- R 프로그램 기초 2 -

1. 발전된 자료형

(1) 리스트(List)

- 벡터와 비슷. But 서로 다른 데이터 타입의 원소를 포함할 수 있음. ※C언어의 구조체와 비슷.
- ① 리스트 만들기: list() 함수

```
x <- list(1,2,"3","good") #리스트 만들기
y <- list(name="chang", age=10, title="manager") #원소에 이름을 붙여서 리스트 만들기
z <- list(element.num=c(1,2,3), element.char=c("a", "b")) #각 원소의 크기가 다를 수 있음.
```

② 리스트 다루기

```
      x <- list(name="chang", age=10, score=c(70,90), grade=c("B","A"))</td>

      x[1]; x[[1]] #[ ] vs. [[ ]] indexing 비교
      x$name #원소 이름을 통한 indexing

      typeof(x[1]); typeof(x[[1]])
      typeof(x$name)

      x[2]; x[[2]]
      x$age

      x[3]; x[[3]]
      x$age[2] #list의 원소의 원소 접근
```

(2) 배열 (Array)

① 생성: array(), dim(), dimnames() 함수

(3) 데이터 프레임 (Data Frame)

- ① 생성: data.frame() 함수
- ② 원소 조작: attatch(), detatch() 함수

2. 추가적인 기본 사용법

(1) 제어문

- ① SWITCH() 함수: switch(변수, 변수값1={실행문1}, 변수값2={실행문2}, 변수값3={실행문3}, {실행문})
 - 변수값에 해당하는 실행문 실행. 일치하는 변수값이 없는 경우 마지막 실행문을 실행.

```
#최빈값(mode) 계산 함수
                                          #대표값 구하기
getmode <- function(v) {
                                          hist(x, breaks=30, prob=F)
                                          type<-'mean' #'mea' 또는 'med' 또는 'mod'
   uniqv <- unique(v)
   uniqv[which.max(tabulate(match(v,
                                          switch(type,
uniqv)))]
                                                mea=\{mean(x)\},
                                                                     #mean
}
                                                med=\{median(x)\},\
                                                                    #median
#표본
                                                mod={getmode(x)}, #median
x < -c(seq(1:10), seq(20:40), seq(80:100), 30)
                                                \{mean(x)\}\)
```

- ② while 문: while(Condition) {Condition이 True일 때의 실행문}
 - Condition이 TRUE인 동안 실행문을 반복해서 실행.

③ break 문: 실행 중인 반복문을 중단

```
#알고리즘 수행
#f(x) = k 풀기: x_{n+1} = x_n - [f(x_n)-k]/f'(x_n)
                                        x <- x0 #초기화
#문제
                                        iter <- 0
f <- function(x) x^2 #목적함수
                                       repeat { #repeat문을 사용
k <- 5 #목적값
                                          if(abs(f(x)-k)<tol) break
#알고리즘 수행을 위한 사전 세팅
                                          x < -x - (f(x)-k)/f1(x)
f1 <- function(x) 2*x #목적함수의 1차 미분
                                          iter <- iter + 1
tol <- 1e-10 #허용오차
                                       }
x0 <- k/2 #초기값
                                       x; x^2; iter
```

(2) 확률분포 관련 함수

① 분포별 R 내장함수:

분포	확률 or 확률밀도	누적확률	분위수	난수 생성
Normal 분포	$dnorm(x, \mu, \sigma)$	$pnorm(x, \mu, \sigma)$	q norm(p, μ, σ)	$rnorm(n, \mu, \sigma)$
Uniform 분포	$\frac{d}{dunif}(x,a,b)$	$\frac{d}{dunif}(x,a,b)$	qunif(x,a,b)	runif(n,a,b)
χ^2 분포	$\frac{d}{d}$ chisq (x,v)	pchisq(x,v)	qchisq(p , v)	rchisq (n, v)
t 분포	dt(x,v)	pt(x,v)	qt(p,v)	rt(n,v)
F 분포	$df(x,v_1,v_2)$	$pf(x,v_1,v_2)$	$qf(p,\upsilon_1,\upsilon_2)$	$rf({\color{red}n}, v_1, v_2)$
Log-Normal 분포	$\frac{dlnorm(\pmb{x},\mu,\sigma)}{d}$	$pInorm(x,\mu,\sigma)$	$qInorm(p,\mu,\sigma)$	$rlnorm(n, \mu, \sigma)$
Gamma 분포	dgamma(x, α, β)	pgamma(x, α, β)	qgamma(p, α, β)	rgamma(n, α, β)
Beta 분포	dbeta(x, α, β)	pbeta(x, α, β)	qbeta(p, α, β)	rbeta(n, α, β)

② (예) 몬테카를로 시뮬레이션으로 원주율 계산하기

set.seed(1) #매 시뮬레이션마다 동일한 난수가 생성되도록 seed number 고정.			
I <- 2 #정사각형 한 변의 길이	in.prob <- sum(sqrt(x^2+y^2)<=r)/M		
r <- I/2 #반지름	app.pi <- in.prob*(l^2)		
M <- 10000 #시뮬레이션 횟수	app.pi		
$x \leftarrow runif(M, -r, r) \#U(-r,r)$	pi #참값		
y <- runif(M, -r, r) #U(-r,r)			