensatz `neonates` von rk.Teaching[14] enthält Informationen über eine Stichprobe von 320 Neugeborenen, die im Laufe eines Jahres nach normaler Schwangerschaftsdauer geboren wurden.

a) Erstellen Sie die Häufigkeitstabelle des APGAR-Scores nach 1 Minute. Wenn ein Score von 3 oder weniger anzeigt, dass das Neugeborene in einem kritischen Zusatand ist, wie viel Prozent der Neugeborenen in der Stichprobe sind dann in einem kritischen Zustand?
b) Erstellen Sie die Häufigkeitstabelle des Geburtsgewichts der Neugeborenen, indem Sie die Daten in Klassen mit einer Breite von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg einteilen. Welches Intervall enthält die meisten Neugeborenen?
c) Vergleichen Sie die Häufigkeitsverteilung des APGAR-Scores nach 1 Minute für Mütter unter 20 Jahren und für Mütter über 20 Jahren. Welche Gruppe hat mehr deprimierte Neugeborene?
d) Vergleichen Sie die relative Häufigkeitsverteilung des Geburtsgewichts der Neugeborenen, je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Wenn ein Gewicht unter 2,5 kg als niedriges Gewicht gilt, welche Gruppe hat einen höheren Prozentsatz an Neugeborenen mit niedrigem Gewicht?
e) Berechnen Sie die Prävalenz von Neugeborenen mit niedrigem Gewicht für Mütter, die vor der Schwangerschaft geraucht haben, und den Nichtraucherinnen.
f) Berechnen Sie das relative Risiko eines niedrigen Geburtsgewichts des Neugeborenen, wenn die Mutter während der Schwangerschaft raucht, im Vergleich dazu, wenn die Mutter nicht raucht.
g) Erstellen Sie ein Balkendiagramm des APGAR-Scores nach 1 Minute. Welcher Score ist am häufigsten?
h) Erstellen Sie das Balkendiagramm der kumulierten relativen Häufigkeit des APGAR-Scores nach 1 Minute. Unter welchem Wert liegen die Hälfte der Neugeborenen?
i) Vergleichen Sie die Balkendiagramme der relativen Häufigkeitsverteilungen des APGAR-Scores nach 1 Minute, je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Welche Schlussfolgerungen können gezogen werden?
j) Erstellen Sie ein Histogramm der Geburtsgewichte der Neugeborenen mit Klassenbreiten von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg. Welche Klasse enthält die meisten Neugeborenen?

[14] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData

k) Vergleichen Sie die relativen Häufigkeitshistogramme der Geburtsgewichte der Neugeborenen, mit Klassenbreiten von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg, je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Welche Gruppe hat Neugeborene mit geringeren Gewichten?

l) Vergleichen Sie die relativen Häufigkeitshistogramme der Geburtsgewichte der Neugeborenen, mit Klassenbreiten von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg, je nachdem, ob die Mutter vor der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Welche Schlussfolgerungen können gezogen werden?

m) Erstellen Sie ein Boxplot der Geburtsgewichte der Neugeborenen. Welcher Gewichtsbereich kann in der Stichprobe als normal angesehen werden? Gibt es Ausreißer in der Stichprobe?

n) Vergleichen Sie die Boxplots der Geburtsgewichte der Neugeborenen je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht und ob die Mutter unter 20 oder über 20 Jahre alt war. Welche Gruppe hat eine größere zentrale Streuung? Welche Gruppe hat Neugeborene mit geringerem Gewicht?

o) Vergleichen Sie die Boxplots der APGAR-Scores nach 1 Minute und nach 5 Minuten. Welche Variable hat eine größere zentrale Streuung?

Für die Lösung siehe Abschnitt 46.7

## 45.2 Stichprobenstatistik

Bei diesen Aufgaben geht es vor allem um Lage- und Streuungskenngrößen.

### 45.2.1 Kinder in Familien

Die Anzahl an Kindern in einer Stichprobe aus 25 Familien sind:

1, 2, 4, 2, 2, 2, 3, 2, 1, 1, 0, 2, 2, 0, 2, 2, 1, 2, 2, 3, 1, 2, 2, 1, 2

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Kinder` und übertragen Sie die Daten.
b) Berechnen Sie das arithmetische Mittel, die Varianz sowie die Standardabweichung für die Anzahl an Kindern.
c) Berechnen Sie die Quartile, die Spannweite, den Interquartilsabstand, das dritte Dezil sowie das 68te Perzentil.

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.1

### 45.2.2 Patienten in Notaufnahme

Den gesamten November über wurde die Anzahl an Patienten in der Notaufnahme erhoben

15, 23, 12, 10, 28, 50, 12, 17, 20, 21, 18, 13, 11, 12, 26, 30, 6, 16, 19, 22, 14, 17, 21, 28, 9, 16, 13, 11, 16, 20

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Patienten` und übertragen Sie die Daten.
b) Berechnen Sie das arithmetische Mittel, die Varianz, die Standardabweichung und den Variationskoeffizienten.
c) Berechnen Sie die Skewness (Schiefe) und Kurtosis („Spitzigkeit“) und interpretieren Sie die Werte.

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.2

### 45.2.3 Studierendenbewertung

Im letzten R-Kurs haben 20 Studenten folgende Abschlussbewertungen erhalten

SS, AP, SS, AP, AP, NT, NT, AP, SB, SS SB, SS, AP, AP, NT, AP, SS, NT, SS, NT

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Bewertung` und übertragen Sie die Daten.

b) Wandeln Sie die `Bewertung` in Punkte um, nach dem Schema „`SS`“ = 2,5 | „`AP`“ = 6 | „`NT`“ = 8 | „`SB`“ = 9,5.
c) Bestimmen Sie den Median und den Interquartilsabstand.

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.3

### 45.2.4 Körpergröße nach Geschlecht

Von 30 Studierenden wurde die Körpergröße wie folgt gemessen:

| Geschlecht | Größe |
|---|---|
| weiblich | 173, 158, 174, 166, 162, 177, 165, 154, 166, 182, 169, 172, 170, 168 |
| männlich | 179, 181, 172, 194, 185, 187, 198, 178, 188, 171, 175, 167, 186, 172, 176, 187 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variable `Geschlecht` und `Koerpergroesse` und übertragen Sie die Daten.
b) Bestimmen Sie in Abhängigkeit zum `Geschlecht` das arithmetische Mittel, den Median, die Varianz, die Standardabweichung sowie die Quartile.

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.4

### 45.2.5 Handballverletzungen

Die Anzahl der Verletzungen von Handballspielern eines Teams wurden wie folgt erhoben:

0, 1, 2, 1, 3, 0, 1, 0, 1, 2, 0, 1, 1, 1, 2, 0, 1, 3, 2, 1, 2, 1, 0, 1

a) Bestimmen Sie das arithmetische Mittel, den Median, die Varianz sowie die Standardabweichung der Verletzungen.
b) Bestimmen Sie die Skewness und Kortosis der Verteilung.
c) Berechnen Sie das vierte und achte Dezil der Verteilung.

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.5

### 45.2.6 Blutdruckmessung

Wir möchten die Zuverlässigkeit zweier Blutdruckmonitore bestimmen. Gerät 1 misst den Blutdruck am Handgelenk, Gerät 2 am Unterarm. Es wurden 8 Messungen mit jedem Gerät bei der selben Person durchgeführt, wobei folgende systolischen Werte gemessen wurden:

| Position | Messdaten |
|---|---|
| Unterarm | 111, 109, 112, 111, 113, 113, 114, 111 |
| Handgelenk | 115, 113, 117, 116, 112, 112, 117, 112 |

Welcher Monitor funktioniert besser?

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.6

### 45.2.7 Alter und Familienstand

Das Alter und der Familienstand von 28 Personen wurden wie folgt erhoben:

| Familienstand | Alter | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Single | 31 | 45 | 35 | 65 | 21 | 38 | 62 | 22 | 31 |
| Verheiratet | 72 | 39 | 62 | 59 | 25 | 44 | 54 | | |
| Verwitwet | 80 | 68 | 65 | 40 | 78 | 69 | 75 | | |
| Geschieden | 31 | 65 | 59 | 58 | 50 | | | | |

a) Bestimmen Sie das arithmetische Mittel, den Median, die Varianz sowie die Standardabweichung des `Alters` für jeden `Familienstand`.
b) Welche Gruppe hat den „besten“ Mittelwert?

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.7

### 45.2.8 Tabak, Alkohol und Blutdruck

Eine Studie möchte den möglichen Zusammenhang zwischen dem Blutdruck und dem Alkohol- und Tabakkonsum untersuchen. Hierzu wurden folgende Daten von 25 Personen erhoben.

| Kategorie | Werte |
|---|---|
| Rauchen | ja, nein, ja, ja, ja, nein, nein, ja, nein, ja, nein, ja, nein |
| Alkohol | nein, nein, ja, ja, nein, nein, ja, ja, nein, ja, nein, ja, ja |
| Blutdruck | 80, 92, 75, 56, 89, 93, 101, 67, 89, 63, 98, 58, 91 |

| Kategorie | Werte |
|---|---|
| Rauchen | ja, nein, nein, ja, nein, nein, nein, ja, nein, ja, nein, ja |
| Alkohol | ja, nein, ja, ja, nein, nein, ja, ja, ja, nein, ja, nein |
| Blutdruck | 71, 52, 98, 104, 57, 89, 70, 93, 69, 82, 70, 49 |

a) Vergleichen Sie das arithmetische Mittel, die Standardabweichung, die Skewness und Kurtosis des `Blutdrucks` zwischen Rauchern und Nichtrauchern.
b) Vergleichen Sie die selben Werte zwischen der Alkohol- und Nicht-Alkoholgruppe.
c) Vergleichen Sie die selben Werte zwischen der Raucher- und Alkoholgruppe, zwischen der Raucher- und Nicht-Alkoholgruppe, der Nichtraucher- und Alkoholgruppe sowie der Nichtraucher- und Nicht-Alkoholgruppe.

Für die Lösung siehe Abschnitt 47.8

## 45.3 Lineare Regression

### 45.3.1 X und Y

Bei 10 Personen wurden `x` und `y` erhoben.

| x | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| y | 2 | 5 | 8 | 11 | 14 | 17 | 20 | 23 | 26 | 29 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `x` und `y`.
b) Erzeugen Sie ein Scatterplot von `x` und `y`. Bestimmen Sie anhand des Plots, welche Regressionsfunktion die Daten am besten erklären würde.
c) Führen Sie die Regression durch.
d) Fügen Sie die Regressionsfunktion `y erklärt durch x` dem Plot hinzu.
e) Fügen Sie die Regressionsfunktion `x erklärt durch y` ebenfalls dem Plot hinzu, aber in roter Farbe.
f) Wie große sind die Residuen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.1

### 45.3.2 Lernen und Durchfallen

Eine Studie gibt vor, den Zusammenhang zwischen den täglichen Lernstunden und der Anzahl nicht bestandener Prüfungen im Semester zu untersuchen. Bei 30 Studierenden wurden folgende Werte erhoben:

| Lernen | Durchgefallen | Lernen | Durchgefallen | Lernen | Durchgefallen |
|---|---|---|---|---|---|
| 3.5 | 1 | 2.2 | 2 | 1.3 | 4 |
| 0.6 | 5 | 3.3 | 0 | 3.1 | 0 |
| 2.8 | 1 | 1.7 | 3 | 2.3 | 2 |
| 2.5 | 3 | 1.1 | 3 | 3.2 | 2 |
| 2.6 | 1 | 2.0 | 3 | 0.9 | 4 |
| 3.9 | 0 | 3.5 | 0 | 1.7 | 2 |
| 1.5 | 3 | 2.1 | 2 | 0.2 | 5 |
| 0.7 | 3 | 1.8 | 2 | 2.9 | 1 |
| 3.6 | 1 | 1.1 | 4 | 1.0 | 3 |
| 3.7 | 1 | 0.7 | 4 | 2.3 | 2 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Lernen` und `Durchgefallen`.
b) Erzeugen Sie eine Kreuztabelle der Variablen `Lernen` und `Durchgefallen`.
c) Führen Sie eine lineare Regression `Durchgefallen erklärt durch Lernen` durch und plotten Sie Ihr Ergebnis.
d) Wie lauten die Regressionskoeffizient des Modells, und wie ist er zu interpretieren?

e) Ist das soeben erstellte Modell *besser* als das in Abschnitt 45.3.1 berechnete? Vergleichen Sie zur Beantwortung die Residuen beider Modelle.
f) Berechnen Sie den linearen Bestimmungskoeffizient und den Korrelationskoeffizient. Ist das lineare Modell ein gutes Modell, um die Beziehung zwischen den gescheiterten Prüfungen und den täglichen Studienzeiten zu erklären? Wie viel Prozent der Variabilität der durchgefallenen Prüfungen wird durch das lineare Modell erklärt?
g) Benutzen Sie das lineare Modell, um die Anzahl an durchgefallenen Prüfungen für einen Studenten zu bestimmen, der 3 Stunden Lernzeit investiert hat. Wie glaubwürdig ist die Vorhersage?
h) Wie viele Stunden Lernzeit wird benötigt, um alle Kurse zu bestehen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.2

### 45.3.3 Metabolismus

Um herauszufinden, wie der Körper Alkohol verstoffwechselt, hat ein Proband einen Liter Wein zügig getrunken. Anschließend wurde alle 30 Minuten der Blutalkoholspiegel gemessen.

| **Minuten** | 30 | 60 | 90 | 120 | 150 | 180 | 210 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Alkohol** (g/l) | 1.6 | 1.7 | 1.5 | 1.1 | 0.7 | 0.2 | 2.1 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Minuten` und `Alkohol`.
b) Bestimmen Sie den passenden Korrelationskoeffizienten. Werden die Daten ausreichend gut durch das Modell beschrieben?
c) Plotten Sie das lineare Regressionsmodell `Alkohol erklärt durch Minuten`. Gibt es Punkte mit großen Residuen? Wenn ja, entfernen Sie diese und führen die Berechnungen erneut durch. Hat sich der Korrelationskoeffizient verbessert?
d) Mit welcher Geschwindigkeit wird der Alkohol pro Minute verstoffwechselt?
e) Wenn es gesetzlich erlaubt wäre, mit einem Blutalkoholwert von $0,3$ g/l Auto zu fahren, wie lange muss die Person warten, nachdem sie 1 Liter Weingetrunken hat, um wieder fahrtüchtig zu sein? Wie zuverlässig ist diese Vorhersage?

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.3

### 45.3.4 Alter und Körpergröße

Im Datensatz `age.height` von rk.Teaching[15] sind Alter und Körpergröße von 30 Probanden enthalten.

a) Laden Sie den Datensatz `age.height` in Ihre R-Session.
b) Berechnen Sie die Regressionsgerade `Größe erklärt durch Alter`. Ist das lineare Modell geeignet, den Zusammenhang zwischen `Alter` und `Körpergröße` zu erklären?

[15] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/age.height.RData

c) Erstellen Sie eine Punktwolke inklusive der Regressionsgeraden. Ab welchem Alter ändert sich die Punktetendenz?
d) Erstellen Sie eine Gruppierungsvariable, welche `Alter` in einen ordinalen Faktor mit den Ausprägungen „`jünger als 20`“ und „`20 und älter`“ einteilt.
e) Führen Sie die lineare Regressionsanalyse für beide Gruppen erneut durch. In welcher Gruppe wird der Zusammenhang zwischen `Alter` und `Körpergröße` am besten erklärt?
f) Plotten Sie die Modelle.
g) Welche Körpergröße sagt Ihr Modell für eine 14jährige Person vorher, und welche für eine 38jährige Person?

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.4

### 45.3.5 Wirksamkeitsverlust

Eine Studie Untersucht den Wirksamkeitsverlust eines Medikaments, das über Jahre von vielen Probanden eingenommen wurde. Folgende Aussagen zur Wirksamkeit konnten aus den Daten ermittelt werden.

| **Jahr** | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|---|---|---|---|---|---|
| **Wirksamkeit** (%) | 96 | 84 | 70 | 58 | 52 |

a) Führen Sie eine lineare Regression `Wirksamkeit erklärt durch Jahr` durch und plotten Sie Ihr Ergebnis.
b) Wie große ist der jährliche Wirksamkeitsverlust in %?
c) Nach wie vielen Jahren ist die Wirksamkeit bei 80%, und nach wie vielen bei 0%? Sind beide Werte gleich zuverlässig?

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.5

### 45.3.6 Dosierung

In einer Studie über die Wirkung verschiedener Dosen eines Medikaments erhielten 2 Patienten 2 mg und benötigten 5 Tage zur Heilung, 4 Patienten erhielten 2 mg und benötigten 6 Tage zur Heilung, 2 Patienten erhielten 3 mg und benötigten 3 Tage zur Heilung, 4 Patienten erhielten 3 mg und benötigten 5 Tage zur Heilung, 1 Patient erhielt 3 mg und benötigte 6 Tage zur Heilung, 5 Patienten erhielten 4 mg und benötigten 3 Tage zur Heilung und 2 Patienten erhielten 4 mg und benötigten 5 Tage zur Heilung.

a) Berechnen Sie die Regressionsgerade der Heilungstage in Abhängigkeit von der Dosis.
b) Berechnen Sie den Regressionskoeffizienten der Heilungstage in Abhängigkeit von der Dosis und interpretieren Sie ihn.
c) Berechnen Sie den Korrelationskoeffizienten und interpretieren Sie ihn.
d) Bestimmen Sie die erwartete Zeit, die für die Heilung mit einer Dosis von 5 mg benötigt wird. Ist diese Vorhersage zuverlässig? Begründen Sie die Antwort.

e) Welche Dosis muss angewendet werden, um in 4 Tagen zu heilen? Ist diese Vorhersage zuverlässig? Begründen Sie die Antwort.

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.6

### 45.3.7 Gewicht und Körpergröße

Im Datensatz `heigths.weights.students` von rk.Teaching[16] sind Gewicht und Körpergröße von 100 Probanden enthalten.

a) Laden Sie den Datensatz `heigths.weights.students` in Ihre R-Session.
b) Führen Sie eine lineare Regression `Gewicht erklärt durch Größe` durch und plotten Sie Ihr Modell.
c) Erstellen Sie eine Punktwolke inklusive Regressionsgeraden jeweils für Männer und Frauen getrennt.
d) Berechnen Sie die Bestimmtheitskoeffizienten ($R^2$) für beide Modelle. Welches Modell erklärt besser die Beziehung zwischen Gewicht und Größe, das der Männer oder das der Frauen? Begründen Sie die Antwort.
e) Was ist das zu erwartende Gewicht für einen Mann mit 170cm Körpergröße? Und für eine Frau der selben Größe?

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.7

### 45.3.8 Neugeborene

Der Datensatz `neonates` von rk.Teaching[17] enthält Informationen über eine Stichprobe von 320 Neugeborenen, die im Laufe eines Jahres nach normaler Schwangerschaftsdauer geboren wurden.

a) Erstellen Sie eine Kreuztabelle vom APGAR-Wert nach 1 Minute und dem Rauchverhalten der Mütter während der Schwangerschaft. Welche Schlüsse lassen sich ziehen?
b) Erstellen Sie eine Kreuztabelle vom APGAR-Wert nach 1 Minute und der Alterskategorie der Mütter. Welche Schlüsse lassen sich ziehen?
c) Führen Sie eine lineare Regression für `Geburtsgewicht erklärt durch Anzahl täglich gerauchter Zigaretten` durch. Gibt es einen starken linearen Zusammenhang?
d) Plotten Sie Ihre Regression. Passt die Regressionsgerade gut zur Punktwolke?
e) Wiederholen Sie die Regression, aber nutzen Sie dieses Mal nur Daten von Raucherinnen. Ist dieses Modell besser oder schlechter als das vorherige? Wieviel Gewicht verliert ein Neugeborenes nach diesem Modell pro täglich gerauchter Zigarette?
f) Welches Geburtsgewicht sagt dieses Modell für ein Neugeborenes vorher, dessen Mutter 5 Zigaretten täglich während der Schwangerschaft geraucht hat? Wieviel für eine Mutter, die 30 Zigaretten täglich raucht. Wie zuverlässich sind diese Ergebnisse?

[16] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/heights.weights.students.RData

[17] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData

g) Ändert sich der lineare Zusammenhang, wenn die Daten nach Altersgruppen getrennt untersucht werden?

Für die Lösung siehe Abschnitt 48.8

## 45.4 Nicht-lineare Regression

### 45.4.1 Bakterien

Die Anzahl an Bakterien in einer Kultur vermehrt sich wie folgt:

| **Stunden** | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Bakterien** | 25 | 28 | 47 | 65 | 86 | 121 | 190 | 290 | 362 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Stunden` und `Bakterien`.
b) Erzeugen Sie ein Scatterplot. Welche Regression würden Sie auf Grundlage des Plots vorschlagen?
c) Berechnen Sie die quadratischen und exponentiellen Modelle für die Bakterienvermehrung über die Zeit.
d) Plotten Sie das bessere Modell in die Punktwolke.
e) Wie viele Bakterien werden nach dem besten Modell 3 Stunden nach Anlegen der Kultur vorhanden sein? Und nach 10 Stunden? Sind diese Vorhersagen zuverlässig?
f) Machen Sie eine möglichst zuverlässige Vorhersage über die Zeit, die benötigt wird, um 100 Bakterien in der Kultur zu haben.

Für die Lösung siehe Abschnitt 49.1

### 45.4.2 Diät

Der Datensatz `diet` von rk.Teaching[18] enthält Informationen über eine Diätenuntersuchung. Für jede Person wurde die Anzahl der Diättage, der Gewichtsverlust und die regelmäßige körperliche Betätigung gemessen.

a) Laden Sie den Datensatz `diet` in Ihre R-Session.
b) Erstellen Sie eine Punktwolke. Welche Art von Modell erklärt auf Grundlage der Punktwolke den Gewichtsverlust pro Diättag besser?
c) Berechnen Sie das Regressionsmodell, welches den Gewichtsverlust mit der Anzahl an Diättagen am besten (im Vergleich zu anderen) erklären kann. Wird das Modell zuverlässige Vorhersagen machen?
d) Plotten Sie Ihr Modell.
e) Berechnen Sie das Regressionsmodell, das den Gewichtsverlust anhand der Tage der Diät für die Gruppe der Personen, die sich nicht regelmäßig körperlich betätigen, am besten erklärt.
f) Wiederholen Sie die Analyse für die Gruppe, die sich regelmäßig körperlich betätigt.
g) Benutzen Sie die erstellen Modelle, um den Gewichtsverlust nach 30 und nach 100 Tagen Diät für Personen, die sich körperlich betätigen, und für solche, die dies nicht tun, vorherzusagen. Sind diese Vorhersagen zuverlässig?

Für die Lösung siehe Abschnitt 49.2

[18] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/diet.RData

### 45.4.3 Blutkonzentration

Die Konzentration eines Arzneimittels im Blut in mg/dl hängt von der Zeit ab, wie aus den folgenden Daten hervorgeht.

| **Stunden** | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Konzentration** | 25 | 36 | 48 | 64 | 86 | 114 | 168 |

a) Benutzen Sie ein exponentielles Modell, um die Konzentration nach 10 Stunden vorherzusagen. Ist die Vorhersage zuverlässig?
b) Benutzen Sie ein logarithmisches Modell um zu bestimmen, nach wie vielen Stunden eine Konzentration von 100 mg/dl erreicht sein wird.

Für die Lösung siehe Abschnitt 49.3

## 45.5 Wahrscheinlichkeiten

### 45.5.1 Glücksspiel

Lassen Sie in R …

a) eine beliebige Poker-Spielkarte[19] ziehen.
b) 2 Münzen werfen.
c) 2 Würfeln werfen.

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.1

### 45.5.2 Münzwürfe

Wiederholen Sie die Zufallsexperimente und lassen Sie R 10 mal, 100 mal 1.000 mal und 1.000.000 mal zwei Münzen werfen.

a) Erstellen Sie je eine relative Häufigkeitstabelle der Ergebnisse. Wie sind die Tabellen zu bewerten?
b) Welche theoretischen Wahrscheinlichkeiten haben die möglichen Wurfergebnisse? Stimmen diese mit den beobachteten Ergebnissen überein?

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.2

### 45.5.3 Medizinschrank

In einem Medizinschrank befinden sich drei Boxen mit Medikament A, zwei Boxen mit Medikament B und eine Box mit Medikament C.

a) Ziehen Sie zufällig 3 Boxen, ohne zurücklegen.
b) Ziehen Sie zufällig 3 Boxen, diesmal mit zurücklegen.

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.3

### 45.5.4 Kinderkrankheiten

Eine epidemiologische Untersuchung wurde durchgeführt, um die Lebenszeitprävalenz von drei häufigen Kinderkrankheiten zu ermitteln: Windpocken, Masern und Röteln. Die beobachteten Häufigkeiten sind in der nachstehenden Tabelle aufgeführt.

[19] Den Datensatz für ein Pokerkartenspiel erhalten Sie unter https://www.produnis.de/R/data/cards.RData

| Windpocken | Masern | Röteln | Häufigkeit |
|---|---|---|---|
| No | No | No | 2654 |
| No | No | Yes | 1436 |
| No | Yes | No | 1682 |
| No | Yes | Yes | 668 |
| Yes | No | No | 1747 |
| Yes | No | Yes | 476 |
| Yes | Yes | No | 876 |
| Yes | Yes | Yes | 265 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Windpocken`, `Masern`, `Röteln` und `Häufigkeit` und übertragen Sie die Daten.
b) Erstellen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum der Lebenszeitprävalenz.
c) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person Windpocken hatte?
d) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person Windpocken oder Masern hatte?
e) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person Masern und Röteln hatte?
f) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person, die bereits an Masern erkrankte, nun an Windpocken erkrankt?
g) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person, die keine Masern und keine Röteln hatte, an Windpocken erkrankt?

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.4

### 45.5.5 Schwangerschaftstest

Ein Schwangerschaftstest, der von vielen Frauen angewendet wurde, erzielte folgende Ergebnisse.

| Schwanger | Test | Häufigkeit |
|---|---|---|
| Nein | - | 3876 |
| Nein | + | 47 |
| Ja | - | 12 |
| Ja | + | 131 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Schwanger`, `Testergebnis` und `Häufigkeit`.
b) Erstellen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum.
c) Berechnen Sie die Prävalenz der Schwangerschaften.
d) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, ein positives Testergebnis zu ziehen?
e) Bestimmen Sie die Sensitivität des Tests
f) Bestimmen Sie die Spezifität des Tests
g) Bestimmen Sie den positiv prädiktiven Wert des Tests

h) Bestimmen Sie den negativ prädiktiven Wert des Tests

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.5

### 45.5.6 Glückspielwahrscheinlichkeiten

Erstelle den Ereignisraum des Zufallsexperiments, das aus dem Werfen einer Münze, dem Werfen eines Würfels und dem Ziehen einer Karte aus einem spanischen Kartenspiel besteht.

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.6

### 45.5.7 Grippeimpfung

Die Wirksamkeit eines Grippeimpfstoffs wurde an 1.000 Probanden erprobt.

| Impfung | Grippe | Häufigkeit |
|---|---|---|
| Nein | Nein | 418 |
| Nein | Ja | 312 |
| Ja | Nein | 233 |
| Ja | Ja | 37 |

a) Erzeugen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum
b) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig ausgewählte Person geimpft ist?
c) Wie hoch ist die Prävalenz der Grippe?
d) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass geimpfte Personen an Grippe erkranken? Ist die Impfung effektiv?

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.7

### 45.5.8 Ebola

Um die Wirksamkeit eines Diagnosetests zur Feststellung von Ebola in einem zentralafrikanischen Land zu ermitteln, wurde der Test an vielen Personen durchgeführt. Das Ergebnis des Tests war positiv bei 147 Personen mit Ebola, aber aber auch bei 28 Personen ohne Ebola. Negativ war das Ergebnis des Tests bei 97465 Personen ohne Ebola, aber auch bei 65 Personen mit Ebola.

a) Erzeugen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum des Tests.
b) Berechnen Sie die Prävalenz von Ebola in der Bevölkerung.
c) Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, ein negatives Testergebnis zu erhalten?

d) Berechnen Sie die Sensitivität und Spezifität des Tests.
e) Kann der Test besser Erkrankte erkennen, oder Gesunde?
f) Wenn eine Person einen positiven Test erhält, wie hoch ist dann die Wahrscheinlichkeit, dass er tatsächlich krank ist?
g) Wenn eine Person einen negativen Test erhält, wie hoch ist dann die Wahrscheinlichkeit, dass er tatsächlich gesund ist?

Für die Lösung siehe Abschnitt 50.8

## 45.6 Diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilungen

### 45.6.1 Münzwurf

Wir haben 10 mal eine Münze geworfen, wobei das Ergebnis der Binomialverteilung B(10;0.5) folgt. Die Variable `X` misst, wie häufig dabei „`Kopf`“ geworfen wurde.

a) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung von `X`
b) Plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktion von `X`
c) Plotten Sie die Verteilungsfunktion.
d) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, 7 mal `Kopf` zu werfen.
e) Berchnen Sie die Wahrscheinlichkeit, weniger als als 4 mal `Kopf` zu werfen.
f) Berchnen Sie die Wahrscheinlichkeit, mehr als als 5 mal `Kopf` zu werfen.
g) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, 2 bis 8 mal `Kopf` zu werfen.

Für die Lösung siehe Abschnitt 51.1

### 45.6.2 Geburten pro Tag

Die Anzahl an täglichen Geburten `X` in unserer Stadt folgt einer Poissonverteilung mit durchschnittlich 6 Geburten am Tag.

a) Plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktion von `X`
b) Plotten Sie die Verteilungsfunktion von `X`
c) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag (nur) 1 Geburt stattfindet?
d) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag weniger als 6 Geburten stattfinden?
e) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag 4 oder mehr Geburten stattfinden?
f) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag 4 bis 8 Geburten stattfinden?
g) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass in einer Woche zwischen 30 und 40 Geburten stattfinden?

Für die Lösung siehe Abschnitt 51.2

### 45.6.3 Gesetz der seltenen Ereignisse

Kommen wir nochmal auf das Münzwurfbeispiel aus Abschnitt 45.6.1 zurück.

Das Gesetz der seltenen Ereignisse besagt, dass das Binomial-Verteilungsmodell $B(n,p)$ zum Poisson-Wahrscheinlichkeitsverteilungsmodell $P(np)$ tendiert, wenn $n$ gegen $\infty$ und $p$ gegen 0 tendiert. Insbesondere ist das Poisson-Modell eine gute Annäherung an das Binomialmodell für $n \geq 30$ und $p \leq 0,1$.

Zur Überprüfung dieses Gesetz,

a) berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung des binomialen Modells $B(30, 0.1)$.

b) berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung des Poissonmodells $P(3)$ und vergleichen Sie es mit dem binomialen Modell $B(30, 0.1)$.
c) berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung des binomialen Modells $B(100, 0.3)$ und vergleichen Sie es es mit dem Modell $P(3)$. Sind diese Modelle ähnlicher als die vorherigen?
d) Plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktionen der vorherigen Modelle. Erhöhen Sie die Anzahl der Wiederholungen und verringern Sie die Erfolgswahrscheinlichkeit im Binomialmodell und beobachten Sie, wie sich die Wahrscheinlichkeiten des Binomialmodells und des Poissonmodells annähern.

Für die Lösung siehe Abschnitt 51.3

### 45.6.4 Münzwürfe (II)

Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, beim Werfen von 100 Münzen zwischen 40 und 60 Mal `Kopf` zu erhalten (beide Werte eingeschlossen)?

Für die Lösung siehe Abschnitt 51.4

### 45.6.5 Behandlungserfolg

Die Wahrscheinlichkeit, dass eine Behandlung Erfolg hat, liegt bei 85%. Wenn wir an 6 Personen die Behandlung durchführen,

a) wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass die Hälfte der Patienten geheilt wird?
b) wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass mindestens 4 Patienten geheilt werden?
c) plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktion für die Anzahl geheilter Patienten.

Für die Lösung siehe Abschnitt 51.5

### 45.6.6 Impfreaktion

Die Wahrscheinlichkeit einer starken Impfreaktion beträgt $0,001$. Wenn 2.000 Personen geimpft werden, wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit für starke Reaktionen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 51.6

### 45.6.7 Telefonanrufe

Die durchschnittliche Anzahl an Telefonanrufen in unserer Telefonzentrale beträgt 120 Anrufe pro Minute.

a) Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass weniger als 4 Anrufe in 2 Sekunden eintreffen?
b) Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass mindestens 3 Anrufe in 3 Sekunden eintreffen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 51.7

## 45.7 Kontinuierliche Wahrscheinlichkeitsverteilungen

### 45.7.1 Bushaltestelle

Nehmen wir an, dass ein Bus alle 15 Minuten an einer Haltestelle vorbeifährt und dass eine Person zu jedem Zeitpunkt mit der gleichen Wahrscheinlichkeit eintreffen kann. Dann folgt die Variable, die die Wartezeit auf den Bus misst, einer gleichmäßigen Wahrscheinlichkeitsverteilung $U(0, 15)$, da jede Wartezeit zwischen 0 und 15 Minuten die gleiche Wahrscheinlichkeit hat.

a) Plotten Sie die Dichtefunktion der Wartezeit.
b) Plotten Sie die Verteilungsfunktion der Wartezeit.
c) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, weniger als 5 Minuten auf den Bus zu warten.
d) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, länger als 12 Minuten auf den Bus zu warten.
e) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, zwischen 5 und 10 Minuten auf den Bus zu warten.
f) Bei welcher Zeit zwischen 0 und 15 Minuten muss die Hälft der Personen kürzer auf den Bus warten als die angegebene Zeit?
g) Bei welcher Zeit zwischen 0 und 15 Minuten müssen 10% der Personen länger auf den Bus warten als die angegebene Zeit?

Für die Lösung siehe Abschnitt 52.1

### 45.7.2 Standardnormalverteilung

Eine Variable folgt in ihren Ausprägungen der Standardnormalverteilung ($Z \sim N(0, 1)$)

a) Plotten Sie die Dichtefunktion von $Z$.
b) Wie beeinflussen Mittelwert und Standardabweichung die Form der Gausschen Glockenkurve?
c) Plotten Sie die Verteilungsfunktion von $Z$.
d) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit $P(Z < -1)$.
e) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit $P(Z > 1)$
f) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass $Z$ zwischen dem Mittelwert minus der Standardabweichung und dem Mittelwert plus der Standardabweichung liegt, d. h. $P(-1 \leq Z \leq 1)$.
g) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass $Z$ zwischen dem Mittelwert minus zwei Standardabweichungen und dem Mittelwert plus zwei Standardabweichungen liegt, d. h. $P(-2 \leq Z \leq 2)$.
h) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass $Z$ zwischen dem Mittelwert minus drei Standardabweichungen und dem Mittelwert plus drei Standardabweichungen liegt, d. h. $P(-3 \leq Z \leq 3)$.
i) Berechnen Sie die Quartile.
j) Bei welchem $Z$-Wert liegen 95% der Fläche unterhalb des Wertes?
k) Bei welchem $Z$-Wert liegen 2,5% der Fläche oberhalb des Wertes?

Für die Lösung siehe Abschnitt 52.2

### 45.7.3 Chiquadratverteilungen

Wenn $X_1, ..., X_n$ unabhängige standardnormalverteilte Werte sind, dann folgt die Variable $X = X_1^2 + ... + X_n^2$ einer Chiquadratverteilung mit $n$ Freiheitsgraden ($\chi^2(n)$). Nehmen wir nun an, X würde der Chiquadratverteilung mit 6 Freiheitsgraden folgen ($\chi^2(6)$).

a) Plotten Sie die Dichtefunktion dieser Verteilung
b) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit für $P(X < 6)$?
c) Berechnen Sie das fünfte Perzentil der Verteilung.
d) Bei welchem Wert liegen 10% der Fläche oberhalb des Wertes?

Für die Lösung siehe Abschnitt 52.3

### 45.7.4 t-Verteilung

Wenn $Y$ einer Chiquadratverteilung mit $n$ Freiheitsgraden folgt ($\chi^2(n)$) und $Z$ der Standardnormalverteilung ($N(0, 1)$), dann folgt die Variable $X = \frac{Z}{\sqrt{Y/n}}$ einer Student-t-Verteilung mit 8 Freiheitsgraden ($T(8)$).

a) Plotten Sie die Dichtefunktion von $X$ und vergleichen Sie diese mit der Dichtefunktion der Standardnormalverteilung.
b) Berechnen Sie das 8te Perzentil von $X$.
c) Bei welchem Wert von $X$ liegen 5% aller Fälle oberhalb dieses Wertes?

Für die Lösung siehe Abschnitt 52.4

### 45.7.5 Fishers F-Verteilung

Wenn $Y_1$ und $Y_2$ zwei unabhängige Variablen aus den Chiquadratverteilungen mit $n$ und $m$ Freiheitsgraden stammen, dann folgt die Variable $X = \frac{Y_1/n}{Y_2/m}$ einer Fisher-F-Verteilung mit $n$ und $m$ Freiheitsgraden ($F(n, m)$). Nehmen wir an, $X$ folge einer Fisher-F-Verteilung mit 10 und 20 Freiheitsgeraden ($F(10, 20)$).

a) Plotten Sie die Dichtefunktion von $X$.
b) Berechnen Sie Wahrscheinlichkeit $P(X > 1)$.
c) Berechnen Sie den Interquartilsabstand.

Für die Lösung siehe Abschnitt 52.5

### 45.7.6 Blutzuckerspiegel

Es ist bekannt, dass der Glukosespiegel im Blut von Diabetikern einem Normalverteilungsmodell mit einem Mittelwert von 106 mg/100 ml und einer Standardabweichung von 8 mg/100 ml folgt.

a) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass ein zufällig ausgewählter Diabetiker einen Glukosespiegel von weniger als 120 mg/100 ml hat.
b) Wie viel Prozent der Personen haben einen Glukosespiegel zwischen 90 und 120 mg/100 ml?
c) Berechnen und interpretieren Sie das erste Quartil des Glukosespiegels.

Für die Lösung siehe Abschnitt 52.6

### 45.7.7 Cholesterinspiegel bei Männern

Es ist bekannt, dass der Cholesterinspiegel bei Männern im Alter von 30 Jahren einer Normalverteilung folgt mit Mittelwert 220 mg/dl und einer Standardabweichung von 30 mg/dl. In einer bestimmten Population gibt es 20.000 Männer im Alter von 30 Jahren.

a) Wie viele von ihnen haben einen Cholesterinspiegel zwischen 210 und 240 mg/dl?
b) Wenn ein Cholesterinspiegel von mehr als 250 mg/dl eine Thrombose auslösen kann, wie viele von ihnen sind thrombosegefährdet?
c) Welcher Cholesterinwert wird von mindestens 20% der Männer erreicht?

Für die Lösung siehe Abschnitt 52.7

## 45.8 Konfidenzintervalle (eine Stichprobe)

### 45.8.1 Wirkstoffkonzentration

Die Wirkstoffkonzentration einer Zufallsstichprobe von 10 Arzneimittelbehältern aus einer Charge beträgt (in $mg/mm^3$ )

17.6, 19.2, 21.3, 15.1, 17.6, 18.9, 16.2, 18.3, 19.0, 16.4

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `Konzentration`.
b) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für die mittlere Konzentration bei einem Konfidenzniveau von 95% (Signifikanzlevel $\alpha = 0,05$).
c) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für die mittlere Konzentration bei einem Konfidenzniveau von 99% (Signifikanzlevel $\alpha = 0,01$).
d) Wenn wir die Genauigkeit des Intervalls als den Kehrwert seiner Breite definieren, wie ändert sich die Genauigkeit eines Intervalls, wenn wir das Konfidenzniveau erhöhen?
e) Welche Stichprobengröße wird benötigt, um den mittleren Konzentrationswert mit einem Fehler von $\pm 0.5 mg/mm^3$ und einem Konfidenzniveau von 95% Sicherheit zu bestimmen?
f) Wenn die Konzentration des Wirkstoffs mindestens 16 $mg/mm^3$ betragen muss, um wirksam zu sein, ist dann unsere Medikamentencharge wirksam?

Für die Lösung siehe Abschnitt 53.1

### 45.8.2 Milchfett

Ein Molkereibetrieb erhält Milch von zwei Bauernhöfen X und Y. Um die Qualität der Milch zu analysieren, wird das Milchfett für zwei Milchproben, eine von jedem Betrieb, gemessen. Die Ergebnisse sind in der nachstehenden Tabelle aufgeführt.

| X | | Y | |
|---|---|---|---|
| 0.34 | 0.34 | 0.28 | 0.29 |
| 0.32 | 0.35 | 0.30 | 0.32 |
| 0.33 | 0.33 | 0.32 | 0.31 |
| 0.32 | 0.32 | 0.29 | 0.29 |
| 0.33 | 0.30 | 0.31 | 0.32 |
| 0.31 | 0.32 | 0.29 | 0.31 |
| | | 0.33 | 0.32 |
| | | 0.32 | 0.33 |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Hof1` und `Hof2`.
b) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettgehalt.

c) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettgehalt, getrennt nach Höfen.
d) Plotten Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettgehalt, getrennt nach Höfen.
e) Lässt sich aus den Konfidenzintervallen ein signifikanter Untschied zwischen den Höfen feststellen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 53.2

### 45.8.3 Bibliotheksnutzung

In einer von einer Universität durchgeführten Umfrage über die Nutzung der Bibliothek wurde eine Stichprobe von 34 Studierenden gefragt, ob sie mindestens einmal pro Woche in die Bibliothek gehen.

nein, ja, nein, nein, nein, ja, nein, ja, ja, ja, ja, nein, ja, nein, ja, nein, nein, nein, ja, ja, ja, nein, nein, ja, nein, nein, ja, ja, nein, nein, ja, nein, ja, nein

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `Antwort`.
b) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für den Anteil an Studierenden, welche die Bibliothek wöchentlich nutzen mit einem Signifikanzlevel von $\alpha = 0,01$.
c) Wie präzise ist das Intervall?
d) Welcher Stichprobenumfang ist erforderlich, um eine Schätzung des Anteils der Studenten zu erhalten, die die Bibliothek mindestens einmal pro Woche nutzen, mit einem Fehler von $\pm 1\%$ und einem Konfidenzniveau von 95%?

Für die Lösung siehe Abschnitt 53.3

### 45.8.4 Atemwegsprobleme und Impfung

Das Gesundheitsministerium möchte ein Konfidenzintervall für den Anteil der Personen über 65 Jahre mit Atemwegsproblemen berechnen, die geimpft worden sind. In einer Zufallsstichprobe von 200 Personen über 65 mit Atemwegsproblemen wurden 154 geimpft.

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den Anteil an geimpften Probanden in der Grundgesamtheit.
b) Wenn das Gesundheitsministerium das Ziel verfolgt, dass mindestens 70% der Menschen über 65 mit Atemwegserkrankungen geimpft sind, können wir dann sagen, dass das Ministerium das Ziel erreicht hat?

Für die Lösung siehe Abschnitt 53.4

### 45.8.5 Cholesterin

Der Cholesterinspiegel (in mg/dl) in einer Zufallsstichprobe mit 8 Probanden beträgt

196, 212, 188, 206, 203, 210, 201, 198

a) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den Mittelwert mit den Signifikanzniveaus 0.1, 0.05 und 0.01.
b) Kann man schließen, dass der Mittelwert des Cholesterinspiegels der Bevölkerung unter 210 mg/dl liegt?

Für die Lösung siehe Abschnitt 53.5

### 45.8.6 Neurologisches Syndrom

Zur Behandlung eines neurologischen Syndroms gibt es zwei Therapien, $A$ und $B$. In einer Studie wurde eine Stichprobe von 60 Personen gezogen. Bei 25 von ihnen wurde Therapie $A$ angewandt, bei den anderen 35 Therapie $B$. Insgesmant 18 der mit $A$ behandelten Personen wurden geheilt, während 21 der mit $B$ behandelten Personen geheilt wurden.

a) Berechnen Sie für jede Therapie das 95% Konfidenzintervall für den Anteil an Personen, die geheilt wurden.
b) Welches Intervall ist präziser?

Für die Lösung siehe Abschnitt 53.6

### 45.8.7 Neugeborene

Der Datensatz `neonates` von rk.Teaching[20] enthält Informationen über eine Stichprobe von 320 Neugeborenen, die im Laufe eines Jahres nach normaler Schwangerschaftsdauer geboren wurden.

a) Berechnen Sie das 99% Konfidenzintervall für den Mittelwert des Gewichts der Neugeborenen.
b) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den APGAR-Score nach 1 Minute und für den APGAR-Score nach 5 Minuten und vergleiche sie beide Intervalle. Gibt es auf Grundlage der Konfidenzintervalle einen signifikanten Unterschied zwischen den Mittelwerten der beiden Scores?
c) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den Prozentsatz der Neugeborenen mit einem Gewicht von $\leq 2,5$ kg für Raucher- und Nichtrauchermütter und vergleichen Sie die Intervalle.

Für die Lösung siehe Abschnitt 53.7

[20] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData

## 45.9 Konfidenzintervalle (zwei Stichproben)

### 45.9.1 Medikamentenwerbung

Um festzustellen, ob eine Werbekampagne den Absatz eines Arzneimittels erhöht hat, wurde eine Stichprobe von 8 Apotheken aus einer Stadt gezogen. In jeder Apotheke wurden die monatlichen Verkäufe des Arzneimittels vor und nach der Kampagne in der folgenden Tabelle erfasst.

| | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Vorher** | 147 | 163 | 121 | 205 | 132 | 190 | 176 | 147 |
| **Nachher** | 150 | 171 | 132 | 208 | 141 | 184 | 182 | 145 |

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `vorher` und `nachher` und übertragen Sie die Daten.
b) Berechnen Sie den Mittelwert der monatlichen Umsätze vor und nach der Kampagne. Sind die Mittelwerte unterschiedlich? Hat die Kampagne den Absatz des Arzneimittels erhöht?
c) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den durchschnittlichen Unterschied mit $\alpha = 0,05$ und $\alpha = 0,01$. Können wir bestätigen, dass die Werbekampagne den Verkauf von Arzneimitteln erheblich gesteigert hat?
d) Können wir dieselbe Schlussfolgerung ziehen, wenn wir die Verkäufe nach der Kampagne der beiden letzten Apotheken ändern und 190 statt 182 und 165 statt 145 angeben? Was passiert mit den Konfidenzintervallen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 54.1

### 45.9.2 Milchfett

Ein Molkereibetrieb erhält Milch von zwei Bauernhöfen X und Y. Um die Qualität der Milch zu analysieren, wird das Milchfett für zwei Milchproben, eine von jedem Betrieb, gemessen. Die Ergebnisse sind in der nachstehenden Tabelle aufgeführt.

| **X** | | **Y** | |
|---|---|---|---|
| 0.34 | 0.34 | 0.28 | 0.29 |
| 0.32 | 0.35 | 0.30 | 0.32 |
| 0.33 | 0.33 | 0.32 | 0.31 |
| 0.32 | 0.32 | 0.29 | 0.29 |
| 0.33 | 0.30 | 0.31 | 0.32 |
| 0.31 | 0.32 | 0.29 | 0.31 |
| | | 0.33 | 0.32 |
| | | 0.32 | 0.33 |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Hof1` und `Hof2`.
b) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettunterschied in der Milch von `Hof1` und `Hof2`.

c) Kann man daraus schließen, dass der Unterschied zwischen den Milchfettmittelwerten der Betriebe signifikant ist? Welcher Betrieb hat Milch mit mehr Fett? Wie viel mehr Fett hat die Milch von `Hof1` als die Milch von `Hof2`?

Für die Lösung siehe Abschnitt 54.2

### 45.9.3 Bibliotheksnutzung nach Geschlecht

In einer von einer Universität durchgeführten Umfrage über die Nutzung der Bibliothek wurde eine Stichprobe von 34 Studierenden gefragt, ob sie mindestens einmal pro Woche in die Bibliothek gehen.

| **Antwort** | nein | ja | nein | nein | nein | ja | nein | ja | ja | ja | ja | nein |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Geschlecht** | m | w | w | m | m | m | w | w | w | w | m | m |

| **Antwort** | nein | ja | nein | nein | nein | ja | ja | ja | nein | nein | ja | nein |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Geschlecht** | m | w | m | m | w | m | w | w | w | m | w | m |

| **Antwort** | ja | ja | nein | nein | ja | nein | ja | nein | ja | nein |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Geschlecht** | w | w | m | m | w | w | w | m | w | m |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Antwort` und `Geschlecht`.
b) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für den Unterschied zwischen den Anteilen der Frauen und Männern, die die Bibliothek mindestens einmal pro Woche nutzen.

Für die Lösung siehe Abschnitt 54.3

### 45.9.4 Prüfungen vormittags und nachmittags

In einem Kurs gibt es zwei Gruppen von Studierenden, eine am Vormittag und die andere am Nachmittag. In der Vormittagsgruppe haben 55 von 80 Studierenden bestanden, während in der Nachmittagsgruppe 32 von 90 Studierenden bestanden haben.

a) Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Prozentsätzen der Studierenden, die am Vormittag und am Nachmittag bestanden haben? Kann man daraus schließen, dass der Stundenplan die Ursache für diese Unterschiede ist?

Für die Lösung siehe Abschnitt 54.4

### 45.9.5 Cholesterin und Sport

In einer Studie zur Ermittlung des Zusammenhangs zwischen körperlicher Betätigung und dem Cholesterinspiegel im Blut wurde eine wurde eine Stichprobe von 11 Personen gezogen. Der Cholesterinspiegel der Teilnehmer (in mg/dl) vor und nach der Teilnahme an einem Programm mit körperlichen Übungen ist unten dargestellt.

| | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **vorher** | 182 | 232 | 191 | 200 | 148 | 249 | 276 | 213 | 241 | 280 | 262 |
| **nachher** | 198 | 210 | 194 | 220 | 138 | 220 | 219 | 161 | 210 | 213 | 226 |

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Unterschied der Cholesterinwerte vor und nach den körperlichen Übungen
b) Berechnen Sie das 99%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Unterschied der Cholesterinwerte vor und nach den körperlichen Übungen
c) Auf Grundlage der zuvor berechneten Intervalle, welchen Schluss bezüglich des Einflusses von körperlichen Aktivitäten auf den Cholesterinspiegel können Sie ziehen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 54.5

### 45.9.6 Patientenzufriedenheit

Insgesamt 500 Patienten aus zwei Krankenhäusern wurden zu ihrer Zufriedenheitbefragt. In Krankenhaus 1 wurden 200 Patienten befragt, von denen 140 zufrieden waren. In Krankenhaus 2 wurden 300 Patienten befragt, von denen 180 zufrieden waren.

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den Anteilsunterschied an zufriedenen Patienten in beiden Häusern.
b) Wenn $\alpha = 0,01$ ist, können dann Rückschlüsse gezogen werden, ob der Unterschied der Anteile zufriedener Patienten signifikant ist?

Für die Lösung siehe Abschnitt 54.6

### 45.9.7 Neugeborene

Der Datensatz `neonates` von rk.Teaching[21] enthält Informationen über eine Stichprobe von 320 Neugeborenen, die im Laufe eines Jahres nach normaler Schwangerschaftsdauer geboren wurden.

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchscnnittlichen Unterschied des Geburtsgewichts zwischen Kindern von Raucherinnen und Nichtraucherinnen. Wie groß ist der durchschnittliche Gewichtsunterschied?

[21] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData

b) Berücksichtigen Sie nur die Daten der Mütter, die *während* der Schwangerschaft nicht geraucht haben. Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchscnnittlichen Unterschied des Geburtsgewichts zwischen Kindern von Müttern, die *vor* der Schwangerschaft geraucht haben, und den Nichtraucherinnen.
c) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Unterschied von APGAR-1-Werten und APGAR-5-Werten. Wie entwickeln sich Neugeborene in den ersten 5 Minuten nach der Geburt?
d) Wenn Neugeborene mit einem APGAR-1-Wert $\leq 3$ in einem kritischen Zustand sind, berechnen Sie das 90%-Konfidenzintervall für den Unterschied der Anteile von Neugeborenen in kritischem Zustand zwischen Müttern, die *während* der Schwangerschaft geraucht haben und den Nichtraucherinnen.
e) Hat das Alter der Mutter einen signifikanten Einfluss auf den Anteil an Neugeborenen in kritischem Zustand?

Für die Lösung siehe Abschnitt 54.7

## 45.10 Signifikanztests

### 45.10.1 Wirkstoffkonzentration

Die Wirkstoffkonzentration einer Zufallsstichprobe von 10 Arzneimittelbehältern aus einer Charge beträgt (in $mg/mm^3$ )

17.6, 19.2, 21.3, 15.1, 17.6, 18.9, 16.2, 18.3, 19.0, 16.4

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `Konzentration`.
b) Testen Sie die zweiseitige Hypothese $H_0 : \mu = 18$ versus $H_1 : \mu \neq 18$ mit einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,05$.
c) Testen Sie die zweiseitige Hypothese $H_0 : \mu = 19,5$ versus $H_1 : \mu \neq 19,5$ mit den Signifikanzniveaus von $\alpha = 0,05$ und $0,01$. Wie beeinflusst das Signifikanzniveau das Testergebnis?
d) Testen Sie die zweiseitige Hypothese $H_0 : \mu = 17$ versus $H_1 : \mu \neq 17$ mit einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,05$. Testen Sie ebenfalls die Hypothesen $H_0 : \mu = 17$ versus $H_1 : \mu > 17$ mit $\alpha = 0,05$. Was ist der Unterschied zwischen den $p$-Werten des zweiseitigen und des einseitigen Tests?
e) Wenn der Hersteller angibt, die Konzentration des Wirkstoffs erhöht zu haben (im Vergleich zu früheren Chargen, bei denen der Mittelwert der Konzentration 17 $mg/mm^3$ war), können wir ihm glauben?
f) Welche Fallzahl würde benötigt, um einen Konzentrationsanstieg von 0,5 $mg/mm^3$ zu erkennen (mit $\alpha = 0,05$ und einer Power von $1 - \beta = 0,8$)?

Für die Lösung siehe Abschnitt 55.1

### 45.10.2 Bibliotheksnutzung

In einer von einer Universität durchgeführten Umfrage über die Nutzung der Bibliothek wurde eine Stichprobe von 34 Studierenden gefragt, ob sie mindestens einmal pro Woche in die Bibliothek gehen.

nein, ja, nein, nein, nein, ja, nein, ja, ja, ja, ja, nein, ja, nein, ja, nein, nein, nein, ja, ja, ja, nein, nein, ja, nein, nein, ja, ja, nein, nein, ja, nein, ja, nein

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `bib`.
b) Testen Sie die Hypothese, dass der Anteil an Studierenden, die wöchentlich die Bibliothek nutzen, größer als 40% ist.

Für die Lösung siehe Abschnitt 55.2

### 45.10.3 Laufen lernen

Eine Studie möchte untersuchen, ob Babies aus den unterschiedlichen Populationen $A$ und $B$ zu unterschiedlichen Zeiten anfangen zu laufen. In folgender Tabelle ist das Alter der Babies in Monaten aufgeführt, zu welchem sie mit dem Laufen anfingen.

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **A** | 9.5 | 10.5 | 9.0 | 9.8 | 10.0 | 13.0 | 10.0 | 13.5 | 10.0 | 9.8 | | |
| **B** | 12.5 | 9.5 | 13.5 | 13.8 | 12.0 | 13.8 | 12.5 | 9.5 | 12.0 | 13.5 | 12.0 | 12.0 |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Alter` und `Population`.
b) Testen Sie die Hypothese, dass das durchschnittliche Alter in den Populationen unterschiedlich ist, mit $\alpha = 0,05$.

Für die Lösung siehe Abschnitt 55.3

### 45.10.4 Bronchialretention

Forschende haben bei Rauchern einen größeren Atemwegswiderstand festgestellt als bei Nichtrauchern. Zur Überprüfung wurde bei 12 Probanden der Prozentsatz der tracheobronchialen Retention gemessen als sie Raucher waren und ein Jahr nach dem Rauchstopp.

| Rauchen | Nichrauchen |
|---|---|
| 60.6 | 47.5 |
| 12.0 | 13.3 |
| 56.0 | 33.0 |
| 75.2 | 55.2 |
| 12.5 | 21.9 |
| 29.7 | 27.9 |
| 57.2 | 54.3 |
| 62.7 | 13.9 |
| 28.7 | 8.90 |
| 66.0 | 46.1 |
| 25.2 | 29.8 |
| 40.1 | 36.2 |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `vorher` und `nachher`.
b) Testen Sie, ob sich die Bronchialretention nach dem Rauchstopp verringert.

Für die Lösung siehe Abschnitt 55.4

### 45.10.5 Prüfungen vormittags und nachmittags

In einem Kurs gibt es zwei Gruppen von Studierenden, eine am Vormittag und die andere am Nachmittag. Unter der Vormittagsgruppe haben 55 von 80 Studierenden bestanden, während in der Nachmittagsgruppe 32 von 90 Studierenden bestanden haben.

a) Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Prozentsätzen der Studiereden, die am Vormittag und am Nachmittag bestanden haben? Kann man daraus schließen, dass der Stundenplan die Ursache für diese Unterschiede ist?

Für die Lösung siehe Abschnitt 55.5

### 45.10.6 Pulsmessung

Der Datensatz `pulse` von rk.Teaching[22] enthält Informationen über den Puls einer Stichprobe von Personen nach verschiedenen Übungen:

- Ruhepuls in Schlägen pro Minute (`pulse1`),
- Puls nach Bewegung in Schlägen pro Minute (`pulse2`),
- Art der Bewegung (`type`),
- Geschlecht (`sex`) und Gewicht (`weight`)

a) Testen Sie, ob der Ruhepuls weniger als 75 Schläge pro Minute beträgt.
b) Welcher Stichprobenumfang ist erforderlich, um einen Anstieg des Ruhepulses um 2 Schläge pro Minute mit einem Signifikanzniveau von 0,05 und einer Power von 0,9 festzustellen?
c) Testen Sie, ob der Puls nach dem Laufen größer als 85 Schläge pro Minute ist.
d) Eine Person hat eine leichte Tachykardie, wenn der Ruhepuls größer als 90 Schläge pro Minute ist. Prüfen Sie, ob der Prozentsatz der Personen mit leichter Tachykardie größer als 5% ist.
e) Kann man mit 95%iger Sicherheit schließen, dass Bewegung den Puls erhöht? Und bei einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,01$?
f) Gibt es einen Unterschied zwischen den durchschnittlichen Pulsschlägen nach dem Gehen und dem Laufen?
g) Gibt es einen Unterschied zwischen den Mittelwerten des Ruhepulses von Männern und Frauen? Und nach dem Laufen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 55.6

[22] https://github.com/rkward-community/rk.Teaching, auch verfügbar unter https://www.produnis.de/R/data/pulse.RData

## 45.11 Varianzanalysen (ANOVA)

### 45.11.1 Aknetherapie

In einer Studie wird versucht, die Wirksamkeit von drei Therapieprogrammen $A$, $B$ und $C$ zur Behandlung von von Akne zu bestimmen. Die Teilnehmer der Studie wurden nach dem Zufallsprinzip in drei Gruppen eingeteilt, und in jeder Gruppe wurde eine der Behandlungen durchgeführt. Nach 16 Wochen Behandlung wurde der prozentuale Rückgang der Akneläsionen gemessen.

| Therapie | A | Therapie | B | Therapie | C |
|---|---|---|---|---|---|
| 48.6 | 50.8 | 68.0 | 71.9 | 67.5 | 61.4 |
| 49.4 | 47.1 | 67.0 | 71.5 | 62.5 | 67.4 |
| 50.1 | 52.5 | 70.1 | 69.9 | 64.2 | 65.4 |
| 49.8 | 49.0 | 64.5 | 68.9 | 62.5 | 63.2 |
| 50.6 | 46.7 | 68.0 | 67.8 | 63.9 | 61.2 |
| | 68.3 | 68.9 | 64.8 | 60.5 | |
| | | | 62.3 | | |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Therapie` und `Aknereduktion`.
b) Plotten Sie die Aknereduktion für jede Therapie. Sind Unterschiede erkennbar?
c) Führen Sie eine ANOVA durch. Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Therapien?
d) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für die paarweisen Unterschiede zwischen den drei Behandlungen. Bei welchen Behandlungen gibt es signifikante Unterschiede?
e) Plotten Sie diese Konfidenzintervalle.

Für die Lösung siehe Abschnitt 56.1

### 45.11.2 Schulranking

Um zu prüfen, ob es zwischen den Schulen einer Stadt Unterschiede in den sportlichen Leistungen gibt, wurde eine Zufallsstichprobe von 8 Schülern jeder Schule gezogen. Die erreichten Punkte bei einem Sportwettkampf (von 1 bis 10) der jeweiligen Schüler sind in der folgenden Tabelle dargestellt.

| $A$ | $B$ | $C$ | $D$ | $E$ |
|---|---|---|---|---|
| 5.5 | 6.1 | 4.9 | 3.2 | 6.7 |
| 5.2 | 7.2 | 5.5 | 3.3 | 5.8 |
| 5.9 | 5.5 | 6.1 | 5.5 | 5.4 |
| 7.1 | 6.7 | 6.1 | 5.7 | 5.5 |
| 6.2 | 7.6 | 6.2 | 6.0 | 4.9 |
| 5.9 | 5.9 | 6.4 | 6.1 | 6.2 |
| 5.3 | 8.1 | 6.9 | 4.7 | 6.1 |
| 6.2 | 8.3 | 4.5 | 5.1 | 7.0 |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Schule` und `Punkte`.
b) Plotten Sie die durchschnittlich erreichten Punkte pro Schule. Sind Unterschiede erkennbar?
c) Führen Sie eine ANOVA durch. Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Schulen?
d) In welcher Schule sind die sportlichen Leistungen am besten?

Für die Lösung siehe Abschnitt 56.2

### 45.11.3 Puls und Herzkrankheit

Die nachstehende Tabelle zeigt den Puls (in Schlägen pro Minute) von vier Patientengruppen: Kontrollen (`A`), Patienten mit Angina pectoris (`B`), Patienten mit Herzrhythmusstörungen (`C`) und Patienten, die sich von einem Herzinfarkt erholt haben (`D`).

| $A$ | $B$ | $C$ | $D$ |
|---|---|---|---|
| 83 | 81 | 75 | 61 |
| 61 | 65 | 68 | 75 |
| 80 | 77 | 80 | 78 |
| 63 | 87 | 80 | 80 |
| 67 | 95 | 74 | 68 |
| 89 | 89 | 78 | 65 |
| 71 | 103 | 69 | 68 |
| 73 | 89 | 72 | 69 |
| 70 | 78 | 76 | 70 |
| 66 | 83 | 75 | 79 |
| 57 | 91 | 69 | 61 |

a) Gibt es laut den Daten signifikante Unterschiede zwischen den vier Gruppen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 56.3

### 45.11.4 Kohlenmonoxid

Die folgende Tabelle zeigt die Atemfrequenz (Atemzüge pro Minute) bei einer Stichprobe von Laborratten, die drei Konzentrationen von Kohlenmonoxid ausgesetzt waren.

| Low | Medium | High |
|---|---|---|
| 36 | 43 | 45 |
| 33 | 38 | 39 |
| 35 | 41 | 33 |
| 39 | 34 | 39 |
| 41 | 28 | 33 |
| 41 | 44 | 26 |
| 44 | 30 | 39 |
| 45 | 31 | 29 |

a) Gibt es laut den Daten signifikante Unterschiede zwischen den drei Gruppen?

Für die Lösung siehe Abschnitt 56.4

## 45.12 Chiquadratests für Anteilswerte

### 45.12.1 Magengeschwür

Die folgende Tabelle enthält die Blutgruppe einer Stichprobe von 1655 Patienten mit Magengeschwüren und 10.000 Patienten ohne Magengeschwüre Patienten.

| | **0** | **A** | **B** | **AB** |
|---|---|---|---|---|
| **Geschwür** | 911 | 579 | 124 | 41 |
| **kein Geschwür** | 4578 | 4219 | 890 | 313 |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Geschwuer` und `Blutgruppe`.
b) Führen Sie einen Chiquadrattest auf die Hypothese durch, dass die Geschwüre von der Blutgruppe abhängig sind.
c) Gibt es in Anbetracht der Ergebnisse des Vergleichs einen Zusammenhang zwischen dem Magengeschwür und der Blutgruppe? Können wir behaupten, dass der Anteil der Ulkuspatienten je nach Blutgruppe unterschiedlich ist?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.1

### 45.12.2 Blutgruppen

Mitchell et al. (1976) untersuchten die Verteilung der Blutgruppen in einer Stichprobe von 478 Personen aus verschiedenen Regionen im Südwesten Schottlands. Sie erhielten die folgenden Ergebnisse:

| | **Eskdale** | **Annandale** | **Nithsdale** | Summe |
|---|---|---|---|---|
| **A** | 33 | 54 | 98 | 185 |
| **B** | 6 | 14 | 35 | 55 |
| **O** | 56 | 52 | 115 | 223 |
| **AB** | 5 | 5 | 5 | 15 |
| Summe | 100 | 125 | 253 | 478 |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Region` und `Blutgruppe`.
b) Führen Sie einen Chiquadrattest auf die Hypothese durch, dass die Blutgruppe von der Region abhängig sind.
c) Gibt es in Anbetracht der Ergebnisse einen Zusammenhang zwischen der Blutgruppe und der Region? Können wir behaupten, dass die Region keinen Einfluss auf die Blutgruppe hat?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.2

### 45.12.3 Rauchen und Geschlecht

Eine Studie hat versucht festzustellen, ob das Rauchen mit dem Geschlecht zusammenhängt. Es wurden 9 Männer und 17 Frauen befragt. Unter den männlichen Probanden gab es 2 Raucher, während in der weiblichen Stichprobe 6 Raucherinnen waren.

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Rauchen` und `Geschlecht`.
b) Führen Sie einen Chi-Quadrat-Test durch, um festzustellen, ob das Rauchen mit dem Geschlecht zusammenhängt.
c) Ist die Verteilung der Raucher bei beiden Geschlechtern gleich?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.3

### 45.12.4 Migräne

Um die Wirksamkeit von zwei Medikamenten gegen Migräne zu vergleichen, wurden 20 Personen, die häufig unter Migräne litten, ausgewählt und die beiden Medikamente zu verschiedenen Zeitpunkten ausprobiert. Die folgende Tabelle zeigt die Anzahl der Personen, die eine gewisse Linderung erfuhren.

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Drug 1** | Yes | Yes | Yes | Yes | Yes | No | Yes | No | Yes | Yes |
| **Drug 2** | No | No | Yes | No | Yes | Yes | No | No | No | No |

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Drug 1** | Yes | No | Yes | No | Yes | Yes | Yes | No | Yes | Yes |
| **Drug 2** | Yes | No | Yes | No | No | Yes | No | Yes | No | No |

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `drug1` und `drug2`.
b) Führen Sie einen McNemar-Test durch, um festzustellen, ob die Linderung mit dem Medikament zusammenhängt.
c) Können wir nach dem Ergebnis des Tests behaupten, dass die Linderung der Migräne vom Medikament abhängt? Wenn ja, welches Medikament bewirkt eine signifikant höhere Linderung?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.4

### 45.12.5 Komatös

Eine Studie versucht zu bestimmen, ob Patienten, die bei der Ankunft im Krankenhaus komatös sind, eine schlechtere Prognose (Überleben oder Sterben) haben.

| | **nicht komatös** | **komatös** | Summe |
|---|---|---|---|
| **überleben** | 484 | 37 | 521 |
| **verstorben** | 118 | 89 | 207 |
| Summe | 602 | 126 | 728 |

a) Ist ein komatöser Zustand bei der Ankunft im Krankenhaus ein Risikofaktor zu versterben?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.5

### 45.12.6 Heilung

Die Heilung einer Krankheit, die durch zwei Behandlungen $A$ und $B$ hervorgerufen wird, wird in drei Kategorien eingeteilt: sehr gut, gut und schlecht.

Die Behandlung $A$ wird bei 32 Patienten angewandt und $B$ bei 28. Bei Medikament $A$ konnten 10 von insgesamt 22 `sehr guten` Heilungen, 14 von insgesamt 24 `guten` Heilungen und 8 von insgesamt 14 `schlechten` Heilungen beobachtet werden. Ist die Wirksamkeit der beiden Behandlungen die gleiche?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.6

### 45.12.7 Facherfolg

Um festzustellen, ob Frauen in einem Fach erfolgreicher sind als Männer, wurde eine Stichprobe von 10 Frauen und 10 Männern gezogen. Beide Gruppen wurden von einem Lehrer geprüft, der immer 40% der Prüflinge durchfallen lässt. Wenn man weiß, dass nur 2 Männer bestanden haben, können wir dann behaupten, dass Frauen in diesem Fach erfolgreicher sind als Männer?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.7

### 45.12.8 Statistikdozenten

150 Studierende wurden befragt, ob ihnen die Lehrmethoden von zwei Biostatistik-Dozenten (Hans und Erna) gefallen. Die Ergebnisse sind in der nachstehenden Tabelle aufgeführt:

| | **like Hans** | **dislike Hans** |
|---|---|---|
| **like Erna** | 37 | 48 |
| **dislike Erna** | 44 | 21 |

Können wir bestätigen, dass es unterschiedliche Meinungen über Hans und Erna gibt?

Für die Lösung siehe Abschnitt 57.8

Weitere Übungsaufgaben finden Sie im `trainingslageR` unter https://www.produnis.de/trainingslager.

# 46 Lösungen Häufigkeitsverteilungen

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 46.1 Lösung zur Aufgabe 45.1.1 Kinder in Familien

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Kinder` und übertragen Sie die Daten.

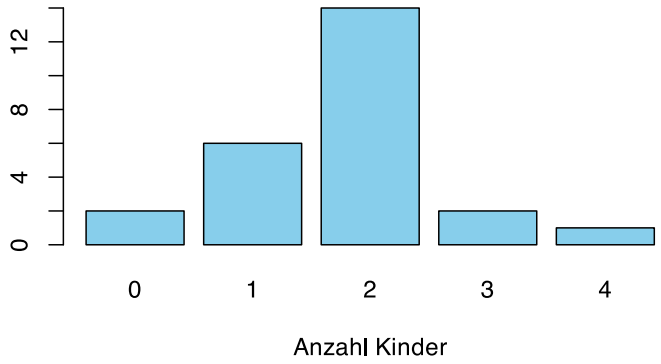
```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Kinder = c(1, 2, 4, 2, 2, 2, 3, 2, 1, 1, 0, 2, 2, 0,
                            2, 2, 1, 2, 2, 3, 1, 2, 2, 1, 2))
```

b) Erzeugen Sie eine einfache Häufigkeitstabelle

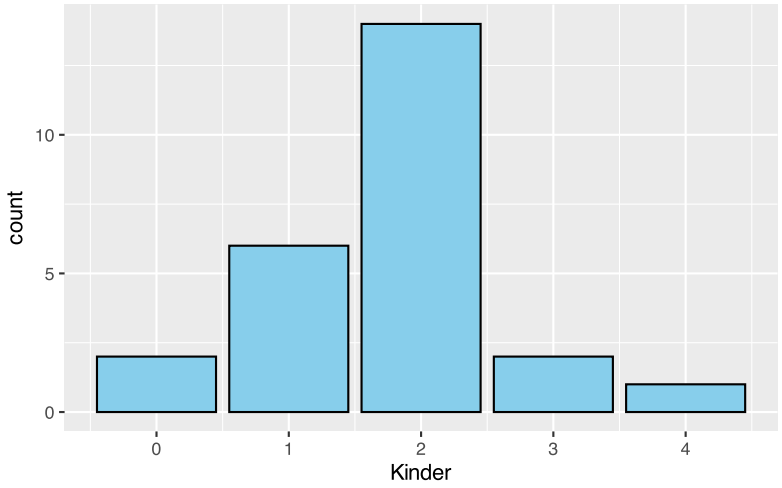
```
# erzeuge Datenframe
table(df$Kinder)


 0  1  2  3  4
 2  6 14  2  1

# oder
xtabs(~Kinder, data=df)

Kinder
 0  1  2  3  4
 2  6 14  2  1
```

c) Erzeugen Sie ein Balkendiagramm der Häufigkeiten

```
# Balkendiagramm mit R-Base
barplot(table(df$Kinder), col="skyblue", xlab="Anzahl Kinder")
```




```
# mit ggplot
ggplot(df, aes(x=Kinder)) +
          geom_bar(fill="skyblue", color="black")
```




d) Erzeugen Sie eine vollständige Häufigkeitstabelle, inklusive absoluter, relativer und jeweils kumulativer Häufigkeiten

```
## zu Fuß
# kumulierte absoulte Häufigkeiten
cumsum(table(df$Kinder))
```

```
 0  1  2  3  4
 2  8 22 24 25
```

```
# relative Häufigkeiten
(table(df$Kinder)/length(df$Kinder))*100
```

```
 0  1  2  3  4
 8 24 56  8  4
```

```
# kumulierterelative Häufigkeiten
cumsum(table(df$Kinder)/length(df$Kinder))*100
```

```
  0   1   2   3   4
  8  32  88  96 100
```

```
## einfacher
# erzeuge vollständige Häufigkeitstabelle
jgsbook::freqTable(df$Kinder)
```

```
  Wert Haeufig Hkum Relativ Rkum
1    0       2    2       8    8
2    1       6    8      24   32
3    2      14   22      56   88
4    3       2   24       8   96
5    4       1   25       4  100
```

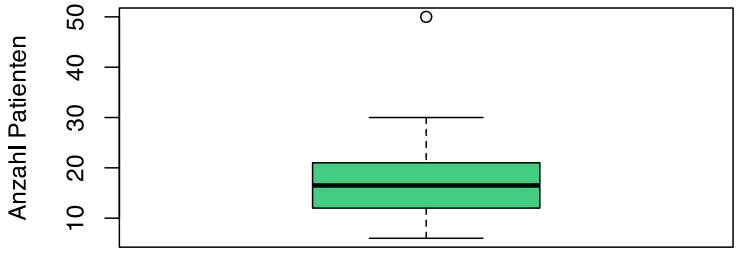
## 46.2 Lösung zur Aufgabe 45.1.2 Patienten in der Notaufnahme

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Patienten` und übertragen Sie die Daten.

```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Patienten = c(15, 23, 12, 10, 28, 50, 12, 17, 20,
                               21, 18, 13, 11, 12, 26, 30,  6, 16,
                               19, 22, 14, 17, 21, 28,  9, 16, 13,
                               11, 16, 20))
```

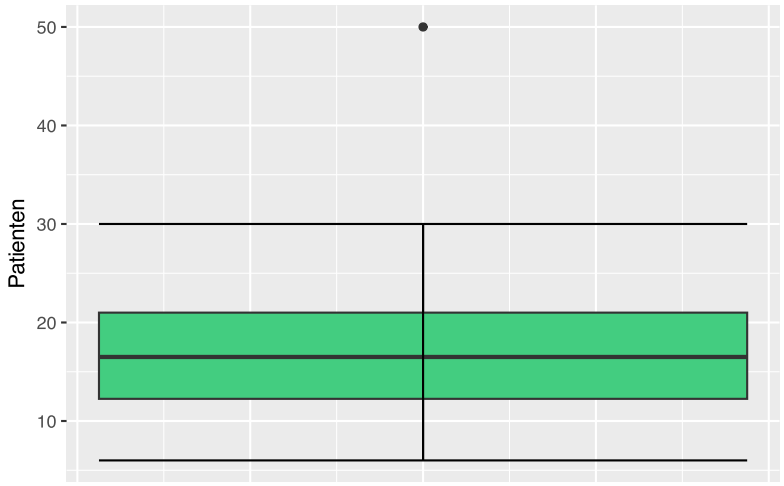
b) Erzeugen Sie ein Boxplot und entfernen Sie etwaige Ausreißer.

```
# Boxplot mit Rbase
boxplot(df$Patienten, col="seagreen3", ylab="Anzahl Patienten")
```




```
# Boxplot mit ggplot
ggplot(df, aes(y=Patienten)) +
```

```
    geom_boxplot(fill="seagreen3") +
    # whiskers
    stat_boxplot(geom="errorbar") +
    theme(axis.ticks.x=element_blank(),
          axis.text.x=element_blank())
```




Es ist ein Ausreißer enthalten.

```
# entferne Ausreißer für weiteres Vorgehen
df <- subset(df, Patienten < 50)
```

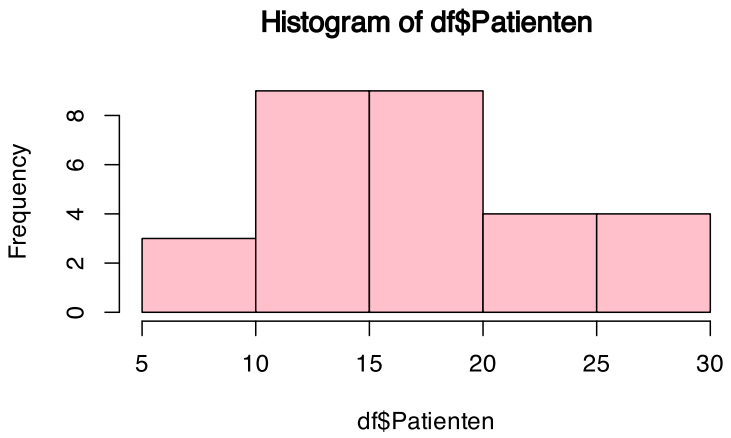
c) Erzeugen Sie eine Häufigkeitstabelle, welche die Daten in 5 Klassen gruppiert.

```
# klassiere in 5 Gruppen
gruppen <- cut(df$Patienten, breaks = 5, ordered_result = TRUE)
# Häufigkeitstabelle
table(gruppen)
```

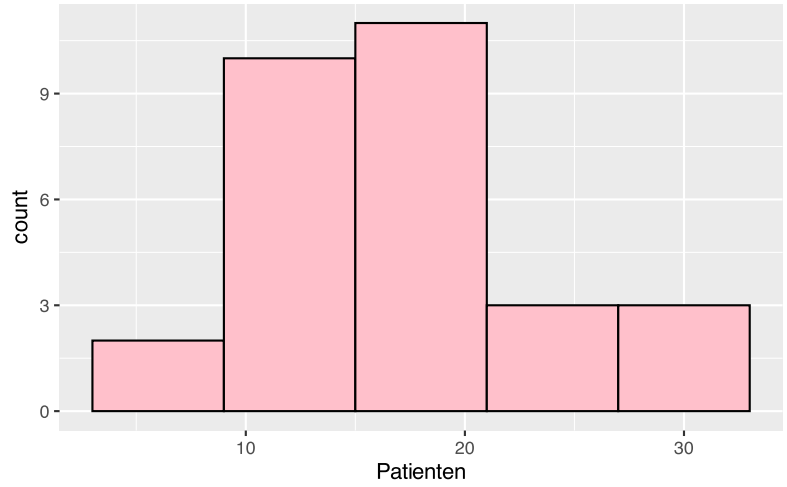
```
gruppen
(5.98,10.8] (10.8,15.6] (15.6,20.4] (20.4,25.2]   (25.2,30]
          3           9           9           4           4
```

d) Erzeugen Sie ein Histogram der klassierten absoluten Häufigkeiten.

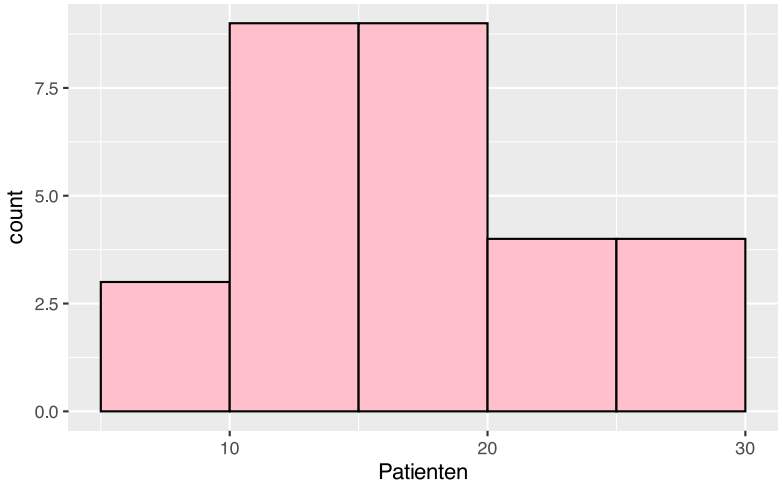
```
# Histogram mit Rbase
hist(df$Patienten, col="pink")
```




```
# mit ggplot werden andere Breaks erzeugt
ggplot(df, aes(x=Patienten)) +
   geom_histogram(fill="pink", color="black",
                  bins=5)
```



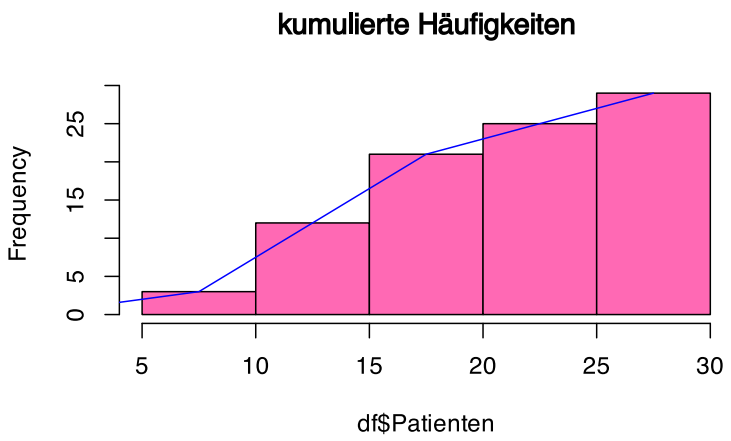

```
# also die Klassengrenzen manuell festlegen
ggplot(df, aes(x=Patienten)) +
   geom_histogram(fill="pink", color="black",
                  breaks=c(5, 10, 15, 20, 25, 30))
```



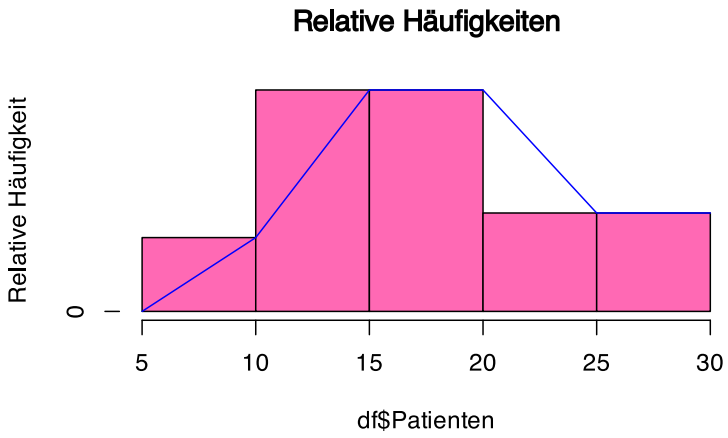

e) Erzeugen Sie ebenso Histogramme der relativen und jeweils kumulativen Häufigkeiten, inklusive Polygonzügen.

Mit R base können wir wie folgt vorgehen.

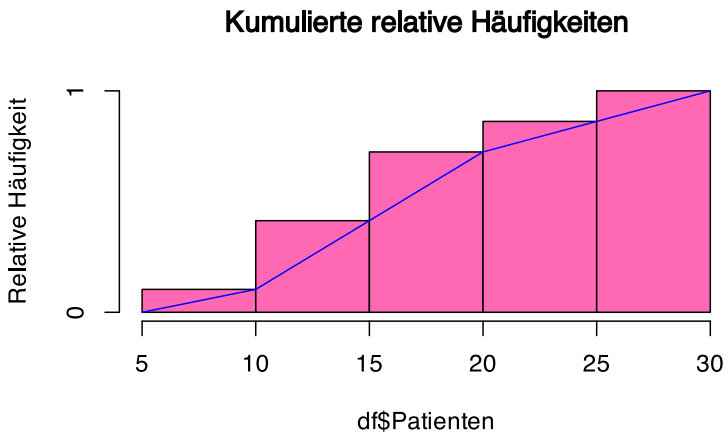
```
# 1. kumulierte absolute Häufigkeiten
#-----------------------------------
# speichere Histogramm in Objekt h
h <- hist(df$Patienten, plot=FALSE)

# ersetze die Zellen durch kumulierte Häufigkeiten
h$counts <- cumsum(h$counts)

# plotte das kumulative Histogram
plot(h, col="hotpink", main = "kumulierte Häufigkeiten")
# füge Polygonzug hinzu
lines(c(0, h$mids),c(0,h$counts), col="blue") # type="s"
```



```
# 2. Histogram der relativen Häufigkeiten #
##---------------------------------------#
# speichere Histogramm in Objekt h
h <- hist(df$Patienten, plot=FALSE)

# relative Häufigkeiten
h$counts <- h$counts/sum(h$counts)
### plot
plot(h, col="hotpink", main = "Relative Häufigkeiten",
     ylab = "Relative Häufigkeit" )
# Polygon hinzufügen
lines(h$breaks, c(0, h$counts), col = "blue") # add type="s" if you like
```

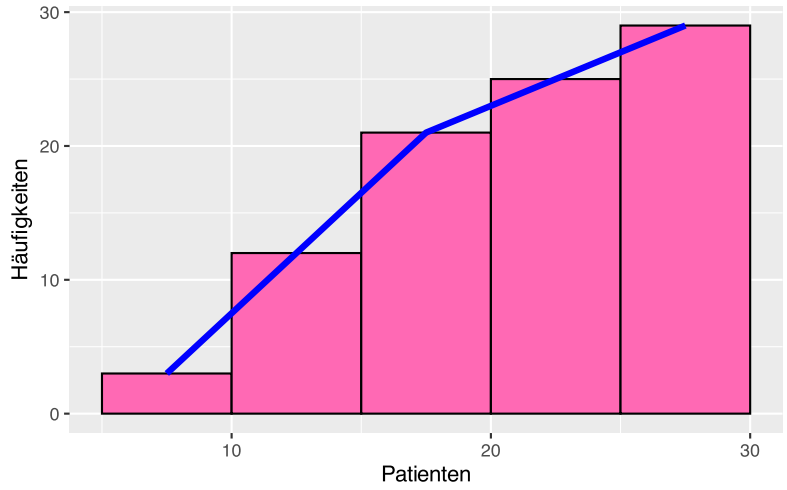



```
# 3. Histogram der kumulierten relativen Häufigkeiten #
##---------------------------------------------------#
# speichere Histogramm in Objekt h
h <- hist(df$Patienten, plot=FALSE)

# kumulative relative Häufigkeiten
h$counts <- cumsum(h$counts)/sum(h$counts)
### plot
plot(h, col="hotpink", main = "Kumulierte relative Häufigkeiten",
     ylab = "Relative Häufigkeit" )
# Polygon hinzufügen
lines(h$breaks, c(0, h$counts), col = "blue") # add type="s" if you like
```



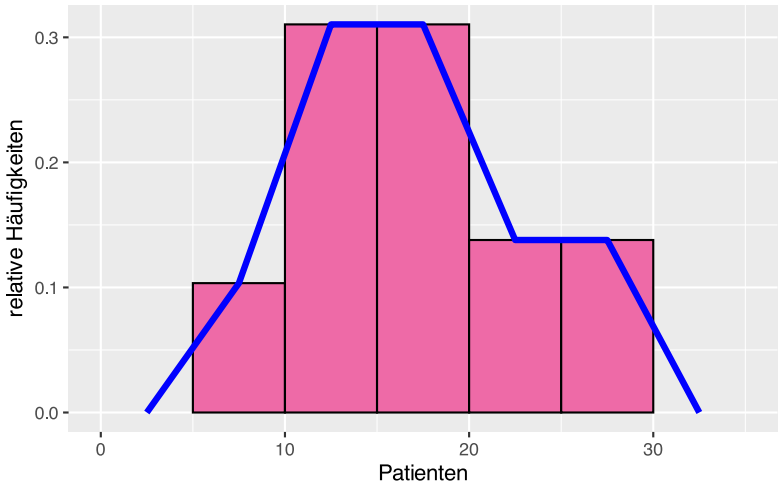

Im Tidyverse können wir so vorgehen.

```
### Mittels ggplot()
# Klassengrenzen festlegen
breaks = c(5, 10, 15, 20, 25, 30)

# kumulierte Häufigkeiten
ggplot(df, aes(x=Patienten)) +
  ylab("Häufigkeiten")+
  geom_histogram(aes(y=cumsum(after_stat(count))),
                 fill="hotpink", color="black",
                 breaks=breaks) +
  stat_bin(aes(y=cumsum(after_stat(count))),
           breaks=breaks,
           geom="line", color="blue", linewidth=1.5) # oder geom="step"
```

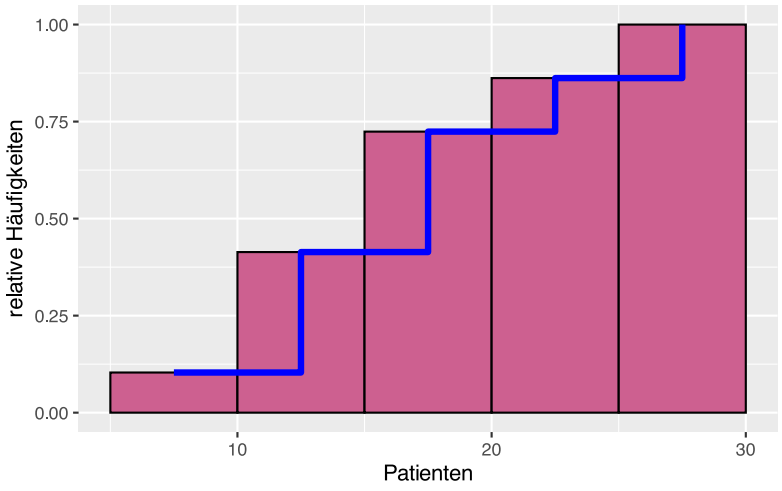



```
# relative Häufigkeiten
ggplot(df, aes(x=Patienten))+
  ylab("relative Häufigkeiten")+
  geom_histogram(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))),
                 breaks=breaks, fill="hotpink2", color="black") +
```

```
  geom_freqpoly(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))),
                breaks=breaks, color="blue", linewidth=1.5)
```




```
# kumulierte relative Häufigkeiten
ggplot(df, aes(x=Patienten)) +
  ylab("relative Häufigkeiten")+
  geom_histogram(aes(y=cumsum(after_stat(count)/sum(after_stat(count)))),
                 breaks=breaks, fill="hotpink3", color="black") +
  stat_bin(aes(y=cumsum(after_stat(count)/sum(after_stat(count)))),
                 breaks=breaks,
                 geom="step", color="blue", linewidth=1.5) # oder geom="line"
```




## 46.3 Lösung zur Aufgabe 45.1.3 Blutgruppen

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Blutgruppe` und übertragen Sie die Daten.

```
# Übertrage Daten
df <- data.frame(Blutgruppe = factor(c("A", "B", "B", "A", "AB", "0", "0", "A",
```

```
                                    "B", "B", "A", "A", "A", "A", "AB", "A",
                                    "A", "A", "B", "0", "B", "B", "B", "A",
                                    "A", "A", "0", "A", "AB", "0")))
```

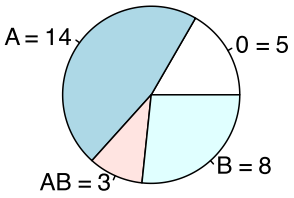
b) Erzeugen Sie eine Häufigkeitstabelle

```
table(df$Blutgruppe)
```

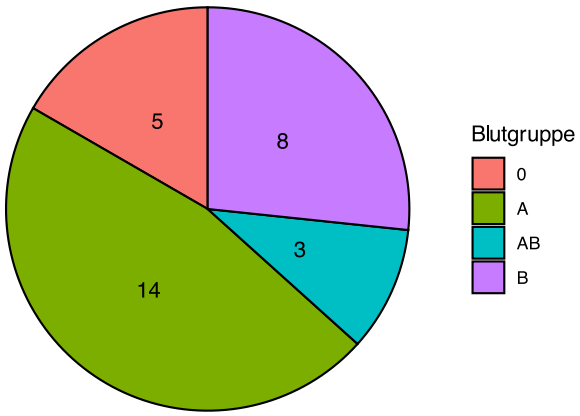
```
 0  A AB  B
 5 14  3  8
```

c) Erzeugen Sie ein Kreisdiagramm

```
# mit R base
pie(table(df$Blutgruppe),
    labels = paste(levels(df$Blutgruppe),"=",
                   as.numeric(table(df$Blutgruppe))
                  )
    )
```




```
# für ggplot benötigen wir ein Hilfsdatenframe
df2 <- as.data.frame(table(df$Blutgruppe))
colnames(df2) <- c("Blutgruppe", "Wert")

ggplot(df2, aes(x="", y=Wert, fill=Blutgruppe)) +
  geom_col(color="black") +
  # Werte schreiben
  geom_text(aes(label = Wert),
            position = position_stack(vjust = 0.5)) +
  # verbiege zu Kreisdiagramm
  coord_polar(theta="y") +
  # entferne Achsen und Ticks
  theme_void()
```




## 46.4 Lösung zur Aufgabe 45.1.4 Familienstand

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Alter` und `Familienstand` und übertragen Sie die Daten.

```
df <- data.frame(Alter = c(31, 45, 35, 65, 21, 38, 62, 22, 31,
                           72, 39, 62, 59, 25, 44, 54,
                           80, 68, 65, 40, 78, 69, 75,
                           31, 65, 59, 58, 50),
                 Familienstand = c( rep("Single", 9),
                                    rep("Verheiratet", 7),
                                    rep("Verwitwet", 7),
                                    rep("Geschieden", 5)
                                  )
                 )
```

b) Erzeugen Sie für jeden `Familienstand` eine Häufigkeitstabelle des `Alters`.

```
# Singles
df2 <- subset(df, Familienstand=="Single")
table(df2$Alter)
```

```
21 22 31 35 38 45 62 65
 1  1  2  1  1  1  1  1
```

```
# Verheiratet
df2 <- subset(df, Familienstand=="Verheiratet")
table(df2$Alter)
```

```
25 39 44 54 59 62 72
 1  1  1  1  1  1  1
```

```
# Verwitwet
df2 <- subset(df, Familienstand=="Verwitwet")
table(df2$Alter)
```

```
40 65 68 69 75 78 80
 1  1  1  1  1  1  1
```

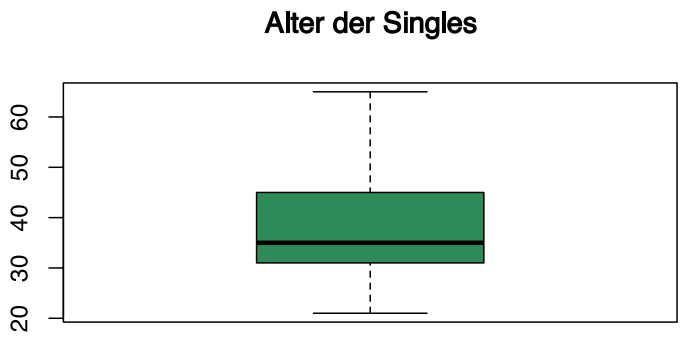
```
# Geschieden
df2 <- subset(df, Familienstand=="Geschieden")
table(df2$Alter)
```

```
31 50 58 59 65
 1  1  1  1  1
```

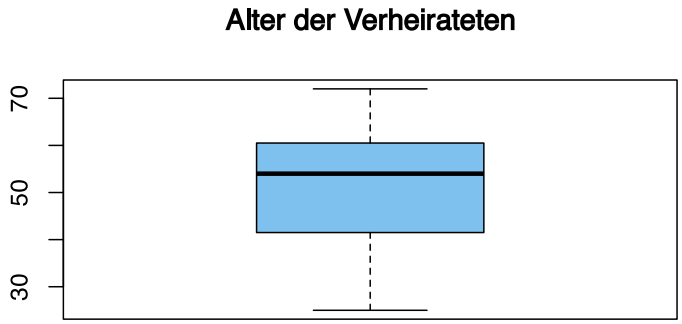
c) Erzeugen Sie für jeden `Familienstand` eine Boxplot des `Alters`. Gibt es Ausreißer? In welcher Gruppe streut das Alter am meisten?

Mit R base können wir so vorgehen.

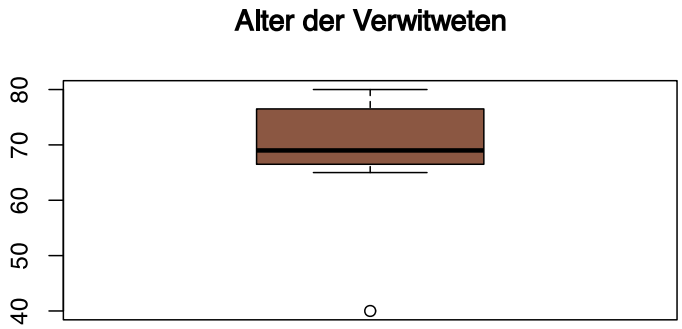
```
# Singles
df2 <- subset(df, Familienstand=="Single")
boxplot(df2$Alter, main="Alter der Singles", col="seagreen")
```



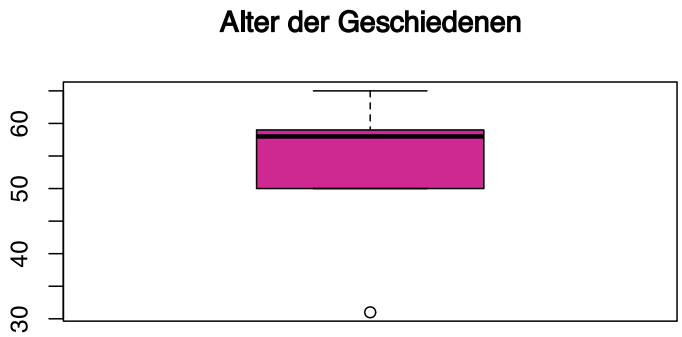

```
# Verheiratet
df2 <- subset(df, Familienstand=="Verheiratet")
boxplot(df2$Alter, main="Alter der Verheirateten", col="skyblue2")
```




```r
# Verwitwet
df2 <- subset(df, Familienstand=="Verwitwet")
boxplot(df2$Alter, main="Alter der Verwitweten", col="lightsalmon4")
```

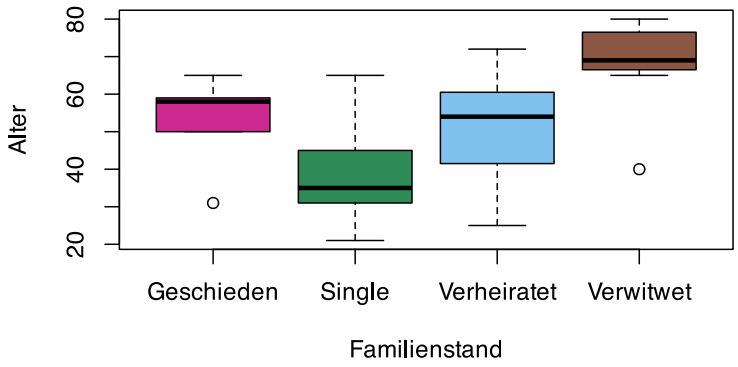



```r
# Geschieden
df2 <- subset(df, Familienstand=="Geschieden")
boxplot(df2$Alter, main="Alter der Geschiedenen", col="maroon3")
```




Oder alle auf einmal:

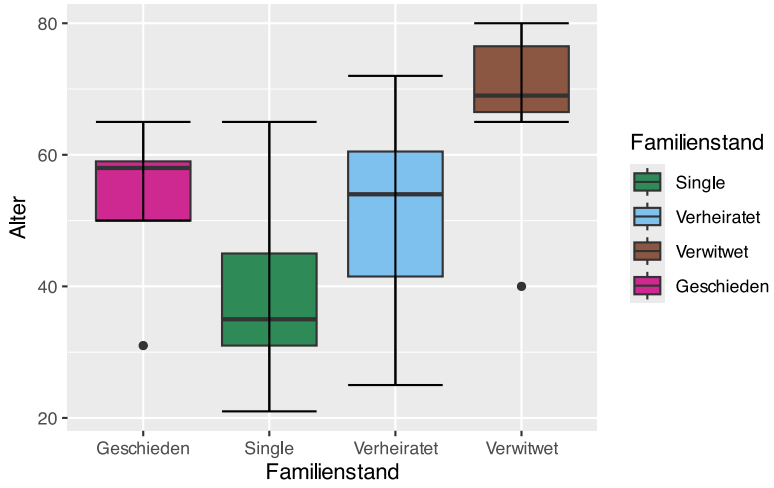
```
boxplot(Alter ~ Familienstand , data=df,
        col=c("maroon3", "seagreen", "skyblue2", "lightsalmon4"))
```




Es sind Ausreißer erkennbar in der Gruppe der Verwitweten und der Geschiedenen.

Im Tidyverse können wir so vorgehen:

```
ggplot(df, aes(y=Alter, x=Familienstand)) +
  geom_boxplot(aes(fill=Familienstand)) +
  stat_boxplot(geom="errorbar")+
  scale_fill_manual(values=c("seagreen", "skyblue2",
                             "lightsalmon4", "maroon3"),
                    breaks=c("Single", "Verheiratet",
                             "Verwitwet", "Geschieden"))
```

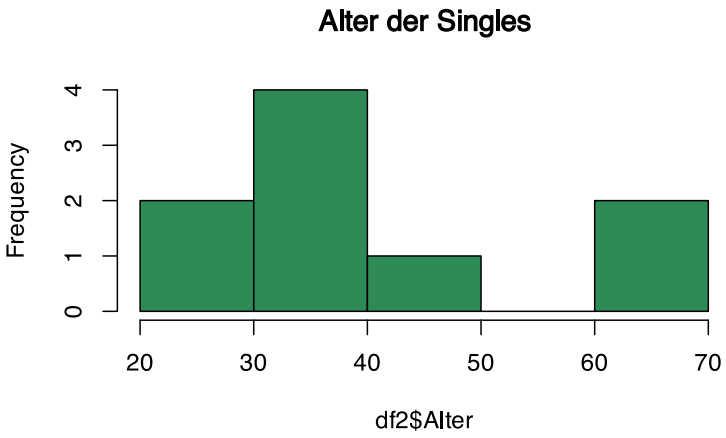



Auch hier sind die Ausreißer in den Gruppen der Verwitweten und der Geschiedenen erkennbar.

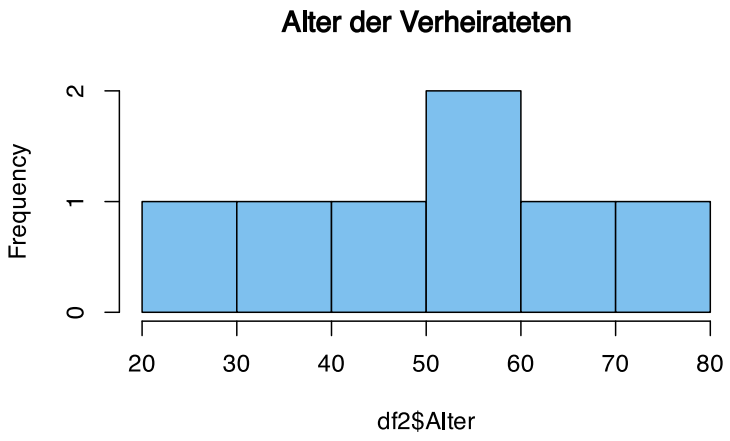
d) Erzeugen Sie für jeden `Familienstand` eine Histogram des `Alters`. Wie unterscheiden sich die Histogramme?

Mit R base können wir so vorgehen

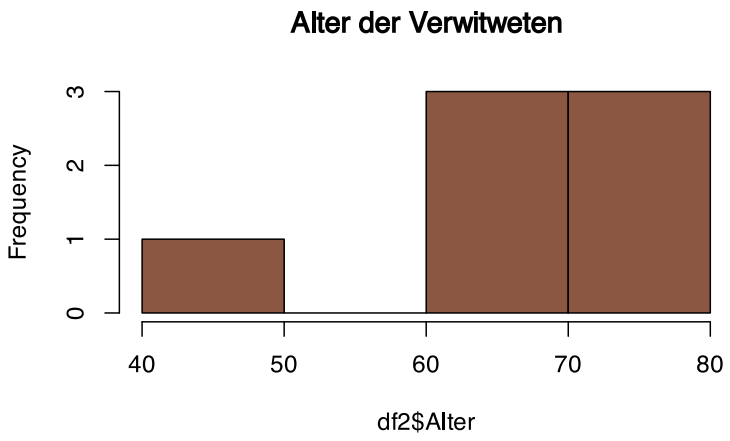
```
# Singles
df2 <- subset(df, Familienstand=="Single")
hist(df2$Alter, main="Alter der Singles", col="seagreen")
```



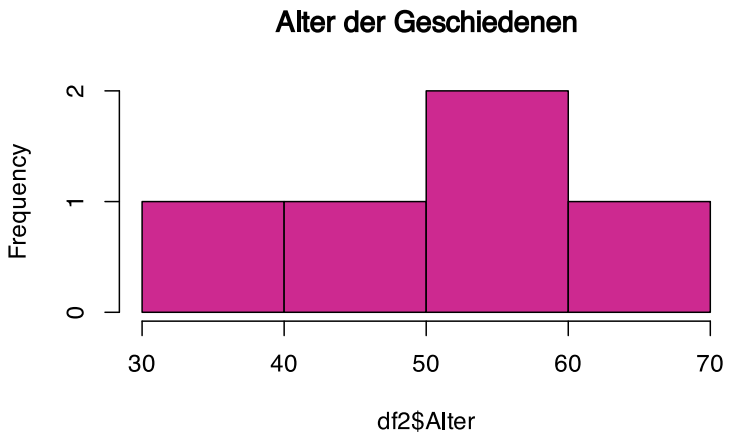

```
# Verheiratet
df2 <- subset(df, Familienstand=="Verheiratet")
hist(df2$Alter, main="Alter der Verheirateten", col="skyblue2")
```




```
# Verwitwet
df2 <- subset(df, Familienstand=="Verwitwet")
hist(df2$Alter, main="Alter der Verwitweten", col="lightsalmon4")
```

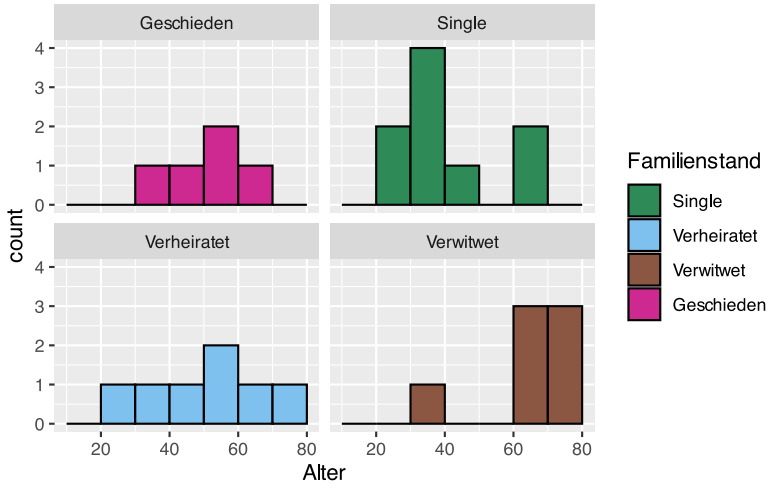



```
# Geschieden
df2 <- subset(df, Familienstand=="Geschieden")
hist(df2$Alter, main="Alter der Geschiedenen", col="maroon3")
```




Im Tidyverse können wir so vorgehen:

```
breaks = c(seq(10,80,10))
ggplot(df, aes(x=Alter, fill=Familienstand)) +
    geom_histogram(breaks=breaks, color="black")+
    scale_fill_manual(values=c("seagreen", "skyblue2",
                               "lightsalmon4", "maroon3"),
                      breaks=c("Single", "Verheiratet",
                               "Verwitwet", "Geschieden"))+
    facet_wrap(~Familienstand)
```




## 46.5 Lösung zur Aufgabe 45.1.5 Handballverletzungen

a) Erstellen Sie eine Häufigkeitstabelle

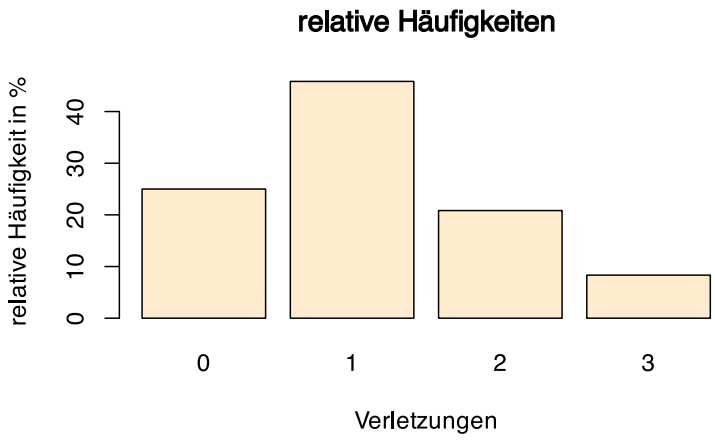
```
# erzeuge Daten
Verletzung <- c(0, 1, 2, 1, 3, 0, 1, 0, 1, 2, 0, 1, 1, 1, 2, 0,
                1, 3, 2, 1, 2, 1, 0, 1)
```

```
# Häufigkeitstabelle
xtabs(~Verletzung)
```

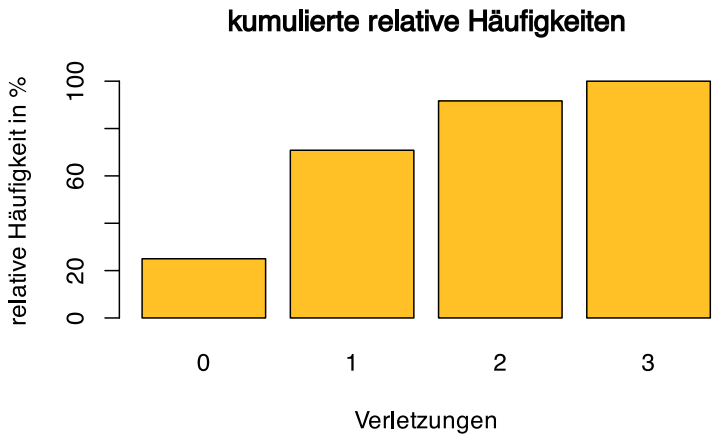
```
Verletzung
 0  1  2  3
 6 11  5  2
```

b) Erzeugen Sie ein Säulendiagramm der relativen und kumulativen relativen Häufigkeiten.

```
# relative Häufigkeiten als Barplot
barplot( table(Verletzung) / length(Verletzung)*100,
        col="blanchedalmond", main="relative Häufigkeiten",
        ylab="relative Häufigkeit in %", xlab="Verletzungen")
```

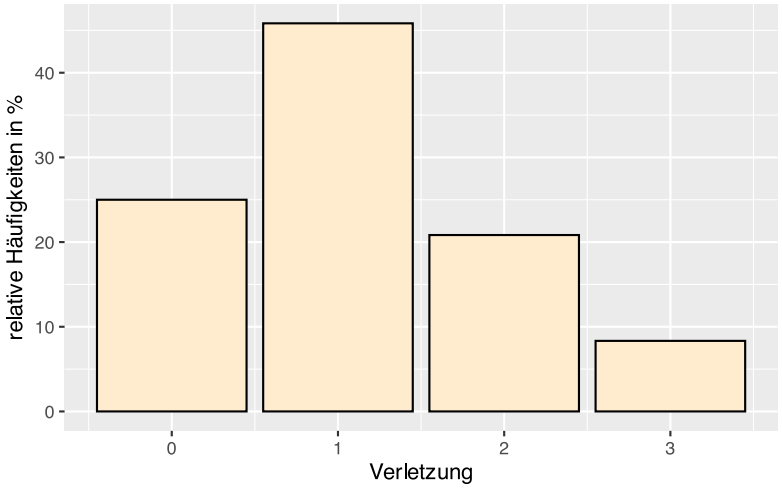



```
# relative kumulierte Häufigkeiten als Barplot
barplot( cumsum(table(Verletzung)) / sum(table(Verletzung))*100,
        col="goldenrod1", main="kumulierte relative Häufigkeiten",
        ylab="relative Häufigkeit in %", xlab="Verletzungen")
```

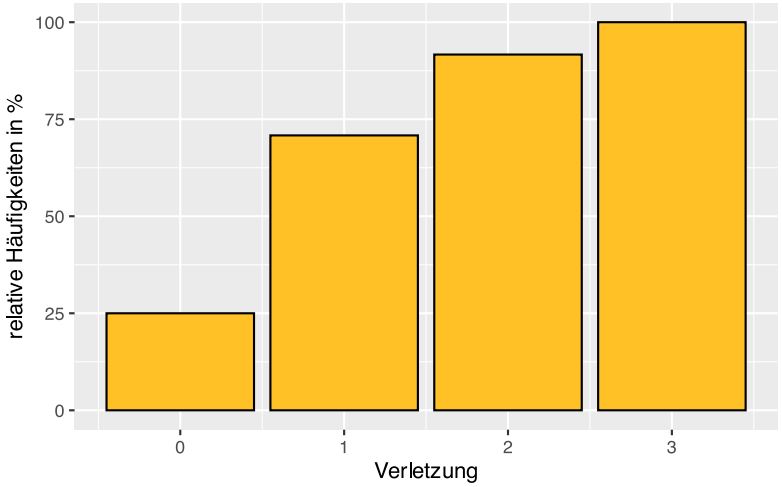


Mit ggplot

```
df <- data.frame(Verletzung)
ggplot(df, aes(x=Verletzung))+
    geom_bar(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))*100),
            fill="blanchedalmond", color="black") +
    ylab("relative Häufigkeiten in %")
```

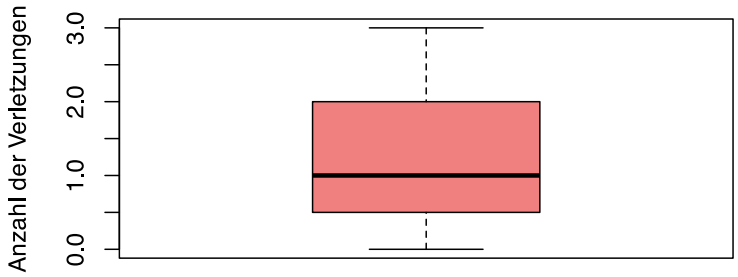



```
# kumulierte relative Häufigkeiten
ggplot(df, aes(x=Verletzung))+
    ylab("relative Häufigkeiten in %")+
    geom_bar(aes(y=cumsum(after_stat(count)/sum(after_stat(count)))*100),
            fill="goldenrod1", color="black")
```

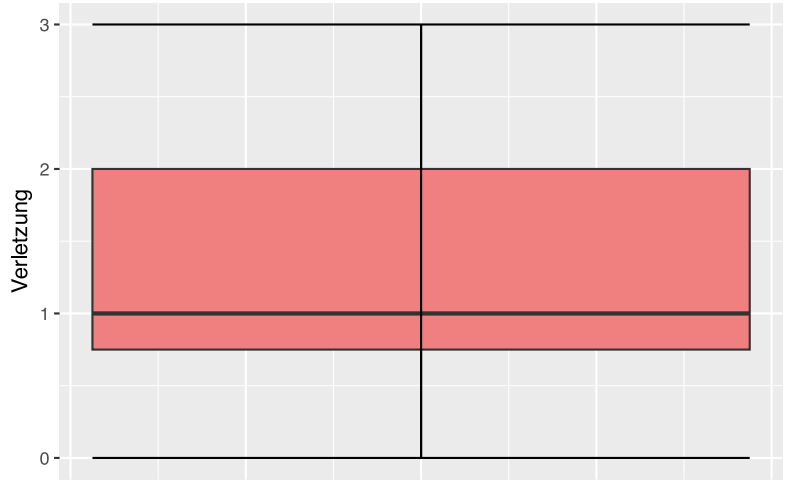



c) Erzeugen Sie ein Boxplot

```
boxplot(Verletzung, col="lightcoral", ylab="Anzahl der Verletzungen")
```




```
# mit ggplot
ggplot(df, aes(y=Verletzung)) +
    geom_boxplot(fill="lightcoral") +
    stat_boxplot(geom="errorbar") +
    theme(axis.ticks.x=element_blank(),
          axis.text.x=element_blank())
```

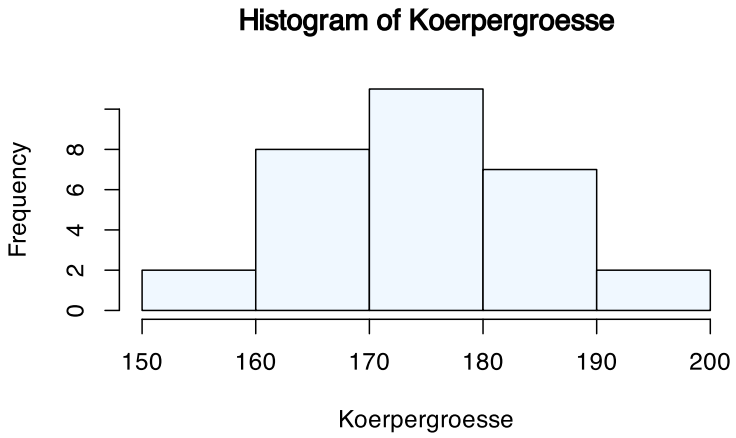



## 46.6 Lösung zur Aufgabe 45.1.6 Körpergröße

a) Erstellen Sie ein Histogram der Körpergröße mit Klassen von 150cm bis 200cm, die jeweils 10cm breit sind.

```
Koerpergroesse <- c(179, 173, 181, 170, 158, 174, 172, 166, 194, 185,
                    162, 187, 198, 177, 178, 165, 154, 188, 166, 171,
                    175, 182, 167, 169, 172, 186, 172, 176, 168, 187)
```

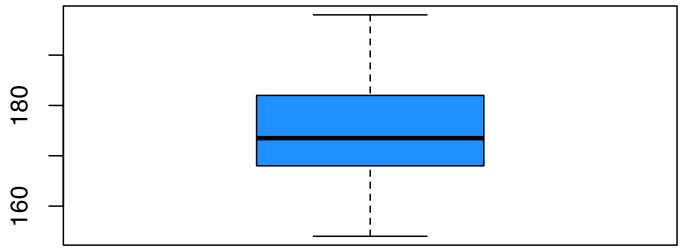
```
hist(Koerpergroesse, breaks=seq(150, 200, 10),
                     col="aliceblue")
```




```
# mit ggplot
as.data.frame(Koerpergroesse) %>%
    ggplot(aes(x=Koerpergroesse)) +
        geom_histogram(breaks=seq(150, 200, 10),
                       fill="aliceblue", color="black")
```


b) Gibt es Ausreißer?

```
boxplot(Koerpergroesse, col="dodgerblue1")
```




Es sind keine Ausreißer erkennbar.

## 46.7 Lösung zur Aufgabe 45.1.7 Neugeborene

```
# lade Daten
load("https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData")

# Datensatz anschauen
summary(neonates)
```

```
     weight         gender                  age       smoke       cigarettes
 Min.   :2.021   male  :157   greater than 20:218   No :220   Min.   : 0.000
 1st Qu.:2.794   female:163   less than 20   :102   Yes:100   1st Qu.: 0.000
 Median :3.030                                               Median : 0.000
 Mean   :3.026                                               Mean   : 3.891
 3rd Qu.:3.267                                               3rd Qu.: 8.250
 Max.   :4.182                                               Max.   :22.000
 smoke.before     apgar1          apgar5
 No :185      Min.   :2.000   Min.   : 2.000
 Yes:135      1st Qu.:5.000   1st Qu.: 5.000
              Median :6.000   Median : 6.000
              Mean   :5.628   Mean   : 6.213
              3rd Qu.:6.000   3rd Qu.: 7.000
              Max.   :9.000   Max.   :10.000
```

a) Erstellen Sie die Häufigkeitstabelle des APGAR-Scores nach 1 Minute. Wenn ein Score von 3 oder weniger anzeigt, dass das Neugeborene in einem kritischen Zusatand ist, wie viel Prozent der Neugeborenen in der Stichprobe sind dann in einem kritischen Zustand?

```
# neue Variable "kritisch"
neonates$kritisch <- FALSE
# nur solche mit APGAR <4 sind kritisch
neonates$kritisch[neonates$apgar1 < 4] <- TRUE
# relative Häufigkeiten
table(neonates$kritisch) / length(neonates$kritisch) * 100
```

```
  FALSE    TRUE
92.1875  7.8125
```

7,81% der Neugeborenen sind in einem kritischen Zustand.

b) Erstellen Sie die Häufigkeitstabelle des Geburtsgewichts der Neugeborenen, indem Sie die Daten in Klassen mit einer Breite von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg einteilen. Welches Intervall enthält die meisten Neugeborenen?

```
# neue Variable für die Gewichtsklassifikation
neonates$gewiKat <- cut(neonates$weight,
                        breaks=seq(2, 4.5, 0.5),
                        ordered_results=TRUE)
# einfache Häufigkeitstabelle
table(neonates$gewiKat)
```

```
(2,2.5] (2.5,3] (3,3.5] (3.5,4] (4,4.5]
     22     127     146      24       1
```

```
# oder vollständige
jgsbook::freqTable(neonates$gewiKat)
```

```
     Wert Haeufig Hkum Relativ   Rkum
1 (2,2.5]      22   22    6.88   6.88
2 (2.5,3]     127  149   39.69  46.57
3 (3,3.5]     146  295   45.62  92.19
4 (3.5,4]      24  319    7.50  99.69
5 (4,4.5]       1  320    0.31 100.00
```

Das Intervall von 3-3,5kg enthält die meisten Neugeborenen.

c) Vergleichen Sie die Häufigkeitsverteilung des APGAR-Scores nach 1 Minute für Mütter unter 20 Jahren und für Mütter über 20 Jahren. Welche Gruppe hat mehr Neugeborene in kritischem Zustand?

```
# gruppieren
gruppe1 <- neonates$apgar1[neonates$age=="less than 20"]
gruppe2 <- neonates$apgar1[neonates$age=="greater than 20"]

# Jünger als 20
jgsbook::freqTable(gruppe1)
```

```
  Wert Haeufig Hkum Relativ  Rkum
1    2       2    2    1.96  1.96
2    3      11   13   10.78 12.74
3    4      16   29   15.69 28.43
4    5      28   57   27.45 55.88
5    6      28   85   27.45 83.33
6    7      12   97   11.76 95.09
7    8       4  101    3.92 99.01
8    9       1  102    0.98 99.99
```

```
# Älter als 20
jgsbook::freqTable(gruppe2)
```

```
  Wert Haeufig Hkum Relativ   Rkum
1    2       2    2    0.92   0.92
2    3      10   12    4.59   5.51
3    4      22   34   10.09  15.60
4    5      53   87   24.31  39.91
5    6      69  156   31.65  71.56
6    7      34  190   15.60  87.16
7    8      24  214   11.01  98.17
8    9       4  218    1.83 100.00
```

In der Gruppe der unter-20-jährigen liegt der Prozentsatz an Neugeborenen mit APGAR-Werten kleinergleich 3 bei 12,74%. In der Gruppe der über-20-jährigen liegt der Prozentwert bei 5,51%. Es tritt also in der Gruppe der jüngeren Mütter häufiger auf.

d) Vergleichen Sie die relative Häufigkeitsverteilung des Geburtsgewichts der Neugeborenen, je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Wenn ein Gewicht unter 2,5 kg als niedriges Gewicht gilt, welche Gruppe hat einen höheren Prozentsatz an Neugeborenen mit niedrigem Gewicht?

```
# wir müssen neu klassieren, damit weight KLEINER 2,5kg ist
# Gewichtsklassifikation mit "rigth=FALSE"
neonates$gewiKat <- cut(neonates$weight,
                        breaks=seq(2, 4.5, 0.5),
                        right=FALSE, ordered_results=TRUE)
gruppe1 <- neonates$gewiKat[neonates$smoke=="No"]
gruppe2 <- neonates$gewiKat[neonates$smoke=="Yes"]

# Nichtraucherinnen
jgsbook::freqTable(gruppe1)
```

```
     Wert Haeufig Hkum Relativ  Rkum
1 [2,2.5)       5    5    2.27  2.27
2 [2.5,3)      75   80   34.09 36.36
3 [3,3.5)     119  199   54.09 90.45
4 [3.5,4)      20  219    9.09 99.54
5 [4,4.5)       1  220    0.45 99.99
```

```
# Raucherinnen
jgsbook::freqTable(gruppe2)
```

```
     Wert Haeufig Hkum Relativ Rkum
1 [2,2.5)      17   17      17   17
2 [2.5,3)      52   69      52   69
3 [3,3.5)      27   96      27   96
4 [3.5,4)       4  100       4  100
5 [4,4.5)       0  100       0  100
```

In der Gruppe der Nichtraucherinnen trat ein Geburtsgewicht kleiner 2,5kg in 2,27% der Fälle auf. Bei den Raucherinnen waren es 17%.

e) Berechnen Sie die Prävalenz von Neugeborenen mit niedrigem Gewicht für Mütter, die vor der Schwangerschaft geraucht haben, und den Nichtraucherinnen.

```
gruppe1 <- neonates$gewiKat[neonates$smoke.before=="No"]
gruppe2 <- neonates$gewiKat[neonates$smoke.before=="Yes"]

# Nichtraucherinnen
jgsbook::freqTable(gruppe1)
```

```
     Wert Haeufig Hkum Relativ   Rkum
1 [2,2.5)       2    2    1.08   1.08
2 [2.5,3)      60   62   32.43  33.51
3 [3,3.5)     105  167   56.76  90.27
4 [3.5,4)      18  185    9.73 100.00
5 [4,4.5)       0  185    0.00 100.00
```

```
# Raucherinnen
jgsbook::freqTable(gruppe2)
```

```
     Wert Haeufig Hkum Relativ  Rkum
1 [2,2.5)      20   20   14.81 14.81
2 [2.5,3)      67   87   49.63 64.44
3 [3,3.5)      41  128   30.37 94.81
4 [3.5,4)       6  134    4.44 99.25
5 [4,4.5)       1  135    0.74 99.99
```

Die Prävalenz beträgt unter den Nichtraucherinnen 1,08% und unter den Raucherinnen 14,81%.

f) Berechnen Sie das relative Risiko eines niedrigen Geburtsgewichts des Neugeborenen, wenn die Mutter während der Schwangerschaft raucht, im Vergleich dazu, wenn die Mutter nicht raucht.

```
# neue binäre Variable, ob Gewicht niedrig ist
neonates$gewiLow <- FALSE
neonates$gewiLow[neonates$gewiKat=="[2,2.5)"] <- TRUE

# Kreuztabelle
table(neonates$smoke, neonates$gewiLow)
```

```
      FALSE TRUE
  No    215    5
  Yes    83   17
```

Die Formel für das relative Risiko lautet:

$$\text{relatives Risiko} = \frac{a \cdot (c+d)}{c \cdot (a+b)}$$

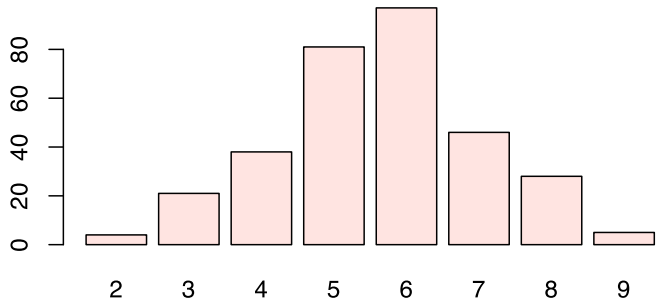
```
# Kreuztabelle als numerische Werte
tab <- as.numeric(table(neonates$smoke, neonates$gewiLow))

# rechne das relative Risiko nach der obigen Formel
( tab[1] * (tab[2]+tab[4]) ) / ( tab[2] * (tab[1]+tab[3]) )
```

```
[1] 1.177437
```

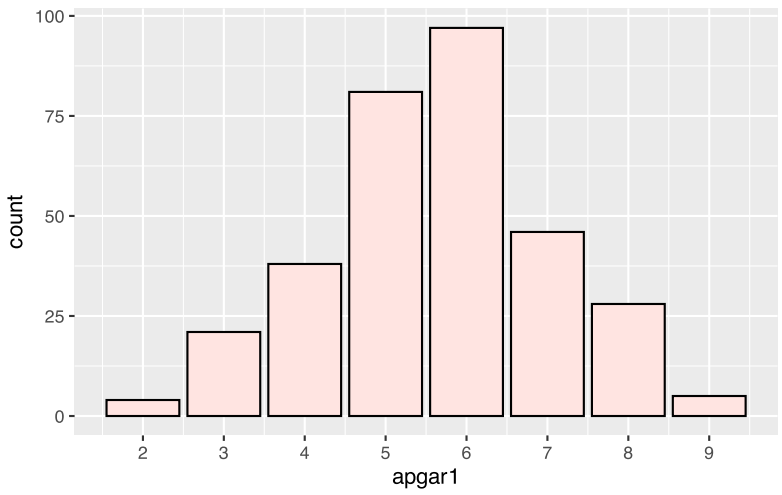
Raucherinnen haben ein 1,177437-fach höheres Risiko ein Kind mit niedrigem Gewicht zugebären als Nichtraucherinnen. Die Wahrscheinlichkeit ist in der Raucherinnengruppe also 17,74% höher als bei den Nichtraucherinnen.

g) Erstellen Sie ein Balkendiagramm des APGAR-Scores nach 1 Minute. Welcher Score ist am häufigsten?

```
# mit R base
barplot(table(neonates$apgar1), col="mistyrose")
```



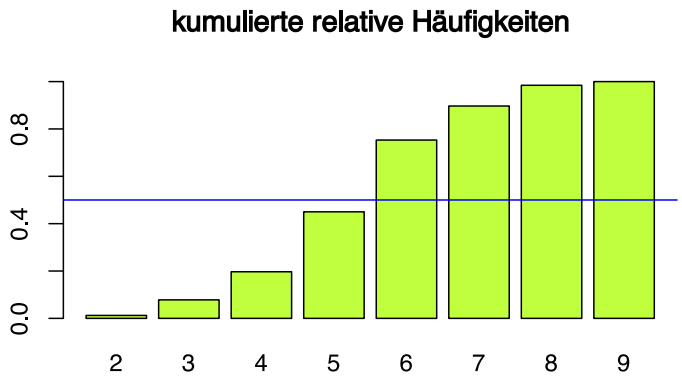

```
# mit ggplot
ggplot(neonates, aes(x=apgar1)) +
  geom_bar(color="black", fill="mistyrose")+
  scale_x_continuous(breaks=seq(2, 9, 1))
```



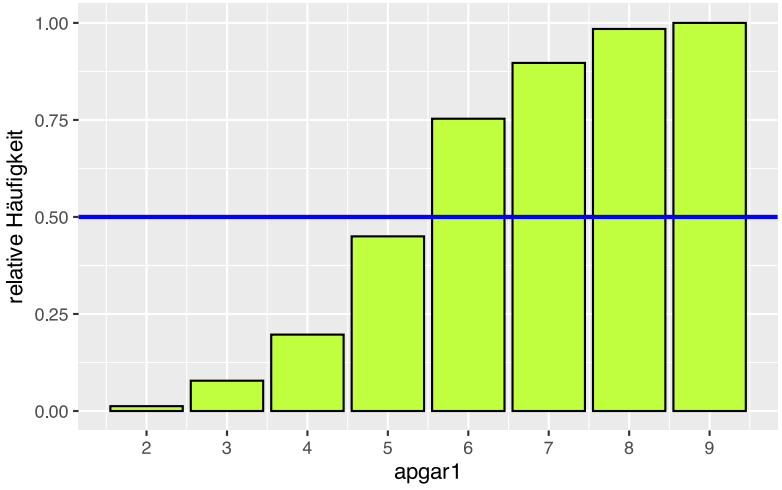

Am häufigsten tritt Wert 6 auf.

h) Erstellen Sie das Balkendiagramm der kumulierten relativen Häufigkeit des APGAR-Scores nach 1 Minute. Unter welchem Wert liegen die Hälfte der Neugeborenen?

```
# mit R base
# plotte das kumulative Balkendiagramm
barplot(cumsum(table(neonates$apgar1))/sum(table(neonates$apgar1)),
        col="olivedrab1", main = "kumulierte relative Häufigkeiten")
# Linie bei 50% ziehen
abline(h=0.5, col="blue")
```



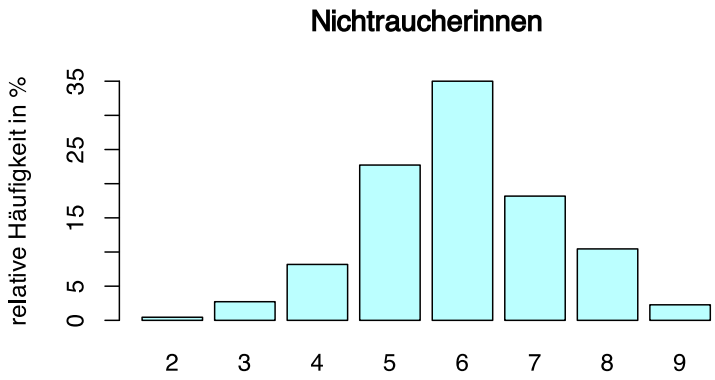

```
# mit ggplot()
ggplot(neonates, aes(x=apgar1)) +
  geom_bar(aes(y=cumsum(after_stat(count)/sum(after_stat(count)))),
           fill="olivedrab1", color="black") +
  ylab("relative Häufigkeit") +
  geom_hline(yintercept= 0.5, color="blue", linewidth=1) +
  scale_x_continuous(breaks=seq(2, 9, 1))
```



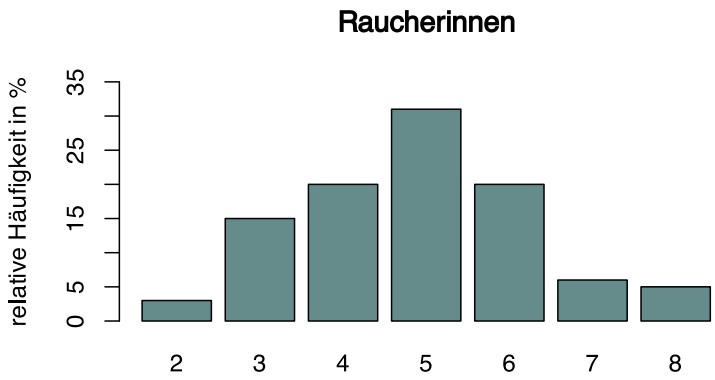

Der Median liegt bei 6.

i) Vergleichen Sie die Balkendiagramme der relativen Häufigkeitsverteilungen des APGAR-Scores nach 1 Minute, je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Welche Schlussfolgerungen können gezogen werden?

```
# mit R base
gruppe1 <- neonates$apgar1[neonates$smoke=="No"]
gruppe2 <- neonates$apgar1[neonates$smoke=="Yes"]

barplot( table(gruppe1)/sum(table(gruppe1)) *100,
        ylab="relative Häufigkeit in %", main="Nichtraucherinnen",
        ylim=c(0,35), col="paleturquoise1")
```

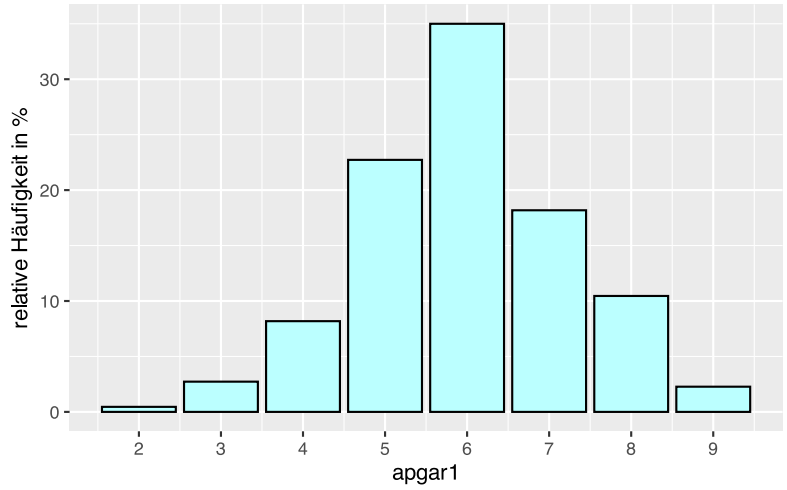



```
barplot( table(gruppe2)/sum(table(gruppe2)) *100,
        ylab="relative Häufigkeit in %", main="Raucherinnen",
        ylim=c(0,35), col="paleturquoise4")
```

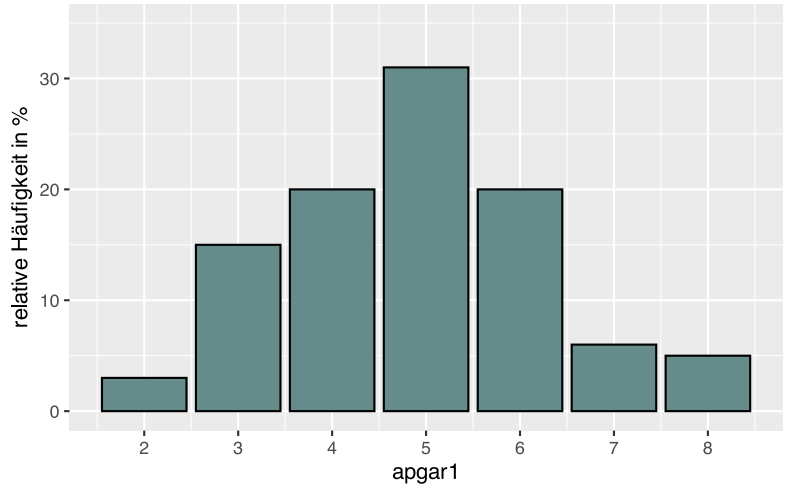



```
# mit ggplot
# Nichtraucherinnen
neonates %>%
  filter(smoke=="No") %>%
```

```
  ggplot(aes(x=apgar1))+
  geom_bar(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))*100),
           color="black", fill="paleturquoise1")+
  scale_x_continuous(breaks=seq(2, 9, 1)) +
  ylab("relative Häufigkeit in %") +
  ylim(0,35)
```



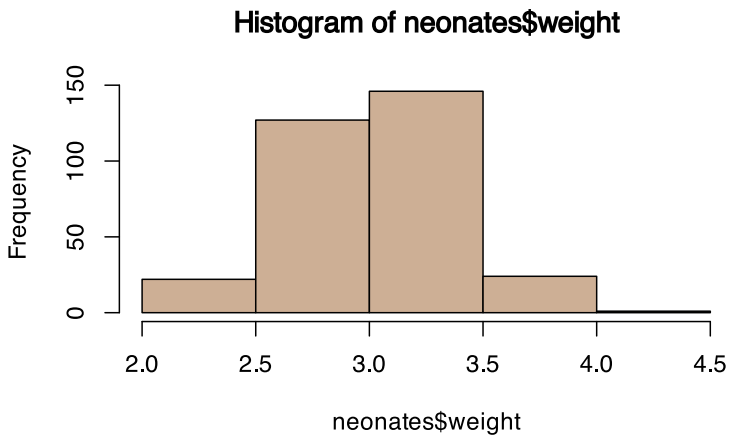

```
# Raucherinnen
neonates %>%
  filter(smoke=="Yes") %>%
  ggplot(aes(x=apgar1))+
  geom_bar(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))*100),
           color="black", fill="paleturquoise4") +
  scale_x_continuous(breaks=seq(2, 9, 1)) +
  ylab("relative Häufigkeit in %") +
  ylim(0,35)
```



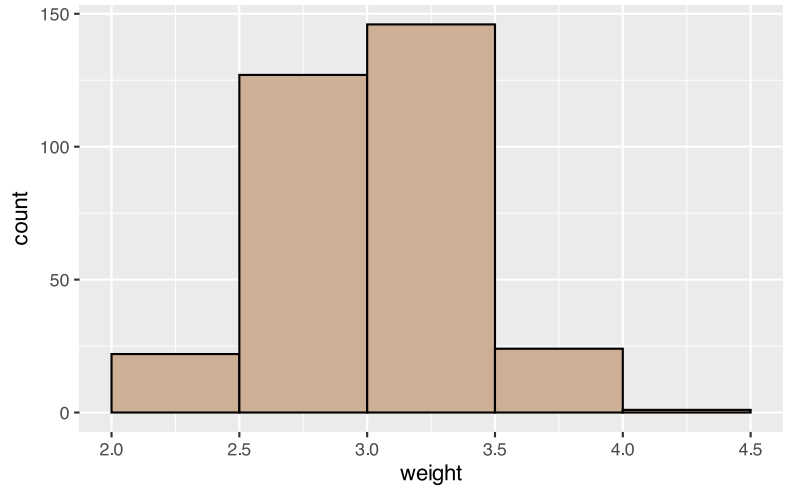

Die Kinder der Raucherinnen haben geringere APGAR-Werte.

j) Erstellen Sie ein Histogramm der Geburtsgewichte der Neugeborenen mit Klassenbreiten von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg. Welche Klasse enthält die meisten Neugeborenen?

```
# mit R base
hist(neonates$weight,
     breaks = seq(2, 4.5, 0.5),
     col="peachpuff3")
```



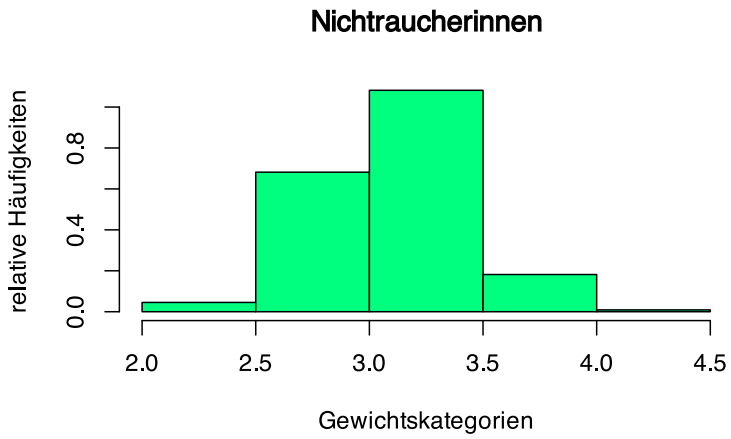

```
# mit ggplot
ggplot(neonates, aes(x=weight)) +
  geom_histogram( breaks = seq(2, 4.5, 0.5),
                  fill="peachpuff3", color="black")
```



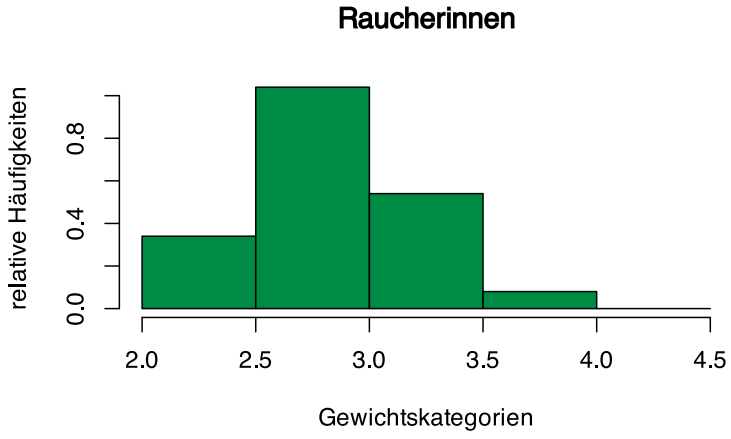

Die Gewichtsklasse 3kg-3, 5kg enthält die meisten Neugeborenen.

k) Vergleichen Sie die relativen Häufigkeitshistogramme der Geburtsgewichte der Neugeborenen, mit Klassenbreiten von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg, je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Welche Gruppe hat Neugeborene mit geringeren Gewichten?

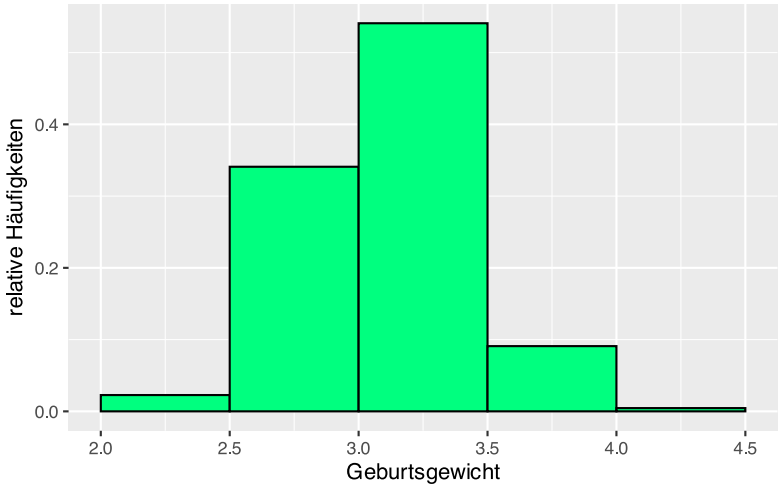
```r
# mit R base
hist(neonates$weight[neonates$smoke=="No"],
     breaks=seq(2, 4.5, 0.5), col="springgreen1",
     main="Nichtraucherinnen", xlab="Gewichtskategorien",
     ylab="relative Häufigkeiten", freq=FALSE)
```



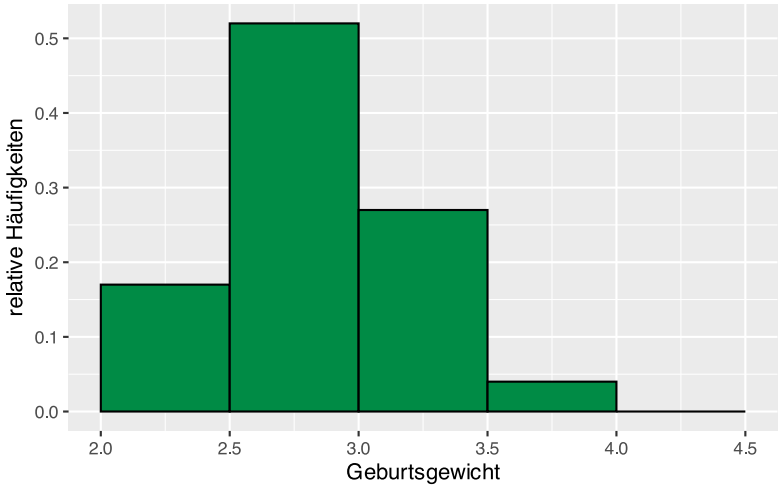

```r
# Raucherinnen
hist(neonates$weight[neonates$smoke=="Yes"],
     breaks=seq(2, 4.5, 0.5), col="springgreen4",
     main="Raucherinnen", xlab="Gewichtskategorien",
     ylab="relative Häufigkeiten", freq=FALSE)
```




```r
# mit ggplot

neonates %>%
  filter(smoke=="No") %>%
  ggplot(aes(x=weight)) +
    geom_histogram(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))),
                   breaks=seq(2, 4.5, 0.5),
                   fill="springgreen1", color="black") +
    ylab("relative Häufigkeiten") + xlab("Geburtsgewicht")
```




```
# Raucherinnen
neonates %>%
  filter(smoke=="Yes") %>%
  ggplot(aes(x=weight)) +
    geom_histogram(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))),
                   breaks=seq(2, 4.5, 0.5),
                   fill="springgreen4", color="black") +
    ylab("relative Häufigkeiten") + xlab("Geburtsgewicht")
```

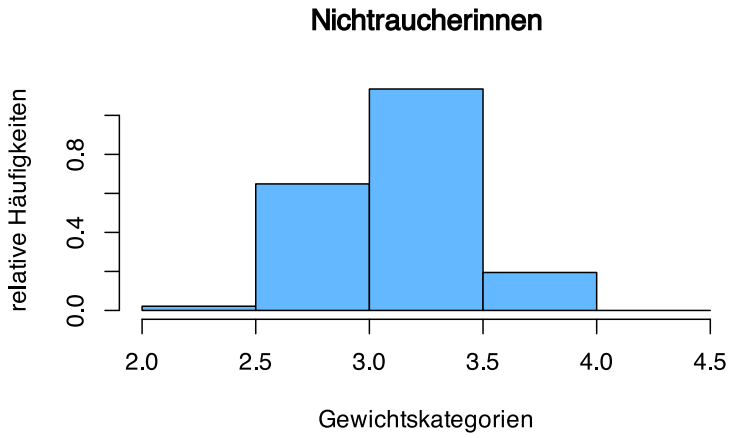



Kinder von Raucherinnen haben durchschnittlich weniger Geburtsgewicht.

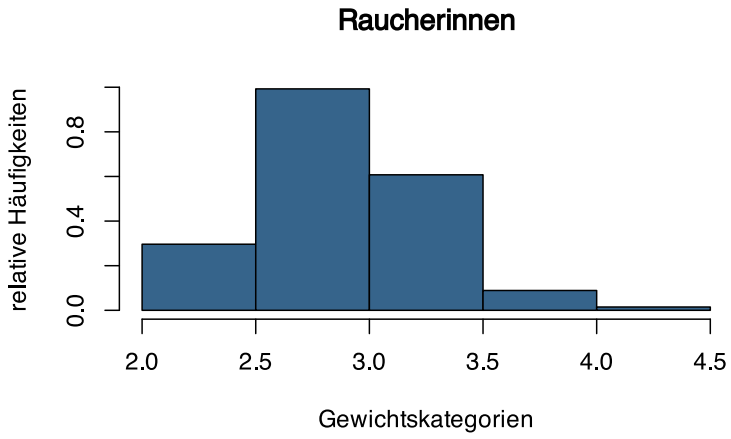
l) Vergleichen Sie die relativen Häufigkeitshistogramme der Geburtsgewichte der Neugeborenen, mit Klassenbreiten von 0,5 kg von 2 bis 4,5 kg, je nachdem, ob die Mutter vor der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht. Welche Schlussfolgerungen können gezogen werden?

```
# mit R base
hist(neonates$weight[neonates$smoke.before=="No"],
     breaks=seq(2, 4.5, 0.5), col="steelblue1",
```

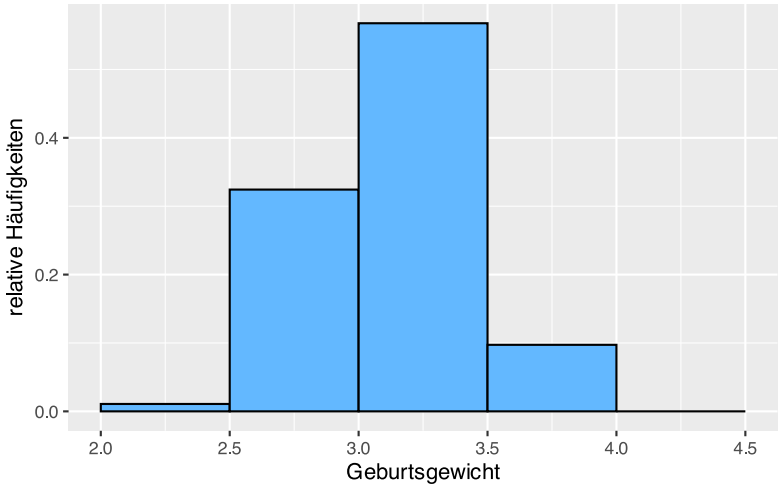
```
     main="Nichtraucherinnen", xlab="Gewichtskategorien",
     ylab="relative Häufigkeiten", freq=FALSE)
```



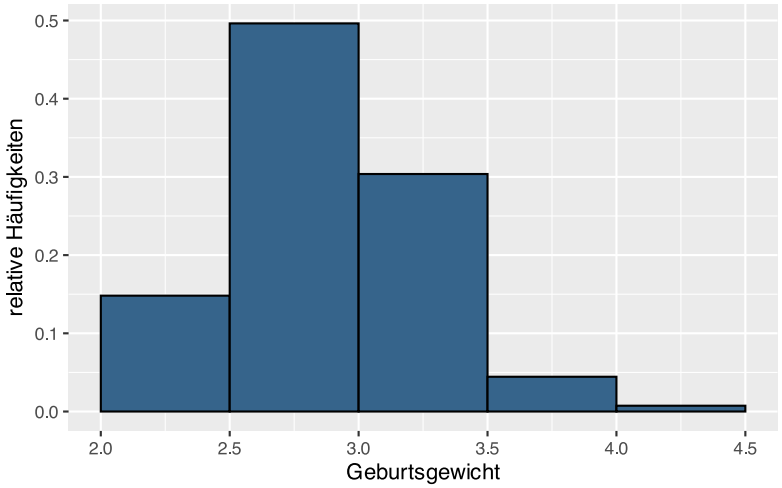

```
# Raucherinnen
hist(neonates$weight[neonates$smoke.before=="Yes"],
     breaks=seq(2, 4.5, 0.5), col="steelblue4",
     main="Raucherinnen", xlab="Gewichtskategorien",
     ylab="relative Häufigkeiten", freq=FALSE)
```




```
# mit ggplot
neonates %>%
  filter(smoke.before=="No") %>%
  ggplot(aes(x=weight)) +
    geom_histogram(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))),
                   breaks=seq(2, 4.5, 0.5),
                   fill="steelblue1", color="black") +
    ylab("relative Häufigkeiten") + xlab("Geburtsgewicht")
```



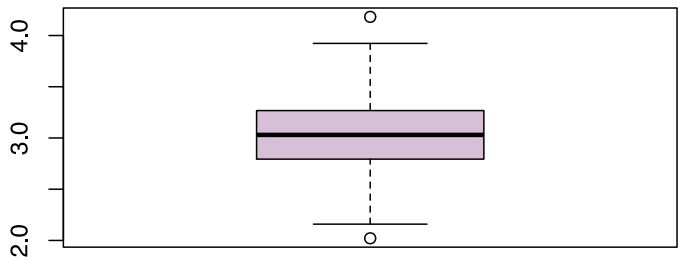

```
# Raucherinnen
neonates %>%
  filter(smoke.before=="Yes") %>%
  ggplot(aes(x=weight)) +
    geom_histogram(aes(y=after_stat(count)/sum(after_stat(count))),
                   breaks=seq(2, 4.5, 0.5),
                   fill="steelblue4", color="black") +
    ylab("relative Häufigkeiten") + xlab("Geburtsgewicht")
```



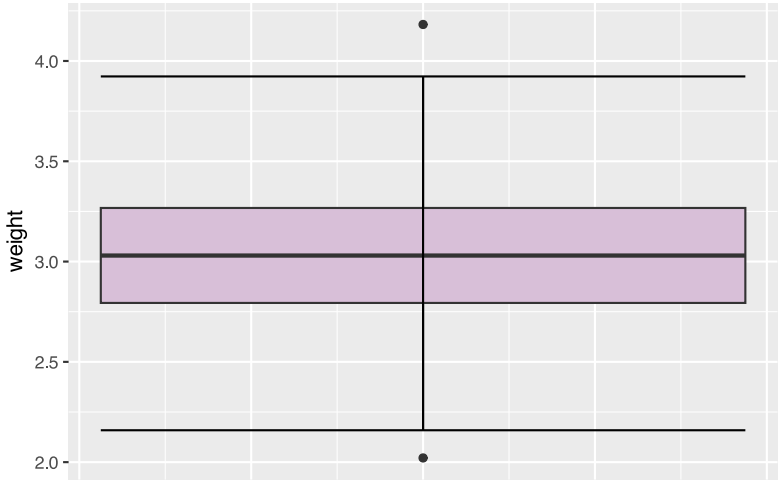

Kinder von Müttern, die vor der Schwangerschaft geraucht haben, haben durchschnittlich weniger Geburtsgewicht.

m) Erstellen Sie ein Boxplot der Geburtsgewichte der Neugeborenen. Welcher Gewichtsbereich kann in der Stichprobe als normal angesehen werden? Gibt es Ausreißer in der Stichprobe?

```
# mit R base
boxplot(neonates$weight, col="thistle")
```




```
# mit ggplot()
ggplot(neonates, aes(y=weight)) +
  geom_boxplot(fill="thistle") +
  stat_boxplot(geom="errorbar") +
  theme(axis.ticks.x=element_blank(),
        axis.text.x=element_blank())
```




```
# Zusammenfassung
summary(neonates$weight)
```

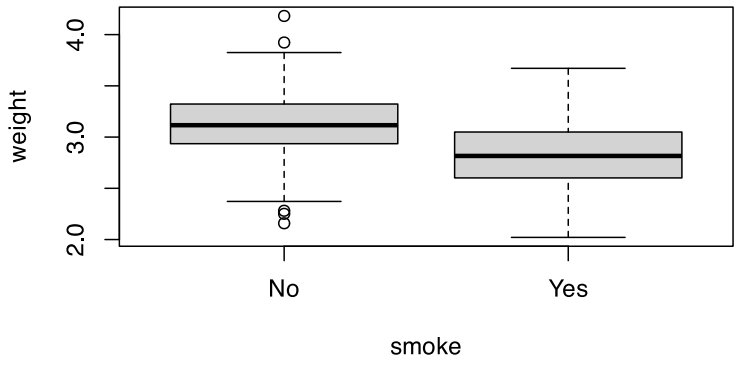
```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  2.021   2.794   3.030   3.026   3.267   4.182
```

Gewichte zwischen 2, 794kg und 3, 267kg können als normal angesehen werden. Es gibt je einen Ausreißer nach oben und nach unten.

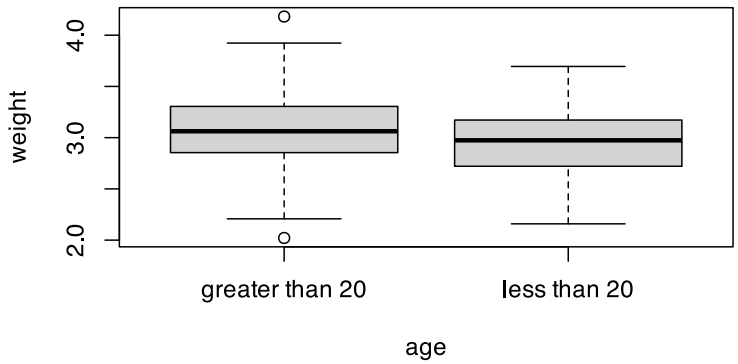
n) Vergleichen Sie die Boxplots der Geburtsgewichte der Neugeborenen je nachdem, ob die Mutter während der Schwangerschaft geraucht hat oder nicht und ob die Mutter unter 20 oder über 20 Jahre alt

war. Welche Gruppe hat eine größere zentrale Streuung? Welche Gruppe hat Neugeborene mit geringerem Gewicht?

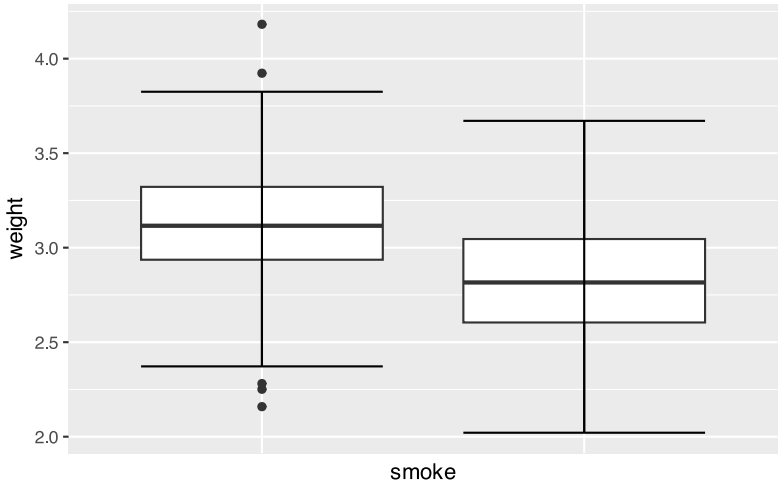
```
# R base
boxplot(weight ~ smoke, data=neonates)
```



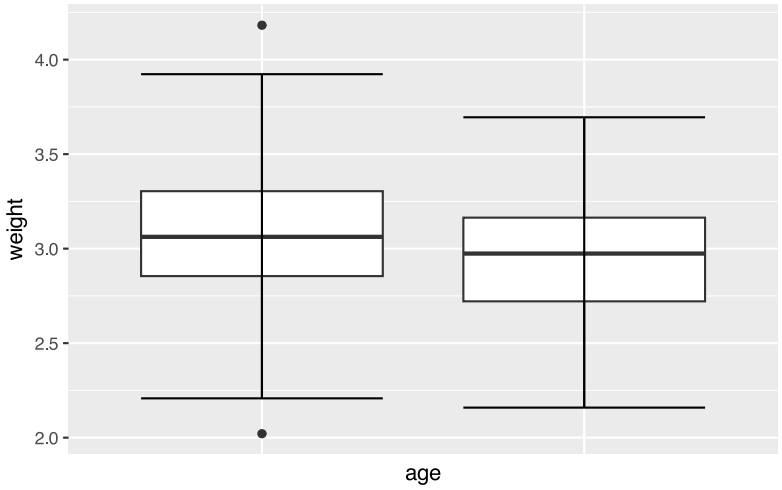

```
# Alterkategorie
boxplot(weight ~ age, data=neonates)
```




```
# ggplot Rauchen
ggplot(neonates, aes(y=weight, x=smoke)) +
  geom_boxplot() +
  stat_boxplot(geom="errorbar") +
  theme(axis.ticks.x=element_blank(),
        axis.text.x=element_blank())
```



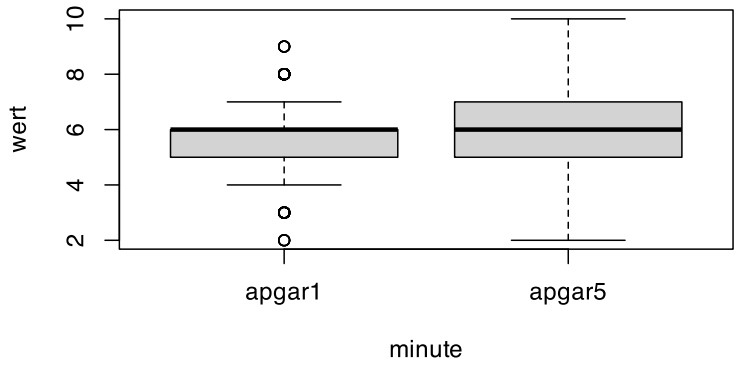

```
# 20 Jahre alt
ggplot(neonates, aes(y=weight, x=age)) +
  geom_boxplot() +
  stat_boxplot(geom="errorbar") +
  theme(axis.ticks.x=element_blank(),
        axis.text.x=element_blank())
```



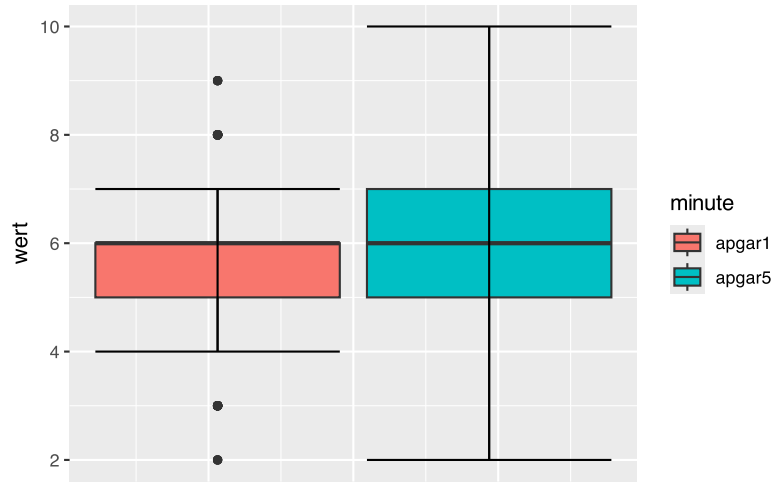

Das Gewicht ist in der Gruppe der Raucherinnen und in der Gruppe der unter-20jährigen geringer.

o) Vergleichen Sie die Boxplots der APGAR-Scores nach 1 Minute und nach 5 Minuten. Welche Variable hat eine größere zentrale Streuung?

```
# daten tidy machen
df <- pivot_longer(neonates, apgar1:apgar5,
                   names_to  = "minute",
                   values_to = "wert")

# boxplot
boxplot(wert ~ minute, data=df)
```




```
# ggplot
ggplot(df, aes(y=wert, fill=minute)) +
  geom_boxplot() +
  stat_boxplot(geom="errorbar") +
  theme(axis.ticks.x=element_blank(),
        axis.text.x=element_blank())
```




Die Streuung in `apgar5` ist größer.

# 47 Lösungen Stichprobenstatistik

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.2.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 47.1 Lösung zur Aufgabe 45.2.1 Kinder in Familien

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Kinder` und übertragen Sie die Daten.

```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Kinder = c(1, 2, 4, 2, 2, 2, 3, 2, 1, 1, 0, 2, 2, 0,
                            2, 2, 1, 2, 2, 3, 1, 2, 2, 1, 2))
```

b) Berechnen Sie das arithmetische Mittel, die Varianz sowie die Standardabweichung für die Anzahl an Kindern.

```
# arithmetisches Mittel
mean(df$Kinder)
```

```
[1] 1.76
```

```
# Varianz
var(df$Kinder)
```

```
[1] 0.7733333
```

```
# Standardabweichung
sd(df$Kinder)
```

```
[1] 0.8793937
```

c) Berechnen Sie die Quartile, die Spannweite, den Interquartilsabstand, das dritte Dezil sowie das 68te Perzentil.

```
# Quartile (so wie SPSS rechnet)
quantile(df$Kinder, type=6)
```

```
  0%  25%  50%  75% 100% 
   0    1    2    2    4 
```

```
# Spannweite
range(df$Kinder)
```

```
[1] 0 4
```

```
# Interquartilsabstand (so wie SPSS rechnet)
IQR(df$Kinder, type=6)
```

```
[1] 1
```

```
# drittes Dezil und 68tes Perzentil
quantile(df$Kinder, probs=c(0.3, 0.68), type=6)
```

```
30% 68%
  1   2
```

## 47.2 Lösung zur Aufgabe 45.2.2 Patienten in Notaufnahme

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Patienten` und übertragen Sie die Daten.

```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Patienten = c(15, 23, 12, 10, 28, 50, 12, 17, 20,
                               21, 18, 13, 11, 12, 26, 30,  6, 16,
                               19, 22, 14, 17, 21, 28,  9, 16, 13,
                               11, 16, 20))
```

b) Berechnen Sie das arithmetische Mittel, die Varianz, die Standardabweichung und den Variationskoeffizienten.

```
# arithmetisches Mittel
mean(df$Patienten)
```

```
[1] 18.2
```

```
# Varianz
var(df$Patienten)
```

```
[1] 71.82069
```

```
# Standardabweichung
sd(df$Patienten)
```

```
[1] 8.474709
```

```
# Variationskoeffizient in Prozent
(sd(df$Patienten) / mean(df$Patienten)) * 100
```

```
[1] 46.56433
```

c) Berechnen Sie die Skewness (Schiefe) und Kurtosis („Spitzigkeit“) und interpretieren Sie die Werte.

```
# Skewness
psych::skew(df$Patienten, type=2) # rechne wie SPSS
```

```
[1] 1.902838
```

```
# Kurtosis
psych::kurtosi(df$Patienten, type=2) # rechne wie SPSS
```

```
[1] 5.796082
```

Die Skewness beträgt 1.902838, was für eine rechtsschiefe Verteilung spricht. Die Kurtosis beträgt 5.796082 und ist somit größer als 3. Das bedeutet, die Verteilung hat eine schmale Spitze und fette Ränder.

## 47.3 Lösung zur Aufgabe 45.2.3 Studierendenbewertung

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variable `Bewertung` und übertragen Sie die Daten.

```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Bewertung = c("SS", "AP", "SS", "AP", "AP", "NT", "NT", "AP",
                               "SB", "SS", "SB", "SS", "AP", "AP", "NT", "AP",
                               "SS", "NT", "SS", "NT"))
```

b) Wandeln Sie die `Bewertung` in Punkte um nach dem Schema „SS“ = 2,5 | „AP“ = 6 | „NT“= 8 | „SB“ = 9,5.

```
# Umkodieren
df$Punkte[df$Bewertung=="SS"] <- 2.5
df$Punkte[df$Bewertung=="AP"] <- 6
df$Punkte[df$Bewertung=="NT"] <- 8
df$Punkte[df$Bewertung=="SB"] <- 9.5
```

c) Bestimmen Sie den Median und den Interquartilsabstand.

```
# Median
median(df$Punkte)
```

```
[1] 6
```

```
# Interquartilsabstand, so wie SPSS ihn rechnen würde
IQR(df$Punkte, type=6)
```

```
[1] 5.5
```

## 47.4 Lösung zur Aufgabe 45.2.4 Körpergröße nach Geschlecht

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit der Variablen `Geschlecht` und `Koerpergroesse` und übertragen Sie die Daten.

```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Geschlecht = c(rep("weiblich", 14),
                                rep("männlich", 16)),
                 Koerpergroesse = c(173, 158, 174, 166, 162, 177, 165, 154, 166,
```

```
                182, 169, 172, 170, 168, 179, 181, 172, 194, 185, 187, 198,
                178, 188, 171, 175, 167, 186, 172, 176, 187))
```

b) Bestimmen Sie in Abhängigkeit zum `Geschlecht` das arithmetische Mittel, den Median, die Varianz, die Standardabweichung sowie die Quartile.

```
# mit dplyr
df %>% group_by(Geschlecht) %>%
  reframe(aritMittel = mean(Koerpergroesse),
          Median = median(Koerpergroesse),
          Varianz = var(Koerpergroesse),
          StdAbw  = sd(Koerpergroesse),
          Q1 = quantile(Koerpergroesse, probs=0.25, type=6),
          Q3 = quantile(Koerpergroesse, probs=0.75, type=6)
  )
```

```
# A tibble: 2 × 7
  Geschlecht aritMittel Median Varianz StdAbw    Q1    Q3
  <chr>           <dbl>  <dbl>   <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl>
1 männlich         181    180     76.8   8.76  173.  187
2 weiblich         168.   168.    54.4   7.37  164.  173.
```

## 47.5 Lösung zur Aufgabe 45.2.5 Handballverletzungen

a) Bestimmen Sie das arithmetische Mittel, den Median, die Varianz sowie die Standardabweichung der Verletzungen.

```
# Daten übertragen
Handball <- c(0, 1, 2, 1, 3, 0, 1, 0, 1, 2, 0, 1, 1,
              1, 2, 0, 1, 3, 2, 1, 2, 1, 0, 1)

# Mittelwert
mean(Handball)
```

```
[1] 1.125
```

```
# Median
median(Handball)
```

```
[1] 1
```

```
# Varianz
var(Handball)
```

```
[1] 0.8097826
```

```
# Standardabweichung
sd(Handball)
```

```
[1] 0.8998792
```

b) Bestimmen Sie die Skewness und Kortosis der Verteilung.

```
# Skewness, wie SPSS
psych::skew(Handball, type=2)
```

```
[1] 0.5186785
```

```
# Kurtosis, wie SPSS
psych::kurtosi(Handball, type=2)
```

```
[1] -0.226357
```

c) Berechnen Sie das vierte und achte Dezil der Verteilung.

```
quantile(Handball, probs=c(0.4, 0.8), type=6)
```

```
40% 80%
  1   2
```

## 47.6 Lösung zur Aufgabe 45.2.6 Blutdruckmessung

Welcher Monitor funktioniert besser?

```
# Daten übertragen
monitor <- data.frame(Unterarm=c(111, 109, 112, 111, 113, 113, 114, 111),
                      Handgelenk=c(115, 113, 117, 116, 112, 112, 117, 112)
)

# Standardabweichungen vergleichen
sd(monitor$Unterarm)
```

```
[1] 1.581139
```

```
sd(monitor$Handgelenk)
```

```
[1] 2.251983
```

Die Daten des Monitors am Handgelenk haben eine größere Streuung als jene vom Monitor am Unterarm.

## 47.7 Lösung zur Aufgabe 45.2.7 Alter und Familienstand

a) Bestimmen Sie das arithmetische Mittel, den Median, die Varianz sowie die Standardabweichung des `Alters` für jeden `Familienstand`.

```
# Daten übertragen
df <- data.frame(Familienstand = c(rep("Single", 9),
                                   rep("Verheiratet", 7),
                                   rep("Verwitwet", 7),
                                   rep("Geschieden", 5)),
```

```
                Alter = c(31, 45, 35, 65, 21, 38, 62, 22, 31,
                          72, 39, 62, 59, 25, 44, 54,
                          80, 68, 65, 40, 78, 69, 75,
                          31, 65, 59, 58, 50)
                )

# dplyr
df %>% group_by(Familienstand) %>%
       reframe(Mittel = mean(Alter),
               Median = median(Alter),
               Varianz = var(Alter),
               StdAbw = sd(Alter))
```

```
# A tibble: 4 × 5
  Familienstand Mittel Median Varianz StdAbw
  <chr>          <dbl>  <dbl>   <dbl>  <dbl>
1 Geschieden      52.6     58    174.   13.2
2 Single          38.9     35    250.   15.8
3 Verheiratet     50.7     54    251.   15.8
4 Verwitwet       67.9     69    181.   13.5
```

Welche Gruppe hat den „besten“ Mittelwert?

```
df %>% group_by(Familienstand) %>%
       reframe(Mittel = mean(Alter),
               Median = median(Alter),
               Varianz = var(Alter),
               StdAbw = sd(Alter),
               Skew = psych::skew(Alter, type=2),
               Kurto = psych::kurtosi(Alter, type=2))
```

```
# A tibble: 4 × 7
  Familienstand Mittel Median Varianz StdAbw   Skew  Kurto
  <chr>          <dbl>  <dbl>   <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 Geschieden      52.6     58    174.   13.2 -1.41   2.03
2 Single          38.9     35    250.   15.8  0.765 -0.524
3 Verheiratet     50.7     54    251.   15.8 -0.425 -0.313
4 Verwitwet       67.9     69    181.   13.5 -1.76   3.66
```

In der Gruppe der Geschiedenen ist die Streuung am geringsten, aber das arithmetische Mittel ist weit vom Median entfernt. Insofern scheint der Mittelwert der Verwitweten am „besten“ zu sein, da er sowohl eine geringe Differenz zum Median als auch eine niedrige Varianz und Standardabweichung aufweist. Die Gruppe der Verheirateten weist hingegen die geringste Schiefe auf. Ach hier könnten wir argumentieren, dass dies für den „besten“ Mittelwert spräche.

## 47.8 Lösung zur Aufgabe 45.2.8 Tabak, Alkohol und Blutdruck

a) Vergleichen Sie das arithmetische Mittel, die Standardabweichung, die Skewness und Kurtosis des `Blutdrucks` zwischen Rauchern und Nichtrauchern.

```
# Daten übertragen
df <- data.frame(Rauchen = c("ja", "nein", "ja", "ja", "ja", "nein", "nein",
                             "ja", "nein", "ja", "nein", "ja", "nein",
                             "ja", "nein", "nein", "ja", "nein", "nein",
                             "nein", "ja", "nein", "ja", "nein", "ja"  ),
                 Alkohol = c("nein", "nein", "ja", "ja", "nein", "nein", "ja",
                             "ja", "nein", "ja", "nein", "ja", "ja" , "ja",
                             "nein", "ja", "ja", "nein", "nein", "ja", "ja",
                             "ja", "nein", "ja", "nein" ),
                 Blutdruck = c(80, 92, 75, 56, 89, 93, 101, 67, 89, 63, 98, 58,
                               91, 71, 52, 98, 104, 57, 89, 70, 93, 69, 82, 70,
                               49 )
                 )

# dplyr
df %>% group_by(Rauchen) %>%
       reframe(Mittel = mean(Blutdruck),
               StdAbw = sd(Blutdruck),
               Skew =  psych::skew(Blutdruck, type=2),
               Kurto = psych::kurtosi(Blutdruck, type=2))
```

```
# A tibble: 2 × 5
  Rauchen Mittel StdAbw   Skew  Kurto
  <chr>    <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 ja        73.9   16.4  0.281 -0.624
2 nein      82.2   16.5 -0.700 -0.935
```

b) Vergleichen Sie die selben Werte zwischen der Alkohol- und Nicht-Alkoholgruppe.

```
# dplyr
df %>% group_by(Alkohol) %>%
       reframe(Mittel = mean(Blutdruck),
               StdAbw = sd(Blutdruck),
               Skew =  psych::skew(Blutdruck, type=2),
               Kurto = psych::kurtosi(Blutdruck, type=2))
```

```
# A tibble: 2 × 5
  Alkohol Mittel StdAbw   Skew  Kurto
  <chr>    <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 ja        77.6   16.4  0.455 -1.32
2 nein      79.1   17.7 -0.948 -0.804
```

c) Vergleichen Sie die selben Werte zwischen der Raucher- und Alkoholgruppe, zwischen der Raucher- und Nicht-Alkoholgruppe, der Nichtraucher- und Alkoholgruppe sowie der Nichtraucher- und Nicht-Alkoholgruppe.

```
# dplyr
df %>% group_by(Alkohol, Rauchen) %>%
       reframe(Mittel = mean(Blutdruck),
               StdAbw = sd(Blutdruck),
```

```
              Skew =  psych::skew(Blutdruck, type=2),
              Kurto = psych::kurtosi(Blutdruck, type=2))

# A tibble: 4 × 6
  Alkohol Rauchen Mittel StdAbw   Skew    Kurto
  <chr>   <chr>    <dbl>  <dbl>  <dbl>    <dbl>
1 ja      ja        73.4   17.0  1.01   0.00270
2 ja      nein      83.2   15.1  0.173 -2.87
3 nein    ja        75     17.8 -1.71   3.21
4 nein    nein      81.4   18.7 -1.14  -0.748
```

# 48 Lösungen Lineare Regression

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.3.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

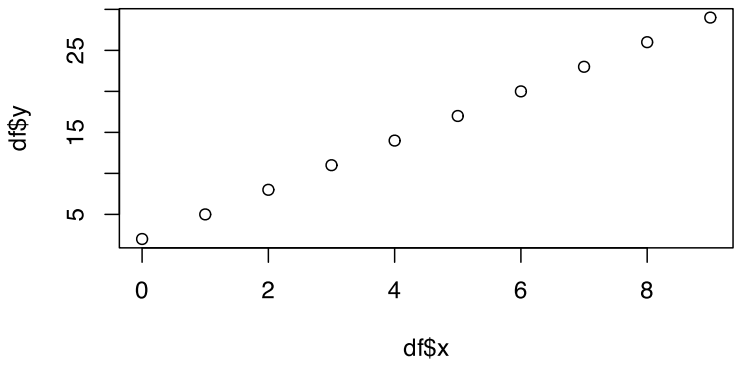
## 48.1 Lösung zur Aufgabe 45.3.1 X und Y

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen x und y.

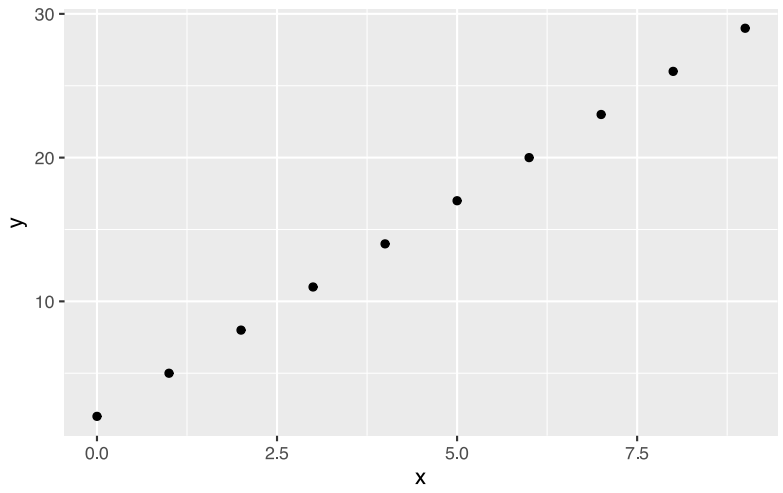
```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(x = c( 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 ),
                 y = c( 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29))
```

b) Erzeugen Sie ein Scatterplot von x und y. Bestimmen Sie anhand des Plots, welche Regressionsfunktion die Daten am besten erklären würde.

```
# plot()
plot(df$x, df$y)
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_point()
```




Es ist ein deutlicher linearer Zusammenhang erkennbar.

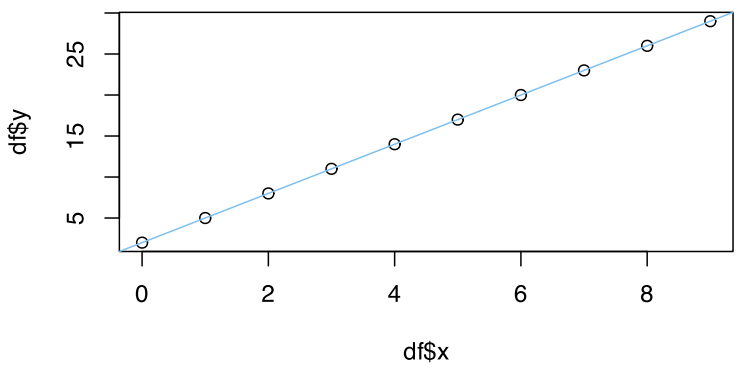
c) Führen Sie die Regression durch.

```
# lineares Modell
fit <- lm(y ~ x, data=df)

# anschauen
summary(fit)
```

```
Warning in summary.lm(fit): im Wesentlichen ein perfekter Fit: summary kann
unzuverlässig sein


Call:
lm(formula = y ~ x, data = df)

Residuals:
       Min         1Q     Median         3Q        Max
-3.675e-15 -8.783e-16  5.168e-16  9.646e-16  1.944e-15

Coefficients:
             Estimate Std. Error   t value Pr(>|t|)
(Intercept) 2.000e+00  1.049e-15 1.906e+15   <2e-16 ***
x           3.000e+00  1.965e-16 1.527e+16   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.785e-15 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:      1, Adjusted R-squared:      1
F-statistic: 2.33e+32 on 1 and 8 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

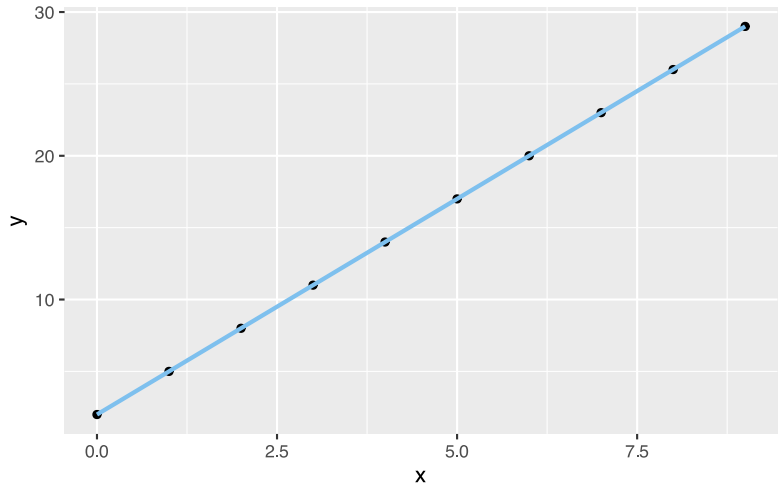
d) Fügen Sie die Regressionsfunktion `y erklärt durch x` dem Plot hinzu.

```r
# plot()
plot(df$x, df$y)
# Regressionsgerade
abline(lm(y~x, data=df), col="skyblue2")
```



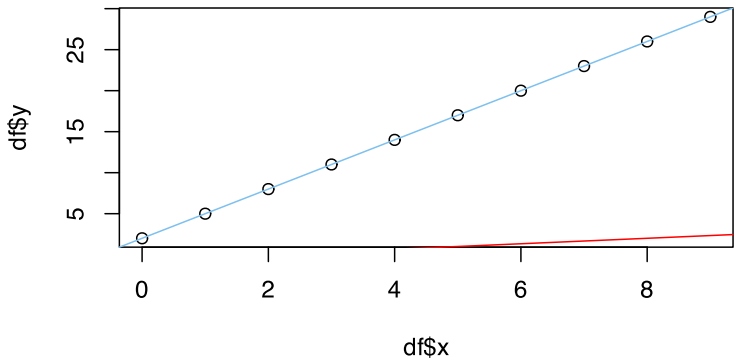

```r
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm", color="skyblue2")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```



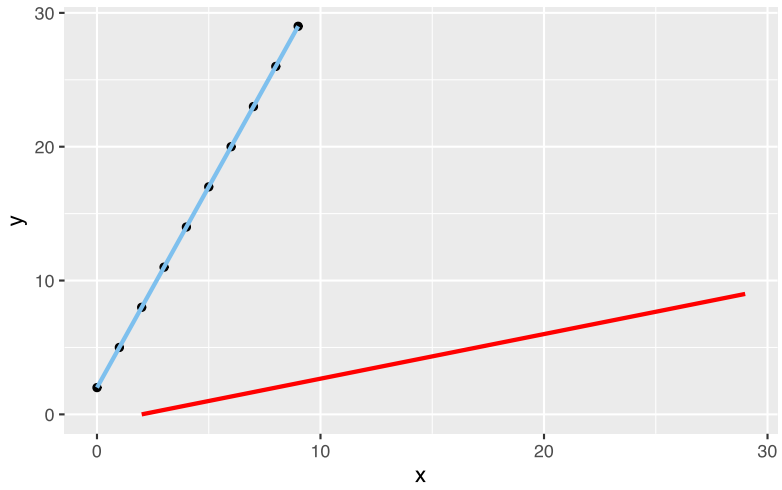

e) Fügen Sie die Regressionsfunktion `x erklärt durch y` ebenfalls dem Plot hinzu, aber in roter Farbe.

```r
# plot()
plot(df$x, df$y)
# Regressionsgeraden
abline(lm(y~x, data=df), col="skyblue2")
abline(lm(x~y, data=df), col="red")
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm", color="skyblue2") +
  geom_smooth(aes(x=y, y=x), method="lm", color="red")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




Achten Sie darauf, die Variablen nicht zu vertauschen!

f) Wie große sind die Residuen?

```
fit <- lm(y ~ x, data=df)

# Residuen
fit$residuals
```

```
            1             2             3             4             5 
-3.675227e-15  4.362024e-16  1.944285e-15  1.385502e-15  1.048764e-15 
```

```
           6             7             8             9            10
7.120252e-16  5.973314e-16 -1.293719e-15  3.679437e-16 -1.523107e-15
```

Die Residuen sind sehr klein. Die Regressionsgerade scheint sehr gut zu passen.

## 48.2 Lösung zur Aufgabe 45.3.2 Lernen und Durchfallen

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Lernen` und `Durchgefallen`.

```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Lernen = c( 3.5, 0.6, 2.8, 2.5, 2.6, 3.9, 1.5, 0.7, 3.6, 3.7,
                             2.2, 3.3, 1.7, 1.1, 2.0, 3.5, 2.1, 1.8, 1.1, 0.7,
                             1.3, 3.1, 2.3, 3.2, 0.9, 1.7, 0.2, 2.9, 1.0, 2.3),
                 Durchgefallen = c( 1, 5, 1, 3, 1, 0, 3, 3, 1, 1,
                                    2, 0, 3, 3, 3, 0, 2, 2, 4, 4,
                                    4, 0, 2, 2, 4, 2, 5, 1, 3, 2))
```

b) Erzeugen Sie eine Kreuztabelle der Variablen `Lernen` und `Durchgefallen`.

```
# entweder
table(df$Lernen, df$Durchgefallen)
```

```
     0 1 2 3 4 5
  0.2 0 0 0 0 0 1
  0.6 0 0 0 0 0 1
  0.7 0 0 0 1 1 0
  0.9 0 0 0 0 1 0
  1   0 0 0 1 0 0
  1.1 0 0 0 1 1 0
  1.3 0 0 0 0 1 0
  1.5 0 0 0 1 0 0
  1.7 0 0 1 1 0 0
  1.8 0 0 1 0 0 0
  2   0 0 0 1 0 0
  2.1 0 0 1 0 0 0
  2.2 0 0 1 0 0 0
  2.3 0 0 2 0 0 0
  2.5 0 0 0 1 0 0
  2.6 0 1 0 0 0 0
  2.8 0 1 0 0 0 0
  2.9 0 1 0 0 0 0
  3.1 1 0 0 0 0 0
  3.2 0 0 1 0 0 0
  3.3 1 0 0 0 0 0
  3.5 1 1 0 0 0 0
  3.6 0 1 0 0 0 0
  3.7 0 1 0 0 0 0
  3.9 1 0 0 0 0 0
```

```
# oder
xtabs(~ Lernen + Durchgefallen, data=df)
```

```
      Durchgefallen
Lernen 0 1 2 3 4 5
   0.2 0 0 0 0 0 1
   0.6 0 0 0 0 0 1
   0.7 0 0 0 1 1 0
   0.9 0 0 0 0 1 0
   1   0 0 0 1 0 0
   1.1 0 0 0 1 1 0
   1.3 0 0 0 0 1 0
   1.5 0 0 0 1 0 0
   1.7 0 0 1 1 0 0
   1.8 0 0 1 0 0 0
   2   0 0 0 1 0 0
   2.1 0 0 1 0 0 0
   2.2 0 0 1 0 0 0
   2.3 0 0 2 0 0 0
   2.5 0 0 0 1 0 0
   2.6 0 1 0 0 0 0
   2.8 0 1 0 0 0 0
   2.9 0 1 0 0 0 0
   3.1 1 0 0 0 0 0
   3.2 0 0 1 0 0 0
   3.3 1 0 0 0 0 0
   3.5 1 1 0 0 0 0
   3.6 0 1 0 0 0 0
   3.7 0 1 0 0 0 0
   3.9 1 0 0 0 0 0
```

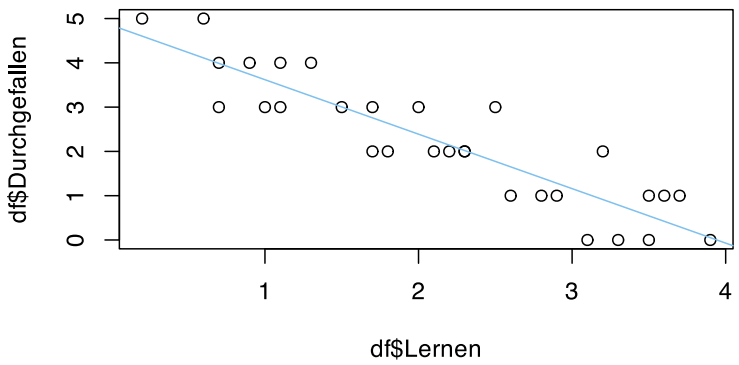
c) Führen Sie eine lineare Regression `Durchgefallen erklärt durch Lernen` durch und plotten Sie Ihr Ergebnis.

```
# lineare Regression
fit <- lm(Durchgefallen ~ Lernen , data=df)
summary(fit)
```

```

Call:
lm(formula = Durchgefallen ~ Lernen, data = df)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.03614 -0.53214 -0.02013  0.49187  1.22587

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   4.8491     0.2622   18.49  < 2e-16 ***
Lernen       -1.2300     0.1106  -11.12  8.7e-12 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

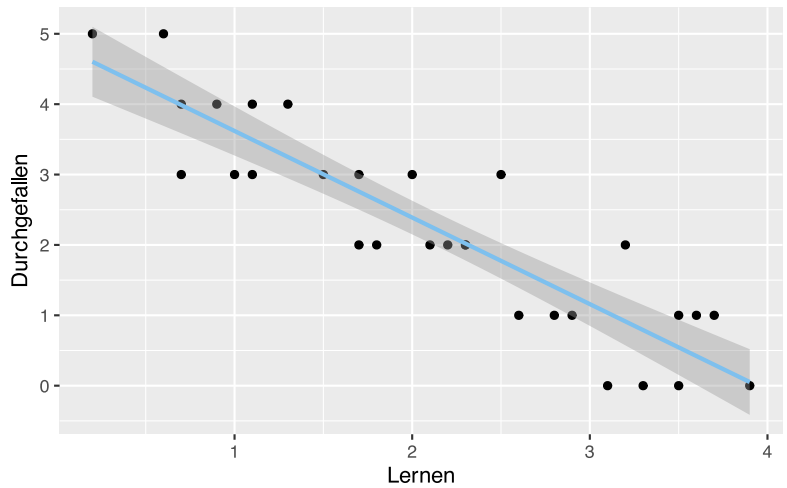
```
Residual standard error: 0.6359 on 28 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8155,    Adjusted R-squared:  0.8089
F-statistic: 123.8 on 1 and 28 DF,  p-value: 8.7e-12
```

```
# plot()
plot(df$Lernen, df$Durchgefallen)
# Regressionsgerade
abline(lm(Durchgefallen ~ Lernen, data=df), col="skyblue2")
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=Lernen, y=Durchgefallen)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm", color="skyblue2")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




d) Wie lauten die Regressionskoeffizient des Modells, und wie ist er zu interpretieren?

```
# Koeffizienten anzeigen
fit$coefficients
```

```
(Intercept)      Lernen
   4.849127   -1.229997
```

Der Regressionskoeffizient für `Lernen` beträgt −1.2299972. Das bedeutet, dass mit ungefähr jeder Stunde Lernen ein Kurs weniger nicht bestanden wird.

e) Ist das soeben erstellte Modell *besser* als das in Abschnitt 48.1 berechnete? Vergleichen Sie zur Beantwortung die Residuen beider Modelle.

```
# aktuelles Modell
# Residuen anschauen
fit$residuals
```

```
          1           2           3           4           5           6
 0.455862792  0.888870974 -0.405135233  1.225865613 -0.651134669 -0.052138337
          7           8           9          10          11          12
-0.004131565 -0.988129308  0.578862510  0.701862227 -0.143133540 -0.790136644
         13          14          15          16          17          18
 0.241867871 -0.496130437  0.610867024 -0.544137208 -0.266133258 -0.635132412
         19          20          21          22          23          24
 0.503869563  0.011870692  0.749868999 -1.036136080 -0.020133822  1.086863638
         25          26          27          28          29          30
 0.257870128 -0.758132129  0.396872103 -0.282135515 -0.619130154 -0.020133822
```

```
# Modell aus anderer Aufgabe
df2 <- data.frame(x = c( 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 ),
                  y = c( 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29))

fit2 <- lm(y~x, data=df2)
fit2$residuals
```

```
           1            2            3            4            5
-3.675227e-15  4.362024e-16  1.944285e-15  1.385502e-15  1.048764e-15
           6            7            8            9           10
 7.120252e-16  5.973314e-16 -1.293719e-15  3.679437e-16 -1.523107e-15
```

Im aktuellen Modell sind die Residuen größer als im vorherigen Modell. Somit ist das vorherige Modell besser.

f) Berechnen Sie den linearen Bestimmungskoeffizient und den Korrelationskoeffizient. Ist das lineare Modell ein gutes Modell, um die Beziehung zwischen den gescheiterten Prüfungen und den täglichen Studienzeiten zu erklären? Wie viel Prozent der Variabilität der durchgefallenen Prüfungen wird durch das lineare Modell erklärt?

```
# aktuelles Modell
lernen <- summary(fit)
# R^2 anschauen
lernen$r.squared
```

```
[1] 0.8154995
```

```
# Korrelationskoeffizient
cor.test(df$Lernen, df$Durchgefallen)
```

```

    Pearson's product-moment correlation

data:  df$Lernen and df$Durchgefallen
t = -11.125, df = 28, p-value = 8.7e-12
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.9532031 -0.8045264
sample estimates:
       cor
-0.9030501
```

Das Bestimmtheitsmaß $R^2$ beträgt 0.8154995. Somit können 81.55% des Rauschens im aktuellen Modell erklärt werden.

Der Korrelationskoeffizient von $-0.9030501$ ist nahe an $-1$. Dies spricht für einen starken negativen Zusammenhang.

g) Benutzen Sie das lineare Modell, um die Anzahl an durchgefallenen Prüfungen für einen Studenten zu bestimmen, der 3 Stunden Lernzeit investiert hat. Wie glaubwürdig ist die Vorhersage?

```
# aktuelles Modell
predict(fit, list(Lernen=3))
```

```
       1
1.159136
```

Wenn der Student 3 Stunden lernt, wird er wahrscheinlich „nur“ durch 1 Kurs durchfallen.

h) Wie viele Stunden Lernzeit wird benötigt, um alle Kurse zu bestehen?

```
# neues Modell
fit <- lm(Lernen ~ Durchgefallen, data = df)
# Wieviel lernen für Durchgefallen=0?
predict(fit, list(Durchgefallen=0))
```

```
       1
3.607387
```

Wenn der Student 3 Stunden lernt, wird er wahrscheinlich „nur“ durch 1 Kurs durchfallen.

## 48.3 Lösung zur Aufgabe 45.3.3 Metabolismus

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Minuten` und `Alkohol`.

```
# erzeuge Datenframe
df <- data.frame(Alkohol = c(1.6, 1.7, 1.5, 1.1, 0.7, 0.2, 2.1),
                 Minuten = c(30, 60, 90, 120, 150, 180, 210))
```

b) Bestimmen Sie den passenden Korrelationskoeffizienten. Werden die Daten ausreichend gut durch das Modell beschrieben?

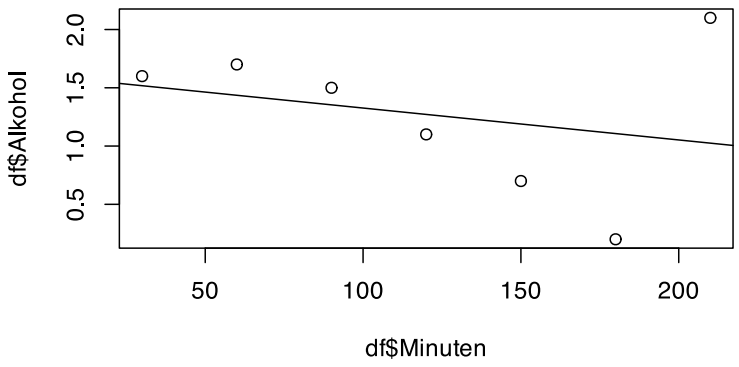
```
# Korrelation
cor(df$Minuten, df$Alkohol)
```

```
[1] -0.2730367
```

Der Korrelationskoeffizient ist eher gering. Das spricht für keinen starken Zusammenhang.

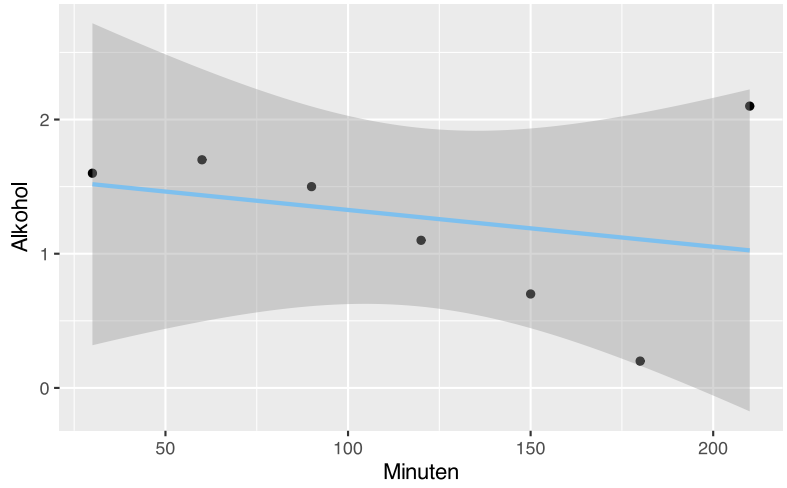
c) Plotten Sie das lineare Regressionsmodell `Alkohol erklärt durch Minuten`. Gibt es Punkte mit großen Residuen? Wenn ja, entfernen Sie diese und führen die Berechnungen erneut durch. Hat sich der Korrelationskoeffizient verbessert?

```
# plot()
plot(df$Minuten, df$Alkohol)
abline(lm(Alkohol ~ Minuten, data=df))
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=Minuten, y=Alkohol)) +
  geom_point()+
  geom_smooth(method="lm", color="skyblue2")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```



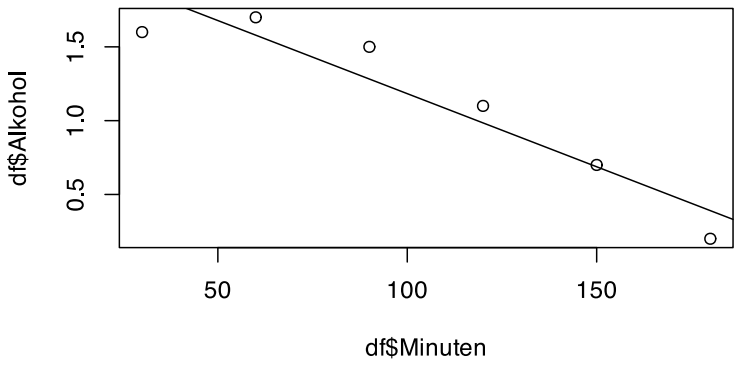

Der letzte Wert ist ein deutlicher Ausreißer, wahrscheinlich ein Tippfehler bei der Dateneingabe.

```
# entferne letzten Wert
df <- df[-7,]
# Korrelation
cor(df$Minuten, df$Alkohol)
```

```
[1] -0.944155
```

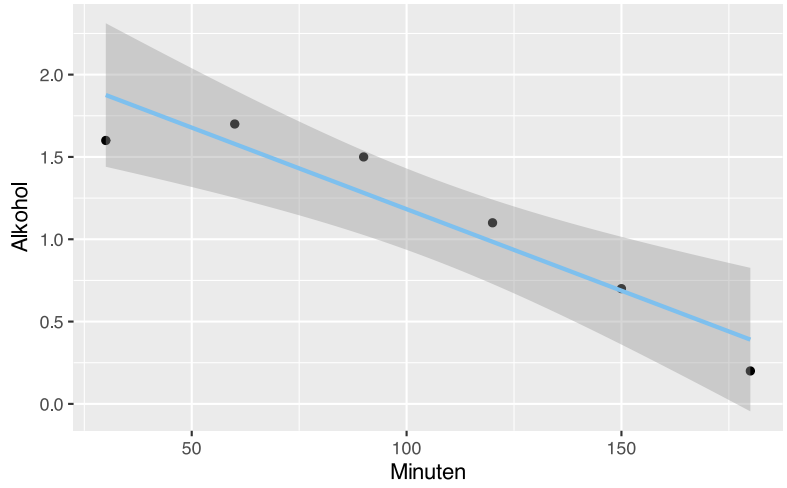
Der Korrelationskoeffizient ist nun sehr nah an −1. Das spricht für einen starken Zusammenhang.

```
# Modell
# plot()
plot(df$Minuten, df$Alkohol)
abline(lm(Alkohol ~ Minuten, data=df))
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=Minuten, y=Alkohol)) +
  geom_point()+
  geom_smooth(method="lm", color="skyblue2")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




d) Mit welcher Geschwindigkeit wird der Alkohol pro Minute verstoffwechselt?

```
# Koeffizienten
fit <- lm(Alkohol ~ Minuten, data=df)
fit$coefficient
```

```
 (Intercept)      Minuten
 2.173333333 -0.009904762
```

Der Alkoholspiegel sinkt pro Minute um $-0.0099048$ g/l.

e) Wenn es gesetzlich erlaubt wäre, mit einem Blutalkoholwert von $0,3$ g/l Auto zu fahren, wie lange muss die Person warten, nachdem sie 1 Liter Weingetrunken hat, um wieder fahrtüchtig zu sein? Wie zuverlässig ist diese Vorhersage?

```
# Koeffizienten
fit <- lm(Minuten ~ Alkohol, data=df)
predict(fit, list(Alkohol=0.3))
```

```
  1
180
```

Der Alkoholspiegel wird nach 180 Minuten auf $0,3$ g/l fallen.

## 48.4 Lösung zur Aufgabe 45.3.4 Alter und Körpergröße

a) Laden Sie den Datensatz `age.height` in Ihre R-Session.

```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/age.height.RData"))
```

b) Berechnen Sie die Regressionsgerade `Größe erklärt durch Alter`. Ist das lineare Modell geeignet, den Zusammenhang zwischen `Alter` und `Körpergröße` zu erklären?

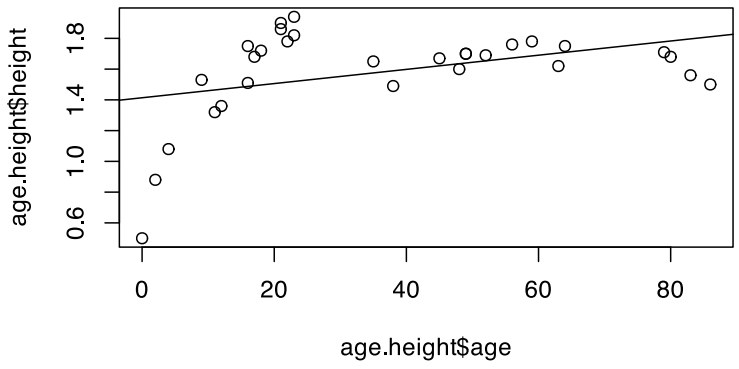
```
# Regression
fit <- lm(height ~ age, data=age.height)
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = height ~ age, data = age.height)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-0.9137 -0.1018  0.0449  0.1644  0.4202

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 1.413724   0.091080  15.522 2.77e-15 ***
age         0.004612   0.002036   2.265   0.0314 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.2852 on 28 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.1549,    Adjusted R-squared:  0.1247
F-statistic: 5.131 on 1 and 28 DF,  p-value: 0.03142
```

$R^2$ ist eher gering, es können nur 15.49% des Rauschens mit dem Modell erklärt werden.

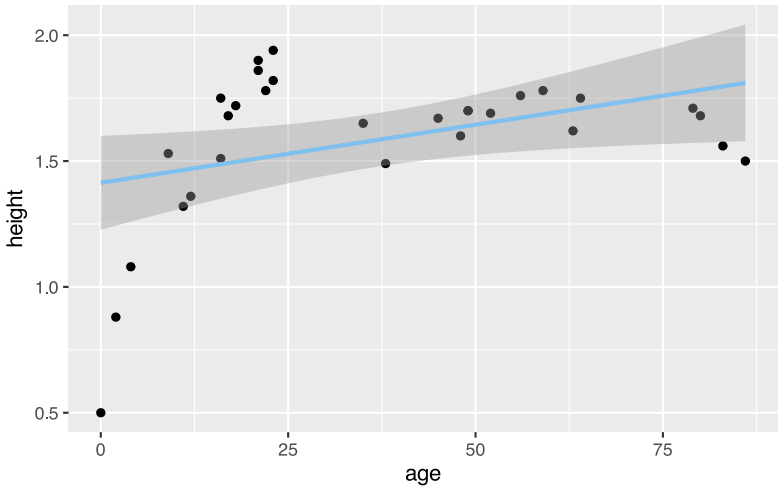
c) Erstellen Sie eine Punktwolke inklusive der Regressionsgeraden. Ab welchem Alter ändert sich die Punktetendenz?

```
# plot()
plot(age.height$age, age.height$height)
abline(fit)
```



```
# ggplot()
ggplot(age.height, aes(x=age, y=height)) +
  geom_point()+
  geom_smooth(method="lm", color="skyblue2")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




Ab etwa 20 Jahren ändert sich die Punktetendenz.

d) Erstellen Sie eine Gruppierungsvariable, welche `Alter` in einen ordinalen Faktor mit den Ausprägungen „`jünger als 20`“ und „`20 und älter`“ einteilt.

```
# klassieren
age.height$ageK <- cut(age.height$age,
                       breaks = c(0,20, Inf),
                       right=FALSE,
                       labels = c("jünger als 20",
                                  "20 und älter"))
# anschauen

head(age.height)
```

```
  age height          ageK
1  18   1.72 jünger als 20
2  21   1.90  20 und älter
3  45   1.67  20 und älter
4  59   1.78  20 und älter
5  21   1.86  20 und älter
6  22   1.78  20 und älter
```

e) Führen Sie die lineare Regressionsanalyse für beide Gruppen erneut durch. In welcher Gruppe wird der Zusammenhang zwischen `Alter` und `Körpergröße` am besten erklärt?

```
# Gruppen
df1 <- subset(age.height, ageK=="jünger als 20")
```

```
# Regression
fit1 <- lm(height ~ age, data=df1)
summary(fit1)


Call:
lm(formula = height ~ age, data = df1)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.22746 -0.05601 -0.03485  0.08416  0.28351

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.727459   0.094487   7.699 5.75e-05 ***
age         0.057671   0.007738   7.453 7.25e-05 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.1525 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8741,    Adjusted R-squared:  0.8584
F-statistic: 55.54 on 1 and 8 DF,  p-value: 7.245e-05
```

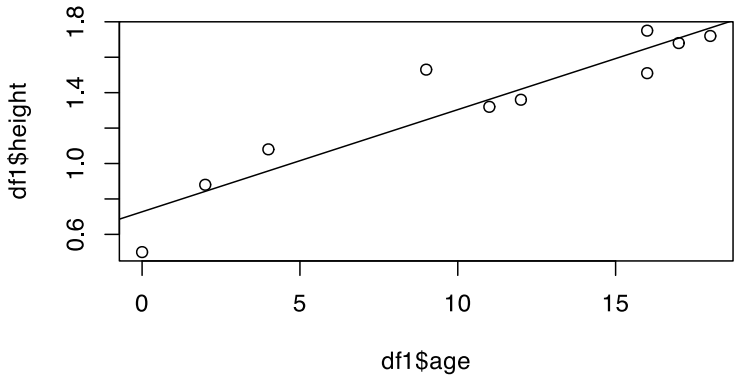
Das Bestimmtheitsmaß in der Gruppe „jünger als 20“ liegt bei 0.8741033, d.h. es werden 87.41% des Rauschens erklärt.

```
# Gruppen
df2 <- subset(age.height, ageK=="20 und älter")
# Regression
fit2 <- lm(height ~ age, data=df2)
summary(fit2)


Call:
lm(formula = height ~ age, data = df2)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.25783 -0.04614 -0.01064  0.07793  0.14155

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  1.876084   0.056839  33.007  < 2e-16 ***
age         -0.003375   0.001051  -3.213  0.00483 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.09931 on 18 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.3644,    Adjusted R-squared:  0.3291
F-statistic: 10.32 on 1 and 18 DF,  p-value: 0.004827
```

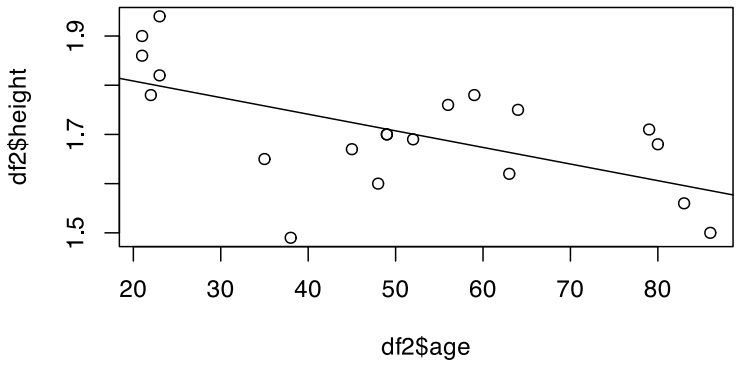
Das Bestimmtheitsmaß in der Gruppe „20 und älter“ liegt bei 0.3644171, d.h. es werden 36.44% des Rauschens erklärt.

### f) Plotten Sie Ihre Modelle

```
# < 20 Jahre
plot(df1$age, df1$height)
abline(fit1)
```

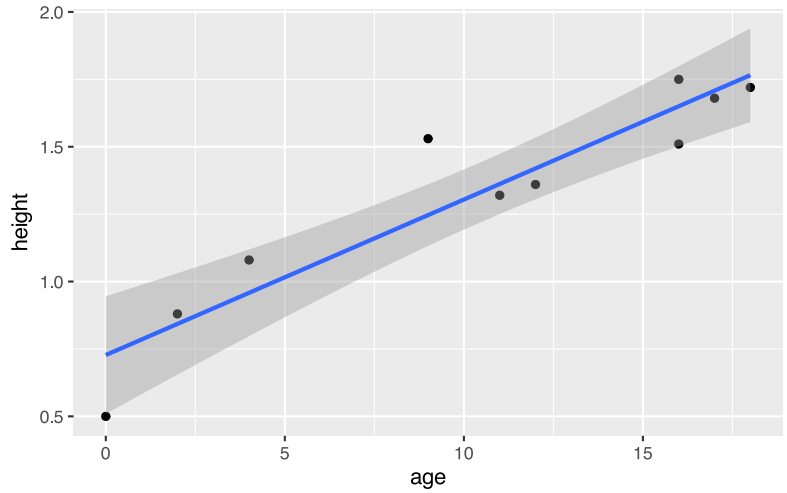



```
# >= 20 Jahre
plot(df2$age, df2$height)
abline(fit2)
```



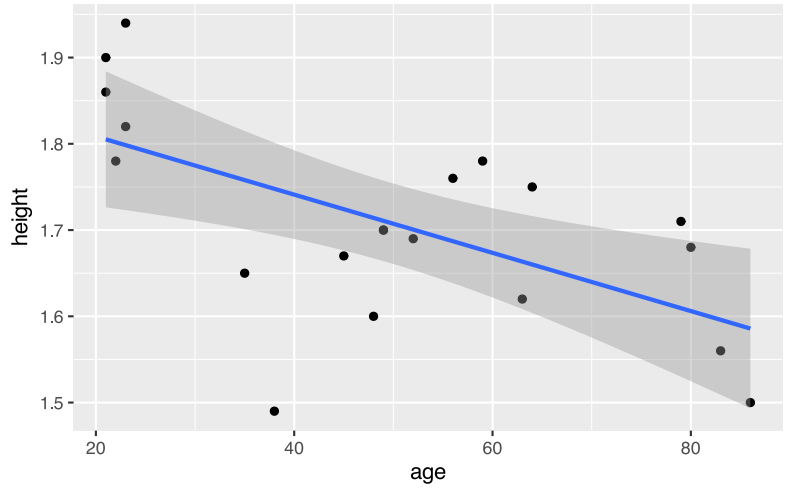

```
## ggplot()
# < 20 Jahre
ggplot(df1, aes(x=age, y=height)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




```
# >= 20 Jahre
ggplot(df2, aes(x=age, y=height)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




g) Welche Körpergröße sagt Ihr Modell für eine 14jährige Person vorher, und welche für eine 38jährige Person?

```
# 14 jährige Person
predict(fit1, list(age=14))
```

```
       1
1.534847
```

```
# 38 jährige Person
predict(fit2, list(age=38))
```

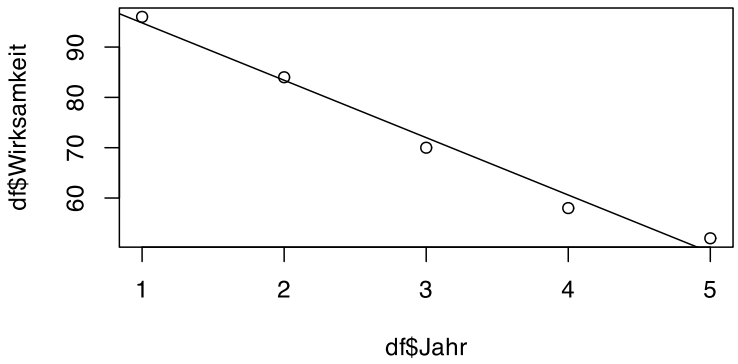
```
       1
1.747827
```

## 48.5 Lösung zur Aufgabe 45.3.5 Wirksamkeitsverlust

```
df <- data.frame(Jahr=c(1:5),
                 Wirksamkeit=c(96, 84, 70, 58, 52)
)
```

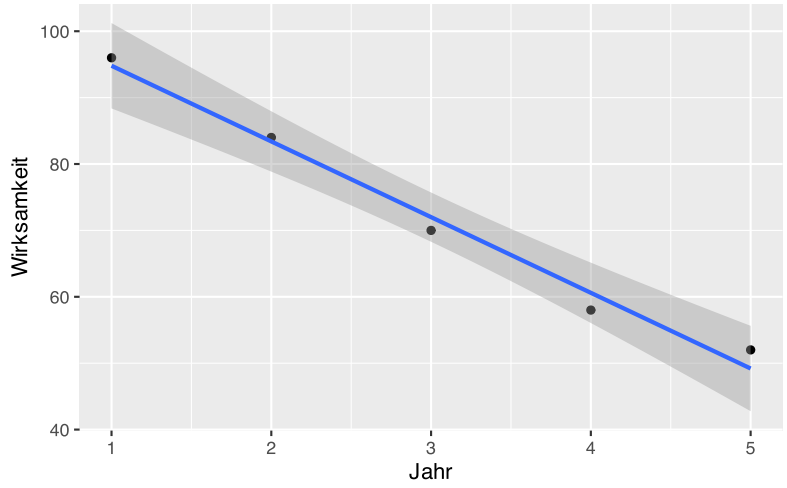
a) Führen Sie eine lineare Regression `Wirksamkeit erklärt durch Jahr` durch und plotten Sie Ihr Ergebnis.

```
# Regression
fit <- lm(Wirksamkeit~Jahr, data=df)
summary(fit)


Call:
lm(formula = Wirksamkeit ~ Jahr, data = df)

Residuals:
   1    2    3    4    5
 1.2  0.6 -2.0 -2.6  2.8

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 106.2000     2.7350   38.83 3.76e-05 ***
Jahr        -11.4000     0.8246  -13.82 0.000819 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 2.608 on 3 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9845,    Adjusted R-squared:  0.9794
F-statistic: 191.1 on 1 and 3 DF,  p-value: 0.0008192

# plot()
plot(df$Jahr, df$Wirksamkeit)
abline(fit)
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=Jahr, y=Wirksamkeit)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




b) Wie große ist der jährliche Wirksamkeitsverlust in %?

```
# Regression
fit$coefficients
```

```
(Intercept)        Jahr
      106.2       -11.4
```

Der Wirksamkeitsverlust beträgt 11.4% pro Jahr.

c) Nach wie vielen Jahren ist die Wirksamkeit bei 80%, und nach wie vielen bei 0%? Sind beide Werte gleich zuverlässig?

```
# anderes Modell
fit2 <- lm(Jahr ~ Wirksamkeit, data=df)
# 80% und 0%
predict(fit2, list(Wirksamkeit=c(80,0)))
```

```
       1        2
2.309091 9.218182
```

Nach 2.31 Jahren ist die Wirksamkeit bei 80%, nach 9.22 Jahren bei 0%.

## 48.6 Lösung zur Aufgabe 45.3.6 Dosierung

```
df <- data.frame(Dosis=c(2,2, 2,2,2,2,
                         3,3, 3,3,3,3,
                         3, 4,4,4,4,4, 4,4),
                 Tage =c(5,5, 6,6,6,6,
                         3,3, 5,5,5,5,
                         6, 3,3,3,3,3, 5,5))
```

a) Berechnen Sie die Regressionsgerade der Heilungstage in Abhängigkeit von der Dosis.

```
# Regression
fit <- lm(Tage~Dosis, data=df)
summary(fit)
```

```

Call:
lm(formula = Tage ~ Dosis, data = df)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.6023 -0.5560  0.3513  0.3977  1.4440

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   7.7413     0.7941   9.749 1.32e-08 ***
Dosis        -1.0463     0.2517  -4.156 0.000593 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.9059 on 18 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4897,    Adjusted R-squared:  0.4614
F-statistic: 17.28 on 1 and 18 DF,  p-value: 0.000593
```

b) Berechnen Sie den Regressionskoeffizienten der Heilungstage in Abhängigkeit von der Dosis und interpretieren Sie ihn.

```
# Regression
fit$coefficients
```

```
(Intercept)       Dosis
   7.741313   -1.046332
```

Mit jeder Dosiserhöhung um 1 verkürzt sich die Heilungsdauer um ca. 1 Tag.

c) Berechnen Sie den Korrelationskoeffizienten und interpretieren Sie ihn.

```
# Regression
cor(df$Dosis, df$Tage)
```

```
[1] -0.69981
```

Der Korrelationskoeffizient ist größer als 0,5. Es liegt ein mittelstarker Zusammenhang vor.

d) Bestimmen Sie die erwartete Zeit, die für die Heilung mit einer Dosis von 5 mg benötigt wird. Ist diese Vorhersage zuverlässig? Begründen Sie die Antwort.

```
# Vorhersage
predict(fit, list(Dosis=5))
```

```
       1
2.509653
```

e) Welche Dosis muss angewendet werden, um in 4 Tagen zu heilen? Ist diese Vorhersage zuverlässig? Begründen Sie die Antwort.

```
# neues Modell
fit2 <- lm(Dosis~Tage, data=df)
# Vorhersage
predict(fit2, list(Tage=4))
```

```
       1
3.307427
```

## 48.7 Lösung zur Aufgabe 45.3.7 Gewicht und Körpergröße

a) Laden Sie den Datensatz `heigths.weights.students` in Ihre R-Session.

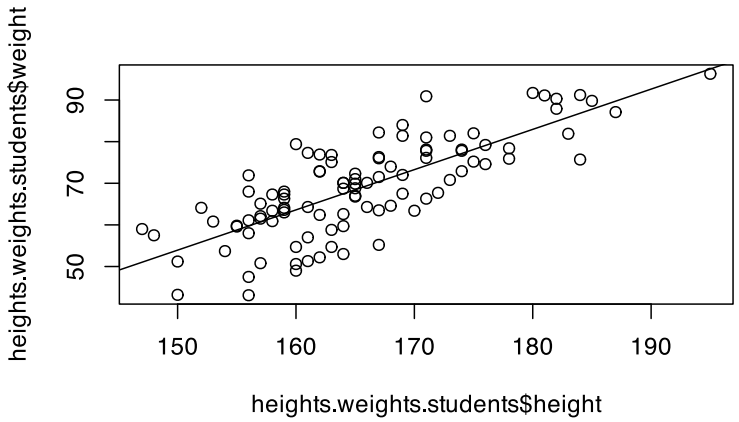
```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/heights.weights.students.RData"))
```

b) Führen Sie eine lineare Regression `Gewicht erklärt durch Größe` durch und plotten Sie Ihr Modell.

```
# Regression
fit <- lm(weight ~ height, data=heights.weights.students)
summary(fit)
```

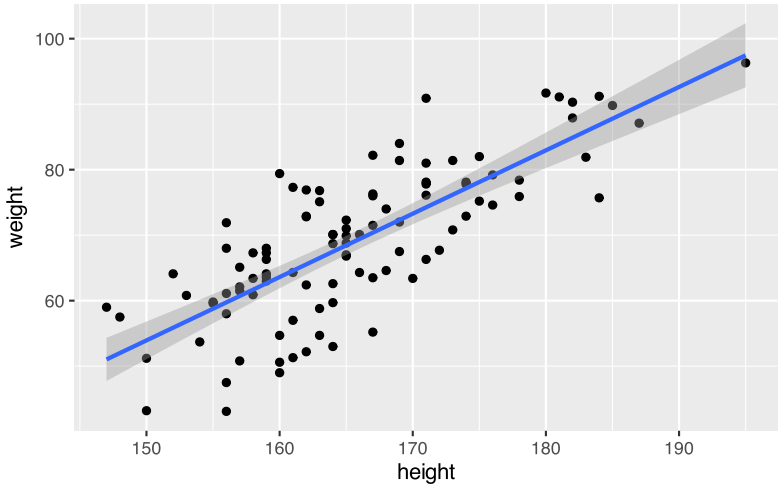
```
Call:
lm(formula = weight ~ height, data = heights.weights.students)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-16.6372  -4.8272   0.9568   4.8008  16.6542

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -91.15252   13.28198  -6.863 6.16e-10 ***
height        0.96724    0.08009  12.077  < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 7.356 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.5981,    Adjusted R-squared:  0.594
F-statistic: 145.9 on 1 and 98 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
# plot()
plot(heights.weights.students$height, heights.weights.students$weight)
abline(fit)
```



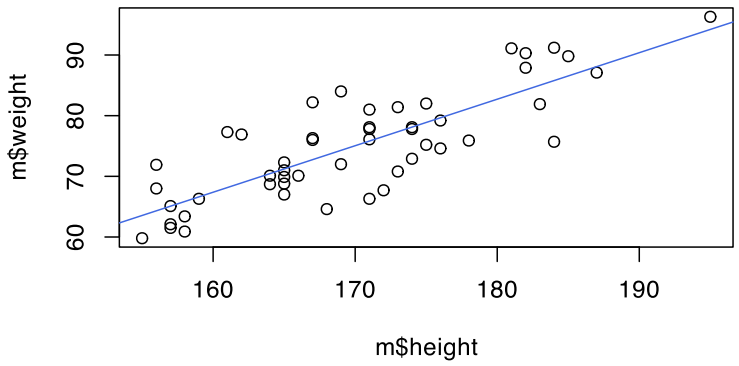

```
# ggplot()
ggplot(heights.weights.students, aes(x=height, y=weight)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```

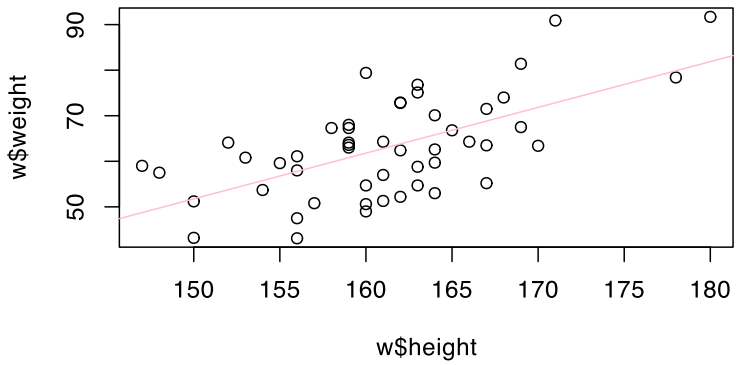



c) Erstellen Sie eine Punktwolke inklusive Regressionsgeraden jeweils für Männer und Frauen getrennt.

```
m <- subset(heights.weights.students, sex=="male")
w <- subset(heights.weights.students, sex=="female")

fit1 <- lm(weight ~ height, data=m)
fit2 <- lm(weight ~ height, data=w)

## plot()
# männlich
plot(m$height, m$weight)
abline(fit1, col="royalblue")
```

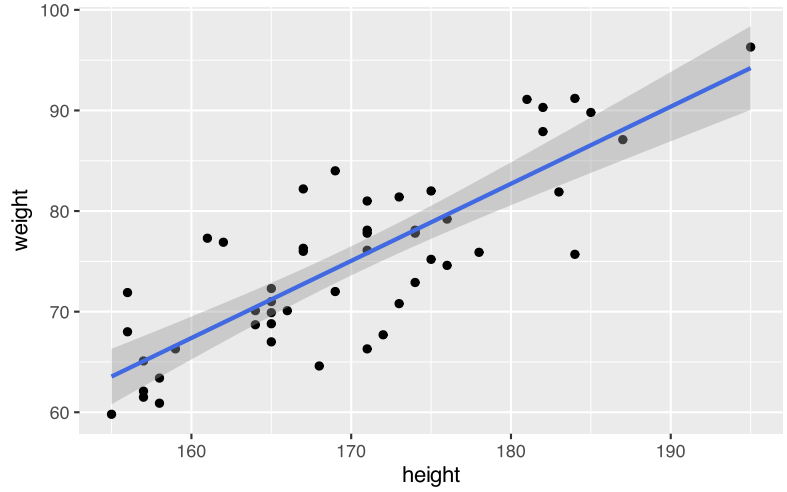



```
# weiblich
plot(w$height, w$weight)
abline(fit2, col="pink")
```



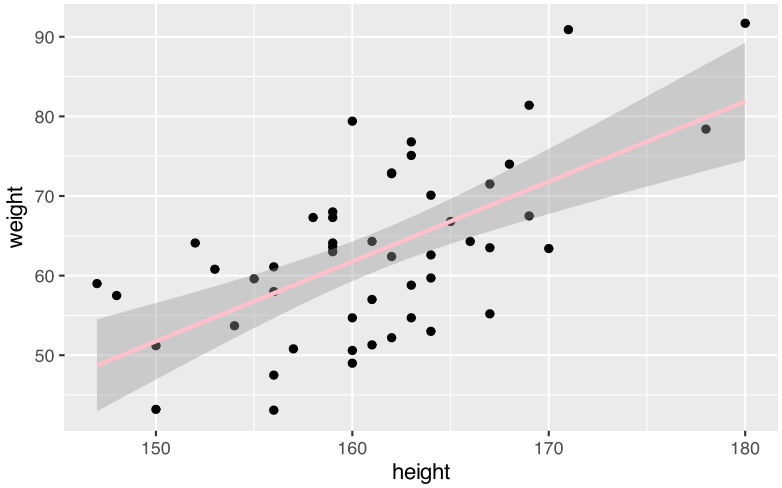

```
## ggplot()
# männlich
ggplot(m, aes(x=height, y=weight))  +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm", color="royalblue")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




```
# weiblich
ggplot(w, aes(x=height, y=weight))  +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm", color="pink")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




d) Berechnen Sie die Bestimmtheitskoeffizienten ($R^2$) für beide Modelle. Welches Modell erklärt besser die Beziehung zwischen Gewicht und Größe, das der Männer oder das der Frauen? Begründen Sie die Antwort.

```
# Männer
summary(fit1)$r.squared
```

```
[1] 0.6699418
```

```
# Frauen
summary(fit2)$r.squared
```

```
[1] 0.3828876
```

Das Modell der Männer erklärt 0.67% der Streuung, und das der Frauen „nur“ 0.38%. Somit ist das Modell für Männer *besser* als das der Frauen.

e) Was ist das zu erwartende Gewicht für einen Mann mit 170cm Körpergröße? Und für eine Frau der selben Größe?

```
# Männer
predict(fit1, list(height=170))
```

```
     1
75.048
```

```
# Frauen
predict(fit2, list(height=170))
```

```
      1
71.8338
```

## 48.8 Lösung zur Aufgabe 45.3.8 Neugeborene

```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData"))
```

a) Erstellen Sie eine Kreuztabelle vom APGAR-Wert nach 1 Minute und dem Rauchverhalten der Mütter während der Schwangerschaft. Welche Schlüsse lassen sich ziehen?

```
# entweder
table(neonates$smoke, neonates$apgar1)
```

```
       2  3  4  5  6  7  8  9
  No   1  6 18 50 77 40 23  5
  Yes  3 15 20 31 20  6  5  0
```

```
# oder
xtabs(~ smoke + apgar1, data=neonates)
```

```
     apgar1
smoke  2  3  4  5  6  7  8  9
  No   1  6 18 50 77 40 23  5
  Yes  3 15 20 31 20  6  5  0
```

Kinder von Frauen, die nicht während der Schangerschaft rauchen, haben höhere APGAR1-Werte als Kinder von Raucherinnen.

b) Erstellen Sie eine Kreuztabelle vom APGAR-Wert nach 1 Minute und der Alterskategorie der Mütter. Welche Schlüsse lassen sich ziehen?

```
# entweder
table(neonates$age, neonates$apgar1)
```

```
                   2  3  4  5  6  7  8  9
  greater than 20  2 10 22 53 69 34 24  4
  less than 20     2 11 16 28 28 12  4  1
```

```
# oder
xtabs(~ age + apgar1, data=neonates)
```

```
                 apgar1
age                2  3  4  5  6  7  8  9
  greater than 20  2 10 22 53 69 34 24  4
  less than 20     2 11 16 28 28 12  4  1
```

Kinder von Frauen, die älter als 20 Jahre sind, haben höhere APGAR1-Werte als Kinder von jüngeren Müttern.

c) Führen Sie eine lineare Regression für `Geburtsgewicht erklärt durch Anzahl täglich gerauchter Zigaretten` durch. Gibt es einen starken linearen Zusammenhang?

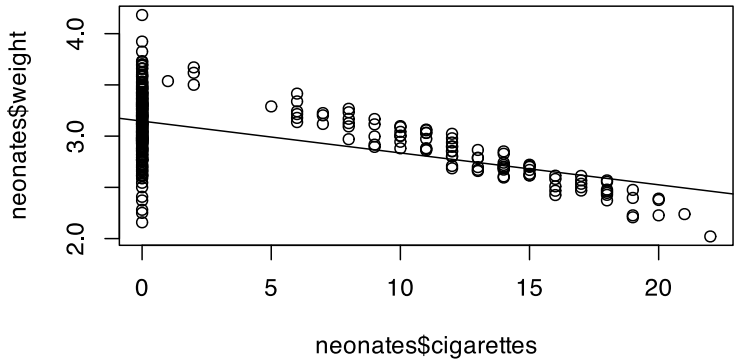
```
# Regression
fit <- lm(weight ~ cigarettes, data=neonates)
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = weight ~ cigarettes, data = neonates)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.98756 -0.16656 -0.00649  0.18769  1.03544

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  3.146557   0.018604  169.13   <2e-16 ***
cigarettes  -0.031067   0.002512  -12.37   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.2832 on 318 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.3248,    Adjusted R-squared:  0.3227
F-statistic:   153 on 1 and 318 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Der Zusammenhang ist eher gering.

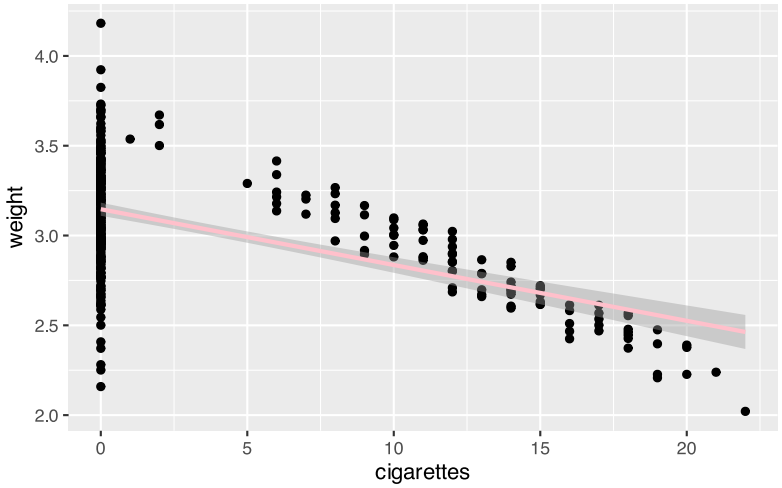
d) Plotten Sie Ihre Regression. Passt die Regressionsgerade gut zur Punktwolke?

```
# plot()
plot(neonates$cigarettes, neonates$weight)
abline(fit)
```




```
# ggplot()
ggplot(neonates, aes(x=cigarettes, y=weight))  +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm", color="pink")
```

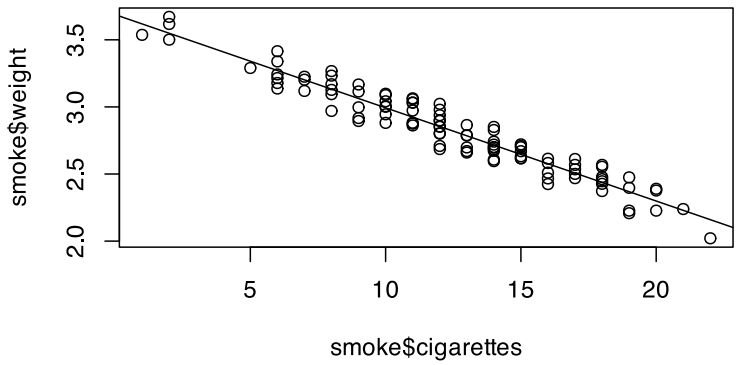
```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




Der Zusammenhang wird durch die Nichtraucherinnen (0 Zigaretten) verzerrt.

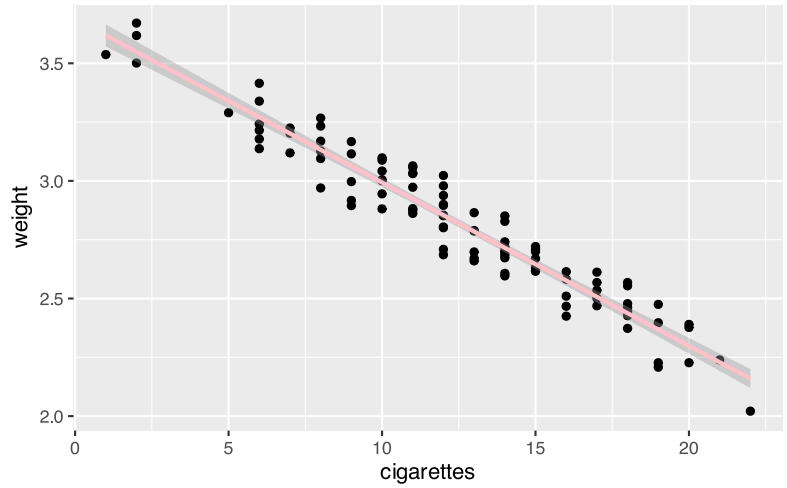
e) Wiederholen Sie die Regression, aber nutzen Sie dieses Mal nur Daten von Raucherinnen. Ist dieses Modell besser oder schlechter als das vorherige? Wieviel Gewicht verliert ein Neugeborenes nach diesem Modell pro täglich gerauchter Zigarette?

```
# Subset erzeugen
smoke <- subset(neonates, smoke=="Yes")
# Regression
fit2 <- lm(weight ~ cigarettes, data=smoke)
summary(fit2)


Call:
lm(formula = weight ~ cigarettes, data = smoke)

Residuals:
      Min        1Q    Median        3Q       Max
-0.168338 -0.057531  0.002855  0.068180  0.168662

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  3.687879   0.025542  144.38   <2e-16 ***
cigarettes  -0.069462   0.001928  -36.03   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.08735 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9298,    Adjusted R-squared:  0.9291
F-statistic:  1298 on 1 and 98 DF,  p-value: < 2.2e-16

# plot()
plot(smoke$cigarettes, smoke$weight)
abline(fit2)
```




```
# ggplot()
ggplot(smoke, aes(x=cigarettes, y=weight))  +
  geom_point() +
  geom_smooth(method="lm", color="pink")
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```




Der Zusammenhang ist nun sehr stark.

f) Welches Geburtsgewicht sagt dieses Modell für ein Neugeborenes vorher, dessen Mutter 5 Zigaretten täglich während der Schwangerschaft geraucht hat? Wieviel für eine Mutter, die 30 Zigaretten täglich raucht. Wie zuverlässich sind diese Ergebnisse?

```
# Vorhersage
predict(fit2, list(cigarettes=c(5, 30)))
```

```
       1        2
3.340570 1.604026
```

g) Ändert sich der lineare Zusammenhang, wenn die Daten nach Altersgruppen getrennt untersucht werden?

```
# Subset
s1 <- subset(smoke, age=="greater than 20")
s2 <- subset(smoke, age=="less than 20")

# neue Modelle
fit1 <- lm(weight ~ cigarettes, data=s1)
fit1 <- lm(weight ~ cigarettes, data=s2)

# vergleichen
summary(fit1)


Call:
lm(formula = weight ~ cigarettes, data = s2)

Residuals:
      Min        1Q    Median        3Q       Max
-0.151567 -0.049334 -0.001749  0.062936  0.127103

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  3.65752    0.05636   64.90  < 2e-16 ***
cigarettes  -0.06833    0.00375  -18.22 6.33e-14 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.08286 on 20 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9432,    Adjusted R-squared:  0.9404
F-statistic: 332.1 on 1 and 20 DF,  p-value: 6.333e-14

summary(fit2)


Call:
lm(formula = weight ~ cigarettes, data = smoke)

Residuals:
      Min        1Q    Median        3Q       Max
-0.168338 -0.057531  0.002855  0.068180  0.168662

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  3.687879   0.025542  144.38   <2e-16 ***
cigarettes  -0.069462   0.001928  -36.03   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.08735 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9298,    Adjusted R-squared:  0.9291
F-statistic:  1298 on 1 and 98 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Der Zusammenhang bleibt unabhängig von der Altersgruppe bestehen.

# 49 Lösungen Nicht-Lineare Regression

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.4.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

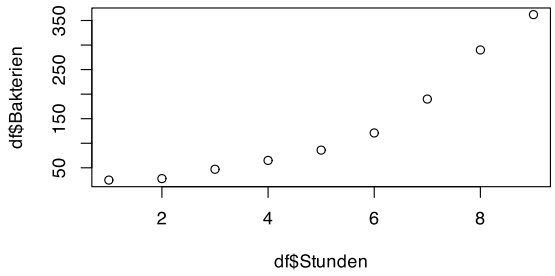
## 49.1 Lösung zur Aufgabe 45.4.1 Bakterien

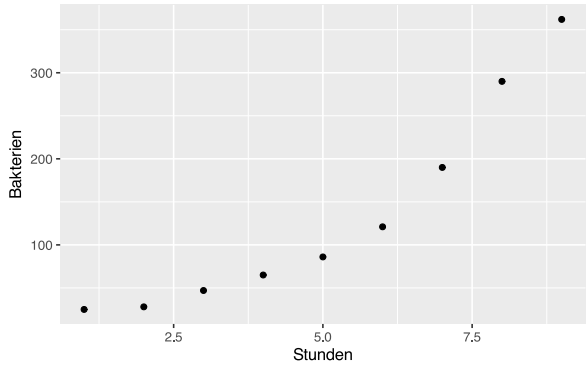
a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Stunden` und `Bakterien`.

```
# Daten erzeugen
df <- data.frame(Stunden=c(1:9),
                 Bakterien=c(25, 28, 47, 65, 86, 121, 190, 290, 362))
```

b) Erzeugen Sie ein Scatterplot. Welche Regression würden Sie auf Grundlage des Plots vorschlagen?

```
# plot()
plot(df$Stunden, df$Bakterien)
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=Stunden, y=Bakterien)) +
  geom_point()
```




Die Punktwolken sprechen für einen exponentiellen Anstieg.

c) Berechnen Sie die quadratischen und exponentiellen Modelle für die Bakterienvermehrung über die Zeit.

```
# quadratisch
q <- lm(Bakterien ~ Stunden + I(Stunden^2), data=df)
summary(q)
```

```
Call:
lm(formula = Bakterien ~ Stunden + I(Stunden^2), data = df)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-16.617  -8.297  -1.430   9.916  15.442

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   53.2381    15.9862   3.330   0.0158 *
Stunden      -26.7420     7.3403  -3.643   0.0108 *
I(Stunden^2)   6.8009     0.7159   9.500 7.75e-05 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 12.56 on 6 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9919,    Adjusted R-squared:  0.9892
F-statistic: 368.8 on 2 and 6 DF,  p-value: 5.254e-07
```

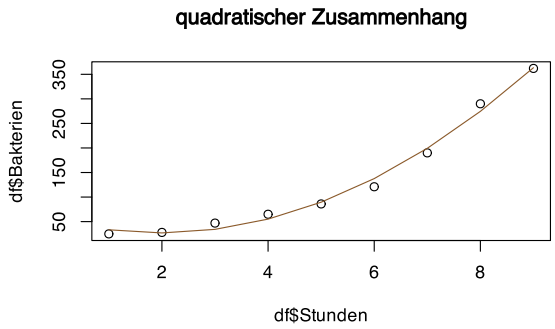
```
# exponentiell
e <- lm(log(Bakterien) ~ Stunden, data=df)
summary(e)
```

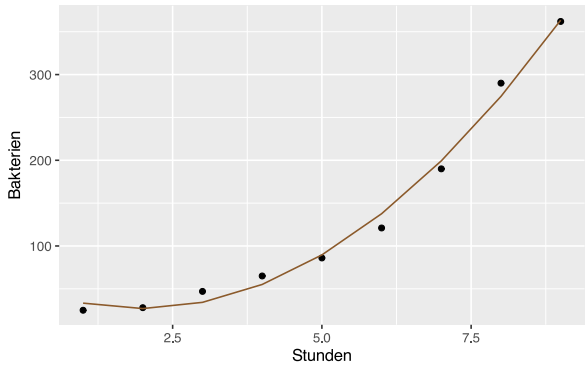
```
Call:
lm(formula = log(Bakterien) ~ Stunden, data = df)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.12676 -0.06057  0.01145  0.03920  0.11190

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  2.75498    0.06174   44.62 7.41e-10 ***
Stunden      0.35199    0.01097   32.08 7.39e-09 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.08498 on 7 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9932,    Adjusted R-squared:  0.9923
F-statistic:  1029 on 1 and 7 DF,  p-value: 7.389e-09
```

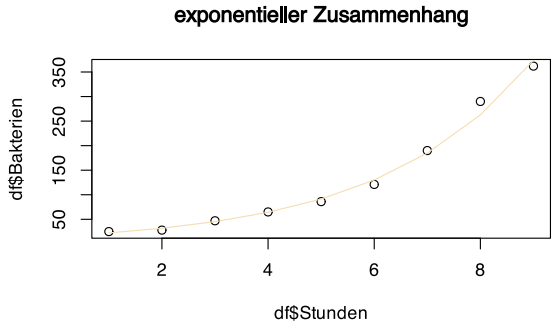
d) Plotten Sie das bessere Modell in die Punktwolke.

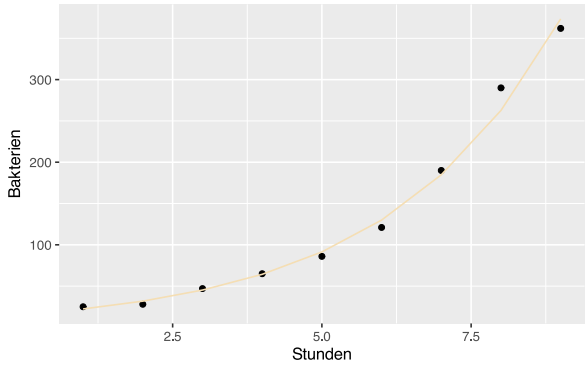
```
# Vorbereitung quadratisch
vorhersageQ <- predict(q, list(Stunden=df$Stunden))
# plot() quadratisch
plot(df$Stunden, df$Bakterien,
     main="quadratischer Zusammenhang")
lines(df$Stunden, vorhersageQ, col="tan4")
# ggplot() quadratisch
```

```
ggplot(df, aes(x=Stunden, y=Bakterien)) +
  geom_point() +
  geom_line(aes(y=vorhersageQ), col="tan4")
# Vorbereitung exponentiell
vorhersageE <- exp(predict(e, list(Stunden=df$Stunden)))

# plot() exponentiell
plot(df$Stunden, df$Bakterien,
     main="exponentieller Zusammenhang")
lines(df$Stunden, vorhersageE, col="wheat")
# ggplot() exponentiell
ggplot(df, aes(x=Stunden, y=Bakterien)) +
  geom_point() +
  geom_line(aes(y=vorhersageE), col="wheat")
```




e) Wie viele Bakterien werden nach dem besten Modell 3 Stunden nach Anlegen der Kultur vorhanden sein? Und nach 10 Stunden? Sind diese Vorhersagen zuverlässig?

```
# Vorhersage
exp(predict(e, list(Stunden=c(3, 10))))
```

```
       1        2
45.19322 531.05241
```

Nach 3 Stunden können wir 46 Bakterien erwarten, nach 10 Stunden 532.

f) Machen Sie eine möglichst zuverlässige Vorhersage über die Zeit, die benötigt wird, um 100 Bakterien in der Kultur zu haben.

```
# neues Modell
df$BakterienLog <- log(df$Bakterien)
fit <- lm(BakterienLog ~ Stunden, data=df)
a <- exp(fit$coefficients[1])
b <- fit$coefficients[2]
# Vorhersage für 100 Bakterien
(log(100) - log(a)) / b
```

```
(Intercept)
   5.256395
```

Nach ca 5.3 Stunden sind 100 Bakterien zu erwarten.

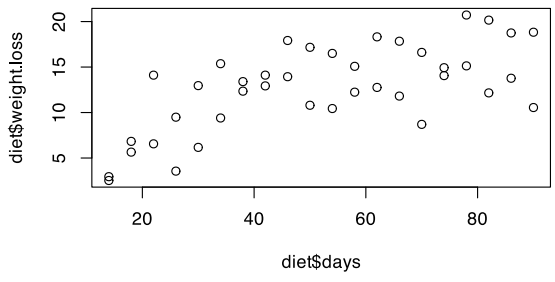
## 49.2 Lösung zur Aufgabe 45.4.2 Diät

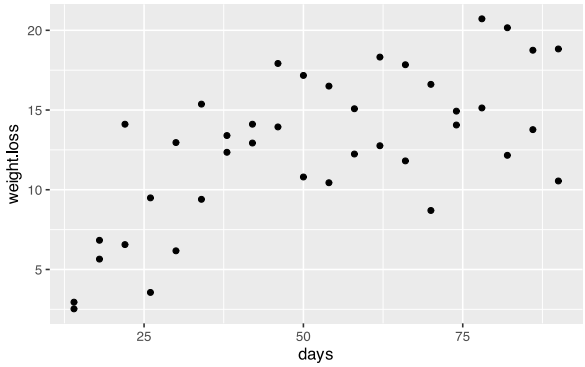
a) Laden Sie den Datensatz `diet` in Ihre R-Session.

```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/diet.RData"))
```

b) Erstellen Sie eine Punktwolke. Welche Art von Modell erklärt auf Grundlage der Punktwolke den Gewichtsverlust pro Diättag besser?

```
# plot()
plot(diet$days, diet$weight.loss)
# ggplot()
ggplot(diet, aes(x=days, y=weight.loss)) +
  geom_point()
```




c) Berechnen Sie das Regressionsmodell, welches den Gewichtsverlust mit der Anzahl an Diättagen am besten (im Vergleich zu anderen) erklären kann. Wird das Modell zuverlässige Vorhersagen machen?

```
# Vergleiche Bestimmheitsmaße verschiedener Modelle

# quadratisches Modell
q <- lm(weight.loss ~ days + I(days^2), data=diet)

# exponentielles Modell
e <- lm (log(weight.loss) ~ days, data=diet)

# logarithmisches Modell
l <- lm(weight.loss ~ log(days), data=diet)

# sigmoidales Modell
s <- lm(log(weight.loss) ~ I(1/days), data=diet)

result <- data.frame(Modell = c("quadratisch", "exponentiell",
                                "logarithmisch", "sigmoidal"),
                     R.square = c(summary(q)$r.square,
                                  summary(e)$r.square,
                                  summary(l)$r.square,
                                  summary(s)$r.square))
# Anzeigen
result[order(result$R.square, decreasing = TRUE),]
```

```
         Modell  R.square
4     sigmoidal 0.6662170
1   quadratisch 0.5397848
3 logarithmisch 0.5254856
2  exponentiell 0.4308936
```

```
## oder mit der compare.lm()-Funktion
jgsbook::compare.lm(diet$weight.loss, diet$days)
```

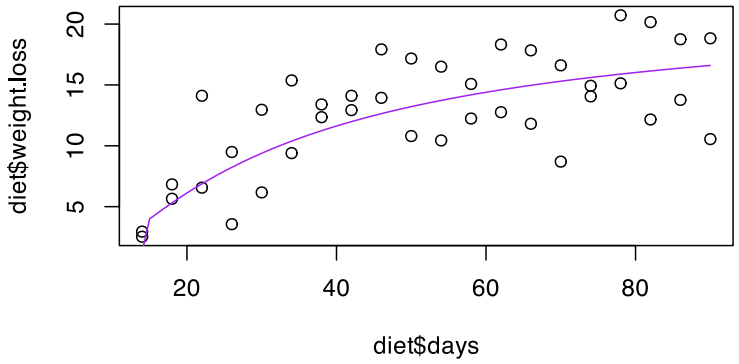
```
         Modell  R.square
6     sigmoidal 0.6662170
7        potenz 0.5684490
3       kubisch 0.5584355
2   quadratisch 0.5397848
5 logarithmisch 0.5254856
1        linear 0.4356390
4  exponentiell 0.4308936
```

Das sigmoidale Modell kann die Daten am besten erklären, da in diesem Modell das Bestimmtheitsmaß am größten ist.

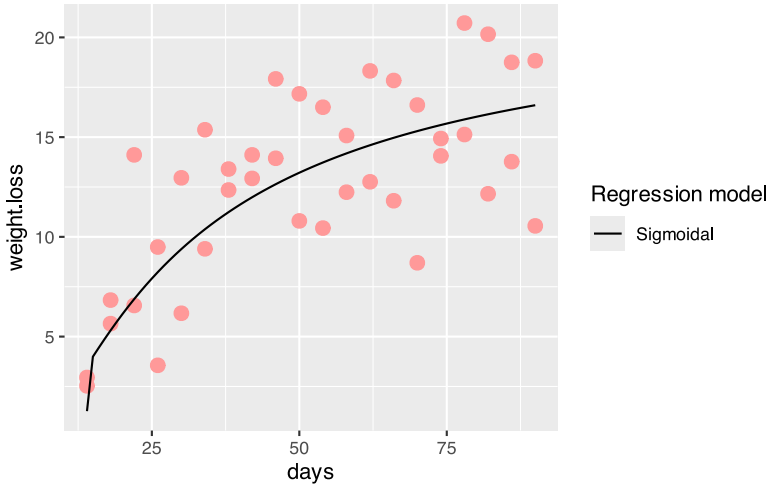
d) Plotten Sie Ihr Modell.

```
# sigmoidales Modell
s <- lm(log(weight.loss) ~ I(1/days), data=diet)

# vorhersage vorbereiten
tage <- seq(min(diet$days), max(diet$days))
# alle "tage" vorhersagen
vorhersage <- predict(s, list(days=tage))
```

```
vorhersage[-1]=exp(vorhersage[-1])

# plot()
plot(diet$days, diet$weight.loss)
lines(tage, vorhersage, col="purple")
```




```
# ggplot()
# in Datenframe für ggplot speichern
helper <- data.frame(tage, vorhersage)

ggplot(diet, aes(x=days, y=weight.loss)) +
  geom_point(color="#FF9999", size=3) +
    # Legend
    scale_linetype("Regression model") +
    # Sigmoidal model
    geom_line(data=helper, aes(x=tage, y=vorhersage, linetype="Sigmoidal"))
```

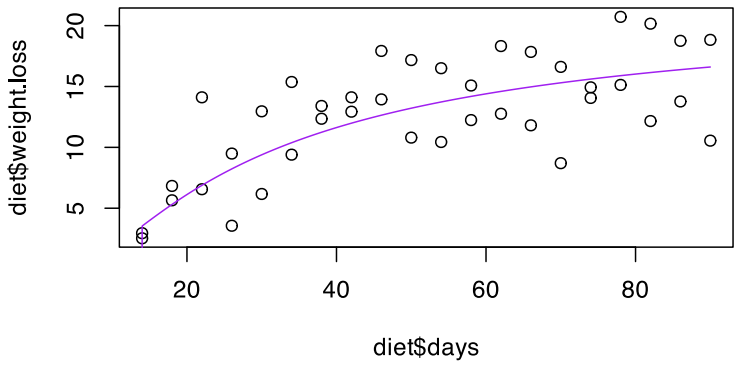



Auch die Vorhersagewerte für die Idealkurve können mittels `compare.lm()` und dem Parameter `predict=TRUE` erzeugt werden.

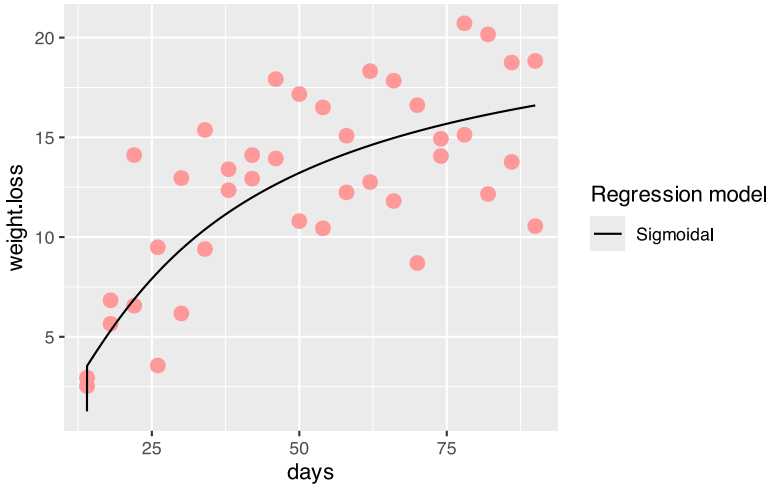
```
help <- jgsbook::compare.lm(diet$weight.loss, diet$days,
                            predict=TRUE)

# anschauen
head(help)
```

```
  pred.x     line     quad     cube     expo     loga     sigm    power
1  14.00 7.645786 4.766305 3.526750 6.714088 5.166988 1.262199 4.966500
2  14.01 7.647113 4.770032 3.532726 6.715040 5.171506 3.537806 4.969006
3  14.02 7.648440 4.773757 3.538700 6.715992 5.176020 3.542430 4.971512
4  14.03 7.649767 4.777483 3.544671 6.716944 5.180531 3.547052 4.974018
5  14.04 7.651094 4.781207 3.550641 6.717896 5.185040 3.551675 4.976523
6  14.05 7.652422 4.784931 3.556608 6.718848 5.189544 3.556296 4.979027
  logistic
1 4.261378
2 4.264669
3 4.267962
4 4.271256
5 4.274552
6 4.277850
```

```
# plot()
plot(diet$days, diet$weight.loss)
lines(help$pred.x, help$sigm, col="purple")
```




```
# ggplot()
ggplot(diet, aes(x=days, y=weight.loss)) +
  geom_point(color="#FF9999", size=3) +
    # Legend
    scale_linetype("Regression model") +
    # Sigmoidal model
    geom_line(data=help, aes(x=pred.x, y=sigm, linetype="Sigmoidal"))
```




e) Berechnen Sie das Regressionsmodell, das den Gewichtsverlust anhand der Tage der Diät für die Gruppe der Personen, die sich nicht regelmäßig körperlich betätigen, am besten erklärt.

```
# Subset bilden
df1 <- subset(diet, exercise=="no")

# Vergleiche Bestimmheitsmaße verschiedener Modelle

# quadratisches Modell
q1 <- lm(weight.loss ~ days + I(days^2), data=df1)

# exponentielles Modell
e1 <- lm (log(weight.loss) ~ days, data=df1)

# logarithmisches Modell
l1 <- lm(weight.loss ~ log(days), data=df1)

# sigmoidales Modell
s1 <- lm(log(weight.loss) ~ I(1/days), data=df1)

result1 <- data.frame(Modell = c("quadratisch", "exponentiell",
                                 "logarithmisch", "sigmoidal"),
                      R.square = c(summary(q1)$r.square,
                                   summary(e1)$r.square,
                                   summary(l1)$r.square,
                                   summary(s1)$r.square))
result1[order(result1$R.square, decreasing = TRUE),]
```

```
         Modell  R.square
4     sigmoidal 0.7401212
1   quadratisch 0.7100610
3 logarithmisch 0.6494521
2  exponentiell 0.5222832
```

```
# oder mittels compare.lm()
jgsbook::compare.lm(df1$weight.loss, df1$days)
```

```
         Modell  R.square
6     sigmoidal 0.7401212
3       kubisch 0.7151929
2   quadratisch 0.7100610
7        potenz 0.6700051
5 logarithmisch 0.6494521
1        linear 0.5286338
4  exponentiell 0.5222832
```

Das sigmoidale Modell liefert wieder die beste Erklärung der Daten.

f) Wiederholen Sie die Analyse für die Gruppe, die sich regelmäßig körperlich betätigt.

```
# Subset bilden
df2 <- subset(diet, exercise=="yes")

# Vergleiche Bestimmheitsmaße verschiedener Modelle

# quadratisches Modell
q2 <- lm(weight.loss ~ days + I(days^2), data=df2)

# exponentielles Modell
e2 <- lm (log(weight.loss) ~ days, data=df2)

# logarithmisches Modell
l2 <- lm(weight.loss ~ log(days), data=df2)

# sigmoidales Modell
s2 <- lm(log(weight.loss) ~ I(1/days), data=df2)

result2 <- data.frame(Modell = c("quadratisch", "exponentiell",
                                 "logarithmisch", "sigmoidal"),
                      R.square = c(summary(q2)$r.square,
                                   summary(e2)$r.square,
                                   summary(l2)$r.square,
                                   summary(s2)$r.square))
result2[order(result1$R.square, decreasing = TRUE),]
```

```
         Modell  R.square
4     sigmoidal 0.8305013
1   quadratisch 0.7791671
3 logarithmisch 0.7885173
2  exponentiell 0.4945564
```

```
# oder mittels compare.lm()
jgsbook::compare.lm(df2$weight.loss, df2$days)
```

```
         Modell  R.square
3       kubisch 0.8326179
6     sigmoidal 0.8305013
```

```
5 logarithmisch 0.7885173
2   quadratisch 0.7791671
7        potenz 0.6704843
1        linear 0.6623502
4  exponentiell 0.4945564
```

Das kubische Modell liefert hier die beste Erklärung der Daten.

g) Benutzen Sie die erstellen Modelle, um den Gewichtsverlust nach 30 und nach 100 Tagen Diät für Personen, die sich körperlich betätigen, und für solche, die dies nicht tun, vorherzusagen. Sind diese Vorhersagen zuverlässig?

```
# Vorhersage Kein Sport
exp(predict(s1, list(days=c(30,100))))
```

```
        1         2
 7.808926 13.806339
```

```
# Vorhersage Sport
exp(predict(s2, list(days=c(30,100))))
```

```
       1        2
11.28578 21.13143
```

## 49.3 Lösung zur Aufgabe 45.4.3 Blutkonzentration

```
df <- data.frame(Stunden = c(2:8),
                 Konzentration = c(25, 36, 48, 64, 86, 114, 168))
```

a) Benutzen Sie ein exponentielles Modell, um die Konzentration nach 10 Stunden vorherzusagen. Ist die Vorhersage zuverlässig?

```
# exponentielles Modell
fit <- lm(log(Konzentration) ~ Stunden, data=df)
summary(fit)
```

```

Call:
lm(formula = log(Konzentration) ~ Stunden, data = df)

Residuals:
        1         2         3         4         5         6         7
-0.023147  0.034218  0.014623 -0.004972 -0.016786 -0.042212  0.038276

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 2.627468   0.033673   78.03 6.55e-09 ***
Stunden     0.307277   0.006253   49.14 6.59e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.03309 on 5 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9979,    Adjusted R-squared:  0.9975
F-statistic:  2415 on 1 and 5 DF,  p-value: 6.594e-08
```

```
# Vorhersage 10 Stunden
exp(predict(fit, list(Stunden=10)))
```

```
     1
298.94
```

Nach 10 Stunden beträgt die Konzentration 298,94 mg/dl.

Das Bestimmtheitsmaß $R^2$ des Modells ist mit 0,9979 sehr groß. Die Daten werden sehr gut durch das Modell erklärt.

b) Benutzen Sie ein logarithmisches Modell um zu bestimmen, nach wie vielen Stunden eine Konzentration von 100 mg/dl erreicht sein wird.

```
# exponentielles Modell
fit <- lm(log(Konzentration) ~ Stunden, data=df)

# coefficienten
a <- fit$coefficient[1]
b <- fit$coefficient[2]

# Vorhersage 100 mg/dl
( log(100) - a ) / b
```

```
(Intercept)
   6.436209
```

Nach 6,436209 Stunden sind 100 mg/dl erreicht.

# 50 Lösungen Wahrscheinlichkeiten

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.5.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 50.1 Lösung zur Aufgabe 45.5.1 Glücksspiel

a) Lassen Sie in R eine beliebige Poker-Spielkarte ziehen.

```
# lade Kartenspiele
load(url("https://www.produnis.de/R/data/cards.RData"))

# ziehe Karte
sample(poker, 1)
```

```
[1] Kreuz 4
52 Levels: Kreuz 2 < Karo 2 < Herz 2 < Pik 2 < Kreuz 3 < Karo 3 < ... < Pik As
```

```
# alternativ kann das 'probs'-Paket verwendet werden
karten <- probs::cards(makespace=TRUE)
probs::sim(karten, ntrials=1)
```

```
  rank  suit
1    2 Heart
```

b) Lassen Sie in R 2 Münzen werfen.

```
# lade Datensatz
coin <- c("Kopf", "Zahl")

# wirf 2 Münzen
sample(coin, 2, replace=TRUE)
```

```
[1] "Kopf" "Zahl"
```

```
# alternativ kann das 'probs'-Paket verwendet werden
coin <- probs::tosscoin(2, makespace=TRUE)
probs::sim(coin, ntrials=1)
```

```
  toss1 toss2
1     H     T
```

c) Lassen Sie in R 2 Würfel werfen.

```
# lade Datensatz
würfel <- c(1:6)
```

```
# wirf 2 Münzen
sample(würfel, 2, replace=TRUE)
```

```
[1] 2 4
```

```
# alternativ kann das 'probs'-Paket verwendet werden
würfel <- probs::rolldie(2, makespace=TRUE)
probs::sim(würfel, ntrials=1)
```

```
  X1 X2
1  5  4
```

## 50.2 Lösung zur Aufgabe 45.5.2 Münzwürfe

a) Wiederholen Sie die Zufallsexperimente und lassen Sie R 10 mal, 100 mal 1.000 mal und 1.000.000 mal zwei Münzen werfen. Erstellen Sie je eine relative Häufigkeitstabelle der Ergebnisse. Wie sind die Tabellen zu bewerten?

```
# erzeuge Wahrscheinlichkeitsraum
münzen <- probs::tosscoin(2, makespace=TRUE)

# werfe 10mal 2 Münzen
versuch <- probs::sim(münzen, ntrials=10)
# berechne Wahrscheinlichkeitsverteilung
probs::empirical(versuch)
```

```
  toss1 toss2 probs
1     T     H   0.3
2     H     T   0.4
3     T     T   0.3
```

```
# werfe 100mal 2 Münzen
versuch <- probs::sim(münzen, ntrials=100)
# berechne Wahrscheinlichkeitsverteilung
probs::empirical(versuch)
```

```
  toss1 toss2 probs
1     H     H  0.30
2     T     H  0.20
3     H     T  0.28
4     T     T  0.22
```

```
# werfe 1.000mal 2 Münzen
versuch <- probs::sim(münzen, ntrials=1000)
# berechne Wahrscheinlichkeitsverteilung
probs::empirical(versuch)
```

```
  toss1 toss2 probs
1     H     H 0.252
2     T     H 0.248
3     H     T 0.249
4     T     T 0.251
```

```
# werfe 1.000.000mal 2 Münzen
versuch <- probs::sim(münzen, ntrials=1000000)
# berechne Wahrscheinlichkeitsverteilung
probs::empirical(versuch)
```

```
  toss1 toss2    probs
1     H     H 0.249949
2     T     H 0.249696
3     H     T 0.250325
4     T     T 0.250030
```

Mit zunehmender Wiederholung nähern sich die Wahrscheinlichkeitsverteilungen den relativen Häufigkeiten an.

b) Welche theoretischen Wahrscheinlichkeiten haben die möglichen Wurfergebnisse? Stimmen diese mit den beobachteten Ergebnissen überein?

Je häufiger das Zufallsexperiment wiederholt wird, desto mehr nähern sich die beobachteten Wahrscheinlichkeiten den theoretischen Wahrscheinlichkeiten an.

## 50.3 Lösung zur Aufgabe 45.5.3 Medizinschrank

a) Ziehen Sie zufällig 3 Boxen, ohne zurücklegen.

```
boxen <- c("A", "A", "A", "B", "B", "C")

# ziehe 3 Boxen ohne Zurücklegen
sample(boxen, 3, replace=FALSE)
```

```
[1] "B" "A" "B"
```

Ziehen Sie zufällig 3 Boxen, diesmal mit zurücklegen.

```
boxen <- c("A", "A", "A", "B", "B", "C")

# ziehe 3 Boxen ohne Zurücklegen
sample(boxen, 3, replace=TRUE)
```

```
[1] "B" "A" "B"
```

## 50.4 Lösung zur Aufgabe 45.5.4 Kinderkrankheiten

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Windpocken`, `Masern`, `Röteln` und `Häufigkeit` und übertragen Sie die Daten.

```
df <- tribble(
  ~Windpocken, ~Masern, ~Röteln, ~Häufigkeit,
  "No",        "No",    "No",    2654,
  "No",        "No",    "Yes",   1436,
  "No",        "Yes",   "No",    1682,
  "No",        "Yes",   "Yes",   668,
  "Yes",       "No",    "No",    1747,
  "Yes",       "No",    "Yes",   476,
  "Yes",       "Yes",   "No",    876,
  "Yes",       "Yes",   "Yes",   265
)
```

b) Erstellen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum der Lebenszeitprävalenz.

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
wr <- probs::probspace(df[,-4], probs=df$Häufigkeit/sum(df$Häufigkeit))
wr
```

```
  Windpocken Masern Röteln      probs
1         No     No     No 0.27070583
2         No     No    Yes 0.14647083
3         No    Yes     No 0.17156263
4         No    Yes    Yes 0.06813545
5        Yes     No     No 0.17819257
6        Yes     No    Yes 0.04855161
7        Yes    Yes     No 0.08935129
8        Yes    Yes    Yes 0.02702978
```

```
# Erstelle daraus die marginale Verteilung
probs::marginal(wr)
```

```
  Windpocken Masern Röteln      probs
1         No     No     No 0.27070583
2        Yes     No     No 0.17819257
3         No    Yes     No 0.17156263
4        Yes    Yes     No 0.08935129
5         No     No    Yes 0.14647083
6        Yes     No    Yes 0.04855161
7         No    Yes    Yes 0.06813545
8        Yes    Yes    Yes 0.02702978
```

c) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person Windpocken hatte?

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
wr <- probs::probspace(df[,-4], probs=df$Häufigkeit/sum(df$Häufigkeit))
# berechne Wahrscheinlichkeit
probs::Prob(wr, event=Windpocken=="Yes")
```

```
[1] 0.3431253
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 34.31%.

d) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person Windpocken oder Masern hatte?

```
# berechne Wahrscheinlichkeit
probs::Prob(wr, event=Windpocken=="Yes" | Röteln=="Yes")
```

```
[1] 0.5577315
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 55.77%.

e) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person Masern und Röteln hatte?

```
# berechne Wahrscheinlichkeit
probs::Prob(wr, event=Masern=="Yes" & Röteln=="Yes")
```

```
[1] 0.09516524
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 9.52%.

f) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person, die bereits an Masern erkrankte, nun an Windpocken erkrankt?

```
# berechne Wahrscheinlichkeit
probs::Prob(wr, event=Windpocken=="Yes", given= Masern=="Yes")
```

```
[1] 0.3268404
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 32.68%.

g) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig gezogene Person, die keine Masern und keine Röteln hatte, an Windpocken erkrankt?

```
# berechne Wahrscheinlichkeit
probs::Prob(wr, event=Masern=="No" & Röteln=="No",
                given= Windpocken=="Yes")
```

```
[1] 0.5193222
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 51.93%.

## 50.5 Lösung zur Aufgabe 45.5.5 Schwangerschaftstest

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `Schwanger`, `Testergebnis` und `Häufigkeit`.

```
df <- tribble(
  ~Schwanger, ~Test, ~Häufigkeit,
    "Nein", "-",   3876,
    "Nein", "+",  47,
    "Ja", "-",  12,
```

```
    "Ja", "+", 131
)
```

b) Erstellen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum.

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
wr <- probs::probspace(df[,-3], probs=df$Häufigkeit/sum(df$Häufigkeit))
wr
```

```
  Schwanger Test       probs
1      Nein    - 0.953271028
2      Nein    + 0.011559272
3        Ja    - 0.002951303
4        Ja    + 0.032218396
```

```
# Erstelle daraus die marginale Verteilung
probs::marginal(wr)
```

```
  Schwanger Test       probs
1        Ja    - 0.002951303
2      Nein    - 0.953271028
3        Ja    + 0.032218396
4      Nein    + 0.011559272
```

c) Berechnen Sie die Prävalenz der Schwangerschaften.

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
probs::Prob(wr, event=Schwanger=="Ja")
```

```
[1] 0.0351697
```

Die Prävalenz liegt bei 3.52%.

d) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, ein positives Testergebnis zu ziehen?

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
probs::Prob(wr, event=Test=="+")
```

```
[1] 0.04377767
```

Die Wahrscheinlichkeit liegt bei 4.38%.

e) Bestimmen Sie die Sensitivität des Tests

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
probs::Prob(wr, event=Test=="+", given= Schwanger=="Ja")
```

```
[1] 0.9160839
```

Die Sensitivität liegt bei 91.61%.

f) Bestimmen Sie die Spezifität des Tests

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
probs::Prob(wr, event=Test=="-", given= Schwanger=="Nein")
```

```
[1] 0.9880194
```

Die Spezifität liegt bei 98.8%.

g) Bestimmen Sie den positiv prädiktiven Wert des Tests

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
probs::Prob(wr, event=Schwanger=="Ja", given=Test=="+")
```

```
[1] 0.7359551
```

Der positiv prädiktive Wert liegt bei 73.6%.

h) Bestimmen Sie den negativ prädiktiven Wert des Tests

```
# Wahrscheinlichkeitsraum
probs::Prob(wr, event=Schwanger=="Nein", given=Test=="-")
```

```
[1] 0.9969136
```

Der negative prädiktive Wert liegt bei 99.69%.

Caution

Alternativ kann auch die Funktion `sens.spec()` aus dem Paket `jgsbook` verwendet werden:

```
jgsbook::sens.spec(rp=131, fp=12, rn=3876, fn=47)
```

```
  sens  spec   ppw  npw
1 73.6 99.69 91.61 98.8
```

## 50.6 Lösung zur Aufgabe 45.5.6 Glückspielwahrscheinlichkeiten

Erstelle den Ereignisraum des Zufallsexperiments, das aus dem Werfen einer Münze, dem Werfen eines Würfels und dem Ziehen einer Karte aus einem französischen Kartenspiel besteht.

```
würfel <- 1:6
münze <- c("Kopf", "Zahl")
bild <- c(7:10 ,"B", "D", "K", "A")
farbe <- c("Kreuz", "Pik", "Karo", "Herz")

Ereignisraum <- expand.grid(Münze=münze, Bild=bild,
                            Farbe=farbe, Würfel=würfel)
head(Ereignisraum)
```

```
  Münze Bild Farbe Würfel
1  Kopf    7 Kreuz      1
2  Zahl    7 Kreuz      1
3  Kopf    8 Kreuz      1
4  Zahl    8 Kreuz      1
5  Kopf    9 Kreuz      1
6  Zahl    9 Kreuz      1
```

## 50.7 Lösung zur Aufgabe 45.5.7 Grippeimpfung

```
df <- tribble(
  ~Impfung, ~Grippe, ~Häufigkeit,
   "Nein",   "Nein",   418,
   "Nein",    "Ja",    312,
   "Ja",     "Nein",   233,
   "Ja",     "Ja",   37)
```

a) Erzeugen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum

```
wr <- probs::probspace(df[,-3],probs=df$Häufigkeit/sum(df$Häufigkeit))
wr
```

```
  Impfung Grippe probs
1    Nein   Nein 0.418
2    Nein     Ja 0.312
3      Ja   Nein 0.233
4      Ja     Ja 0.037
```

```
# Erstelle daraus die marginale Verteilung
probs::marginal(wr)
```

```
  Impfung Grippe probs
1      Ja     Ja 0.037
2    Nein     Ja 0.312
3      Ja   Nein 0.233
4    Nein   Nein 0.418
```

b) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig ausgewählte Person geimpft ist?

```
probs::Prob(wr,event=Impfung=="Ja")
```

```
[1] 0.27
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 27%.

c) Wie hoch ist die Prävalenz der Grippe?

```
probs::Prob(wr,event=Grippe=="Ja")
```

```
[1] 0.349
```

Die Prävalenz beträgt 34.9%.

d) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass geimpfte Personen an Grippe erkranken? Ist die Impfung effektiv?

```
probs::Prob(wr,event=Grippe=="Ja", given=Impfung=="Ja")
```

```
[1] 0.137037
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 13.7%.

## 50.8 Lösung zur Aufgabe 45.5.8 Ebola

```
df <- tribble(
  ~Ebola, ~Test, ~Häufigkeit,
   "Nein",   "+",   28,
   "Nein",    "-",    97465,
   "Ja",     "+",   147,
   "Ja",     "-",   65)
```

a) Erzeugen Sie den Wahrscheinlichkeitsraum

```
wr <- probs::probspace(df[,-3],probs=df$Häufigkeit/sum(df$Häufigkeit))
wr
```

```
  Ebola Test        probs
1  Nein    + 0.0002865769
2  Nein    - 0.9975436262
3    Ja    + 0.0015045289
4    Ja    - 0.0006652679
```

```
# Erstelle daraus die marginale Verteilung
probs::marginal(wr)
```

```
  Ebola Test        probs
1    Ja    - 0.0006652679
2  Nein    - 0.9975436262
3    Ja    + 0.0015045289
4  Nein    + 0.0002865769
```

b) Berechnen Sie die Prävalenz von Ebola in der Bevölkerung.

```
probs::Prob(wr,event=Ebola=="Ja")
```

```
[1] 0.002169797
```

Die Prävalenz beträgt 0.22%.

c) Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, ein negatives Testergebnis zu erhalten?

```
probs::Prob(wr,event=Test=="-")
```

```
[1] 0.9982089
```

Die Prävalenz beträgt 99.82%.

d) Berechnen Sie die Sensitivität und Spezifität des Tests.

```
# entweder
# Sensitivität
probs::Prob(wr,event=Test=="+", given=Ebola=="Ja")
```

```
[1] 0.6933962
```

```
# Spezifität
probs::Prob(wr,event=Test=="-", given=Ebola=="Nein")
```

```
[1] 0.9997128
```

```
# oder
jgsbook::sens.spec(fp=28, rn=97465, rp=147, fn=65)
```

```
   sens  spec ppw   npw
1 69.34 99.97  84 99.93
```

e) Kann der Test besser Erkrankte erkennen, oder Gesunde?

```
jgsbook::sens.spec(fp=28, rn=97465, rp=147, fn=65)
```

```
   sens  spec ppw   npw
1 69.34 99.97  84 99.93
```

Er kann besser Gesunde erkennen.

f) Wenn eine Person einen positiven Test erhält, wie hoch ist dann die Wahrscheinlichkeit, dass er tatsächlich krank ist?

```
# positiv prädiktiv
probs::Prob(wr,event=Ebola=="Ja", given=Test=="+")
```

```
[1] 0.84
```

Die Wahrscheinlichkeit liegt bei 84%.

g) Wenn eine Person einen negativen Test erhält, wie hoch ist dann die Wahrscheinlichkeit, dass er tatsächlich gesund ist?

```
# negativ prädiktiv
probs::Prob(wr,event=Ebola=="Nein", given=Test=="-")
```

```
[1] 0.9993335
```

Die Wahrscheinlichkeit liegt bei 99.93%.

# 51 Lösungen Diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilungen

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.6.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 51.1 Lösung zur Aufgabe 45.6.1 Münzwurf

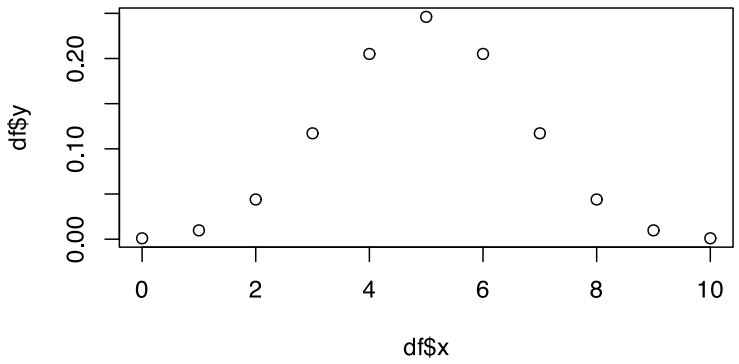
a) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung von X

```
# mögliche Ausprägungen von x
x <- 0:10
# Wahrscheinlichkeiten berechnen
w <- dbinom(x, size = 10, prob = 0.50)

data.frame(Kopf=x, Wahrscheinlichkeit = w)
```

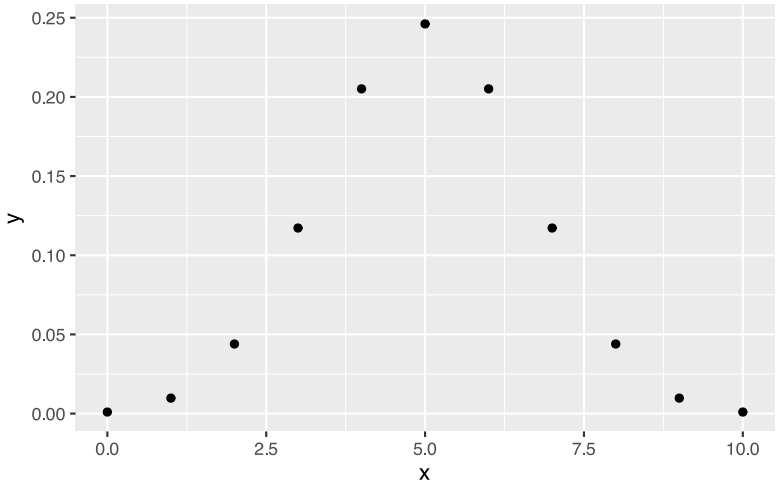
```
   Kopf Wahrscheinlichkeit
1     0       0.0009765625
2     1       0.0097656250
3     2       0.0439453125
4     3       0.1171875000
5     4       0.2050781250
6     5       0.2460937500
7     6       0.2050781250
8     7       0.1171875000
9     8       0.0439453125
10    9       0.0097656250
11   10       0.0009765625
```

b) Plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktion von X

```
# mögliche Ausprägungen von x
x <- 0:10
df = data.frame(x, y=dbinom(x, size = 10, prob = 0.50))

# plot()
plot(df$x, df$y)
```

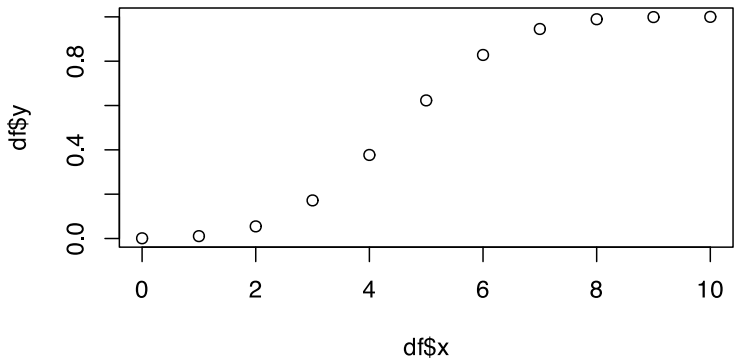



```r
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_point()
```

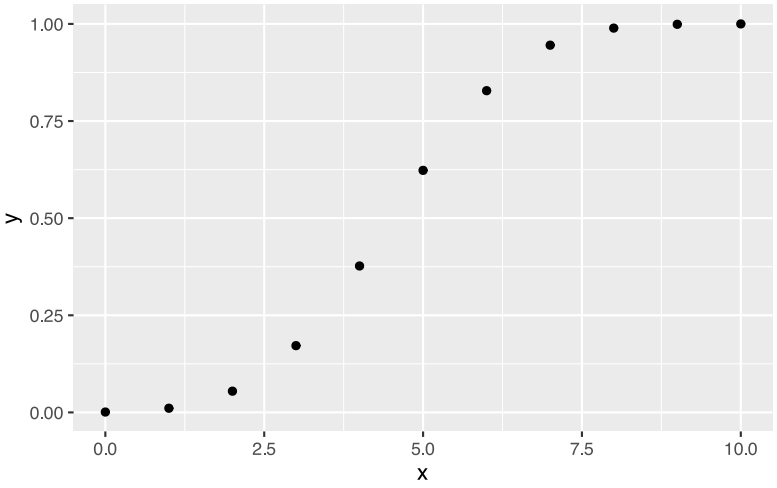



### c) Plotten Sie die Dichteverteilung

```r
# mögliche Ausprägungen von x
x <- 0:10
df = data.frame(x, y=pbinom(x, size = 10, prob = 0.50))

# plot()
plot(df$x, df$y)
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_point()
```




d) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, 7 mal `Kopf` zu werfen.

```
dbinom(7, size = 10, prob = 0.50)
```

```
[1] 0.1171875
```

e) Berchnen Sie die Wahrscheinlichkeit, weniger als als 4 mal `Kopf` zu werfen.

```
pbinom(4, size = 10, prob = 0.50, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 0.3769531
```

f) Berchnen Sie die Wahrscheinlichkeit, mehr als als 5 mal `Kopf` zu werfen.

```
pbinom(5, size = 10, prob = 0.50, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.3769531
```

g) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, 2 bis 8 mal `Kopf` zu werfen.

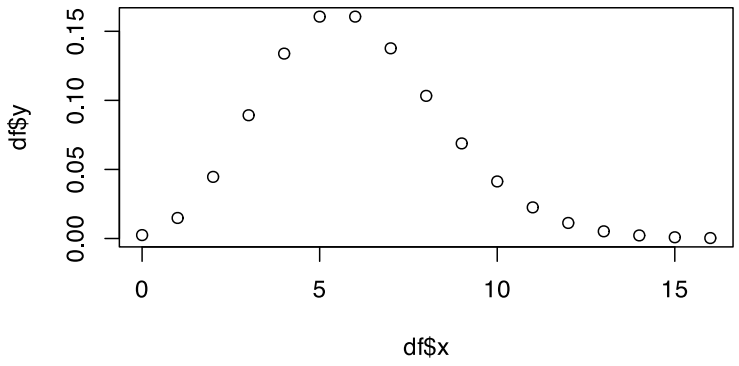
```
# weniger als 2mal
w2 <- pbinom(1, size = 10, prob = 0.5)
# weniger als 8mal
w8 <- pbinom(8, size = 10, prob = 0.5)

# Wahrscheinlichkeit 2 bis 8 Köpfe zu werfen
w8 - w2
```

```
[1] 0.9785156
```

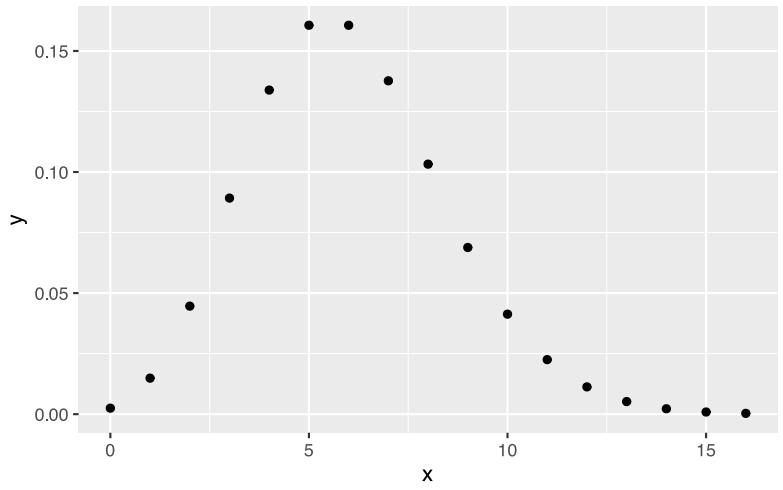
## 51.2 Lösung zur Aufgabe 45.6.2 Geburten pro Tag

a) Plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktion von `X`

```
#  x-Achse
x = 0:16
# Poisson-Werte
df = data.frame(x, y=dpois(x, lambda = 6))

# plot()
plot(df$x, df$y)
```

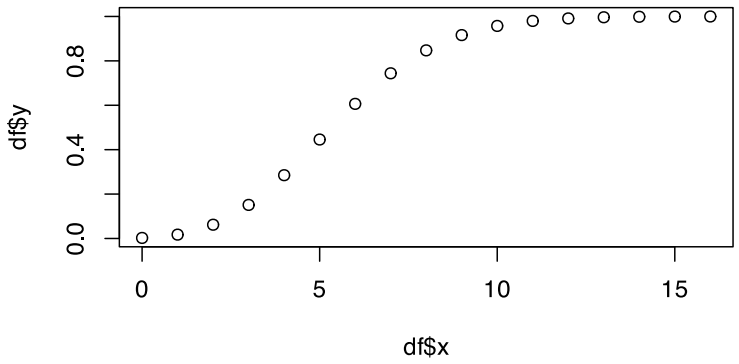



```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_point()
```

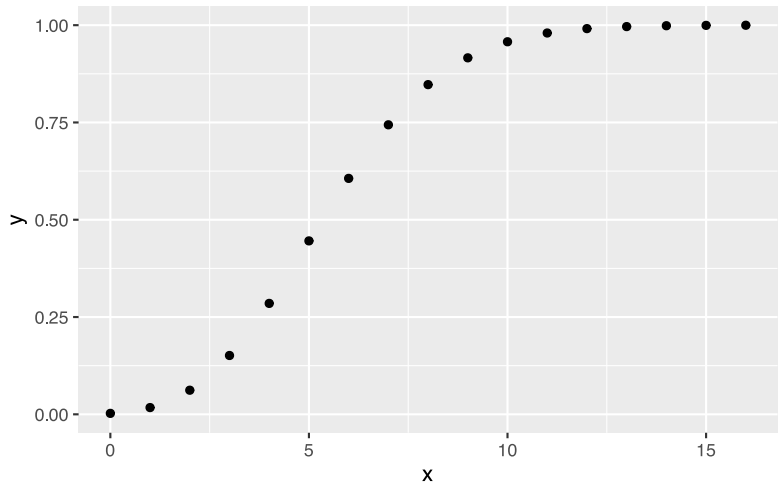



b) Plotten Sie die Verteilungsfunktion von X

```
#  x-Achse
x = 0:16
# Poisson-Werte
df = data.frame(x, y=ppois(x, lambda = 6))

# plot()
plot(df$x, df$y)
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_point()
```




c) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag (nur) 1 Geburt stattfindet?

```
dpois(1, lambda = 6)
```

```
[1] 0.01487251
```

d) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag weniger als 6 Geburten stattfinden?

```
ppois(5, lambda = 6, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 0.4456796
```

e) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag 4 oder mehr Geburten stattfinden?

```
ppois(3, lambda = 6, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.8487961
```

f) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass an einem zufälligen Tag 4 bis 8 Geburten stattfinden?

```
# entweder
sum(dpois(4:8, lambda=6))
```

```
[1] 0.6960336
```

```
# oder
ppois(8, lambda=6) - ppois(3, lambda=6)
```

```
[1] 0.6960336
```

g) Wie groß ist die Wahrscheinlicheit, dass in einer Woche zwischen 30 und 40 Geburten stattfinden?

```
# lambda für eine Woche = 7* 6 = 42
ppois(40, lambda=42) - ppois(29, lambda=42)
```

```
[1] 0.3959028
```

## 51.3 Lösung zur Aufgabe 45.6.3 Gesetz der seltenen Ereignisse

a) berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung des binomialen Modells $B(30, 0.1)$.

```
dbinom(c(0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10), size = 30, prob = 0.1)
```

```
 [1] 0.0423911583 0.1413038609 0.2276562204 0.2360879322 0.1770659492
 [6] 0.1023047706 0.0473633197 0.0180431694 0.0057637902 0.0015654739
[11] 0.0003652772
```

b) berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung des Poissonmodells $P(3)$ und vergleichen Sie es mit dem binomialen Modell $B(30, 0.1)$.

```
result <- data.frame(binomial= dbinom(c(0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10),
                                      size = 30, prob = 0.1),
                     poisson = dpois(c(0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10),
                                     lambda = 3))
head(result)
```

```
    binomial    poisson
1 0.04239116 0.04978707
2 0.14130386 0.14936121
3 0.22765622 0.22404181
4 0.23608793 0.22404181
5 0.17706595 0.16803136
6 0.10230477 0.10081881
```

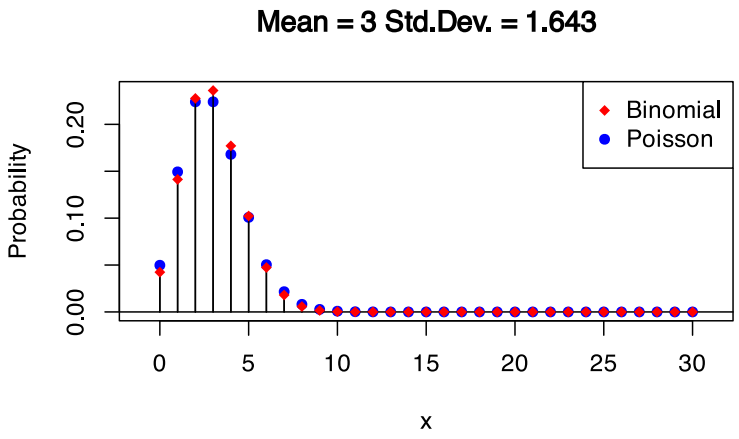
c) berechnen Sie die Wahrscheinlichkeitsverteilung des binomialen Modells $B(100, 0.3)$ und vergleichen Sie es es mit dem Modell $P(3)$. Sind diese Modelle ähnlicher als die vorherigen?

```
result <- data.frame(binomial= dbinom(c(0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10),
                                      size = 100, prob = 0.3),
                     poisson = dpois(c(0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10),
                                     lambda = 3))
head(result)
```

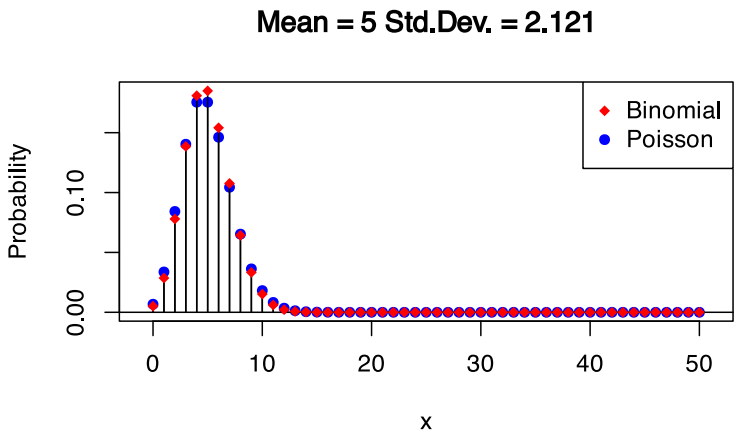
```
      binomial    poisson
1 3.234477e-16 0.04978707
2 1.386204e-14 0.14936121
3 2.940733e-13 0.22404181
4 4.117027e-12 0.22404181
5 4.278767e-11 0.16803136
6 3.520814e-10 0.10081881
```

d) Plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktionen der vorherigen Modelle. Erhöhen Sie die Anzahl der Wiederholungen und verringern Sie die Erfolgswahrscheinlichkeit im Binomialmodell und beobachten Sie, wie sich die Wahrscheinlichkeiten des Binomialmodells und des Poissonmodells annähern.

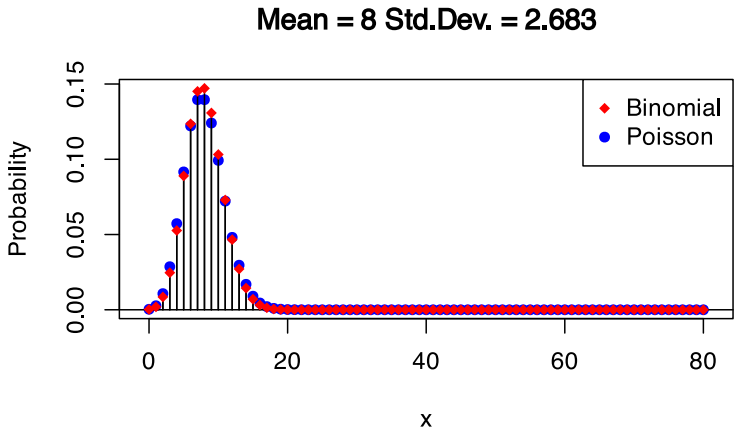
```
# um nicht immer wieder den selben Plot-Befehl aufzurufen
# erstellen wir eine Hilfsfunktion
#-----------------------------------------------------
myplot <- function(n, p){
  # vorberechnen
  mu <- p*n
  sd <- sqrt(n*p*(1-p))
  # plotten
  plot( seq(0,n), dpois( seq(0,n), mu ), type="h",
       xlim=c(-1,n+1), xlab="x", ylab="Probability",
       ylim=range(0,dpois( seq(0,n), mu), dbinom(seq(0,n),n,p)))
  points( seq(0,n), dpois( seq(0,n), mu ), pch=16, col="blue")
  points( seq(0,n), dbinom( seq(0,n), n, p), type="h")
  abline(h=0)
  points( seq(0,n), dbinom( seq(0,n), n, p), pch=18, col="red" )
  title( paste("Mean", "=", round(mu,3), "Std.Dev.", "=", round(sd,3)))
  legend("topright", c("Binomial", "Poisson"),
         col = c("red","blue"), pch = c(18,16))   }
#-----------------------------------------------------

# plots vergleichen
myplot(30, 0.1)
```



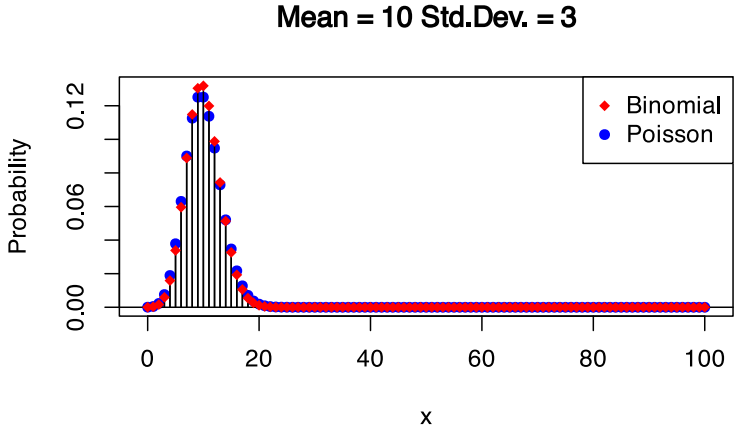

```
myplot(50, 0.1)
```



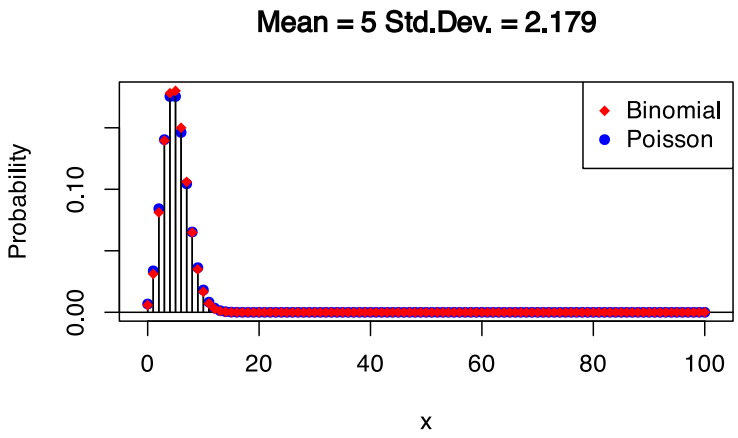

```
myplot(80, 0.1)
```



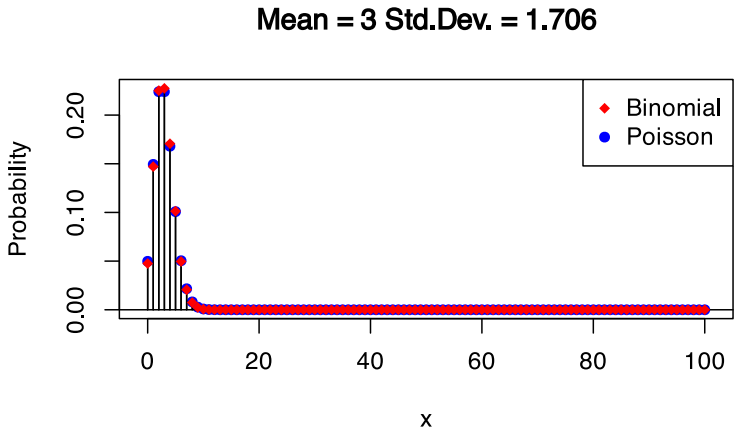

```
myplot(100, 0.1)
```




```
myplot(100, 0.05)
```




```
myplot(100, 0.03)
```




## 51.4 Lösung zur Aufgabe 45.6.4 Münzwürfe (II)

Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, beim Werfen von 100 Münzen zwischen 40 und 60 Mal `Kopf` zu erhalten (beide Werte eingeschlossen)?

```
sum(dbinom(40:60, size = 100, prob = 0.5))
```

```
[1] 0.9647998
```

## 51.5 Lösung zur Aufgabe 45.6.5 Behandlungserfolg

a) wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass die Hälfte der Patienten geheilt wird?

```
# n=6 Patienten
# p =0.85
# k=3 (die Hälfte von 6)
dbinom(3, size = 6, prob = 0.85)
```

```
[1] 0.04145344
```

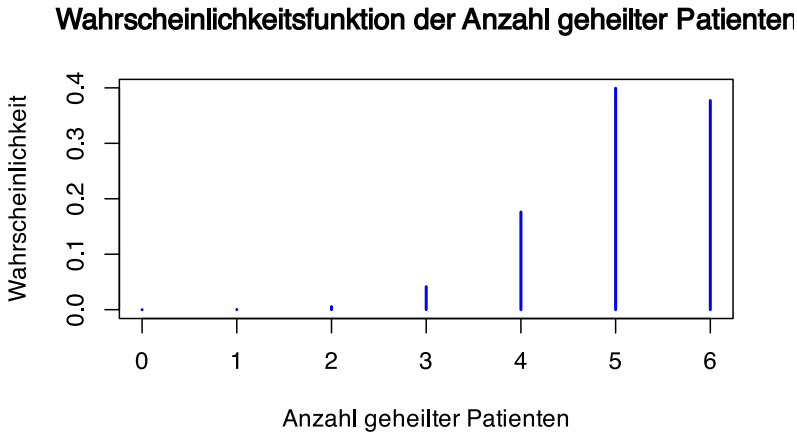
b) wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass mindestens 4 Patienten geheilt werden?

```
pbinom(3, size = 6, prob = 0.85, lower.tail = FALSE)
```

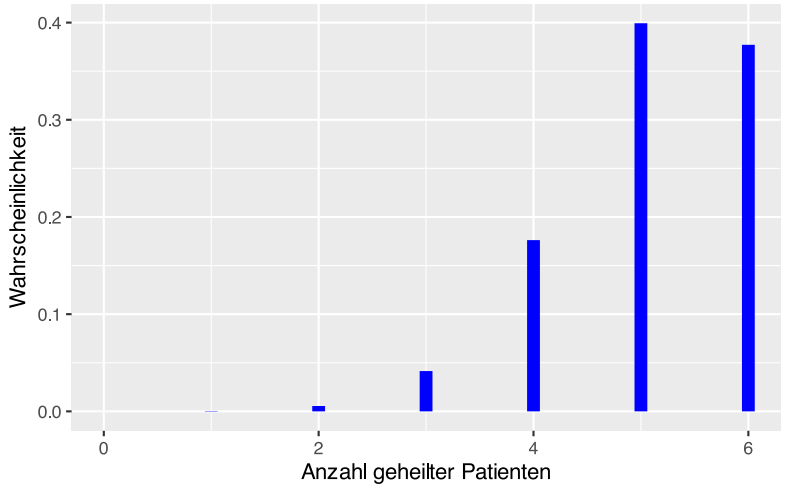
```
[1] 0.9526614
```

c) plotten Sie die Wahrscheinlichkeitsfunktion für die Anzahl geheilter Patienten.

```
df <- data.frame(x=0:6,
                 y=dbinom(0:6, size = 6, prob = 0.85))

# plot()
plot(df$x, df$y, type="h", lwd=2, col="blue",
     xlab = "Anzahl geheilter Patienten",
     ylab = "Wahrscheinlichkeit",
     main = "Wahrscheinlichkeitsfunktion der Anzahl geheilter Patienten")
```




```
# ggplot
ggplot(df, aes(x=x, y=0, xend=x, yend=y)) +
  geom_segment(col="blue", lwd=3) +
  xlab("Anzahl geheilter Patienten") +
  ylab("Wahrscheinlichkeit")
```




## 51.6 Lösung zur Aufgabe 45.6.6 Impfreaktion

Die Wahrscheinlichkeit einer starken Impfreaktion beträgt $0,001$. Wenn 2.000 Personen geimpft werden, wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit für starke Reaktionen?

```
# n=2000 Patienten
# p =0.001
# k=1
pbinom(1, size = 2000, prob = 0.001, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.5941296
```

## 51.7 Lösung zur Aufgabe 45.6.7 Telefonanrufe

a) Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass weniger als 4 Anrufe in 2 Sekunden eintreffen?

```
# 120 Anrufe pro Minute sind
# 2 Anrufe pro Sekunde
# lambda für 2 Sekunden ist also 4
ppois(3, lambda=4, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 0.4334701
```

b) Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass mindestens 3 Anrufe in 3 Sekunden eintreffen?

```
ppois(2, lambda=6, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.9380312
```

# 52 Lösungen kontinuierliche Wahrscheinlichkeitsverteilungen

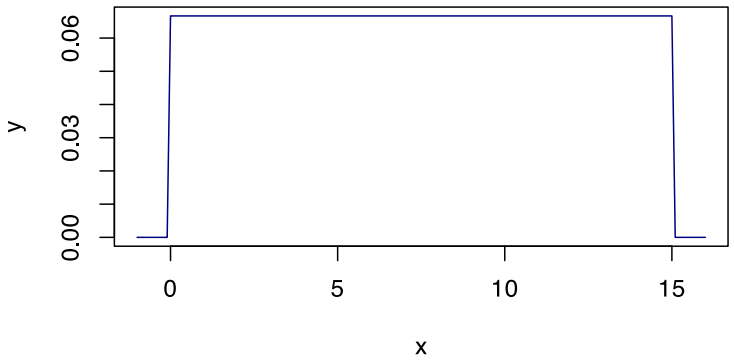
Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.7.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

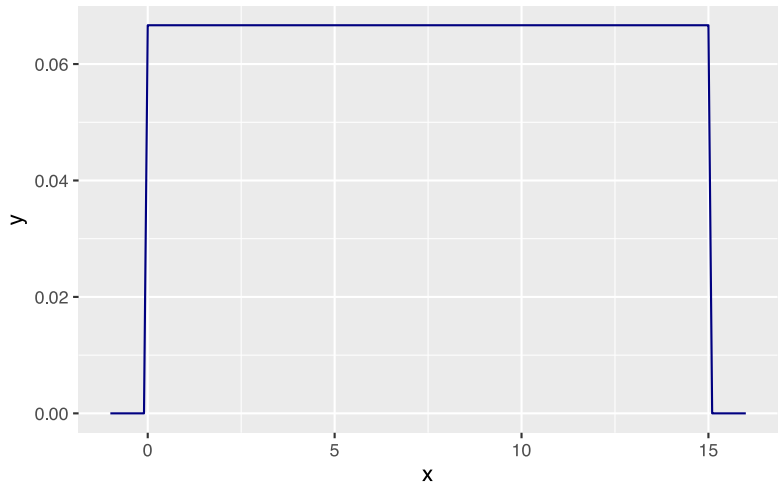
## 52.1 Lösung zur Aufgabe 45.7.1 Bushaltestelle

a) Plotten Sie die Dichtefunktion der Wartezeit.

```
# x-Werte
x <- seq(-1, 16, by=0.1)
# Dichtefunktion der Uniformverteilung für alle x
y <- dunif(x, min=0, max=15)
# Datenframe
df <- data.frame(x, y)

# plot()
plot(x,y, type="l", col="navyblue")
```

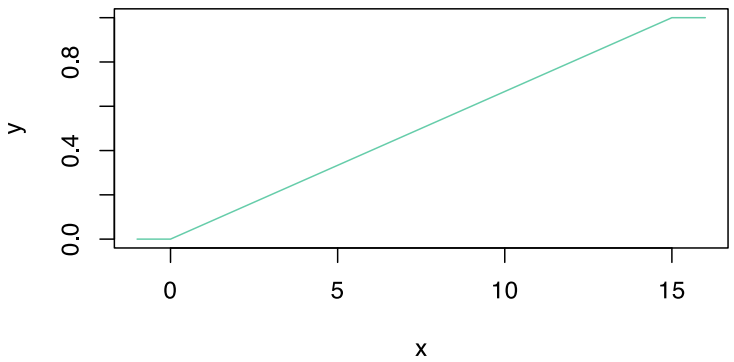



```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_line(col="navyblue")
```

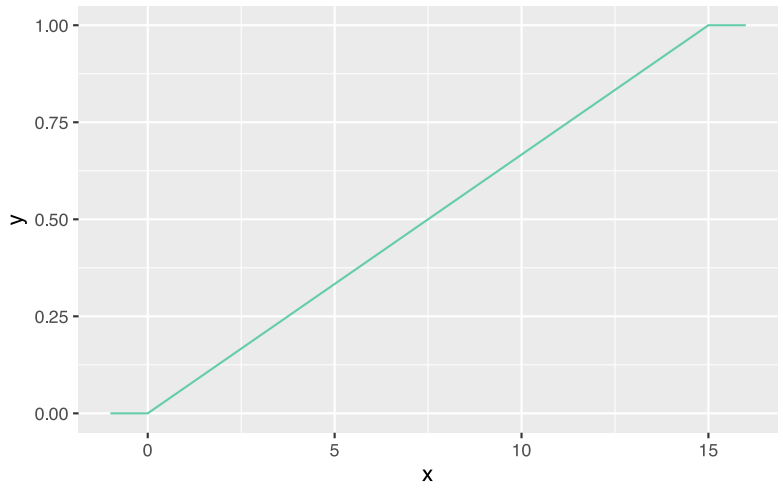



b) Plotten Sie die Verteilungsfunktion der Wartezeit.

```
# x-Werte
x <- seq(-1, 16, by=0.1)
# Verteiluingsfunktion der Uniformverteilung für alle x
y <- punif(x, min=0, max=15)
# Datenframe
df <- data.frame(x, y)

# plot()
plot(x,y, type="l", col="aquamarine3")
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_line(col="aquamarine3")
```




c) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, weniger als 5 Minuten auf den Bus zu warten.

```
punif(5, min = 0, max = 15, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 0.3333333
```

d) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, länger als 12 Minuten auf den Bus zu warten.

```
punif(12, min = 0, max = 15, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.2
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 20%.

e) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, zwischen 5 und 10 Minuten auf den Bus zu warten.

```
punif(10, min = 0, max = 15) - punif(5, min = 0, max = 15)
```

```
[1] 0.3333333
```

Die Wahrscheinlichkeit beträgt 33,33%.

f) Bei welcher Zeit zwischen 0 und 15 Minuten muss die Hälft der Personen kürzer auf den Bus warten als die angegebene Zeit?

```
qunif(0.5, min = 0, max = 15, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 7.5
```

50% der Personen muss weniger als 7,5 Minuten auf den Bus warten.

g) Bei welcher Zeit zwischen 0 und 15 Minuten müssen 10% der Personen länger auf den Bus warten als die angegebene Zeit?

```
qunif(0.1, min = 0, max = 15, lower.tail=FALSE)
```

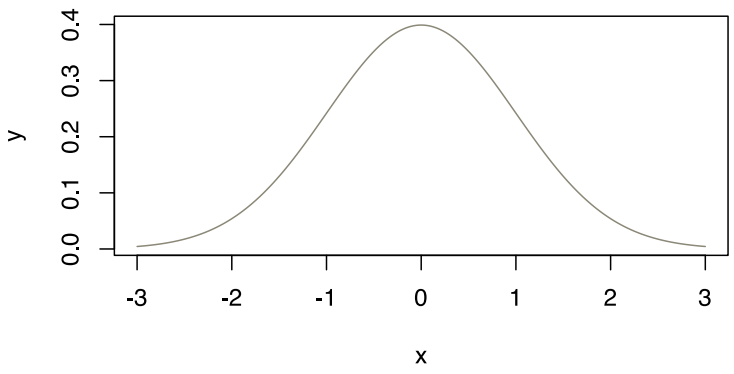
```
[1] 13.5
```

10% der Personen müssen länger als 13,5 Minuten auf den Bus warten.

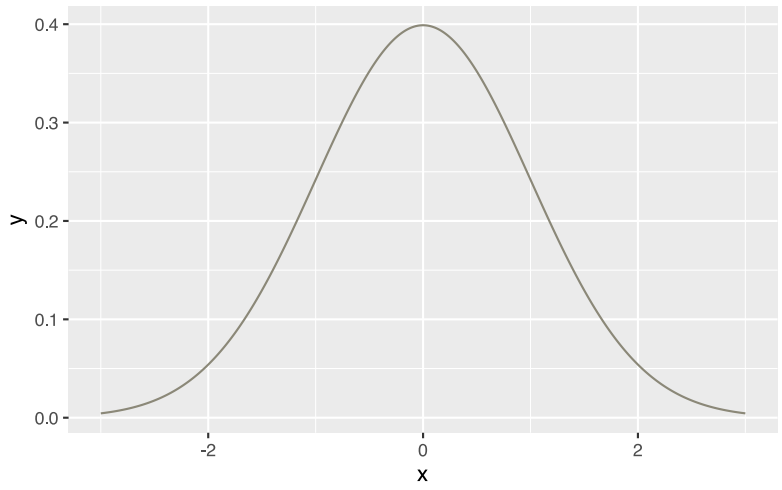
## 52.2 Lösung zur Aufgabe 45.7.2 Standardnormalverteilung

a) Plotten Sie die Dichtefunktion von $Z$.

```
x <- seq(-3, 3, 0.01)
y <- dnorm(x, mean = 0, sd = 1)

df = data.frame(x = x, y = y)

# plot()
plot(x,y, type="l", col="cornsilk4")
```

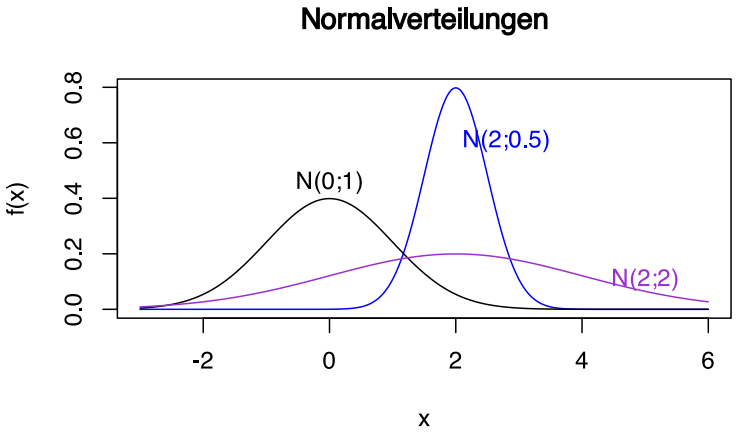



```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_line(col="cornsilk4")
```




b) Wie beeinflussen Mittelwert und Standardabweichung die Form der Gausschen Glockenkurve?

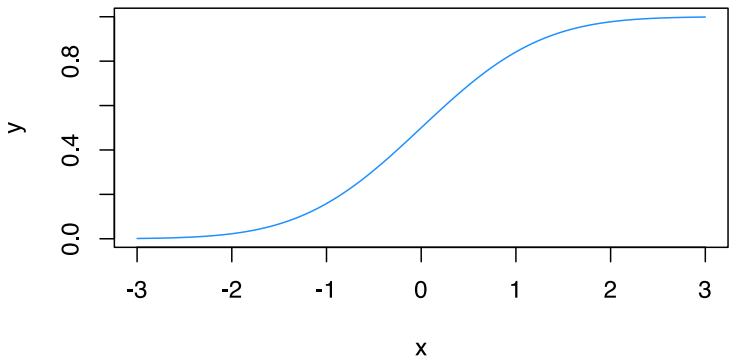
```
# erzeuge neue Werte von -3 bis 6
x <- seq(-3,6, by=0.005)

# Alles zusammen plotten
plot(x,dnorm(x,mean=2,s=0.5), col="blue", type="l", xlab="x",
     ylab="f(x)",main="Normalverteilungen")
lines(x,dnorm(x,mean=0,s=1), col="black")
lines(x,dnorm(x,mean=2,s=2), col="darkorchid")
text(0,.45,"N(0;1)")
text(2.8, 0.6, "N(2;0.5)", col="blue")
text(5, 0.1, "N(2;2)", col="darkorchid")
```



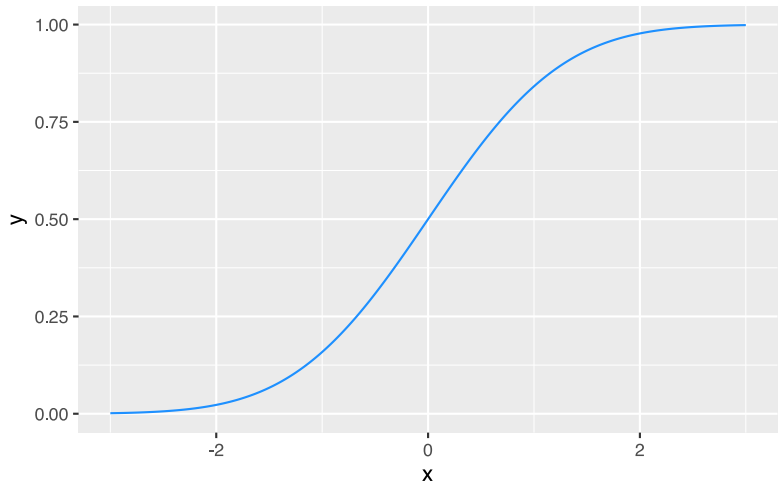

Der MIttelwert verschiebt die Kurve, die Standardabweichung verformt sie. Je größer die Standardabweichung, desto flacher und breiter ist die Kurve.

c) Plotten Sie die Verteilungsfunktion von $Z$.

```
# erzeuge neue Werte von -3 bis 3
x <- seq(-3, 3, 0.01)
y <- pnorm(x, mean=0, sd=1)
df = data.frame(x, y)

# plot()
plot(x,y, type="l", col="dodgerblue1")
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_line(col="dodgerblue1")
```




d) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit $P(Z < -1)$.

```
pnorm(-1, mean=0, sd=1, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 0.1586553
```

e) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit $P(Z > 1)$.

```
pnorm(1, mean=0, sd=1, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.1586553
```

f) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass $Z$ zwischen dem Mittelwert minus der Standardabweichung und dem Mittelwert plus der Standardabweichung liegt, d. h. $P(-1 \leq Z \leq 1)$.

```
pnorm(1, mean=0, sd=1) - pnorm(-1, mean=0, sd=1)
```

```
[1] 0.6826895
```

g) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass $Z$ zwischen dem Mittelwert minus zwei Standardabweichungen und dem Mittelwert plus zwei Standardabweichungen liegt, d. h. $P(-2 \leq Z \leq 2)$.

```
pnorm(2, mean=0, sd=1) - pnorm(-2, mean=0, sd=1)
```

```
[1] 0.9544997
```

h) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass $Z$ zwischen dem Mittelwert minus drei Standardabweichungen und dem Mittelwert plus drei Standardabweichungen liegt, d. h. $P(-3 \leq Z \leq 3)$.

```
pnorm(3, mean=0, sd=1) - pnorm(-3, mean=0, sd=1)
```

```
[1] 0.9973002
```

i) Berechnen Sie die Quartile.

```
qnorm(c(0.25, 0.5, 0.75), mean=0, sd=1)
```

```
[1] -0.6744898  0.0000000  0.6744898
```

j) Bei welchem $Z$-Wert liegen 95% der Fläche unterhalb des Wertes?

```
qnorm(0.95, mean=0, sd=1, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 1.644854
```

k) Bei welchem $Z$-Wert liegen 2,5% der Fläche oberhalb des Wertes?

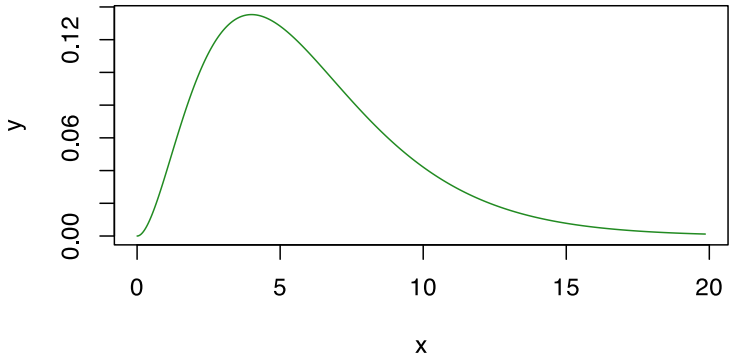
```
qnorm(0.025, mean=0, sd=1, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 1.959964
```

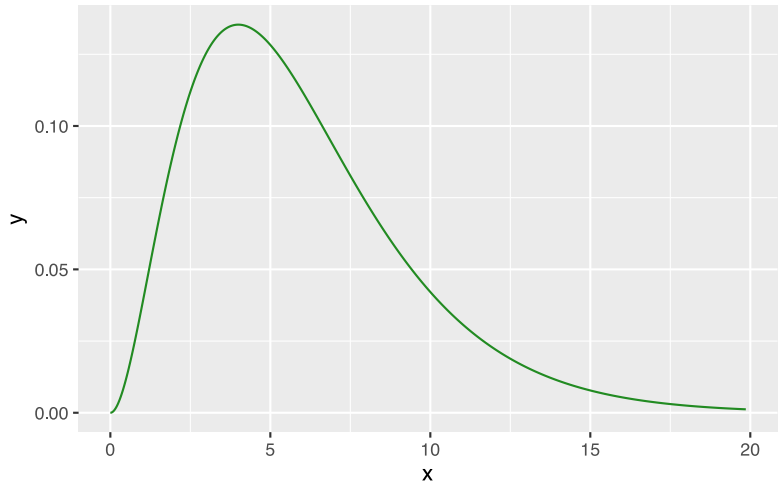
## 52.3 Lösung zur Aufgabe 45.7.3 Chiquadratverteilungen

a) Plotten Sie die Dichtefunktion dieser Verteilung.

```
x <- seq(0, 19.86, 0.01)
y <- dchisq(x, df=6)

df = data.frame(x = x, y = y)

# plot()
plot(x,y, type="l", col="forestgreen")
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_line(col="forestgreen")
```




b) Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit für $P(X < 6)$?

```
pchisq(6, df=6, lower.tail=TRUE)
```

```
[1] 0.5768099
```

c) Berechnen Sie das fünfte Perzentil der Verteilung.

```
qchisq(0.05, df=6)
```

```
[1] 1.635383
```

d) Bei welchem Wert liegen 10% der Fläche oberhalb des Wertes?

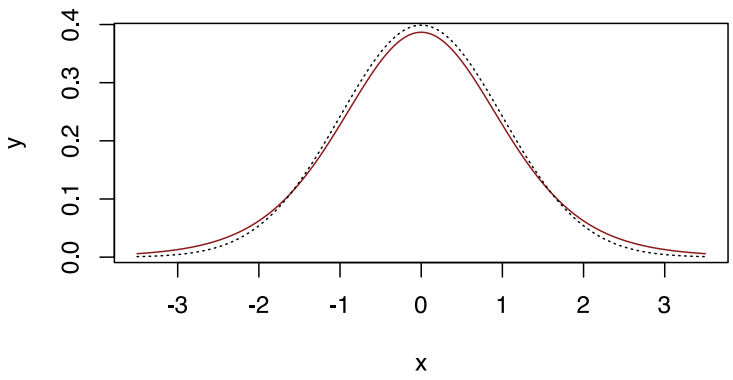
```
qchisq(0.1, df=6, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 10.64464
```

## 52.4 Lösung zur Aufgabe 45.7.4 t-Verteilung

a) Plotten Sie die Dichtefunktion von $X$ und vergleichen Sie diese mit der Dichtefunktion der Standardnormalverteilung.

```
x <- seq(-3.5, 3.5, 0.01)
y <- dt(x, df=8)
y2 <- dnorm(x)
df = data.frame(x=x, y=y, y2=y2)

# plot()
plot(x,y, type="l", col="firebrick4")
lines(x,y2, lty=3)
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_line(col="firebrick4") +
  geom_line(aes(x=x, y=y2), lty=3)
```


b) Berechnen Sie das 8te Perzentil von $X$.

```
qt(0.08, df=8)
```

```
[1] -1.548892
```

c) Bei welchem Wert von $X$ liegen 5% aller Fälle oberhalb dieses Wertes?

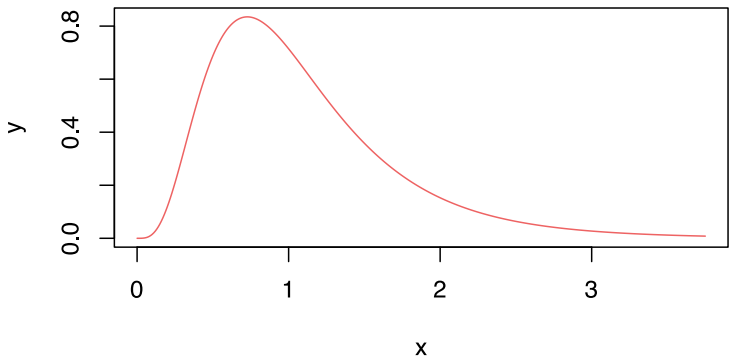
```
qt(0.05, df=8, lower.tail = FALSE)
```

```
[1] 1.859548
```

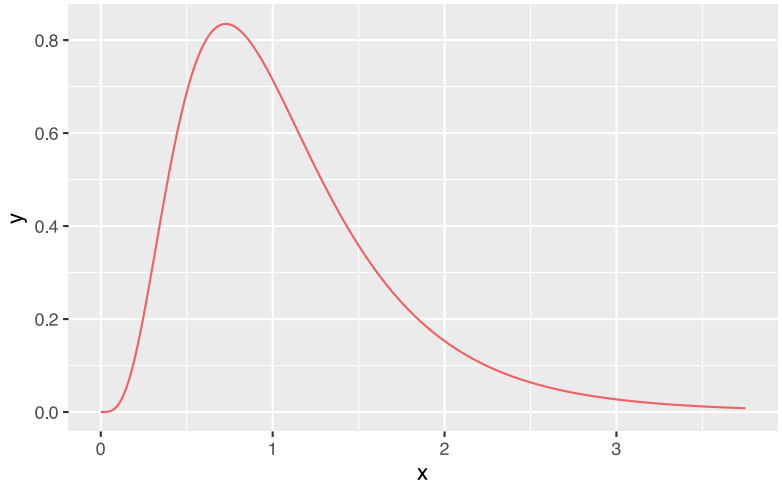
## 52.5 Lösung zur Aufgabe 45.7.5 Fishers F-Verteilung

a) Plotten Sie die Dichtefunktion von $X$.

```
x <- seq(0, 3.75, 0.01)
y <- df(x, df1 = 10, df2 = 20)

df = data.frame(x=x, y=y)

# plot()
plot(x,y, type="l", col="indianred2")
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=x, y=y)) +
  geom_line(col="indianred2")
```




b) Berechnen Sie Wahrscheinlichkeit $P(X > 1)$.

```
pf(1, df1=10, df2=20, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.4755005
```

c) Berechnen Sie den Interquartilsabstand.

```
qf(c(0.75), df1=10, df2=20)  - qf(0.25, df1=10, df2=20)
```

```
[1] 0.7430938
```

## 52.6 Lösung zur Aufgabe 45.7.6 Blutzuckerspiegel

a) Berechnen Sie die Wahrscheinlichkeit, dass ein zufällig ausgewählter Diabetiker einen Glukosespiegel von weniger als 120 mg/100 ml hat.

```
pnorm(120, mean=106, sd=8)
```

```
[1] 0.9599408
```

b) Wie viel Prozent der Personen haben einen Glukosespiegel zwischen 90 und 120 mg/100 ml?

```
pnorm(120, mean=106, sd=8) - pnorm(90, mean=106, sd=8)
```

```
[1] 0.9371907
```

Etwa 93.72% der Personen.

c) Berechnen und interpretieren Sie das erste Quartil des Glukosespiegels.

```
qnorm(0.25, mean=106, sd=8)
```

```
[1] 100.6041
```

## 52.7 Lösung zur Aufgabe 45.7.7 Cholesterinspiegel bei Männern

a) Wie viele von ihnen haben einen Cholesterinspiegel zwischen 210 und 240 mg/dl?

```
# Anteile berechnen
pnorm(240, mean=220, sd=30) - pnorm(210, mean=220, sd=30)
```

```
[1] 0.3780661
```

Etwa 37.81% der Personen.

b) Wenn ein Cholesterinspiegel von mehr als 250 mg/dl eine Thrombose auslösen kann, wie viele von ihnen sind thrombosegefährdet?

```
pnorm(250, mean=220, sd=30, lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.1586553
```

Etwa 15.87% der Personen.

c) Welcher Cholesterinwert wird von mindestens 20% der Männer erreicht?

```
# Anteile berechnen
qnorm(0.2, mean=220, sd=30)
```

```
[1] 194.7514
```

# 53 Lösungen Konfidenzintervalle (eine Stichprobe)

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.8.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 53.1 Lösung zur Aufgabe 45.8.1 Wirkstoffkonzentration

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `Konzentration`.

```
Konzentration <- c(17.6, 19.2, 21.3, 15.1, 17.6, 18.9, 16.2, 18.3, 19.0, 16.4)
```

b) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für die mittlere Konzentration bei einem Konfidenzniveau von 95% (Signifikanzlevel $\alpha = 0,05$).

```
d <-t.test(Konzentration, mu=0, conf.level=0.95)
d
```

```
    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = 31.78, df = 9, p-value = 1.485e-10
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 16.68158 19.23842
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

```
# nur Konfidenzintervall ausgeben
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] 16.68158 19.23842
```

c) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für die mittlere Konzentration bei einem Konfidenzniveau von 99% (Signifikanzlevel $\alpha = 0,01$).

```
d <-t.test(Konzentration, mu=0, conf.level=0.99)
d
```

```
    One Sample t-test

data:  Konzentration
```

```
t = 31.78, df = 9, p-value = 1.485e-10
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
99 percent confidence interval:
 16.1234 19.7966
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

```
# nur Konfidenzintervall ausgeben
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] 16.1234 19.7966
```

d) Wenn wir die Genauigkeit des Intervalls als den Kehrwert seiner Breite definieren, wie ändert sich die Genauigkeit eines Intervalls, wenn wir das Konfidenzniveau erhöhen?

Mit höherem Konfidenzniveau sinkt die Genauigkeit der Aussagen.

e) Welche Stichprobengröße wird benötigt, um den mittleren Konzentrationswert mit einem Fehler von $\pm 0.5 \text{mg/mm}^3$ und einem Konfidenzniveau von 95% Sicherheit zu bestimmen?

```
# Berechnung der Standardabweichung der Stichprobe
sigma <- sd(Konzentration)

# Gegebene Werte
# z-Wert für 95% Konfidenzniveau
z <- 1.96

# Fehlermarge
E <- 0.5

# Berechnung der Stichprobengröße
n <- (z * sigma / E)^2

# Aufrunden auf die nächste ganze Zahl
ceiling(n)
```

```
[1] 50
```

f) Wenn die Konzentration des Wirkstoffs mindestens 16 $\text{mg/mm}^3$ betragen muss, um wirksam zu sein, ist dann unsere Medikamentencharge wirksam?

```
t.test(Konzentration, mu = 16, alternative = "greater")
```

```

    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = 3.4682, df = 9, p-value = 0.003534
alternative hypothesis: true mean is greater than 16
```

```
95 percent confidence interval:
 16.92404      Inf
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

Der Test ist signifikant. Wir können also sagen, dass unserer Medikamentencharge wirksam ist.

## 53.2 Lösung zur Aufgabe 45.8.2 Milchfett

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Hof` und `Fett`.

```
# Daten übertragen
Hof1 <- data.frame(Fett = c(0.34, 0.34,
           0.32, 0.35,
           0.33, 0.33,
           0.32, 0.32,
           0.33, 0.30,
           0.31, 0.32))
Hof1$Hof <- "Hof 1"

Hof2 <- data.frame(Fett = c(0.28, 0.29,
           0.30, 0.32,
           0.32, 0.31,
           0.29, 0.29,
           0.31, 0.32,
           0.29, 0.31,
           0.33, 0.32,
           0.32, 0.33))
Hof2$Hof <- "Hof 2"

milch <- rbind(Hof1, Hof2)
milch$Hof <- factor(milch$Hof)
```

b) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettgehalt.

```
t.test(milch$Fett, conf.level=0.95)


    One Sample t-test

data:  milch$Fett
t = 96.537, df = 27, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.3090040 0.3224246
sample estimates:
mean of x
0.3157143
```

c) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettgehalt, getrennt nach Höfen.

```
t.test(Hof1$Fett, conf.level=0.95)
```

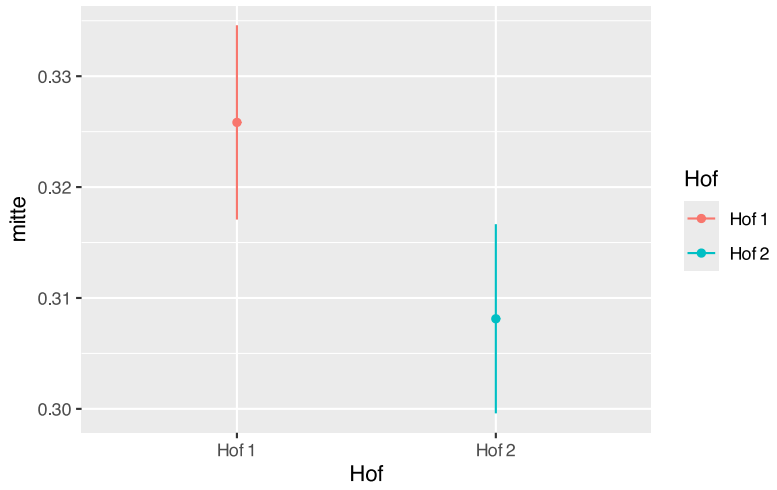
```
    One Sample t-test

data:  Hof1$Fett
t = 81.853, df = 11, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.3170719 0.3345948
sample estimates:
mean of x
0.3258333
```

```
t.test(Hof2$Fett, conf.level=0.95)
```

```
    One Sample t-test

data:  Hof2$Fett
t = 76.994, df = 15, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.299595 0.316655
sample estimates:
mean of x
 0.308125
```

d) Plotten Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettgehalt, getrennt nach Höfen..

```
# Vorbereitung
h1 <- t.test(Hof1$Fett, conf.level=0.95)
h2 <- t.test(Hof2$Fett, conf.level=0.95)

# Als Datenframe für ggplot zusammenbauen
df <- data.frame(unten = c(h1$conf.int[1], h2$conf.int[1]),
                 oben  = c(h1$conf.int[2], h2$conf.int[2]),
                 mitte = c(h1$estimate, h2$estimate ),
                 Hof = c("Hof 1", "Hof 2"))

# ggplot
ggplot(df, aes(x=Hof, color=Hof)) +
  geom_point(aes(y=mitte)) +
  geom_segment(aes(xend=Hof, y=unten, yend=oben))
```




e) Lässt sich aus den Konfidenzintervallen ein signifikanter Untschied zwischen den Höfen feststellen?

```
df
```

```
      unten      oben     mitte   Hof
1 0.3170719 0.3345948 0.3258333 Hof 1
2 0.2995950 0.3166550 0.3081250 Hof 2
```

Die beiden Konfidenzintervalle überschneiden sich nicht. Das heisst, es kann ein signifikanter Unterschied abgeleitet werden.

## 53.3 Lösung zur Aufgabe 45.8.3 Bibliotheksnutzung

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `Antwort`.

```
# Daten übertragen
Antwort <- c("nein",  "ja",  "nein",  "nein",  "nein",  "ja",  "nein",
             "ja", "ja",  "ja",  "ja",  "nein",  "ja",  "nein", "ja",
             "nein",  "nein", "nein",  "ja",  "ja",  "ja",  "nein",
             "nein",  "ja",  "nein",  "nein", "ja",  "ja",  "nein",
             "nein",  "ja",  "nein",  "ja", "nein")
```

b) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für den Anteil an Studierenden, welche die Bibliothek wöchentlich nutzen mit einem Signifikanzlevel von $\alpha = 0,01$.

```
freq <- table(Antwort)
bib <- prop.test(freq[["ja"]], sum(freq),
                 alternative="two.sided",
                 p=0.5, conf.level=0.99)
bib
```

```
    1-sample proportions test with continuity correction

data:  freq[["ja"]] out of sum(freq), null probability 0.5
X-squared = 0.029412, df = 1, p-value = 0.8638
alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
99 percent confidence interval:
 0.2617050 0.6896622
sample estimates:
        p
0.4705882
```

c) Wie präzise ist das Intervall?

```
bib$conf.int[2] - bib$conf.int[1]
```

```
[1] 0.4279572
```

Das Intervall ist sehr breit und daher unpräzise.

d) Welcher Stichprobenumfang ist erforderlich, um eine Schätzung des Anteils der Studenten zu erhalten, die die Bibliothek mindestens einmal pro Woche nutzen, mit einem Fehler von $\pm 1\%$ und einem Konfidenzniveau von 95%?

```
# gemessene Proportionen
prop <- bib$estimate

# Z-Wert für 95% Konfidenz
z <- 1.96

# Fehlerspanne +-1%
e <- 0.01

# Fallzahl berechnen
n <- (z^2 * prop * (1 - prop)) / (e^2)
```

Es werden 9571 Probanden benötigt.

## 53.4 Lösung zur Aufgabe 45.8.4 Atemwegsprobleme und Impfung

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den Anteil an geimpften Probanden in der Grundgesamtheit.

```
# Daten übertragen
prop.test(154, 200, p=0.5, conf.level=0.95)
```

```
    1-sample proportions test with continuity correction
```

```
data:  154 out of 200, null probability 0.5
X-squared = 57.245, df = 1, p-value = 3.848e-14
alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
95 percent confidence interval:
 0.7042503 0.8251428
sample estimates:
   p
0.77
```

b) Wenn das Gesundheitsministerium das Ziel verfolgt, dass mindestens 70% der Menschen über 65 mit Atemwegserkrankungen geimpft sind, können wir dann sagen, dass das Ministerium das Ziel erreicht hat?

```
# Daten übertragen
prop.test(154, 200, p=0.5, conf.level=0.95)$conf.int[1]
```

```
[1] 0.7042503
```

Da die untere Grenze des Konfidenzintervalls größer als 0,7 ist, können wir bestätigen, dass das Ministerium sein Ziel erreicht hat.

## 53.5 Lösung zur Aufgabe 45.8.5 Cholesterin

a) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den Mittelwert mit den Signifikanzniveaus 0.1, 0.05 und 0.01.

```
# Daten übertragen
cholesterin <- c(196, 212, 188, 206, 203, 210, 201, 198)

t.test(cholesterin, conf.level=0.90)
```

```

    One Sample t-test

data:  cholesterin
t = 72.849, df = 7, p-value = 2.416e-11
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
90 percent confidence interval:
 196.5031 206.9969
sample estimates:
mean of x
   201.75
```

```
t.test(cholesterin, conf.level=0.95)
```

```

    One Sample t-test

data:  cholesterin
t = 72.849, df = 7, p-value = 2.416e-11
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
```

```
95 percent confidence interval:
 195.2014 208.2986
sample estimates:
mean of x
   201.75
```

```
t.test(cholesterin, conf.level=0.99)
```

```


    One Sample t-test

data:  cholesterin
t = 72.849, df = 7, p-value = 2.416e-11
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
99 percent confidence interval:
 192.0585 211.4415
sample estimates:
mean of x
   201.75
```

b) Kann man schließen, dass der Mittelwert des Cholesterinspiegels der Bevölkerung unter 210 mg/dl liegt?

```
# Daten übertragen
as.numeric(t.test(cholesterin, conf.level=0.90)$conf.int)
```

```
[1] 196.5031 206.9969
```

```
as.numeric(t.test(cholesterin, conf.level=0.95)$conf.int)
```

```
[1] 195.2014 208.2986
```

```
as.numeric(t.test(cholesterin, conf.level=0.99)$conf.int)
```

```
[1] 192.0585 211.4415
```

Die obere Grenze des 99%-Konfidenzintervall ist größer als 210. Wird dies berücksichtigt, lässt dich die Aussage nicht bestätigen.

## 53.6 Lösung zur Aufgabe 45.8.6 Neurologisches Syndrom

a) Berechnen Sie für jede Therapie das 95% Konfidenzintervall für den Anteil an Personen, die geheilt wurden.

```
# Daten übertragen
a <- c(rep("geheilt", 18), rep("nicht", 7))
b <- c(rep("geheilt", 21), rep("nicht", 14))

freqA <- table(a)
freqB <- table(b)
A <- prop.test(freqA[["geheilt"]], sum(freqA),
                 alternative="two.sided",
```

```
                 p=0.5, conf.level=0.95)
B <- prop.test(freqB[["geheilt"]], sum(freqB),
                 alternative="two.sided",
                 p=0.5, conf.level=0.95)
# Konfidenzintervalle
A$conf.int[2] - A$conf.int[1]
```

```
[1] 0.3672662
```

```
B$conf.int[2] - B$conf.int[1]
```

```
[1] 0.3343891
```

Das Konfidenzintervall von Gruppe B ist schmaler, und damit auch präziser.

## 53.7 Lösung zur Aufgabe 45.8.7 Neugeborene

```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData"))
```

a) Berechnen Sie das 99% Konfidenzintervall für den Mittelwert des Gewichts der Neugeborenen.

```
# t-Test
d <- t.test(neonates$weight, conf.level = 0.99)

# Konfidenzgrenzen
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] 2.975844 3.075531
```

b) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den APGAR-Score nach 1 Minute und für den APGAR-Score nach 5 Minuten und vergleiche sie beide Intervalle. Gibt es auf Grundlage der Konfidenzintervalle einen signifikanten Unterschied zwischen den Mittelwerten der beiden Scores?

```
# t-Test
a1 <- t.test(neonates$apgar1, conf.level = 0.99)
a5 <- t.test(neonates$apgar5, conf.level = 0.99)

# Konfidenzgrenzen
as.numeric(a1$conf.int)
```

```
[1] 5.422182 5.834068
```

```
as.numeric(a5$conf.int)
```

```
[1] 5.998597 6.426403
```

Die Konfidenzgrenzen schneiden sich nicht. Das bedeutet, wir können von einem signifikanten Unterschied ausgehen.

c) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den Prozentsatz der Neugeborenen mit einem Gewicht von $\leq 2,5$ kg für Raucher- und Nichtrauchermütter und vergleichen Sie die Intervalle.

```
# geringes Gewicht kategorisieren
neonates$GG <- "normal"
neonates$GG[neonates$weight<2.50001] <- "low"

# Subsets bilden
k1 <- subset(neonates, smoke=="Yes")
k2 <- subset(neonates, smoke=="No")
# Häufigkeitstabelle
freq1 <- table(k1$GG)
freq2 <- table(k2$GG)

# Proportion Test
m1 <- prop.test(freq1[["low"]], sum(freq1),
                alternative="two.sided",
                p=0.5, conf.level=0.95)

m2 <- prop.test(freq2[["low"]], sum(freq2),
                alternative="two.sided",
                p=0.5, conf.level=0.95)

# Konfidenzgrenzen anzeigen
as.numeric(m1$conf.int)
```

```
[1] 0.1049334 0.2610870
```

```
as.numeric(m2$conf.int)
```

```
[1] 0.008396857 0.055169043
```

Die Konfidenzgrenzen schneiden sich nicht. Das bedeutet, wir können von einem signifikanten Unterschied ausgehen.

# 54 Lösungen Konfidenzintervalle (2 Stichproben)

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.9.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 54.1 Lösung zur Aufgabe 45.9.1 Medikamentenwerbung

a) Erstellen Sie ein Datenframe mit den Variablen `vorher` und `nachher` und übertragen Sie die Daten.

```
df <- data.frame(
  vorher = c(147, 163, 121, 205, 132, 190, 176, 147),
  nachher = c(150, 171, 132, 208, 141, 184, 182, 145)
)
```

b) Berechnen Sie den Mittelwert der monatlichen Umsätze vor und nach der Kampagne. Sind die Mittelwerte unterschiedlich? Hat die Kampagne den Absatz des Arzneimittels erhöht?

```
mean(df$vorher)
```

```
[1] 160.125
```

```
mean(df$nachher)
```

```
[1] 164.125
```

Der Mittelwert ist nach der Kampagne höher.

c) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für den durchschnittlichen Unterschied mit $\alpha = 0,05$ und $\alpha = 0,01$.

```
# t-Tests durchführen
a5 <- t.test (df$vorher, df$nachher, paired=TRUE, conf.level=0.95)
a1 <- t.test (df$vorher, df$nachher, paired=TRUE, conf.level=0.99)

# nur Konfidenzintervalle anzeigen
as.numeric(a5$conf.int)
```

```
[1] -8.8129585  0.8129585
```

```
as.numeric(a1$conf.int)
```

```
[1] -11.122852   3.122852
```

Beide Intervalle „reißen“ die 0. Das bedeutet, dass der wahre Unterschied auch `0` sein könnte.

d) Können wir dieselbe Schlussfolgerung ziehen, wenn wir die Verkäufe nach der Kampagne der beiden letzten Apotheken ändern und 190 statt 182 und 165 statt 145 angeben? Was passiert mit den Konfidenzintervallen?

```
# Daten neu eingeben
df <- data.frame(
  vorher = c(147, 163, 121, 205, 132, 190, 176, 147),
  nachher = c(150, 171, 132, 208, 141, 184, 190, 165)
)
# t-Tests durchführen
a5 <- t.test (df$vorher, df$nachher, paired=TRUE, conf.level=0.95)
a1 <- t.test (df$vorher, df$nachher, paired=TRUE, conf.level=0.99)

# nur Konfidenzintervalle anzeigen
as.numeric(a5$conf.int)
```

```
[1] -13.740228  -1.259772
```

```
as.numeric(a1$conf.int)
```

```
[1] -16.735113   1.735113
```

Das 95%-Intervall lässt einen Unterschied vermuten. Das 99%-Intervall hingegen enthält immer noch die `0`.

## 54.2 Lösung zur Aufgabe 45.9.2 Milchfett

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Hof1` und `Hof2`.

```
# Daten übertragen
Hof1 <- data.frame(Fett = c(0.34, 0.34,
           0.32, 0.35,
           0.33, 0.33,
           0.32, 0.32,
           0.33, 0.30,
           0.31, 0.32))
Hof1$Hof <- "Hof 1"

Hof2 <- data.frame(Fett = c(0.28, 0.29,
           0.30, 0.32,
           0.32, 0.31,
           0.29, 0.29,
           0.31, 0.32,
           0.29, 0.31,
           0.33, 0.32,
           0.32, 0.33))
Hof2$Hof <- "Hof 2"

milch <- rbind(Hof1, Hof2)
milch$Hof <- factor(milch$Hof)
```

b) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Fettunterschied in der Milch von `Hof1` und `Hof2`.

```
# Daten übertragen
# zuvor auf gleiche Varainz prüfen
var.test(Hof1$Fett, Hof2$Fett)$p.value
```

```
[1] 0.626044
```

Der Test ist nicht signifikant, die Varianz ist in beiden Höfen gleich.

```
# t.Test
d <- t.test(Fett ~ Hof, data=milch, var.equal=TRUE)
# Konfidenzintervall anzeigen
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] 0.00584816 0.02956851
```

c) Kann man daraus schließen, dass der Unterschied zwischen den Milchfettmittelwerten der Betriebe signifikant ist? Welcher Betrieb hat Milch mit mehr Fett? Wie viel mehr Fett hat die Milch von `Hof1` als die Milch von `Hof2`?

```
d <- t.test(Fett ~ Hof, data=milch, var.equal=TRUE)
d
```

```

    Two Sample t-test

data:  Fett by Hof
t = 3.0691, df = 26, p-value = 0.004973
alternative hypothesis: true difference in means between group Hof 1 and group Hof 2 is
not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.00584816 0.02956851
sample estimates:
mean in group Hof 1 mean in group Hof 2
          0.3258333           0.3081250
```

```
# Unterschied
d$estimate[1] - d$estimate[2]
```

```
mean in group Hof 1
         0.01770833
```

Hof1 hat 0.0177083 mehr Fett in der Milch als Hof2. Da das Intervall die 0 nicht mit einschließt, können wir von einem Signifikanten Unterschied ausgehen.

## 54.3 Lösung zur Aufgabe 45.9.3 Bibliotheksnutzung nach Geschlecht

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Antwort` und `Geschlecht`.

```
# Daten übertragen
df <- data.frame(
  Antwort = c("nein", "ja", "nein", "nein", "nein", "ja", "nein",
              "ja", "ja", "ja", "ja", "nein", "ja", "nein", "ja",
              "nein", "nein",  "nein", "ja", "ja", "ja", "nein",
              "nein", "ja", "nein", "nein", "ja", "ja", "nein",
              "nein", "ja", "nein", "ja", "nein"),
  Geschlecht = c("m", "w", "w", "m", "m", "m", "w", "w", "w", "w",
                 "m", "m", "w", "m", "w", "m", "m", "w", "m", "w",
                 "w", "w", "m", "w", "m", "m", "w", "w", "m", "m",
                 "w", "w", "w", "m")
)
```

b) Berechnen Sie das Konfidenzintervall für den Unterschied zwischen den Anteilen der Frauen und Männern, die die Bibliothek mindestens einmal pro Woche nutzen.

```
freq <- table(df)
prop.test(c(freq[["ja","m"]], freq[["ja","w"]]),
          c(sum(freq[,"m"]), sum(freq[,"w"])),
          alternative="two.sided", conf.level=0.95)
```

```
    2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(freq[["ja", "m"]], freq[["ja", "w"]]) out of c(sum(freq[, "m"]), sum(freq[, "w"]))
X-squared = 7.6937, df = 1, p-value = 0.005541
alternative hypothesis: two.sided
95 percent confidence interval:
 -0.8755141 -0.1939304
sample estimates:
   prop 1    prop 2
0.1875000 0.7222222
```

Das Konfidenzintervall schließt die 0 nicht mit ein. Wir können von einem signifikanten Unterschied ausgehen.

## 54.4 Lösung zur Aufgabe 45.9.4 Prüfungen vormittags und nachmittags

```
df <- data.frame(course = c(rep("bestanden", 55), rep("durchgefallen", 25),
                            rep("bestanden", 32), rep("durchgefallen", 58)),
                 time = c(rep("morgens", 80), rep("abends", 90))

                 )
```

Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Prozentsätzen der Studierenden, die am Vormittag und am Nachmittag bestanden haben? Kann man daraus schließen, dass der Stundenplan die Ursache für diese Unterschiede ist?

```
freq <- table(df)
prop.test(c(freq[["bestanden","morgens"]], freq[["bestanden","abends"]]),
          c(sum(freq[,"morgens"]), sum(freq[,"abends"])),
          alternative="two.sided", conf.level=0.95)
```

```
    2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(freq[["bestanden", "morgens"]], freq[["bestanden", "abends"]]) out of
c(sum(freq[, "morgens"]), sum(freq[, "abends"]))
X-squared = 17.372, df = 1, p-value = 3.072e-05
alternative hypothesis: two.sided
95 percent confidence interval:
 0.1783764 0.4855125
sample estimates:
   prop 1    prop 2
0.6875000 0.3555556
```

Das Konfidenzintervall enthält nicht die 0. Wir können also von einem signifikanten Unterschied ausgehen.

## 54.5 Lösung zur Aufgabe 45.9.5 Cholesterin und Sport

```
df <- data.frame(vorher = c(182, 232, 191, 200, 148, 249, 276, 213, 241, 280, 262),
                 nachher = c(198, 210, 194, 220, 138, 220, 219, 161, 210, 213, 226)
                 )
```

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Unterschied der Cholesterinwerte vor und nach den körperlichen Übungen.

```
t.test(df$vorher, df$nachher, paired=TRUE, conf.level=0.95)
```

```
    Paired t-test

data:  df$vorher and df$nachher
t = 2.756, df = 10, p-value = 0.02027
alternative hypothesis: true mean difference is not equal to 0
95 percent confidence interval:
  4.614342 43.567477
sample estimates:
mean difference
       24.09091
```

b) Berechnen Sie das 99%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Unterschied der Cholesterinwerte vor und nach den körperlichen Übungen

```
t.test(df$vorher, df$nachher, paired=TRUE, conf.level=0.99)
```

```
    Paired t-test
```

```
data:  df$vorher and df$nachher
t = 2.756, df = 10, p-value = 0.02027
alternative hypothesis: true mean difference is not equal to 0
99 percent confidence interval:
 -3.61228 51.79410
sample estimates:
mean difference
       24.09091
```

c) Auf Grundlage der zuvor berechneten Intervalle, welchen Schluss bezüglich des Einflusses von körperlichen Aktivitäten auf den Cholesterinspiegel können Sie ziehen?

```
d <- t.test(df$vorher, df$nachher, paired=TRUE, conf.level=0.99)
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] -3.61228 51.79410
```

Das 99% Intervall enthält die 0. Auf diesem Niveau können wir den Unterschied nicht bestätigen.

## 54.6 Lösung zur Aufgabe 45.9.6 Patientenzufriedenheit

```
df <- data.frame(satisf = c(rep("zufrieden", 140), rep("unzufrieden", 60),
                            rep("zufrieden", 180), rep("unzufrieden", 120)),
                 haus = c(rep("Haus 1", 200), rep("Haus 2", 300))
                 )
```

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den Anteilsunterschied an zufriedenen Patienten in beiden Häusern.

```
freq <- table(df)
prop.test(c(freq["zufrieden","Haus 1"], freq["zufrieden","Haus 2"]),
          c(sum(freq[,"Haus 1"]), sum(freq[,"Haus 2"])),
          alternative="two.sided", conf.level=0.95)
```

```
    2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(freq["zufrieden", "Haus 1"], freq["zufrieden", "Haus 2"]) out of c(sum(freq[,
"Haus 1"]), sum(freq[, "Haus 2"]))
X-squared = 4.7833, df = 1, p-value = 0.02874
alternative hypothesis: two.sided
95 percent confidence interval:
 0.01153209 0.18846791
sample estimates:
prop 1 prop 2
   0.7    0.6
```

b) Wenn $\alpha = 0,01$ ist, können dann Rückschlüsse gezogen werden, ob der Unterschied der Anteile zufriedener Patienten signifikant ist?

```
prop.test(c(freq[["zufrieden","Haus 1"]], freq[["zufrieden","Haus 2"]]),
          c(sum(freq[,"Haus 1"]), sum(freq[,"Haus 2"])),
          alternative="two.sided", conf.level=0.99)
```

```
    2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(freq[["zufrieden", "Haus 1"]], freq[["zufrieden", "Haus 2"]]) out of c(sum(freq[,
"Haus 1"]), sum(freq[, "Haus 2"]))
X-squared = 4.7833, df = 1, p-value = 0.02874
alternative hypothesis: two.sided
99 percent confidence interval:
 -0.01495727  0.21495727
sample estimates:
prop 1 prop 2
   0.7    0.6
```

Wenn $\alpha = 0,01$ verwendet wird, enthält das Intervall die 0. Auf diesem Niveau können wir keinen signifikanten Unterschied zeigen.

## 54.7 Lösung zur Aufgabe 45.9.7 Neugeborene

```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/neonates.RData"))
```

a) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchscnnittlichen Unterschied des Geburtsgewichts zwischen Kindern von Raucherinnen und Nichtraucherinnen. Wie groß ist der durchschnittliche Gewichtsunterschied?

```
# subsets
k1 <- subset(neonates, smoke=="Yes")
k2 <- subset(neonates, smoke=="No")

# t-Test
d <- t.test(k1$weight, k2$weight, conf.level = 0.95)

# Konfidenzgrenzen
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] -0.3714943 -0.2179094
```

```
# Unterschied
d$estimate[2] - d$estimate[1]
```

```
mean of y
0.2947018
```

Der Unterschied beträg 0.29kg.

b) Berücksichtigen Sie nur die Daten der Mütter, die *während* der Schwangerschaft nicht geraucht haben. Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchscnnittlichen Unterschied des Geburtsgewichts zwischen Kindern von Müttern, die *vor* der Schwangerschaft geraucht haben, und den Nichtraucherinnen.

```
# subsets
k  <- subset(neonates, smoke=="No")
k1 <- subset(k, smoke.before=="Yes")
k2 <- subset(k, smoke.before=="No")

# t-Test
d <- t.test(k1$weight, k2$weight, conf.level = 0.95)

# Konfidenzgrenzen
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] -0.23226491  0.03252437
```

```
# Unterschied
d$estimate[2] - d$estimate[1]
```

```
 mean of y
0.09987027
```

Das Konfidenzintervall enthält die 0, das heisst, wir können nicht von einem signifikanten Unterschied ausgehen.

c) Berechnen Sie das 95%-Konfidenzintervall für den durchschnittlichen Unterschied von APGAR-1-Werten und APGAR-5-Werten. Wie entwickeln sich Neugeborene in den ersten 5 Minuten nach der Geburt?

```
# t-Test
d <- t.test(neonates$apgar1, neonates$apgar5, conf.level = 0.95)

# Konfidenzgrenzen
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] -0.8093862 -0.3593638
```

```
# Unterschied
d$estimate[2] - d$estimate[1]
```

```
mean of y
 0.584375
```

Nach 5 Minuten haben die Neugeborenen einen im Schnitt 0,58 Punkte höheren APGAR-Wert.

d) Wenn Neugeborene mit einem APGAR-1-Wert $\leq 3$ in einem kritischen Zustand sind, berechnen Sie das 90%-Konfidenzintervall für den Unterschied der Anteile von Neugeborenen in kritischem Zustand zwischen Müttern, die *während* der Schwangerschaft geraucht haben und den Nichtraucherinnen.

```
# neue Variable "kritisch"
neonates$kritisch <- "normal"
# nur solche mit APGAR<4 sind kritisch
```

```
neonates$kritisch[neonates$apgar1<4] <- "kritisch"

freq <- table(neonates$kritisch, neonates$smoke)

d <- prop.test(c(freq[["kritisch","No"]], freq[["kritisch","Yes"]]),
               c(sum(freq[,"No"]), sum(freq[,"Yes"])),
               alternative="two.sided", conf.level=0.90)



# Konfidenzgrenzen
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] -0.22157738 -0.07478626
```

```
# Unterschied
d$estimate[2] - d$estimate[1]
```

```
   prop 2
0.1481818
```

Bei Raucherinnen sind durchschnittlich 15% mehr Neugeborene im kritischen Zustand zu finden als bei Nichtraucherinnen.

e) Hat das Alter der Mutter einen signifikanten Einfluss auf den Anteil an Neugeborenen in kritischem Zustand?

```
# neue Variable "kritisch"
neonates$kritisch <- "normal"
# nur solche mit APGAR<4 sind kritisch
neonates$kritisch[neonates$apgar1<4] <- "kritisch"

freq <- table(neonates$kritisch, neonates$age)

d <- prop.test(c(freq[["kritisch","greater than 20"]],
                 freq[["kritisch","less than 20"]]),
               c(sum(freq[,"greater than 20"]),
                 sum(freq[,"less than 20"])),
               alternative="two.sided", conf.level=0.95)



# Konfidenzgrenzen
as.numeric(d$conf.int)
```

```
[1] -0.151048570  0.006238353
```

```
# Unterschied
d$estimate[2] - d$estimate[1]
```

```
    prop 2
0.07240511
```

Das 95% Intervall enthält die 0. Wir können keinen signifikanten Unterschied feststellen.

# 55 Lösungen Signifikanztests

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.10.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 55.1 Lösung zur Aufgabe 45.10.1 Wirkstoffkonzentration

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `Konzentration`.

```
Konzentration <- c(17.6, 19.2, 21.3, 15.1, 17.6, 18.9, 16.2, 18.3, 19.0, 16.4)
```

b) Testen Sie die zweiseitige Hypothese $H_0 : \mu = 18$ versus $H_1 : \mu \neq 18$ mit einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,05$.

```
t.test (Konzentration, alternative="two.sided", mu=18, conf.level=0.95)
```

```

    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = -0.07078, df = 9, p-value = 0.9451
alternative hypothesis: true mean is not equal to 18
95 percent confidence interval:
 16.68158 19.23842
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

Das Ergebnis ist nicht signifikant.

c) Testen Sie die zweiseitige Hypothese $H_0 : \mu = 19,5$ versus $H_1 : \mu \neq 19,5$ mit den Signifikanzniveaus von $\alpha = 0,05$ und $0,01$. Wie beeinflusst das Signifikanzniveau das Testergebnis?

```
t.test (Konzentration, alternative="two.sided", mu=19.5, conf.level=0.95)
```

```

    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = -2.725, df = 9, p-value = 0.02341
alternative hypothesis: true mean is not equal to 19.5
95 percent confidence interval:
 16.68158 19.23842
sample estimates:
```

```
mean of x
    17.96
```

```
t.test (Konzentration, alternative="two.sided", mu=19.5, conf.level=0.99)


    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = -2.725, df = 9, p-value = 0.02341
alternative hypothesis: true mean is not equal to 19.5
99 percent confidence interval:
 16.1234 19.7966
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

Da der p-Wert bei $0,02341$ liegt, ist das Ergebnis für $\alpha = 0,05$ signifikant, für $\alpha = 0,01$ jedoch nicht.

d) Testen Sie die zweiseitige Hypothese $H_0 : \mu = 17$ versus $H_1 : \mu \neq 17$ mit einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,05$. Testen Sie ebenfalls die Hypothesen $H_0 : \mu = 17$ versus $H_1 : \mu > 17$ mit $\alpha = 0,05$. Was ist der Unterschied zwischen den $p$-Werten des zweiseitigen und des einseitigen Tests?

```
t.test (Konzentration, alternative="two.sided", mu=17, conf.level=0.95)


    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = 1.6987, df = 9, p-value = 0.1236
alternative hypothesis: true mean is not equal to 17
95 percent confidence interval:
 16.68158 19.23842
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

```
t.test (Konzentration, alternative="greater", mu=17, conf.level=0.95)


    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = 1.6987, df = 9, p-value = 0.0618
alternative hypothesis: true mean is greater than 17
95 percent confidence interval:
 16.92404      Inf
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

Der p-Wert ist beim einseitigen Test kleiner. Beide Werte sind jedoch größer als $0,05$.

e) Wenn der Hersteller angibt, die Konzentration des Wirkstoffs erhöht zu haben (im Vergleich zu früheren Chargen, bei denen der Mittelwert der Konzentration 17 mg/mm$^3$ war), können wir ihm glauben?

```
t.test (Konzentration, alternative="greater", mu=17, conf.level=0.95)


    One Sample t-test

data:  Konzentration
t = 1.6987, df = 9, p-value = 0.0618
alternative hypothesis: true mean is greater than 17
95 percent confidence interval:
 16.92404      Inf
sample estimates:
mean of x
    17.96
```

Der p-Wert ist nicht signifikant. Wir können dem Hersteller also nicht glauben.

f) Welche Fallzahl würde benötigt, um einen Konzentrationsanstieg von 0,5 mg/mm$^3$ zu erkennen (mit $\alpha = 0,05$ und einer Power von $1 - \beta = 0,8$)?

```
# Power-t-test
power.t.test(delta=0.5, sd=sd(Konzentration),
             sig.level=0.05, power=0.8, type = "one.sample")


     One-sample t test power calculation

              n = 102.2077
          delta = 0.5
             sd = 1.787114
      sig.level = 0.05
          power = 0.8
    alternative = two.sided
```

Es wird eine Fallzahl von 103 benötigt.

## 55.2 Lösung zur Aufgabe 45.10.2 Bibliotheksnutzung

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit der Variable `bib`.

```
# Daten übertragen
bib <- c("nein",  "ja",  "nein",  "nein",  "nein",  "ja",  "nein",
         "ja", "ja",  "ja",  "ja",  "nein",  "ja",  "nein", "ja",
         "nein",  "nein", "nein",  "ja",  "ja",  "ja",  "nein",
         "nein",  "ja",  "nein",  "nein", "ja",  "ja",  "nein",
         "nein",  "ja",  "nein",  "ja", "nein")
```

b) Testen Sie die Hypothese, dass der Anteil an Studierenden, die wöchentlich die Bibliothek nutzen, größer als 40% ist.

```
freq <- table(bib)
# testen
prop.test(freq[["ja"]], sum(freq), alternative="greater", p=0.4, conf.level=0.95)
```

```
    1-sample proportions test with continuity correction

data:  freq[["ja"]] out of sum(freq), null probability 0.4
X-squared = 0.4424, df = 1, p-value = 0.253
alternative hypothesis: true p is greater than 0.4
95 percent confidence interval:
 0.3238772 1.0000000
sample estimates:
        p
0.4705882
```

Der Test ist nicht signifikant.

## 55.3 Lösung zur Aufgabe 45.10.3 Laufen lernen

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Alter` und `Population`.

```
# Daten übertragen
df <- data.frame(Alter = c(9.5, 10.5, 9.0, 9.8, 10.0, 13.0,
                           10.0, 13.5, 10.0, 9.8, 12.5, 9.5,
                           13.5, 13.8, 12.0, 13.8, 12.5, 9.5,
                           12.0, 13.5, 12.0, 12.0),
                 Population = c(rep("A", 10), rep("B", 12)))
```

b) Testen Sie die Hypothese, dass das durchschnittliche Alter in den Populationen unterschiedlich ist, mit $\alpha = 0,05$.

```
# teste, ob Varianzhomogenität vorliegt
var.test(Alter ~ Population, data=df)$p.value
```

```
[1] 0.9164489
```

```
# liegt vor
t.test(Alter ~ Population, data=df, var.equal=TRUE)
```

```
    Two Sample t-test

data:  Alter by Population
t = -2.6982, df = 20, p-value = 0.01383
alternative hypothesis: true difference in means between group A and group B is not equal
to 0
```

```
95 percent confidence interval:
 -3.0260864 -0.3872469
sample estimates:
mean in group A mean in group B
       10.51000        12.21667
```

Das Ergebnis ist signifikant, p ist kleiner als 0,05. Es liegt also ein Unterschied vor.

## 55.4 Lösung zur Aufgabe 45.10.4 Bronchialretention

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `vorher` und `nachher`.

```
# Daten übertragen
df <- data.frame(vorher = c(60.6, 12.0, 56.0, 75.2, 12.5, 29.7,
                            57.2, 62.7, 28.7, 66.0, 25.2, 40.1),
                 nachher = c(47.5, 13.3, 33.0, 55.2, 21.9, 27.9,
                             54.3, 13.9, 8.90, 46.1, 29.8, 36.2))
```

b) Testen Sie, ob sich die Bronchialretention nach dem Rauchstopp verringert.

```
# Daten übertragen
t.test (df$vorher, df$nachher, alternative="greater", paired=TRUE, conf.level=0.95)


    Paired t-test

data:  df$vorher and df$nachher
t = 2.4847, df = 11, p-value = 0.01516
alternative hypothesis: true mean difference is greater than 0
95 percent confidence interval:
 3.185837      Inf
sample estimates:
mean difference
       11.49167
```

Das Ergebnis ist signifikant, p ist kleiner als 0,05. Es liegt also ein Unterschied vor, die Retention hat sich verringert.

## 55.5 Lösung zur Aufgabe 45.10.5 Prüfungen vormittags und nachmittags

Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Prozentsätzen der Studiereden, die am Vormittag und am Nachmittag bestanden haben? Kann man daraus schließen, dass der Stundenplan die Ursache für diese Unterschiede ist?

```
# Daten übertragen
df <- data.frame(course = c(rep("bestanden", 55), rep("durchgefallen", 25),
                            rep("bestanden", 32), rep("durchgefallen", 58)),
```

```
                time = c(rep("morgens", 80), rep("abends", 90))

                )

freq <- table(df)
prop.test(c(freq[["bestanden","morgens"]], freq[["bestanden","abends"]]),
          c(sum(freq[,"morgens"]), sum(freq[,"abends"])),
          alternative="two.sided", conf.level=0.95)


    2-sample test for equality of proportions with continuity correction

data:  c(freq[["bestanden", "morgens"]], freq[["bestanden", "abends"]]) out of
c(sum(freq[, "morgens"]), sum(freq[, "abends"]))
X-squared = 17.372, df = 1, p-value = 3.072e-05
alternative hypothesis: two.sided
95 percent confidence interval:
 0.1783764 0.4855125
sample estimates:
   prop 1    prop 2
0.6875000 0.3555556
```

Das Ergebnis ist signifikant, p ist kleiner als 0,05. Es liegt also ein Unterschied zwischen morgens und abends vor.

## 55.6 Lösung zur Aufgabe 45.10.6 Pulsmessung

```
# lade Datensatz
load(url("https://www.produnis.de/R/data/pulse.RData"))
```

a) Testen Sie, ob der Ruhepuls weniger als 75 Schläge pro Minute beträgt.

```
t.test(pulse$pulse1, mu=75, alternative = "less")


    One Sample t-test

data:  pulse$pulse1
t = -1.8562, df = 91, p-value = 0.03333
alternative hypothesis: true mean is less than 75
95 percent confidence interval:
     -Inf 74.77684
sample estimates:
mean of x
 72.86957
```

Das Ergebnis ist signifikant.

b) Welcher Stichprobenumfang ist erforderlich, um einen Anstieg des Ruhepulses um 2 Schläge pro Minute mit einem Signifikanzniveau von 0,05 und einer Power von 0,9 festzustellen?

```
power.t.test(delta=2, sd=sd(pulse$pulse1),
             sig.level=0.05, power=0.9)


     Two-sample t test power calculation

              n = 637.6676
          delta = 2
             sd = 11.00871
      sig.level = 0.05
          power = 0.9
    alternative = two.sided

NOTE: n is number in *each* group
```

Es werden 638 Probanden benötigt.

c) Testen Sie, ob der Puls nach dem Laufen größer als 85 Schläge pro Minute ist.

```
t.test(pulse$pulse2, mu=85, alternative="greater")


    One Sample t-test

data:  pulse$pulse2
t = -2.8056, df = 91, p-value = 0.9969
alternative hypothesis: true mean is greater than 85
95 percent confidence interval:
 77.03847      Inf
sample estimates:
mean of x
       80
```

Das Ergebnis ist nicht signifikant

d) Eine Person hat eine leichte Tachykardie, wenn der Ruhepuls größer als 90 Schläge pro Minute ist. Prüfen Sie, ob der Prozentsatz der Personen mit leichter Tachykardie größer als 5% ist.

```
pulse$tachy <- "nein"
pulse$tachy[pulse$pulse1 > 90] <- "ja"

freq <- table(pulse$tachy)
prop.test(freq[["ja"]], sum(freq), alternative="greater",
          p=0.05, conf.level=0.95)


    1-sample proportions test with continuity correction

data:  freq[["ja"]] out of sum(freq), null probability 0.05
X-squared = 0.18535, df = 1, p-value = 0.3334
alternative hypothesis: true p is greater than 0.05
95 percent confidence interval:
```

```
 0.03035962 1.00000000
sample estimates:
         p
0.06521739
```

Das Ergebnis ist nicht signifikant.

e) Kann man mit 95%iger Sicherheit schließen, dass Bewegung den Puls erhöht? Und bei einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,01$?

```
# test ob pulse1 kleiner ist als pulse2
t.test(pulse$pulse1, pulse$pulse2, alternative="less", conf.level = 0.95)
```

```
    Welch Two Sample t-test

data:  pulse$pulse1 and pulse$pulse2
t = -3.3638, df = 155.41, p-value = 0.0004841
alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
95 percent confidence interval:
      -Inf -3.622838
sample estimates:
mean of x mean of y
 72.86957  80.00000
```

```
t.test(pulse$pulse1, pulse$pulse2, alternative="less", conf.level = 0.99)
```

```
    Welch Two Sample t-test

data:  pulse$pulse1 and pulse$pulse2
t = -3.3638, df = 155.41, p-value = 0.0004841
alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
99 percent confidence interval:
      -Inf -2.147776
sample estimates:
mean of x mean of y
 72.86957  80.00000
```

Das Ergebnis ist in beiden Fällen signifikant. Bewegung erhöht also den Puls.

f) Gibt es einen Unterschied zwischen den durchschnittlichen Pulsschlägen nach dem Gehen und dem Laufen?

```
# test ob pulse1 kleiner ist als pulse2
t.test(pulse2 ~ type, data=pulse, conf.level = 0.95)
```

```
    Welch Two Sample t-test

data:  pulse2 by type
t = 5.8335, df = 45.695, p-value = 5.251e-07
```

```
alternative hypothesis: true difference in means between group running and group walking
is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 13.22755 27.16944
sample estimates:
mean in group running mean in group walking
             92.51429              72.31579
```

Es gibt einen signifikanten Unterschied.

g) Gibt es einen Unterschied zwischen den Mittelwerten des Ruhepulses von Männern und Frauen? Und nach dem Laufen?

```
# test ob pulse1 kleiner ist als pulse2
t.test(pulse1 ~ sex, data=pulse, conf.level = 0.95)
```

```
    Welch Two Sample t-test

data:  pulse1 by sex
t = -2.7217, df = 63.675, p-value = 0.008367
alternative hypothesis: true difference in means between group male and group female is
not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -11.160619  -1.711561
sample estimates:
  mean in group male mean in group female
            70.42105              76.85714
```

```
t.test(pulse2 ~ sex, data=pulse, conf.level = 0.95)
```

```
    Welch Two Sample t-test

data:  pulse2 by sex
t = -2.7849, df = 51.047, p-value = 0.007494
alternative hypothesis: true difference in means between group male and group female is
not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -18.64912  -3.02507
sample estimates:
  mean in group male mean in group female
            75.87719              86.71429
```

Für beide Pulse gibt es signifikante Unterschiede zwischen Männern und Frauen.

# 56 Lösungen ANOVA

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.11.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

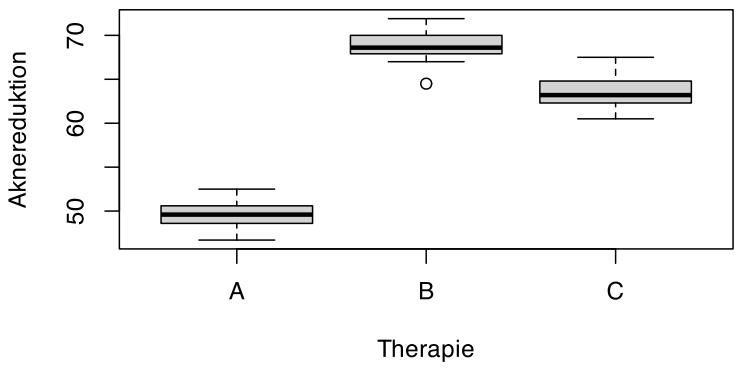
## 56.1 Lösung zur Aufgabe 45.11.1 Aknetherapie

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Therapie` und `Aknereduktion`.

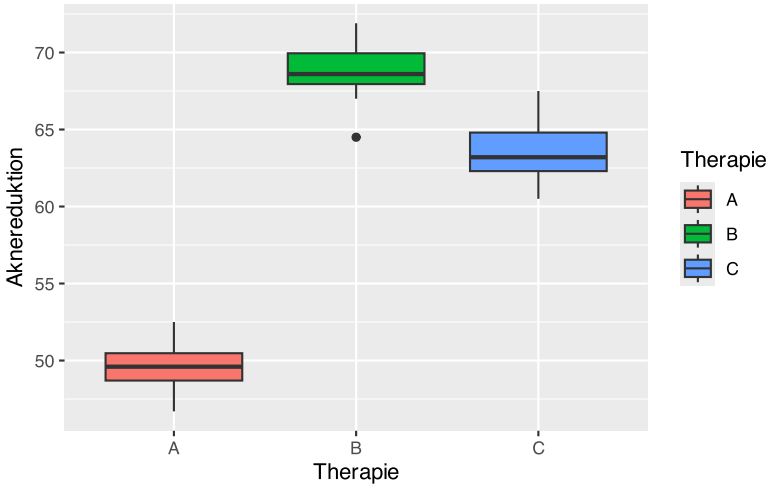
```
A <- c(48.6, 50.8, 49.4, 47.1, 50.1, 52.5, 49.8, 49, 50.6, 46.7)
B <- c(68, 71.9, 67, 71.5, 70.1, 69.9, 64.5, 68.9, 68, 67.8, 68.3, 68.9)
C <- c(67.5, 61.4, 62.5, 67.4, 64.2, 65.4, 62.5, 63.2, 63.9, 61.2, 64.8, 60.5, 62.3)

df <- data.frame(Therapie = c(rep("A", length(A)),
                              rep("B", length(B)),
                              rep("C", length(C))),
                 Aknereduktion = c(A,B,C)
)
```

b) Plotten Sie die Aknereduktion für jede Therapie. Sind Unterschiede erkennbar?

```
# plot()
boxplot(Aknereduktion ~ Therapie, data=df)
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=Therapie, y=Aknereduktion)) +
  geom_boxplot(aes(fill=Therapie))
```




Therapie A unterscheidet sich deutlich von B und C.

c) Führen Sie eine ANOVA durch. Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Therapien?

```
fit <- aov(Aknereduktion ~ Therapie, data=df)
summary(fit)
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Therapie     2 2133.7  1066.8     262 <2e-16 ***
Residuals   32  130.3     4.1
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Es gibt Unterschiede. Schauen wir genauer hin.

```
pairwise.t.test(df$Aknereduktion, df$Therapie, p.adjust="bonferroni")
```

```

    Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  df$Aknereduktion and df$Therapie

  A       B
B < 2e-16 -
C < 2e-16 1.2e-06

P value adjustment method: bonferroni
```

Alle Gruppen unterscheiden sich jeweils voneinander.

d) Berechnen Sie die Konfidenzintervalle für die paarweisen Unterschiede zwischen den drei Behandlungen. Bei welchen Behandlungen gibt es signifikante Unterschiede?

```
ab <- t.test(A,B)
ac <- t.test(A,C)
cb <- t.test(C,B)
```

```
# Konfidenzintervalle
as.numeric(ab$conf.int)
```

```
[1] -20.93395 -17.61271
```

```
as.numeric(ac$conf.int)
```

```
[1] -15.85486 -12.42514
```

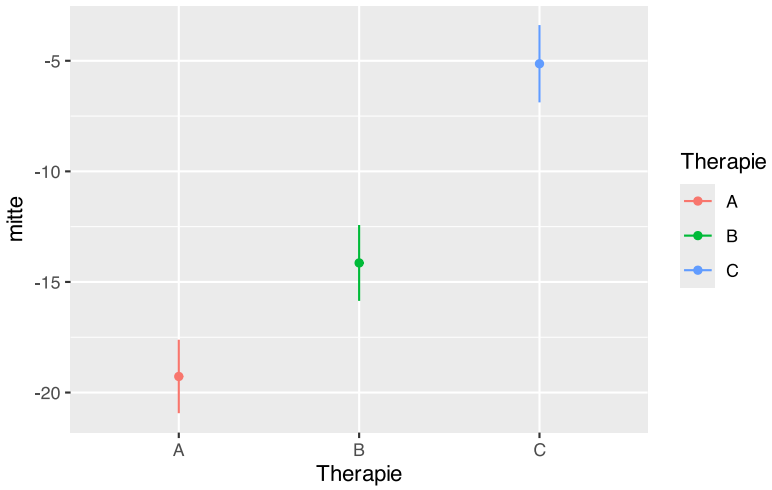
```
as.numeric(cb$conf.int)
```

```
[1] -6.880637 -3.386029
```

Keines der Intervalle schließt die 0 ein. Alle Therapien unterscheiden sich jeweils voneinander.

e) Plotten Sie diese Konfidenzintervalle.

```
# Als Datenframe für ggplot zusammenbauen
plotdf <- data.frame(unten = c(ab$conf.int[1], ac$conf.int[1], cb$conf.int[1]),
                     oben  = c(ab$conf.int[2], ac$conf.int[2], cb$conf.int[2]),
                     mitte = c(ab$estimate[1]-ab$estimate[2],
                               ac$estimate[1]-ac$estimate[2],
                               cb$estimate[1]-cb$estimate[2] ),
                     Therapie = c("A", "B", "C"))

# ggplot
ggplot(plotdf, aes(x=Therapie, color=Therapie)) +
  geom_point(aes(y=mitte)) +
  geom_segment(aes(xend=Therapie, y=unten, yend=oben))
```




Keines der Intervalle schließt die 0 ein. Alle Therapien unterscheiden sich jeweils voneinander.

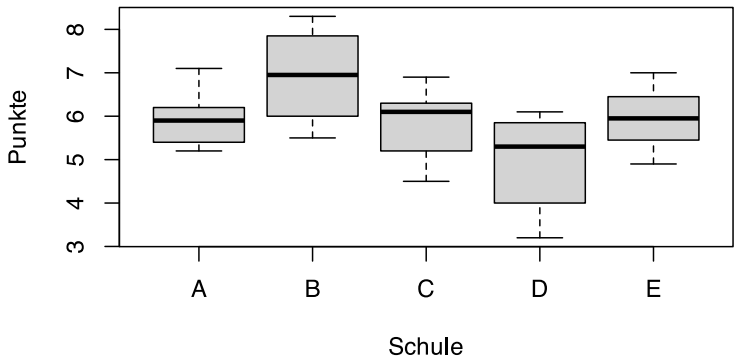
## 56.2 Lösung zur Aufgabe 45.11.2 Schulranking

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Schule` und `Punkte`.

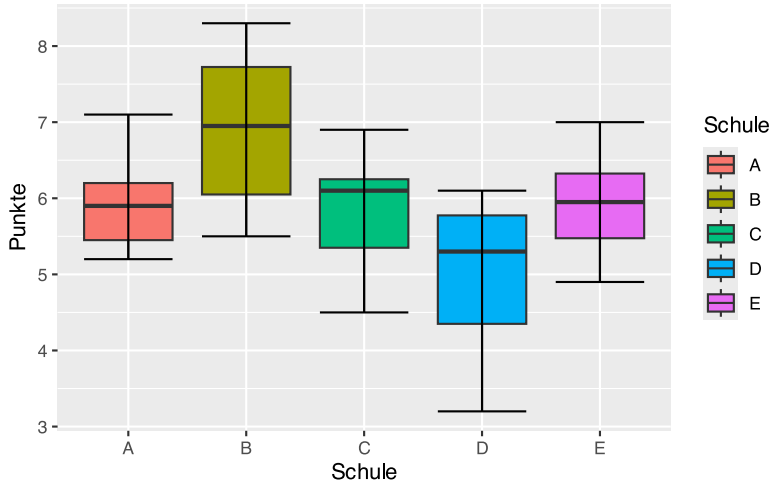
```
# Erstellen des tibbles mit tribble()
df <- tribble(
  ~A,   ~B,   ~C,   ~D,   ~E,
  5.5,  6.1,  4.9,  3.2,  6.7,
  5.2,  7.2,  5.5,  3.3,  5.8,
  5.9,  5.5,  6.1,  5.5,  5.4,
  7.1,  6.7,  6.1,  5.7,  5.5,
  6.2,  7.6,  6.2,  6.0,  4.9,
  5.9,  5.9,  6.4,  6.1,  6.2,
  5.3,  8.1,  6.9,  4.7,  6.1,
  6.2,  8.3,  4.5,  5.1,  7.0
) %>% # und pivot_longer
  pivot_longer(A:E, names_to="Schule", values_to="Punkte")
```

b) Plotten Sie die durchschnittlich erreichten Punkte pro Schule. Sind Unterschiede erkennbar?

```
# plot()
boxplot(Punkte ~ Schule, data=df)
```




```
# ggplot()
ggplot(df, aes(x=Schule, fill=Schule, y=Punkte)) +
  geom_boxplot() +
  # whiskers
  stat_boxplot(geom="errorbar")
```




c) Führen Sie eine ANOVA durch. Gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Schulen?

```
fit <- aov(Punkte ~ Schule, data=df)
summary(fit)
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
Schule       4  15.69   3.921   5.031 0.00261 **
Residuals   35  27.28   0.779
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

d) In welcher Schule sind die sportlichen Leistungen am besten?

```
pairwise.t.test(df$Punkte, df$Schule, p.adjust="bonferroni")
```

```
    Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  df$Punkte and df$Schule

  A       B       C       D
B 0.27923 -       -       -
C 1.00000 0.17589 -       -
D 0.36032 0.00078 0.55345 -
E 1.00000 0.33829 1.00000 0.29780

P value adjustment method: bonferroni
```

Es gibt einen Unterschied zwischen Schule B und Schule D. In Schule B sind die Leistungen besser als in Schule D. Die Leistungen in B sind aber nicht „die besten“, da kein Unterschied zu den anderen Schulen gezeigt werden kann. Die Mittelwerte sind in B aber höher.

## 56.3 Lösung zur Aufgabe 45.11.3 Puls und Herzkrankheit

Gibt es laut den Daten signifikante Unterschiede zwischen den vier Gruppen?

```
# Erstellen des tibbles mit tribble()
df <- tribble(
  ~Kontrolle,  ~AnginaP,  ~Arrhytmia,  ~Herzinfarkt,
          83,  81,  75,  61,
          61,  65,  68,  75,
          80,  77,  80,  78,
          63,  87,  80,  80,
          67,  95,  74,  68,
          89,  89,  78,  65,
          71,  103, 69,  68,
          73,  89,  72,  69,
          70,  78,  76,  70,
          66,  83,  75,  79,
          57,  91,  69,  61
) %>% # und pivot_longer
  pivot_longer(1:4, names_to="Gruppe", values_to="Puls")

# ANOVa
fit <- aov(Puls ~ Gruppe, data=df)
summary(fit)
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
Gruppe       3   1587   529.1   8.043 0.00026 ***
Residuals   40   2631    65.8
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# paarweise
pairwise.t.test(df$Puls, df$Gruppe, p.adjust="bonferroni")
```

```
    Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  df$Puls and df$Gruppe

            AnginaP Arrhytmia Herzinfarkt
Arrhytmia   0.01584 -         -
Herzinfarkt 0.00062 1.00000   -
Kontrolle   0.00100 1.00000   1.00000

P value adjustment method: bonferroni
```

Patienten mit Angina Pectoris unterscheiden sich von allen anderen Patientengruppen.

## 56.4 Lösung zur Aufgabe 45.11.4 Kohlenmonoxid

Gibt es laut den Daten signifikante Unterschiede zwischen den drei Gruppen?

```r
# Erstellen des tibbles mit tribble()
df <- tribble(
  ~Low, ~Medium, ~High,
  36,    43,     45,
  33,    38,     39,
  35,    41,     33,
  39,    34,     39,
  41,    28,     33,
  41,    44,     26,
  44,    30,     39,
  45,    31,     29
) %>% # und pivot_longer
  pivot_longer(1:3, names_to="Konzentration", values_to="Atemfrequenz")

# ANOVa
fit <- aov(Atemfrequenz ~ Konzentration, data=df)
summary(fit)
```

```
             Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Konzentration  2   67.6   33.79   1.056  0.366
Residuals     21  672.2   32.01
```

```r
# paarweise
pairwise.t.test(df$Atemfrequenz, df$Konzentration, p.adjust="bonferroni")
```

```
    Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  df$Atemfrequenz and df$Konzentration

       High Low
Low    0.56 -
Medium 1.00 0.85

P value adjustment method: bonferroni
```

Es kann kein signifikanter Unterschied festgestellt werden.

# 57 Lösungen Chiquadratests für Anteilswerte

Hier finden Sie die Lösungen zu den Übungsaufgaben von Abschnitt 45.12.

Die hier vorgestellten Lösungen stellen immer nur *eine mögliche* Vorgehensweisen dar und sind sicherlich nicht der Weisheit letzter Schluss. In R führen viele Wege nach Rom, und wenn Sie mit anderem Code zu den richtigen Ergebnissen kommen, dann ist das völlig in Ordnung.

## 57.1 Lösung zur Aufgabe 45.12.1 Magengeschwür

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen Geschwuer und Blutgruppe.

```
df <- data.frame(Geschwuer=c(rep("Geschwür", 1655),
                             rep("gesund", 10000)),
                 Blutgruppe=c(rep("0", 911), rep("A", 579),
                              rep("B", 124), rep("AB", 41),
                              rep("0", 4578), rep("A", 4219),
                              rep("B", 890), rep("AB", 313))
)
```

b) Führen Sie einen Chiquadrattest auf die Hypothese durch, dass die Geschwüre von der Blutgruppe abhängig sind.

```
chisq.test(df$Geschwuer, df$Blutgruppe)
```

```
    Pearson's Chi-squared test

data:  df$Geschwuer and df$Blutgruppe
X-squared = 49.016, df = 3, p-value = 1.295e-10
```

Es gibt unterschiede, p ist kleiner als 0,05.

c) Gibt es in Anbetracht der Ergebnisse des Vergleichs einen Zusammenhang zwischen dem Magengeschwür und der Blutgruppe? Können wir behaupten, dass der Anteil der Ulkuspatienten je nach Blutgruppe unterschiedlich ist?

```
reporttools::pairwise.fisher.test(df$Geschwuer, df$Blutgruppe,
                                  p.adjust.method = "bonferroni")
```

```
    Pairwise comparisons using

data:  df$Geschwuer and df$Blutgruppe

   0       A      AB
A  4.1e-10 -      -
```

```
AB 0.0695  1.0000 -
B  0.0023  1.0000 1.0000

P value adjustment method: bonferroni
```

Blutgruppe 0 unterscheidet sich von allen anderen.

## 57.2 Lösung zur Aufgabe 45.12.2 Blutgruppen

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Region` und `Blutgruppe`.

```
df <- data.frame(
          Blutgruppe=c(rep("A", 185), rep("B", 55),
                       rep("0", 223), rep("AB", 15)),
          Region=c(rep("Eskdale", 33), rep("Annadale", 54), rep("Nithsdale", 98),
                   rep("Eskdale", 6), rep("Annadale", 14), rep("Nithsdale", 35),
                   rep("Eskdale", 56), rep("Annadale", 52), rep("Nithsdale", 115),
                   rep("Eskdale", 5), rep("Annadale", 5), rep("Nithsdale", 5))
)
```

b) Führen Sie einen Chiquadrattest auf die Hypothese durch, dass die Blutgruppe von der Region abhängig sind.

```
chisq.test(df$Blutgruppe, df$Region)
```

```
Warning in chisq.test(df$Blutgruppe, df$Region): Chi-Quadrat-Approximation kann
inkorrekt sein


    Pearson's Chi-squared test

data:  df$Blutgruppe and df$Region
X-squared = 10.454, df = 6, p-value = 0.1068
```

Der Test ist nicht signifikant.

c) Gibt es in Anbetracht der Ergebnisse einen Zusammenhang zwischen der Blutgruppe und der Region? Können wir behaupten, dass die Region keinen Einfluss auf die Blutgruppe hat?

```
reporttools::pairwise.fisher.test(df$Blutgruppe, df$Region,
                                  p.adjust.method = "bonferroni")
```

```
    Pairwise comparisons using

data:  df$Blutgruppe and df$Region

          Annadale Eskdale
Eskdale   0.39     -
```

```
Nithsdale 1.00     0.10

P value adjustment method: bonferroni
```

Es sind keine Unterschiede zu finden.

## 57.3 Lösung zur Aufgabe 45.12.3 Rauchen und Geschlecht

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `Rauchen` und `Geschlecht`.

```
df <- data.frame(
          Geschlecht=c(rep("m", 9), rep("w", 17)),
          Rauchen=c(rep("ja", 2), rep("nein", 7),
                    rep("ja", 6), rep("nein", 11))
)
```

b) Führen Sie einen Chi-Quadrat-Test durch, um festzustellen, ob das Rauchen mit dem Geschlecht zusammenhängt.

```
chisq.test(df$Rauchen, df$Geschlecht)
```

```
Warning in chisq.test(df$Rauchen, df$Geschlecht): Chi-Quadrat-Approximation
kann inkorrekt sein


    Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

data:  df$Rauchen and df$Geschlecht
X-squared = 0.057825, df = 1, p-value = 0.81
```

```
# kleines sample, besser exakten Fisher Test
fisher.test(df$Rauchen, df$Geschlecht)
```

```


    Fisher's Exact Test for Count Data

data:  df$Rauchen and df$Geschlecht
p-value = 0.6673
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.04160546 4.26600654
sample estimates:
odds ratio
  0.536523
```

c) Ist die Verteilung der Raucher bei beiden Geschlechtern gleich?

```
# kleines sample, besser exakten Fisher Test
fisher.test(df$Rauchen, df$Geschlecht)
```

```
    Fisher's Exact Test for Count Data

data:  df$Rauchen and df$Geschlecht
p-value = 0.6673
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.04160546 4.26600654
sample estimates:
odds ratio
  0.536523
```

Beide Tests sind nicht signifikant, es besteht kein Unterschied in den Gruppen.

## 57.4 Lösung zur Aufgabe 45.12.4 Migräne

a) Übertragen Sie die Daten in ein Datenframe mit den Variablen `drug1` und `drug2`.

```
df <- data.frame(
      drug1 = c( "Ja", "Ja", "Ja", "Ja", "Ja", "Nein", "Ja", "Nein",
                 "Ja", "Ja", "Ja", "Nein", "Ja", "Nein", "Ja", "Ja",
                 "Ja", "Nein", "Ja", "Ja"),
      drug2 = c("Nein", "Nein", "Ja", "Nein", "Ja", "Ja", "Nein", "Nein",
                "Nein", "Nein", "Ja", "Nein", "Ja", "Nein", "Nein", "Ja",
                "Nein", "Ja", "Nein", "Nein")
)
```

b) Führen Sie einen McNemar-Test durch, um festzustellen, ob die Linderung mit dem Medikament zusammenhängt.

```
mcnemar.test(df$drug1, df$drug2)
```

```
    McNemar's Chi-squared test with continuity correction

data:  df$drug1 and df$drug2
McNemar's chi-squared = 4.0833, df = 1, p-value = 0.04331
```

Das Ergebnis ist signifikant. Es gibt einen Unterschied.

c) Können wir nach dem Ergebnis des Tests behaupten, dass die Linderung der Migräne vom Medikament abhängt? Wenn ja, welches Medikament bewirkt eine signifikant höhere Linderung?

```
prop.table(table(df$drug1))
```

```
  Ja Nein
0.75 0.25
```

```
prop.table(table(df$drug2))
```

```
  Ja Nein
0.35 0.65
```

Medikament `drug1` wirkt besser.

## 57.5 Lösung zur Aufgabe 45.12.5 Komatös

Ist ein komatöser Zustand bei der Ankunft im Krankenhaus ein Risikofaktor zu versterben?

```
df <- data.frame(
      Ergebnis = c(rep("überlebt", 521), rep("verstorben", 207)),
      Komatös = c(rep("nein", 484), rep("ja", 37),
                  rep("nein", 118), rep("ja", 89)
  )
)

chisq.test(df$Ergebnis, df$Komatös)
```

```
    Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

data:  df$Ergebnis and df$Komatös
X-squared = 130.86, df = 1, p-value < 2.2e-16
```

Ja, es gibt einen Unterschied zwischen komatösen und nicht-komatösen Patienten.

## 57.6 Lösung zur Aufgabe 45.12.6 Heilung

Ist die Wirksamkeit der beiden Behandlungen die gleiche?

```
df <- data.frame(
      Therapie = c(rep("A", 32), rep("B", 28)),
      Wirkung = c(rep("Sehr gut", 10), rep("gut", 14), rep("schlecht", 8),
                  rep("Sehr gut", 12), rep("gut", 10), rep("schlecht", 6)
  )
)

chisq.test(df$Wirkung, df$Therapie)
```

```
    Pearson's Chi-squared test

data:  df$Wirkung and df$Therapie
X-squared = 0.87141, df = 2, p-value = 0.6468
```

Es kann kein signifikanter Unterschied gezeigt werden.

## 57.7 Lösung zur Aufgabe 45.12.7 Facherfolg

Können wir dann behaupten, dass Frauen in diesem Fach erfolgreicher sind als Männer?

```
df <- data.frame(
      Geschlecht = c(rep("m", 10), rep("w", 10)),
      bestanden = c(rep("ja", 2), rep("nein", 8),
                    rep("ja", 4), rep("nein", 6)
  )
)

table(df)
```

```
          bestanden
Geschlecht ja nein
         m  2    8
         w  4    6
```

```
chisq.test(df$bestanden, df$Geschlecht)
```

```
Warning in chisq.test(df$bestanden, df$Geschlecht): Chi-Quadrat-Approximation
kann inkorrekt sein


    Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

data:  df$bestanden and df$Geschlecht
X-squared = 0.2381, df = 1, p-value = 0.6256
```

Es kann kein signifikanter Unterschied gezeigt werden.

## 57.8 Lösung zur Aufgabe 45.12.8 Statistikdozenten

Können wir bestätigen, dass es unterschiedliche Meinungen über Hans und Erna gibt?

```
df <- data.frame(
      Erna = c(rep("ja", 85), rep("nein", 65)),
      Hans = c(rep("ja", 37), rep("nein", 48),
               rep("ja", 44), rep("nein", 21)
  )
)

table(df)
```

```
      Hans
Erna   ja nein
  ja   37   48
  nein 44   21
```

```
chisq.test(df$Erna, df$Hans)
```

```


    Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction
```

```
data:  df$Erna and df$Hans
X-squared = 7.712, df = 1, p-value = 0.005486
```

Es gibt einen Signifikanten Unterschied zwischen den Dozenten.

```
prop.table(table(df$Erna))
```

```
       ja      nein 
0.5666667 0.4333333 
```

```
prop.table(table(df$Hans))
```

```
  ja nein 
0.54 0.46 
```

Die Studierenden mögen Erna ein bisschen mehr als Hans.

# Literaturverzeichnis


Cohen, J. (1992). A Power Primer. *Psychological Bulletin*, *112*(1), 155–159.

Gimeno, E. A., Garro, J. C., Alberca, A. S., & Zaragoza de Lorite, A. (2022). *Applied Biostatistics with R and rk.Teaching*. https://github.com/asalber/statistics_practice_rkteaching

Grabinger, B. (2024). *Fit fürs Studium – Statistik* (3. Aufl.). Rheinwerk Computing. https://www.rheinwerk-verlag.de/fit-fuers-studium-statistik/

große Schlarmann, J. (2025). *table traineR. Workouts für {data.table}*. Hochschule Niederrhein. https://www.produnis.de/tabletrainer/

große Schlarmann, J., & Galatsch, M. (2014). Regressionsmodelle für ordinale Zielvariablen. *GMS Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie*, *10*(1), 1–9. https://doi.org/10.3205/mibe000154

Isfort, M., Rottländer, R., Weidner, F., Gehlen, D., Hylla, J., & Tucman, D. (2018). *Pflege-Thermometer 2018 - Eine bundesweite Befragung von Leitungskräften zur Situation der Pflege und Patientenversorgung in der stationären Langzeitpflege in Deutschland*. Deutsches Institut für angewandte Pflegeforschung e.V. (DIP).

Kuckartz, U., Rädiker, S., Ebert, T., & Schehl, J. (2013). *Statistik - Eine verständliche Einführung* (2. Aufl.). Springer VS.

Mitchell, R., Izatt, M. M., Sunderland, E., & Cartwright, R. (1976). Blood groups antigens, plasma protein and red cell isoenzyme polymorphisms in South-west Scotland. *Annals of Human Biology*, *3*(2), 157–171. https://doi.org/10.1080/03014467600001271

R Core Team. (2023). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. https://www.r-project.org/

Wickham, H. (2012). A Layered Grammar of Graphics. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, *19*(1), 3–28. https://doi.org/10.1198/jcgs.2009.07098

Wickham, H. (2014). Tidy Data. *Journal of Statistical Software*, *59*(10). https://doi.org/10.18637/jss.v059.i10

Wickham, H., & Grolemund, G. (2017). *R for Data Science*. O'Reilly Media. https://r4ds.had.co.nz/

Wickham, H., Navarro, D., & Pedersen, T. L. (2022). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis* (3rd Aufl.). Springer. https://ggplot2-book.org/

Wilkinson, L., Wills, D., Rope, D., Norton, A., & Dubbs, R. (2005). *The Grammar of Graphics* (2nd Edition). Springer.

# Verzeichnis der verwendeten R-Befehle

## Y

# Credits

Prof. Dr. rer. medic. MScN, BScN, RN
Jörg große Schlarmann
Professor für Pflegewissenschaft
Fachbereich 10 - Gesundheitswesen
Campus Krefeld Süd
Hochschule Niederrhein
joerg.grosseschlarmann@hs-niederrhein.de

https://mastodon.social/@rbuch

# Changelog

- **2024-11-25**: Die PDF-Version des Buches wird nun mit Typst[23] gerendert. Dadurch verkürzt sich die Renderzeit von 2 Minuten 17 auf 25 Sekunden. Zusätztlich ist das PDF ca. 7MB kleiner. Die letzte LaTeX -Version steht aus nostalgischen Gründen hier zur Verfügung: https://www.produnis.de/R/rbuch-latex-last.pdf.
- **2024-07-14**: Das Buch hat nun auch einen Hex-Sticker, siehe Abschnitt 38.7.
- **2024-07-10**: Abschnitt Abschnitt 30 hinzugefügt.
- **2024-06-27**: Abschnitt Abschnitt 39.1 bei Landschaftskarten hinzugefügt. Vielen Dank an Prof. Dr. Benno Neukirch für das Karten- und Datenmaterial.
- **2024-06-22**: Abschnitt 45 ist als eigenständiges Quartodokument auf GitHub verfügbar, siehe https://github.com/produnis/angewandte_uebungen_in_R.
- **2024-06-19**: Biespielfunktion zum Vergleich linearer Modell hinzugefügt, Abschnitt 20.2.2
- **2024-06-09**: Abschnitt 45 hinzugefügt
- **2024-06-06**: Abschnitt 37.4 hinzugefügt
- **2024-05-24**: Abschnitt 34.7.9 und Abschnitt 34.8 hinzugefügt
- **2024-05-20**: Daten klassieren mit der `cut()`-Funktion (Abschnitt 11.3.2)
- **2023-12-27**: Ein Snapshot des Buches wurde zu [ORCA-NRW](https://www.orca.nrw/) hinzugefügt, siehe https://www.twillo.de/edu-sharing/components/render/10348674-9a4f-490a-a426-b85bf9b8ee4f.
- **2023-12-01**: Abschnitt 36.6 um `stat_count()` und `stat_identity()` erweitert.
- **2023-11-19**: Erklärung zu `join`-Funktionen hinzugefügt (Abschnitt 28.5)
- **2023-11-11**: Poisson-Regression hinzugefügt (Abschnitt 34.3)
- **2023-11-08**: QQ-Plots ergänzt (Abschnitt 35.10 und Abschnitt 36.10) sowie nicht-lineare Regressionen hinzugefügt (Abschnitt 34.1.2).
- **2023-11-06**: Abschnitt 21 hinzugefügt (`apply()` und Tochterfunktionen); Die PDF-Version hat neue `\geometry{}`-Werte und kommt daher mit 20% weniger Seiten aus.
- **2023-11-04**: Abschnitt 38.6 hinzugefügt, `plot()`-Kapitel um Legendenbox ergänzt, `plot()` und `ggplot()` um Liniendiagramme erweitert.
- **2023-11-03**: Abschnitt 34.12.2.1 mit Beispieltabelle und -plot für Fallzahlschätzungen bei Umfragen (Surveys) hinzugefügt.
- **2023-10-14**: Abschnitt 9.4.3 „Datenframes zusammenführen“ (`merge()`) hinzugefügt und Abschnitt 36.12.3 ergänzt.
- **2023-09-29**: Abschnitt 15.7 „Importierte Daten ins richtige Format bringen“ hinzugefügt.
- **2023-02-13**: Kapitel `ggplot()` grundlegend überarbeitet (Abschnitt 36)
- **2022-12-15**: ANOVA hinzugefügt (Abschnitt 34.9)
- **2022-12-12**: Faktorenanalyse hinzugefügt (Abschnitt 34.11)
- **2022-12-03**: sehr große bzw. sehr kleine wissenschaftliche Zahlen „runden“ (Abschnitt 5.2)
- **2022-09-29**: quarto Bots (Abschnitt 42.2)
- **2022-09-19**: R base pipe (Abschnitt 12)
- **2022-09-10**: Format ePub hinzugefügt.
- **2022-09-01**: Umzug des Buchs auf quarto, und Abschnitt quarto hinzugefügt (Abschnitt 24)

[23] https://typst.app

- **2022-07-04**: Überlebenszeitanalysen (Abschnitt 34.10)
- **2022-05-20**: Account bei [Mastodon](https://mastodon.social/@rbuch) angelegt
- **2022-05-13**: R-Paket `{jgsbook}` zu diesem Buch ist im CRAN verfügbar unter https://cran.r-project.org/package=jgsbook.
- **2022-02-04**: gelabelte SPSS-Daten (Abschnitt 26.1)
- **2021-06-21**: Fallzahlkalkulation (Abschnitt 34.12)
- **2021-06-04**: Chiquadrat-Referenzwerte (Abschnitt 43.4)
- **2021-04-04**: Tidyverse hinzugefügt (Abschnitt 25)
- **2021-03-21**: COVID-19-Analysen (Abschnitt 44)
- **2020-11-12**: Übertragung auf RMarkdown (bookdown), somit gibt es das Buch jetzt als Webseite und PDF-Datei.
- **2018-08-27**: Datensätze „`epa`“, „`nw`“ und „`mma`“ stehen als Download bereit.
- **2012-09-07**: RMarkdown hinzugefügt (Abschnitt 23)
- **2012-05-17**: Ergänzung RStudio
- **2010-08-28**: Version 1 des Nachschlagewerks steht als PDF-Datei (LaTeX) zum Download auf meiner Homepage.
- **2006-09-22**: Meine ersten Notizen verfasse ich im Wikibook „**GNU_R**“ unter https://de.wikibooks.org/wiki/GNU_R (alle Notizen unter https://de.wikibooks.org/wiki/Spezial:Beitr%C3%A4ge/Produnis)