

EDV1

Max Brede

2021-10-01

Contents

1	Vorwort	5
2	Lehrplan	7
2.1	Semesterplan	7
2.2	Übungsformat	7
2.3	Lehrziele für jede Sitzung	7
2.4	Prüfungsleistung	8
3	Vorlesung I - Rste Schritte	9
3.1	Einführung	9
3.2	Grundlegende Rechenoperationen	13
3.3	Ausdrücke, Funktionen, Argumente	15
3.4	Objekte	15
3.5	Hausaufgabe	21
4	elementare Datenverarbeitung	23
4.1	Vektoren	23
4.2	Indizierung	24
4.3	Systematische Wertefolgen erzeugen	27
4.4	Daten transformieren	29
4.5	Einfache deskriptiv-statistische Kennwerte	30
5	tidyverse und tibbles	31
5.1	Pakete benutzen	32
5.2	Datensätze erstellen und ergänzen	33
5.3	Datensätze sortieren und indizieren	37
5.4	Vorlesung	41
6	Faktoren und Aggregation	45
6.1	Faktoren	45
6.2	Daten einlesen I	48
6.3	deskriptive Kennwerte	49

7	Aggregation und Filemanagement	53
7.1	Aggregation	53
7.2	Daten einlesen II und zusammenfügen	56
8	Abbildungen I	61
8.1	Pivotieren von Datensätzen	61
8.2	Diagramme erstellen	63
8.3	geoms	65
8.4	line-charts	67
8.5	Balkendiagramme	69
8.6	Verteilungsdarstellungen	71
9	Abbildungen II	77
9.1	Gruppierte Darstellungen	77
9.2	Layer für zusätzliche Informationen	80
9.3	Zusätzliche tweaks	86

Chapter 1

Vorwort

Dieses mit `bookdown` erstellte Dokument ist das Skript zur Übung “PSY_B_11-2: Computerunterstützte Datenanalyse I” der CAU zu Kiel.

Chapter 2

Lehrplan

2.1 Semesterplan

2.2 Übungsformat

Die Übung soll zur Hälfte in 45-minütigen Sitzungen im Vorlesungsformat zur Vorstellung der Funktionen und zur anderen Hälfte als 45-minütige praktische Übung stattfinden. Es wird pro Übungs-Sitzung ein Übungszettel ausgegeben, der mit Hilfe der in der Zugehörigen Vorlesung besprochenen Funktionen bearbeitet werden können soll. Diese Zettel sollen nach der jeweiligen Vorlesung für die Übungen vorbereitet werden, in denen der Zettel dann besprochen und mögliche Fragen geklärt werden. Nach den Übungssitzungen haben die Studierenden dann eine Woche Zeit, zusätzliche Hausaufgaben zu bearbeiten.

Eine Ausnahme von diesem Ablauf ist die erste Sitzung, in der organisatorisches und Grundlagen in 90 minütigem Vorlesungsstil besprochen werden sollen. Auch nach dieser Sitzung werden aber Übungszettel und Hausaufgaben ausgegeben.

2.3 Lehrziele für jede Sitzung

Die Studierenden können nach dem Absolvieren der Übung...

Einheit 1

- Vor- und Nachteile von R und RStudio nennen und diese installieren.
- erklären was Funktionen und was Argumente sind.
- die Hilfe benutzen.
- das Environment von R benutzen um Objekte anzulegen und zu löschen.

Einheit 2

- Vektoren erstellen, transformieren und indizieren.
- verschiedene Datenformate in R erstellen, benutzen und in einander überführen.

Einheit 3

- Pakete installieren und benutzen.
- mit Hilfe des “**tidyverse**” Datensätze erstellen, ergänzen, sortieren und indizieren.

Einheit 4

- Faktoren erstellen.
- Daten auf Gruppenebene aggregieren.
- Häufigkeiten auszählen und tabellarisch darstellen.

Einheit 5

- Daten auf Gruppenebene noch besser aggregieren.
- Datensätze aus verschiedenen Formaten einlesen und in verschiedene Formate schreiben.
- Datensätze kombinieren

Einheit 6

- Datensätze pivotieren.
- eine Anzahl von Grafiken erstellen.

Einheit 7

- kompliziertere Grafiken erstellen.

Einheit 8

- die Funktionsschreibweise lesen und anwenden.
- erfolgreich an der Klausur teilnehmen.

2.4 Prüfungsleistung

Die Studierenden **müssen** während des Semesters die nach den Übungssitzungen ausgegebenen Hausaufgaben innerhalb einer Woche sinnvoll bearbeitet abgeben.

Mit maximal einer nicht sinnvoll bearbeiteten Serie werden die Studierenden zur Klausur am Ende des Semesters zugelassen.

Chapter 3

Vorlesung I - Rste Schritte

Übungsablauf

Die Übung wird zur Hälfte als Vorlesung, zur anderen Hälfte in Kleingruppen abgehalten.

Die Daten sind im Kalender und im Semesterplan im Olat ersichtlich.

Prüfungsleistung

Die Prüfungsleistung in dieser Veranstaltung besteht aus:

1. Dem *regelmäßigen Bearbeiten* und *Bestehen* von Hausaufgaben. Diese werden über das OLAT ausgeteilt und abgegeben, zu jeder Veranstaltung wird eine neue Serie herausgegeben. Das Bestehen der Hausaufgaben ist nötig, um zur Klausur zugelassen zu werden.
 - Als *Bestanden* gilt eine Serie, wenn alle Aufgaben **sinnvoll** bearbeitet wurden.
 - Unter *regelmäßigem Bearbeiten* versteht sich das Bestehen aller Serien **mit einer Ausnahme**.
2. Im Klausurzeitraum findet an einem Tag eine praktische Prüfung statt.

3.1 Einführung

Rste Schritte

Diese Veranstaltung und das zugehörige Material sollen Ihnen einen Einstieg in das computergestützte Aufbereiten und Auswerten von empirischen Daten bieten. Dazu werden wir auf die von ihren Autoren als ‘software environment for statistical computing and graphics’ bezeichnete, freie Umgebung R zurückgreifen.

	SPSS	R
Pro	einfache Bedienung weit verbreitet	das 'CRAN' (Comprehensive R Archive Network) kostenlos macht was angewiesen ist
Contra	kann nicht alles relativ kostenintensive Lizenzen nimmt vieles ab nicht beliebig erweiterbar	etwas Gewöhnung notwendig

Wozu brauche ich das?

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
FPO Psychologie B.Sc. 2016 (Keine amtliche Bekanntmachung)

Anhang 1: Studien – Verlaufplan (nicht Bestandteil der Satzung)

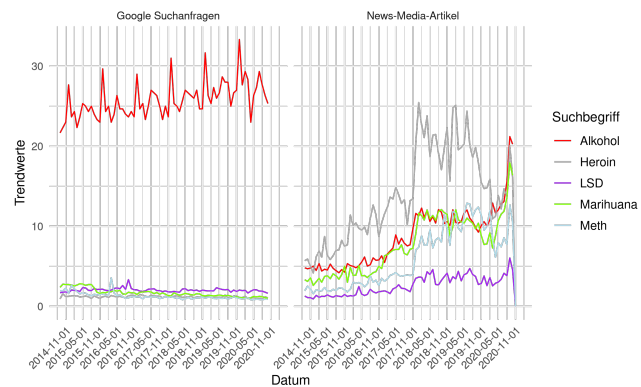
Sem.							SWS	LP
1	PSY_B.1 Einführung in die Statistik, Geschichte und Perspektiven der Psychologie V (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.4 Allgemeine Einführung in die Forschungsmethoden V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.5 Wahrnehmung und Kognition V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.6 Emotion, Motivation, Lernen und Gedächtnis V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.8 Entwicklungspsychologie V (2 SWS / 4 LP)			
2			PSY_B.11 Quantitative Methoden I V (4 SWS / 8 LP)	PSY_B.9 Persönlichkeitspsychologie V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)		PSY_B.10 Sozialpsychologie S (2 SWS / 4 LP) V (2 SWS / 4 LP)	14	28
3	PSY_B.2 Durchführung und Präsentation experimenteller Untersuchungen P (4 SWS / 8 LP)	PSY_B.12 Quantitative Methoden II V (4 SWS / 8 LP)	PSY_B.13 Grundlagen der Diagnostik V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.7 Biologische Psychologie V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.14 Basismodul Arbeits- und Organisationspsychologie V (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.15 Basismodul Klinische Psychologie und Psychotherapie V (2 SWS / 4 LP)	15	30
4	PSY_B.3 Experimentelles Praktikum P (4 SWS / 8 LP)	PSY_B.16 Evaluation und Forschungsmethoden V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.17 Diagnostische Verfahren S (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.18 Basismodul Wahlfach (Hochschulpsychologie / Klinische Psychologie) V (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.19 Basismodul Arbeits- und Organisationspsychologie V (2 SWS / 4 LP)	17	34
5	PSY_B.16 Basismodul Wahlfach (Hochschulpsychologie / Klinische Psychologie) V (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.18 Evaluation und Forschungsmethoden V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	10	20
6		PSY_B.17 Diagnostische Verfahren S (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	10	20
7	PSY_B.19 Angewandte Diagnostik und Fallarbeit V (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.21 (a-e) Schwerpunkt Mod 2 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	13	26
8	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.21 (a-e) Schwerpunkt Mod 2 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	PSY_B.20 (a-e) Schwerpunkt Mod 1 V (2 SWS / 4 LP) S (2 SWS / 4 LP)	14	28
							6	12
							100	200

Stand: 17.07.2018 Seite 41 / 48

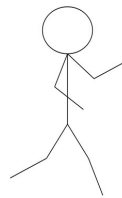
Warum R ?

(...und nicht SPSS...)

Aber die viel wichtigeren Argumente: R kann **Alles**



R macht **S**p



Literatur

Die Veranstaltung orientiert sich an:

1. Wollschläger (2016) . R kompakt.(Link aus dem Uni-Netz).
2. Golemund and Wickham (2017) . R for Data Science (Link).

Installation & Verwendung

Es wird die Verwendung der grafischen Benutzeroberfläche RStudio empfohlen.

Beachten Sie, dass für die Verwendung von RStudio zuvor eine Basisinstallation von R erfolgen muss:

1. (R) herunterladen und installieren.
2. (RStudio) herunterladen und installieren.

Benutzeroberfläche RStudio

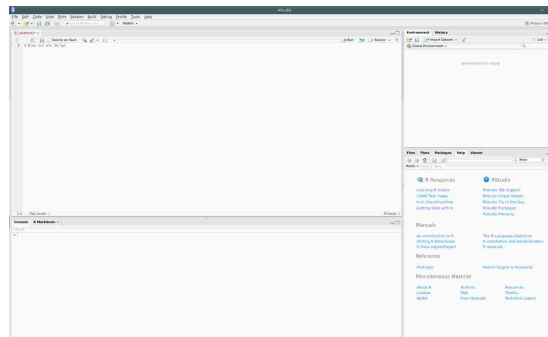


Figure 3.1: Benutzeroberfläche von RStudio. Oben links: Editor; unten links: Konsole; oben rechts: Environment bzw. History; unten rechts: Files, Plots, Help, etc.

Allgemeine Hinweise

- Verwenden Sie die Konsole (unten links) nur für einzeilige Berechnungen beim “Ausprobieren”
- Verwenden Sie stets den Editor (oben links), um mehrzeilige Berechnungen direkt in ein Skript zu schreiben
- Kommentieren Sie Ihren Code ausreichend und sinnvoll mit Hilfe des #-Zeichens
- Speichern Sie Ihr Skript unter einem sinnvollen Namen in einem sinnvoll benannten Verzeichnis ab
- Speichern Sie regelmäßig mit Strg+S zwischen
- Eine einzelne Skript-Zeile (diejenige, in der sich der Cursor befindet) oder zuvor markierter Code lassen sich mit Strg+Enter ausführen
- In der Konsole bricht ESC die Eingabe ab

Zum besseren Verständnis

In diesem Skript enthalten die grau hinterlegten Zeilen R-Input, die weiß hinterlegten Zeilen den R-Output. Ein ganz einfaches Beispiel zum Ausprobieren: Die simple Berechnung von $1 + 1$.

```
1 + 1
```

```
## [1] 2
```

Ausdrücke in der R-Konsole

Anweisungen in R funktionieren grundsätzlich über das Ausführen von Ausdrücken. Dabei werden Ausdrücke entweder durch Semikolons oder Zeilenumbrüche beendet.

```
1 + 1; 2 + 2;
```

```
## [1] 2
```

```
## [1] 4
```

```
1+1
```

```
## [1] 2
```

```
2+2
```

```
## [1] 4
```

Kommentare

R bietet außerdem die Möglichkeit, im Code Anmerkungen zu machen, die beim Ausführen ignoriert werden. Diese werden mit einem `#`-Symbol eingeleitet.

```
1 + 1 ### +1 +1
```

```
## [1] 2
```

```
#Dies ist ein Kommentar
```

Nutzen Sie Kommentare innerhalb Ihrer Skripte, um Arbeitsschritte kenntlich zu machen und zu erklären. Die übersichtliche Gestaltung Ihrer Skripte ist von wirklich großem Vorteil bei der Arbeit mit R. Dies kann nicht oft genug betont werden.

3.2 Grundlegende Rechenoperationen

Addition, Subtraktion

```
2 + 3
```

```
## [1] 5
```

```
28 - 5
```

```
## [1] 23
```

Multiplikation, Division

```
2 * 21
```

```
## [1] 42
```

```
92 / 4
```

```
## [1] 23
```

Rechenregeln

```
1+1*1+1*(1+1)+1
```

```
## [1] 5
```

Wie man sieht, befolgt R die Punkt-vor-Strich-Regel und berücksichtigt Klammerung.

Potenz, Quadratwurzel (“squareroot”), Betrag (“absolute”)

```
3^2
```

```
## [1] 9
```

```
sqrt(9)
```

```
## [1] 3
```

```
abs(-42)
```

```
## [1] 42
```

Runden

```
pi
```

```
## [1] 3.141593
```

```
round(pi)
```

```
## [1] 3
```

```
round(pi, digits=2)
```

```
## [1] 3.14
```

```
round(pi, digits=3)
```

```
## [1] 3.142
```

Aufgabe

```
round(pi, digits = 0) * 3 ### + 5
```

Was kommt raus?

- A) pi
- B) 14

- C) eine Fehlermeldung
- D) 9
- E) NULL

3.3 Ausdrücke, Funktionen, Argumente

Funktionen & Argumente

In R werden sehr häufig *Funktionen* verwendet. Diese repräsentieren eine Reihe von Anweisungen, die beim Aufrufen mit spezifischen Parametern ausgeführt werden sollen. Diese Parameter werden in Form von *Argumenten* übergeben. Beispielsweise enthält die Funktion `round()` die nötigen Anweisungen, um eine Zahl zu runden. Hierfür erwartet `round()` die zu rundende Zahl und die Anzahl an Nachkommastellen auf die zu runden ist. Man schreibt immer *Funktionsname*(*Argumentliste*). Bei Funktionen müssen *immer* runde Klammern vorhanden sein, auch wenn keine einzelnen Argumente vorgegeben werden.

Es gibt *obligatorische Argumente*, ohne deren Übergabe das Aufrufen einer Funktion zu einer Fehlermeldung führt:

```
round(pi)

## [1] 3
round() ### Funktionsaufruf ohne Argument

## Error in eval(expr, envir, enclos): 0 arguments passed to 'round' which requires 1 or 2 arguments
... und optionale Argumente:
round(pi, digits=3)

## [1] 3.142
round(pi, digits=pi)

## [1] 3.142
round(pi, digits=15)

## [1] 3.141593

Gibt man den Namen eines Arguments nicht an, entscheidet die Position in der Liste über die
Interpretation des Arguments durch R. Achtung: Fehlerquelle!
round(1/42, 3)

## [1] 0.024
round(3, 1/42)

## [1] 3
```

3.4 Objekte

Objekte sind für den späteren Gebrauch mit einem Namen versehene und im Arbeitsspeicher abgelegte Ergebnisse von Ausdrücken. Dabei ist Objekt der Überbegriff für eine Vielzahl von möglichen Datenstrukturen.

Ein paar Beispiele für Datenstrukturen in R:

- eindimensionale Vektoren (vector)

- mehrdimensionale Matrizen (`matrix`)
- Funktionen(`function`)

Objekte benennen

Wählen Sie kurze, aber aussagekräftige Objektnamen! Objektnamen dürfen dabei enthalten: Buchstaben, Zahlen, Punkte, Unterstriche

Achtung:

- Immer mit einem Buchstaben beginnen
- Groß-/Kleinschreibung ist relevant
- Keine anderen Sonderzeichen
- Keine durch R reservierte Namen von Funktionen, Konstanten, etc. (z.B. “mean”, “pi”, “if”, etc.) (im Zweifel Überprüfen mit `exists()`)

Hier nochmal der nachdrückliche Hinweis: Tun Sie sich selbst den Gefallen, Ihre Objekte eindeutig und nachvollziehbar zu benennen!

Zuweisungen an Objekte

Ergebnisse von Ausdrücken können benannten Objekten zugewiesen werden.

Dabei sind folgende Ausdrücke äquivalent:

```
firstObject = 42
42 -> firstObject
firstObject <- 42
```

Die letzte Möglichkeit stellt dabei die Beste im Hinblick auf Übersichtlichkeit und Eindeutigkeit dar.

Verwenden von Objekten:

Die Objektnamen können dann synonym zu ihrem Inhalt verwendet werden.

```
firstObject + 1; 42 + 1;
```

```
## [1] 43
```

```
## [1] 43
```

Objekte ausgeben

Um diese Ausgabe nachzuholen gibt es folgende Möglichkeiten:

```
print(firstObject)
```

```
## [1] 42
firstObject
```

```
## [1] 42
```

Diese beiden Versionen sind faktisch dieselbe, da das einfache Aufrufen eines Variablennamens implizit als ein Aufruf von `print()` interpretiert wird.

```
(object2 <- firstObject^2)
```

```
## [1] 1764
```

Bei Setzen eines Befehls in Klammern wird die durch ihn ausgelöste Änderung ausgegeben, im Beispiel die Zuweisung des Ergebnisses zum neuen Objekt `object2`.

Diese Methode ist eine gute Variante, Zwischenergebnisse regelmäßig zu kontrollieren.

Objekte anzeigen lassen

Alle Objekte im Workspace anzeigen lassen:

```
ls()

## [1] "firstObject"      "kbl"
## [3] "object2"          "open_copyright_image"
## [5] "plan"             "set_output_width"
```

Diese Operation braucht man später nicht unbedingt, da alle angelegten Objekte auch im Environment-Tab in RStudio einsehen kann. Am Anfang kann diese Funktion aber helfen, sich über die Abläufe klar zu werden.

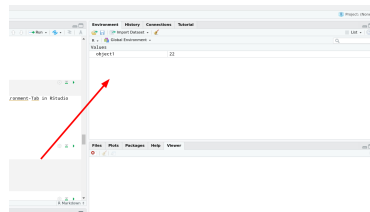


Figure 3.2: Environment

Objekte entfernen

Vorhandene Objekte lassen sich dann wie folgt entfernen:

```
ls()

## [1] "firstObject"      "kbl"
## [3] "object2"          "open_copyright_image"
## [5] "plan"             "set_output_width"

rm(object2)
ls()
```

```
## [1] "firstObject"      "kbl"
## [3] "open_copyright_image" "plan"
## [5] "set_output_width"
```

Mit `rm(list=ls())` lassen sich alle Objekte aus dem Workspace entfernen.

```
ls()

## [1] "firstObject"      "kbl"
## [3] "open_copyright_image" "plan"
## [5] "set_output_width"

rm(list=ls())
ls()
```

```
## character(0)
```

Datentypen

In R, wie in so gut wie jeder anderen Sprache, werden Objekte in unterschiedliche Subtypen gegliedert, die sich auf die in ihnen gespeicherten Informationen beziehen:

Beschreibung	Beispiel	Datentyp
leere Menge	'NULL'	'NULL'
logische Werte	'TRUE, FALSE, T, F'	'logical'
ganze und reelle Zahlen	'42'	'numeric'
Buchstaben- o. Zeichenfolgen (immer in Anführungszeichen)	'beware of the leopard.'	'character'

Dabei ist das hier keine vollständige Liste, für den Anfang reicht sie aber.

`mode()` gibt den Datentyp des übergebenen Arguments aus (braucht man selten, hier nur für das Beispiel):

```
mode(answer)
```

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

```
mode('answer')
```

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

Datentypen konvertieren

`as.character(answer)` konvertiert den Datentyp des Objekts von `numeric` nach `character` ohne den ursprünglichen Eintrag von `answer` zu überschreiben.

```
mode(answer)
```

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

```
as.character(answer)
```

```
## [1] "42"
```

```
mode(answer)
```

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

Um das zu erreichen muss das Objekt überschrieben werden:

```
answer <- as.character(answer)
```

```
mode(answer)
```

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

Mit `answer` als `character`-Element lässt sich nicht mehr rechnen:

```
answer * 2
```

```
## Error in answer * 2: non-numeric argument to binary operator
```

Um das dann wieder zu ermöglichen muss das Objekt zurück nach `numeric` konvertiert werden:

```
answer <- as.numeric(answer)
```

```
mode(answer)
```

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

```
answer * 2
```

```
## [1] 84
```

Weitere Beispiele für Konvertierung:

```
as.numeric("42") ### konvertiert character nach numeric
```

```
## [1] 42
```

```
as.numeric(TRUE) ### konvertiert logical nach numeric
```

```
## [1] 1
```

Operator	Operation
'=='	ist gleich
'!='	ist ungleich
>	ist größer
>=	ist größer gleich
<	ist kleiner
<=	ist kleiner gleich
'i	logisches NICHT
&	logisches UND
' '	logisches ODER
'isTRUE()'	gibt an, ob übergebenes Argument TRUE ist

```
as.logical(0) ### konvertiert numeric nach logical

## [1] FALSE
as.logical(1) ### konvertiert numeric nach logical

## [1] TRUE
as.logical(23) ### konvertiert numeric nach logical

## [1] TRUE
as.logical("true") ### konvertiert character nach logical

## [1] TRUE
```

Logische Werte, Operatoren und Verknüpfungen

Logische Vergleiche, Verknüpfungen und andere Operatoren:

Das Ergebnis eines logischen Vergleichs sind logische Werte:

WAHR: TRUE = T = 1
FALSCH: FALSE = F = 0

Beispiele:

```
1 == 2
```

```
## [1] FALSE
```

```
1 != 2
```

```
## [1] TRUE
```

```
1 < 2
```

```
## [1] TRUE
```

```
1 >= 2
```

```
## [1] FALSE
```

```
1>2 & 1<=3

## [1] FALSE
2>1 | 1!=1

## [1] TRUE
6>5 & !(2<=1)

## [1] TRUE
isTRUE(1 == 1)

## [1] TRUE
(1 == 1)

## [1] TRUE
```

Aufgabe

Was kommt raus?

```
(2 > 1 & 1 < 3) | 1 != 1
```

- A) TRUE
- B) FALSE
- C) NULL

Umgang mit Dezimalzahlen:

Was kommt hier raus?

```
0.1 + 0.2 == 0.3
```

- A) TRUE
- B) FALSE
- C) NULL

```
0.1 + 0.2 == 0.3
```

```
## [1] FALSE
```

0.1 + 0.2 != 0.3?

‘Falsches’ Ergebnis ist Resultat von Repräsentation von Gleitkommazahlen im Speicher des Rechners.

Die Funktion `all.equal()` löst dieses Problem.

```
all.equal(target=0.1+0.2, current=0.3)
```

```
## [1] TRUE
```

Mit dem `tolerance`-Argument lässt sich der Bereich der akzeptablen Unterschiede in Dezimalstellen angeben.

```
all.equal(target = 0.424242, current = 0.424243,
          tolerance = 1e-5)
```

```
## [1] TRUE
```

```
all.equal(target = 0.424242, current = 0.424243,
          tolerance = 1e-6)
```

```
## [1] "Mean relative difference: 2.357145e-06"
```

Hierbei fällt auf, dass bei Ungleichheit nicht `FALSE` sondern die Abweichung ausgegeben wird.

Um `all.equal` sinnvoll in logischen Operationen benutzen zu können wird `isTRUE` benötigt:

```
isTRUE(all.equal(target = 0.424242,  
                 current = 0.424243,  
                 tolerance = 1e-6))
```

```
## [1] FALSE
```

3.5 Hausaufgabe

Hausaufgabe: Erstellen eines R-Skripts

Schreiben Sie den dem folgenden Ablauf entsprechenden Code in ein R-*Skript* und führen Sie ihn von dort in der Konsole aus:

Erstellen Sie drei Objekte wie folgt:

- Als erstes ein Objekt namens *whatDoIDoThis* mit der Zahl 4 als Inhalt.
- Als zweites ein Objekt namens *text* mit dem Inhalt : “i_like_snake_case_better”.
- Als drittes ein Objekt namens *myFavouriteNumber* mit einer Zahl Ihrer Wahl als Inhalt.

Berechnen Sie nun den Mittelwert der Objekte mit numerischem Inhalt und legen Sie diesen in einem weiteren Objekt namens *manualMean* ab.

Lassen Sie sich in der Konsole durch eine Zeile in Ihrem Skript den Text 'I learned about the most important bugfixing tool' ausgeben.

Speichern Sie anschließend das R-*Skript* unter ‘R’ ab.

Chapter 4

elementare Datenverarbeitung

```
->  
-> ->
```

4.1 Vektoren

4.1.1 Begriff

Im Kontext von R ist ein Vektor als eine sequentiell geordnete Menge von Werten und nicht als das gleichnamige mathematische Konzept zu verstehen.

4.1.2 Vektoren erzeugen

Leere Vektoren eines bestimmten Typs lassen sich mit dem Namen des Typs als Funktion und der Anzahl der gewünschten Stellen als Argument erstellen. z.B.:

```
numeric(5);  
character(4);  
logical(3);
```

```
## [1] 0 0 0 0 0  
## [1] "" "" "" ""  
## [1] FALSE FALSE FALSE
```

Um mehrere Daten in einer eindimensionalen Anordnung zu verketten wird die `c()`-Funktion benutzt. Die Argumente werden in Reihenfolge der Eingabe hintereinander angeordnet und können beliebigen Datentypen angehören.

```
c(1,2,3,4);  
c('dies', 'ist', 'ein', 'Vektor');  
c(T, F, T, F);
```

```
## [1] 1 2 3 4  
## [1] "dies" "ist" "ein" "Vektor"  
## [1] TRUE FALSE TRUE FALSE
```

Das Ergebnis kann dann wie gewohnt in ein Objekt abgelegt werden.

```
numericVector <-c(4,2,4242,42)
```

Außerdem lassen sich mit dem `c()`-Operator mehrere Vektoren kombinieren.

```
additionToNumericVector <- c(424242, 42400, 42000,
                             4224, 24)
(numericVector <- c(numericVector,
                   additionToNumericVector))
```

```
## [1]      4      2 4242      42 424242 42400 42000
## [8] 4224      24
```

4.1.3 Vektoren verwenden

Die Länge eines Vektors lässt sich mit der Funktion `length()` ausgeben.

```
length(numericVector)
```

```
## [1] 9
```

4.1.4 Datentypen in Vektoren

Bei dem Versuch Vektoren aus verschiedenen Datentypen anzulegen werden die Daten in den allgemeinsten Datentyp umgewandelt. Dabei gilt im Rahmen der Komplexität für die bisher vorgestellten Datentypen:

```
logical < numeric < character
mode(c(T, T, F));
mode(c(T, T, 0));
mode(c(T, 0, 'false'));
```

```
## [1] "logical"
## [1] "numeric"
## [1] "character"
```

In einem Vektor ist im Allgemeinen also immer nur ein Typ an Daten vertreten.

4.1.5 Aufgabe

Wenn ich `mode(c('TRUE',FALSE,1))` eingebe, dann...

- A) ... wird `logical` ausgegeben
- B) ... wird `vector` ausgegeben
- C) ... wird `numerical` ausgegeben
- D) ... wird `character` ausgegeben

4.2 Indizierung

4.2.1 Elemente indizieren

Die beim Erstellen eines Vektors angelegten Positionen der Werte werden in R implizit mit fortlaufenden Indizes versehen und gespeichert. Diese Indizes starten bei jedem Vektor mit 1 und enden mit der Länge desselben. Die einzelnen Elemente eines Vektors lassen sich über ihren Index mit dem `[]`-Operator aufrufen.

```
numericVector[4] ## 4. Element des Vektors numericVector.
```

```
## [1] 42
```

Wird ein Index über dem des letzten Eintrags eines Vektors aufgerufen, wird `NA` zurückgegeben.

```
numericVector[length(numericVector)+1]
```

```
## [1] NA
```


4.2.2 mehrere Elemente gleichzeitig indizieren

Es lassen sich auch mehrere Werte eines Vektors über die Indizierung über Zuhilfenahme eines anderen Vektors aufrufen. Dabei kann der Index-Vektor als Objekt vordefiniert oder dem []-Operator direkt übergeben werden.

```
idx <- c(1,2,3,8)
numericVector[idx]

## [1] 4 2 4242 4224
numericVector[c(4,5,6,7)]
```

```
## [1] 42 424242 42400 42000
```

Der Index-Vektor kann dabei auch länger als der ursprüngliche Vektor sein, da mehrfacher Aufruf eines Index möglich ist.

```
numericVector ## 9 Werte

## [1] 4 2 4242 42 424242 42400 42000
## [8] 4224 24
idx <- c(1,1,2,2,3,3,4,4,5,5,6,6)
## 12 Aufrufe über die Indizes
numericVector[idx]

## [1] 4 4 2 2 4242 4242 42
## [8] 42 424242 424242 42400 42400
```

4.2.3 Elemente ausschließen

Durch das verwenden negativer Indizes wird das entsprechende Element von der Ausgabe ausgeschlossen.

```
numericVector[-3] ## Vektor ohne drittes Element

## [1] 4 2 42 424242 42400 42000 4224
## [8] 24
idx <- c(1,3,5,7,9)
## Vektor mit Ausnahme der in idx abgelegten Indizes:
numericVector[-idx]

## [1] 2 42 42400 4224
```

4.2.4 Elemente austauschen

Die Indizierung kann außerdem genutzt werden um Elemente eines Vektors zu ersetzen oder als alternative Methode zu oben vorgestelltem Kombinieren von Vektoren via `c(<Vektor1>, <Vektor2>)`.

```
numericVector

## [1] 4 2 4242 42 424242 42400 42000
## [8] 4224 24
numericVector[1] <- 12
numericVector

## [1] 12 2 4242 42 424242 42400 42000
## [8] 4224 24
numericVector[idx] <- idx
numericVector

## [1] 1 2 3 42 5 42400 7 4224
## [9] 9
length(numericVector)

## [1] 9
numericVector[c(10,11,12,13,14)] <- idx
numericVector
```

```
## [1] 1 2 3 42 5 42400 7 4224
## [9] 9 1 3 5 7 9
```

4.2.5 Elemente löschen

Elemente eines Vektors lassen sich nicht im eigentlichen Sinne löschen, man kann aber sehr wohl das Objekt in dem der Vektor abgelegt ist mit einer verkürzten Version überschreiben.

```
numericVector <- numericVector[-idx]
numericVector
```

```
## [1] 2 42 42400 4224 1 3 5 7
## [9] 9
```

4.2.6 Logische Operatoren

Verarbeitungsschritte mit logischen Operatoren treten häufig bei der Auswahl von Teilmengen von Daten sowie der Recodierung von Datenwerten auf, zwei häufigen Prozeduren in der statistischen Auswertung

4.2.7 Logischer Vergleich von Vektoren

Wie vorher Einzelwerte kann man auch Vektoren in logischen Vergleichen verwenden.

```
age <- c(17, 30, 30, 24, 23, 21)
age < 24
```

```
## [1] TRUE FALSE FALSE FALSE TRUE TRUE
age >= 18
```

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

Dabei werden logische Werte als Ergebnis für den Vergleich jeden Wertes ausgegeben.

Die vorher gezeigten logischen Verknüpfungen lassen sich genauso anwenden

```
## Alle Werte die mindestens 18 und kleiner als 30 sind
(age >= 18) & (age < 30)
```

```
## [1] FALSE FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE
## Alle Werte die kleiner als 18 oder mindestens 30 sind
(age < 18) | (age >= 30)
```

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

4.2.8 Logische Vektoren

Die mit `sum()` gebildete Summe eines logischen Vektors gibt einem die Anzahl der wahren Werte im Vektor aus, da `TRUE` für die Berechnung in eine 1 und `FALSE` in eine 0 transformiert wird.

```
res <- !((age < 18) | (age >= 30))
sum(res)
```

```
## [1] 3
```

4.2.9 Logische Vergleiche von Vektoren

Zwei **gleichlange** Vektoren lassen sich auch mit Hilfe logischer Operatoren vergleichen.

```
age2 <- c(19, 31, 29, 24, 30, 22)
age == age2
```

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

Und natürlich lassen sich hier alle vorher besprochenen logischen Operatoren anwenden:

```
age == age2
```

```
## [1] FALSE FALSE FALSE TRUE FALSE FALSE
age < age2
```

```
## [1] TRUE TRUE FALSE FALSE TRUE TRUE
age != age2
```

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

4.2.10 Logische Indizierung

Indizierung funktioniert auch mit logischen Vektoren. Dabei wird im Indexvektor für jeden Wert des indizierten Vektors angegeben, ob dieser ausgewählt werden soll oder nicht. Eine einfache Methode zur Auswahl von Teilmengen von Elementen die einem bestimmten Kriterium entsprechen.

```
(res <- age < 24)
```

```
## [1] TRUE FALSE FALSE FALSE TRUE TRUE
age[res]
```

```
## [1] 17 23 21
```

Der Indexvektor muss nicht vorher als Objekt angelegt werden.

```
age[age<24]
```

```
## [1] 17 23 21
```

4.2.11 Logische Indizierung und fehlende Werte

Versucht man Vektoren mit fehlenden Werten zu erzeugen, stößt man auf folgendes Problem:

```
age3 <- c(20, 23, 32, NA, 19, 27)
(idx <- age3 < 24)
```

```
## [1] TRUE TRUE FALSE NA TRUE FALSE
age3[idx]
```

```
## [1] 20 23 NA 19
```

4.2.12 Umgang mit fehlenden Werten bei logischer Indizierung

Der fehlende Wert wird in den Index-Vektor und die Indizierung weitergetragen.

Umgehen lässt sich dieses Problem mit der `which()`-Funktion, die die Positionen aller `TRUE`-Werte des übergebenen Arguments als numerischen Vektor ausgibt.

```
(idx <- which(idx))
```

```
## [1] 1 2 5
```

Dieser kann dann wieder zur Indexierung benutzt werden.

```
age3[idx]
```

```
## [1] 20 23 19
```

4.3 Systematische Wertefolgen erzeugen

4.3.1 Numerische Sequenzen erstellen

In R lassen sich durch einen Doppelpunkt Zahlensequenzen in Einserschritten zwischen einem Start- und Endwert erstellen.

```
1:20
20:1
-10:10
-(1:20)
```

```
## [1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16
## [17] 17 18 19 20
## [1] 20 19 18 17 16 15 14 13 12 11 10 9 8 7 6 5
## [17] 4 3 2 1
## [1] -10 -9 -8 -7 -6 -5 -4 -3 -2 -1 0 1
## [13] 2 3 4 5 6 7 8 9 10
## [1] -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12
## [13] -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20
```

Sequenzen mit anderen Schrittgrößen lassen sich mit der `seq()`-Funktion erstellen.

Dabei lässt sich entweder die Schrittgröße angeben:

```
seq(from = 0, to = 42, by = 6)
```

```
## [1] 0 6 12 18 24 30 36 42
```

```
seq(from = 0, to = 42, by = 5) ## Endpunkt nicht erreicht
```

```
## [1] 0 5 10 15 20 25 30 35 40
```

Oder die gewünschte Anzahl der Werte in der Sequenz:

```
seq(from = 0, to = 42, length.out = 8)
```

```
## [1] 0 6 12 18 24 30 36 42
```

```
seq(from = 0, to = 42, length.out = 6)
```

```
## [1] 0.0 8.4 16.8 25.2 33.6 42.0
```

Bei zweiterer Methode oder bei Angabe einer nicht-ganzzahligen Schrittgröße können auch nicht zur Indizierung geeignete Dezimalzahlen entstehen.

```
seq(from = 0, to = 1, by = 0.1)
```

```
## [1] 0.0 0.1 0.2 0.3 0.4 0.5 0.6 0.7 0.8 0.9 1.0
```

Mit dem `along` Argument lässt sich außerdem eine Sequenz in der Länge eines übergebenen Vektors erstellen.

```
age <-c(16, 43, 30, 22, 7, 36)
seq(along = age)
```

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

```
seq(from = 10, to = 100, along = age)
```

```
## [1] 10 28 46 64 82 100
```

4.3.2 Wertefolgen wiederholen

```
someValues <- c(42, 16, 12)
## Vektor 5-mal wiederholen
rep(someValues, times = 5)

## [1] 42 16 12 42 16 12 42 16 12 42 16 12 42 16 12
## Jeden Wert des Vektors 5 mal wiederholen
rep(someValues, each = 5)

## [1] 42 42 42 42 42 16 16 16 16 16 12 12 12 12 12
## Jeden Wert so oft wie in times individuell angegeben wiederholen
rep(someValues, times = c(42, 1, 5))

## [1] 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42
## [17] 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42
## [33] 42 42 42 42 42 42 42 42 42 42 16 12 12 12 12
```

4.4 Daten transformieren

4.4.1 Werte sortieren

`sort()` sortiert je nach Angabe in auf- oder absteigender Reihenfolge
`sort(someValues, decreasing = FALSE)`

```
## [1] 12 16 42
sort(someValues, decreasing = TRUE)
```

```
## [1] 42 16 12
```

`order()` macht im Prinzip dasselbe, gibt aber statt des sortierten Vektors die Indizes in entsprechender Ordnung aus.
`someValues`

```
## [1] 42 16 12
(idx <- order(someValues, decreasing = F))
```

```
## [1] 3 2 1
someValues[idx]
```

```
## [1] 12 16 42
```

Dies funktioniert auch für `character`-Vektoren in alphabetischer Ordnung
`(someCharacters <- c("Z", "D", "L", "O", "l", "n", "e", "N", "t", "R"))`

```
## [1] "Z" "D" "L" "O" "l" "n" "e" "N" "t" "R"
sort(someCharacters, decreasing = F)
```

```
## [1] "D" "e" "l" "L" "n" "N" "O" "R" "t" "Z"
```

Sind Zahlen an der ersten Stelle in `character`-Vektoren vertreten, werden diese vor das Alphabet sortiert.

```
someCharacters <- c(
  "42 is fairly overused",
  "India",
  "Zulu",
  "Whiskey",
  "42",
```

```

    "a string of characters",
    "Tango",
    "not a number",
    "1"
)
sort(someCharacters, decreasing = F)

## [1] "1" "42"
## [3] "42 is fairly overused" "a string of characters"
## [5] "India" "not a number"
## [7] "Tango" "Whiskey"
## [9] "Zulu"

```

4.5 Einfache deskriptiv-statistische Kennwerte

```

age <- c(6, 60, 44, 56, 8, 58, 87, 8, 55, 83)
IQ <- c(91, 104, 109, 92, 90, 101, 99, 93, 89, 118)

mean(age) ## Mittelwert
var(age) ## Varianz (korrigiert)
sd(age) ## Streuung (korrigiert)

## [1] 46.5
## [1] 895.6111
## [1] 29.92676
N <- length(age)
sd(age)/sqrt(N) ## SEM

## [1] 9.463673
sqrt((N-1) / N) * sd(age) ## unkorrigierte Streuung

## [1] 28.39102
cov(x=age, y=IQ, method="pearson") ## Kovarianz

## [1] 167.6667
cor(x=age, y=IQ, method="pearson") ## Korrelation

## [1] 0.5875238

```

Chapter 5

tidyverse und tibbles

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->

->
->
->
->
->
->
->
->
->
->
->
->
->
->
->

5.1 Pakete benutzen

5.1.1 das CRAN und Paketinstallation

Wie in der ersten Sitzung schon angedeutet, ist eine der größten wenn nicht *die* größte Stärke von R das Comprehensive R Archive Network.

Zum einen werden dort die Installationsdateien für die neuesten R-Versionen gehostet, für uns viel praktischer ist aber, dass dort auch fast unzählige Pakete zugänglich gemacht werden. Mit diesen Paketen oder auch **packages** lässt sich der Funktionsumfang von R beliebig erweitern.

Diese Pakete lassen sich mit der naheliegend benannten Funktion **install.packages** installieren. Ein für uns wichtiges Paket, das eine ganze Sammlung von nützlichen Paketen beinhaltet, die wir ab jetzt regelmäßig benutzen werden, ist das **tidyverse**.

Bitte installieren Sie diese Sammlung mit dem folgenden Code:

```
install.packages('tidyverse')
```

5.1.2 Pakete laden

Wenn das Paket installiert ist, lässt es sich ganz einfach mit **library** in den genutzten Namensraum laden.

Pakete, die nicht vor der Benutzung geladen wurden, können nicht benutzt werden!

Da wir es gleich benutzen werden, laden wir schon einmal das **tidyverse**


```
library(tidyverse)
```

5.2 Datensätze erstellen und ergänzen

5.2.1 Datensätze

Bisher haben wir nur einfache Vektoren benutzt um Daten auszudrücken. Das geht zwar, solange man nur Daten eines Formats und in überschaubarer Anzahl betrachtet, sobald wir aber an richtige experimentelle Kontexte denken, reicht das nicht mehr.

Deswegen gibt es in R so genannte *‘rechteckige Datensätze’*, die Vektoren als Spalten zu einer Tabelle kombinieren. Die Spalten können dabei unterschiedliche Datenformate haben.

5.2.2 Datensätze erstellen

Datensätze werden in R `data.frames` genannt und können mit `data.frame()` erstellt werden.

Hier werden wir aber direkt auf die Basis-R Funktion verzichten und die etwas hübschere Funktion `tibble()` aus dem `tidyverse` nutzen.

Ein `tibble` ist prinzipiell ein `data.frame`, hat aber ein paar zusätzliche quality-of-life-features, die den Umgang mit ihnen vereinfachen.

5.2.3 Beispiel-Datensatz

Wir erstellen jetzt erstmal unseren ersten Datensatz:

```
my_1st_tibble <- tibble(  
  index = 1:10,  
  name = c('Agnes Nitt',  
           'Samuel Vimes',  
           'Esme Weatherwax',  
           'Gytha Ogg',  
           'Horace Worblehat',  
           'Mustrum Ridcully',  
           'Fred Colon',  
           'Leonard of Quirm',  
           'Havelock Vetinari',  
           'Reg Shoe'  
),  
  group = c(1,2,1,1,3,3,2,2,2,2)  
)
```

5.2.4 tibble

Der Datensatz sieht dann so aus:

```
my_1st_tibble
```

name	points_t1	points_t2
Agnes Nitt	4.8	2.8
Samuel Vimes	3.2	5.8
Esme Weatherwax	3.5	4.8
Gytha Ogg	3.1	5.3
Horace Worblehat	4.2	5.8
Mustrum Ridcully	4.7	5.0
Fred Colon	3.4	4.7
Leonard of Quirm	2.8	6.2
Havelock Vetinari	4.2	4.0
Reg Shoe	4.0	5.2

```
## # A tibble: 10 x 3
##   index name          group
##   <int> <chr>         <dbl>
## 1     1 Agnes Nitt         1
## 2     2 Samuel Vimes       2
## 3     3 Esme Weatherwax   1
## 4     4 Gytha Ogg         1
## 5     5 Horace Worblehat   3
## 6     6 Mustrum Ridcully   3
## 7     7 Fred Colon        2
## 8     8 Leonard of Quirm    2
## 9     9 Havelock Vetinari   2
## 10    10 Reg Shoe         2
```

Also: Jedes Argument von oben ist jetzt eine Spalte, jeder Wert in allen Vektoren jetzt eine Zeile.

5.2.5 Überblick über den Datensatz verschaffen

Zwar ist in unserem Fall das `tibble` ziemlich überschaubar, sollten wir uns aber trotzdem einen Überblick verschaffen wollen, können wir die `glimpse`-Funktion benutzen:

```
glimpse(my_1st_tibble)
```

```
## Rows: 10
## Columns: 3
## $ index <int> 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10
## $ name <chr> "Agnes Nitt", "Samuel Vimes", "Esme We~
## $ group <dbl> 1, 2, 1, 1, 3, 3, 2, 2, 2, 2
```

5.2.6 Spalten hinzufügen

Wir stellen uns jetzt vor, dass unser Datensatz die Anmeldeliste für ein Experiment darstellt.

Nach der Anmeldung haben die Probanden das Experiment durchgeführt und an zwei Testzeitpunkten in einem von uns designeten Aufmerksamkeitsparadigma die folgenden Punkte erhalten:

Diese Daten wollen wir jetzt unserem Datensatz hinzufügen, um sie für unsere Auswertungen verwenden zu können (das Beispiel ist ein bisschen künstlich, später werden wir einfach Datensätze aus externen Dateien einlesen. Um das Prinzip zu demonstrieren, ergibt es hier aber Sinn).

Um dies zu tun, benutzen wir die `mutate`-Funktion (auf deutsch ‘ändern’ oder ‘mutieren’).

```
mutate(my_1st_tibble,
       points_t1 = c(4.8, 3.2, 3.5, 3.1, 4.2, 4.7, 3.4, 2.8, 4.2, 4),
       points_t2 = c(2.8, 5.8, 4.8, 5.3, 5.8, 5, 4.7, 6.2, 4, 5.2))
```

```
## # A tibble: 10 x 5
##   index name                group points_t1 points_t2
##   <int> <chr>                <dbl>    <dbl>    <dbl>
## 1     1 Agnes Nitt             1      4.8      2.8
## 2     2 Samuel Vimes           2      3.2      5.8
## 3     3 Esme Weatherwax       1      3.5      4.8
## 4     4 Gytha Ogg             1      3.1      5.3
## 5     5 Horace Worblehat      3      4.2      5.8
## 6     6 Mustrum Ridcully      3      4.7      5
## 7     7 Fred Colon            2      3.4      4.7
## 8     8 Leonard of Quirm       2      2.8      6.2
## 9     9 Havelock Vetinari     2      4.2      4
## 10    10 Reg Shoe            2      4      5.2
```

`mutate` funktioniert wieder wie alle bisher gesehenen Funktionen, wenn wir das Objekt nicht überschreiben, wird der Output nicht gespeichert.

```
glimpse(my_1st_tibble)
```

```
## Rows: 10
## Columns: 3
## $ index <int> 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10
## $ name <chr> "Agnes Nitt", "Samuel Vimes", "Esme We~
## $ group <dbl> 1, 2, 1, 1, 3, 3, 2, 2, 2, 2
```

Wir könnten jetzt einfach den Datensatz wie gewohnt überschreiben, nutzen aber die Gelegenheit um ein weiteres wichtiges feature des `tidyverse` einzuführen.

`%>%` ist die ‘pipe’, ein Operator, der den Output des links genannten Ausdrucks als erstes Argument an den rechts genannten Ausdruck weitergibt.

Mit diesem Operator können wir das Beispiel von eben wie folgt umformulieren:

```
my_1st_tibble <- my_1st_tibble %>%
  mutate(points_t1 = c(4.8, 3.2, 3.5, 3.1, 4.2, 4.7, 3.4, 2.8, 4.2, 4),
         points_t2 = c(2.8, 5.8, 4.8, 5.3, 5.8, 5, 4.7, 6.2, 4, 5.2))
```

Nur noch schnell gucken ob das geklappt hat:

```
my_1st_tibble
```

```
## # A tibble: 10 x 5
##   index name                group points_t1 points_t2
```

```
##      <int> <chr>           <dbl>      <dbl>      <dbl>
## 1      1 Agnes Nitt         1        4.8        2.8
## 2      2 Samuel Vimes       2        3.2        5.8
## 3      3 Esme Weatherwax    1        3.5        4.8
## 4      4 Gytha Ogg          1        3.1        5.3
## 5      5 Horace Worblehat   3        4.2        5.8
## 6      6 Mustrum Ridcully   3        4.7         5
## 7      7 Fred Colon        2        3.4        4.7
## 8      8 Leonard of Quirm   2        2.8        6.2
## 9      9 Havelock Vetinari  2        4.2         4
## 10    10 Reg Shoe          2         4        5.2
```

Die `mutate`-Funktion wird richtig nützlich, wenn wir dem Datensatz Spalten hinzufügen wollen, die aus den anderen Spalten zusammengesetzt sind.

So könnten wir in unserem Beispiel überlegen, die Veränderung zum zweiten Messzeitpunkt als Spalte hinzufügen zu wollen. Dafür können wir die nötige arithmetische Operation einfach in der `mutate`-Funktion ausführen:

```
my_1st_tibble <- my_1st_tibble %>%
  mutate(change = points_t2 - points_t1)

my_1st_tibble
```

```
## # A tibble: 10 x 6
##   index name      group points_t1 points_t2 change
##   <int> <chr>      <dbl>      <dbl>      <dbl> <dbl>
## 1      1 Agnes Nitt         1        4.8        2.8   -2
## 2      2 Samuel Vimes       2        3.2        5.8   2.6
## 3      3 Esme Weathe~    1        3.5        4.8   1.3
## 4      4 Gytha Ogg        1        3.1        5.3   2.2
## 5      5 Horace Worb~    3        4.2        5.8   1.6
## 6      6 Mustrum Rid~    3        4.7         5   0.300
## 7      7 Fred Colon      2        3.4        4.7   1.3
## 8      8 Leonard of ~    2        2.8        6.2   3.4
## 9      9 Havelock Ve~    2        4.2         4  -0.200
## 10    10 Reg Shoe        2         4        5.2   1.2
```

5.2.7 Spalten verändern

Es funktionieren natürlich nicht nur arithmetische Operatoren, wir können auch alle anderen vektorisierten Funktionen benutzen. Vektorisiert heißt ganz einfach gesagt, dass ein Vektor eingegeben wird und ein genauso langer Vektor ausgegeben wird¹.

In unserem Beispiel könnten wir überlegen, dass wir statt der Differenz die Wurzel aus der quadrierten Differenz als Änderung haben wollen. Da wir die Differenz schon zum Datensatz hinzugefügt haben, können wir sie einfach überschreiben.

```
my_1st_tibble <- my_1st_tibble %>%
  mutate(change = sqrt(change^2))
```

¹Das ist nicht ganz richtig, aber für hier ausreichend nah genug an der richtigen Aussage.

```
my_1st_tibble
```

```
## # A tibble: 10 x 6
##   index name      group points_t1 points_t2 change
##   <int> <chr>      <dbl>     <dbl>     <dbl> <dbl>
## 1     1   1 Agnes Nitt      1       4.8       2.8 2
## 2     2   2 Samuel Vimes      2       3.2       5.8 2.6
## 3     3   3 Esme Weathe~    1       3.5       4.8 1.3
## 4     4   4 Gytha Ogg      1       3.1       5.3 2.2
## 5     5   5 Horace Worb~   3       4.2       5.8 1.6
## 6     6   6 Mustrum Rid~   3       4.7       5 0.300
## 7     7   7 Fred Colon    2       3.4       4.7 1.3
## 8     8   8 Leonard of ~    2       2.8       6.2 3.4
## 9     9   9 Havelock Ve~   2       4.2       4 0.200
## 10    10 10 Reg Shoe      2       4       5.2 1.2
```

5.3 Datensätze sortieren und indizieren

5.3.1 Datensätze sortieren

Der erste Schritt bei vielen Auswertungen ist es, sich die größten und kleinsten Werte einer Gruppe oder Variable anzugucken. Das kann schnell erreicht werden, indem man den gegebenen Datensatz anhand einer Variable sortiert.

Wir benutzen weiter unseren Datensatz von oben und wollen zuerst absteigend nach den Änderungen sortieren. Dafür können wir die `arrange`-Funktion und unseren pipe-Operator benutzen:

```
my_1st_tibble %>%
  arrange(change)
```

```
## # A tibble: 10 x 6
##   index name      group points_t1 points_t2 change
##   <int> <chr>      <dbl>     <dbl>     <dbl> <dbl>
## 1     9   9 Havelock Ve~    2       4.2       4 0.200
## 2     6   6 Mustrum Rid~    3       4.7       5 0.300
## 3    10 10 Reg Shoe      2       4       5.2 1.2
## 4     3   3 Esme Weathe~    1       3.5       4.8 1.3
## 5     7   7 Fred Colon    2       3.4       4.7 1.3
## 6     5   5 Horace Worb~   3       4.2       5.8 1.6
## 7     1   1 Agnes Nitt      1       4.8       2.8 2
## 8     4   4 Gytha Ogg      1       3.1       5.3 2.2
## 9     2   2 Samuel Vimes    2       3.2       5.8 2.6
## 10    8   8 Leonard of ~    2       2.8       6.2 3.4
```

Wie man unschwer erkennen kann, ist hier der Standard, den Datensatz in aufsteigender Reihenfolge der Variable zu sortieren. Um das umzukehren, können wir die `desc`-Funktion nutzen, deren Name für 'descending', also absteigend steht:

```
my_1st_tibble %>%
  arrange(desc(change))
```

```
## # A tibble: 10 x 6
##   index name      group points_t1 points_t2 change
##   <int> <chr>      <dbl>     <dbl>     <dbl>  <dbl>
## 1     8 Leonard of ~    2      2.8      6.2    3.4
## 2     2 Samuel Vimes    2      3.2      5.8    2.6
## 3     4 Gytha Ogg      1      3.1      5.3    2.2
## 4     1 Agnes Nitt     1      4.8      2.8     2
## 5     5 Horace Worb~    3      4.2      5.8    1.6
## 6     7 Fred Colon    2      3.4      4.7    1.3
## 7     3 Esme Weathe~   1      3.5      4.8    1.3
## 8    10 Reg Shoe      2       4      5.2    1.2
## 9     6 Mustrum Rid~   3      4.7      5     0.300
## 10    9 Havelock Ve~   2      4.2      4     0.200
```

5.3.2 mehrere Sortierschlüssel

Wenn wir der `arrange`-Funktion mehr als eine Variable übergeben, werden die zusätzlichen Variablen als zusätzliche Sortierschlüssel interpretiert.

Wir könnten zum Beispiel aufsteigend nach der Gruppe und dann pro Gruppe absteigend nach der Veränderung sortieren wollen. Das könnte dann so aussehen:

```
my_1st_tibble %>%
  arrange(group, desc(change))
```

```
## # A tibble: 10 x 6
##   index name      group points_t1 points_t2 change
##   <int> <chr>      <dbl>     <dbl>     <dbl>  <dbl>
## 1     4 Gytha Ogg      1      3.1      5.3    2.2
## 2     1 Agnes Nitt     1      4.8      2.8     2
## 3     3 Esme Weathe~   1      3.5      4.8    1.3
## 4     8 Leonard of ~    2      2.8      6.2    3.4
## 5     2 Samuel Vimes    2      3.2      5.8    2.6
## 6     7 Fred Colon    2      3.4      4.7    1.3
## 7    10 Reg Shoe      2       4      5.2    1.2
## 8     9 Havelock Ve~   2      4.2      4     0.200
## 9     5 Horace Worb~   3      4.2      5.8    1.6
## 10    6 Mustrum Rid~   3      4.7      5     0.300
```

5.3.3 Auswahl von Spalten

Es passiert öfter, dass wir eine oder mehrere Variablen nicht mehr benötigen und der Übersichtlichkeit halber aus dem Datensatz entfernen wollen.

Das `tidyverse` bietet dafür mit der `select`-Funktion eine sehr intuitiv zugängliche Syntax an, die wir zur Auswahl und zum Ausschluss von Spalten nutzen können. Dazu pipen wir einfach wieder den Datensatz in die Funktion und listen diejenigen Variablen auf, die wir behalten können.

In unserem Beispiel könnten wir uns überlegen, den Index und die beiden Punkt-Spalten nicht mehr zu benötigen. Wir geben also einfach den Datensatz in die `select`-Funktion und listen die restlichen Variablen auf:

```
my_1st_tibble %>%
  select(name, group, change)

## # A tibble: 10 x 3
##   name          group change
##   <chr>         <dbl> <dbl>
## 1 Agnes Nitt      1     2
## 2 Samuel Vimes    2    2.6
## 3 Esme Weatherwax 1    1.3
## 4 Gytha Ogg       1    2.2
## 5 Horace Worblehat 3    1.6
## 6 Mustrum Ridcully 3   0.300
## 7 Fred Colon      2    1.3
## 8 Leonard of Quirm 2    3.4
## 9 Havelock Vetinari 2   0.200
## 10 Reg Shoe       2    1.2
```

Hier funktioniert auch die schon bei der numerischen Vektor-Indizierung vorgestellte Methode zum Ausschluss von Werten. Durch `--`eingeleitete Variablenamen lassen sich einfach ausschließen:

```
my_1st_tibble %>%
  select(-index, -points_t1, -points_t2)

## # A tibble: 10 x 3
##   name          group change
##   <chr>         <dbl> <dbl>
## 1 Agnes Nitt      1     2
## 2 Samuel Vimes    2    2.6
## 3 Esme Weatherwax 1    1.3
## 4 Gytha Ogg       1    2.2
## 5 Horace Worblehat 3    1.6
## 6 Mustrum Ridcully 3   0.300
## 7 Fred Colon      2    1.3
## 8 Leonard of Quirm 2    3.4
## 9 Havelock Vetinari 2   0.200
## 10 Reg Shoe       2    1.2
```

Wir können die Spalten-Auswahl auch benutzen, um den Datensatz für folgende Funktionen vorzubereiten. Ein Beispiel ist die schon aus der letzten Sitzung bekannte Funktion `cor`, die neben Vektoren auch einen Datensatz mit numerischen Spalten als Input versteht.

Wir könnten uns zum Beispiel die Frage stellen, ob die Aufmerksamkeitswerte vor und nach dem Training miteinander korreliert sind.

```
my_1st_tibble %>%
  select(points_t1, points_t2) %>%
  cor()
```

```
##           points_t1 points_t2
## points_t1  1.0000000 -0.6449612
## points_t2 -0.6449612  1.0000000
```

Das `tidyverse` bietet wie gesagt viele features, die unser Leben als empirische Forscher leichter machen, darunter eine Reihe von `selection helpers`.

Der erste, den wir hier verwenden wollen ist die `contains`-Funktion. Eine Funktion in der wir Teile von Spaltennamen suchen können, bei uns zum Beispiel `'points'`, um den Aufruf von eben ein bisschen zu vereinfachen:

```
my_1st_tibble %>%
  select(contains('points')) %>%
  cor()
```

```
##           points_t1 points_t2
## points_t1  1.0000000 -0.6449612
## points_t2 -0.6449612  1.0000000
```

Der zweite helper, den wir ausprobieren ist `where`, ein helper, der uns erlaubt, mit Hilfe einer Funktion Spalten auszuwählen, auf die eine Bedingung zutrifft.

In unserem Beispiel wollen wir alle numerischen Variablen miteinander korrelieren, indem wir `where` mit `is.numeric` kombinieren:

```
my_1st_tibble %>%
  select(where(is.numeric)) %>%
  cor()
```

```
##           index      group points_t1
## index      1.00000000  0.4227600 -0.06127845
## group      0.42276002  1.0000000  0.28205162
## points_t1 -0.06127845  0.2820516  1.00000000
## points_t2  0.24860383  0.4354397 -0.64496117
## change    -0.32568808 -0.3039316 -0.65762107
##           points_t2      change
## index      0.2486038 -0.3256881
## group      0.4354397 -0.3039316
## points_t1 -0.6449612 -0.6576211
## points_t2  1.0000000  0.4254564
## change     0.4254564  1.0000000
```

5.3.4 logische Auswahl von Zeilen

Um Zeilen aus einem Datensatz auszuwählen gibt es sowohl die Möglichkeit über `filter` mit logischen Angaben Zielen auszuwählen, als auch mit `slice` eine numerische Auswahl zu treffen.

Logische Indizierung kann praktisch sein, wenn man die Einträge sehen möchte, die zum Beispiel unterdurchschnittlich viel Veränderung gezeigt haben. Das könnte so aussehen:

```
my_1st_tibble %>%
  filter(change < mean(change))
```



```
## # A tibble: 6 x 6
##   index name      group points_t1 points_t2 change
##   <int> <chr>      <dbl>    <dbl>    <dbl> <dbl>
## 1     3 Esme Weather~ 1      3.5      4.8 1.3
## 2     5 Horace Worbl~ 3      4.2      5.8 1.6
## 3     6 Mustrum Ridc~ 3      4.7      5 0.300
## 4     7 Fred Colon    2      3.4      4.7 1.3
## 5     9 Havelock Vet~ 2      4.2      4 0.200
## 6    10 Reg Shoe      2      4      5.2 1.2
```

5.3.5 numerische Auswahl von Zeilen

Zusätzlich zur logischen Indizierung bietet das `tidyverse` mit der `slice`-Funktion auch die Möglichkeit numerisch zu indizieren.

Das könnte in unserem Beispiel exemplarisch hilfreich sein, um die drei Versuchspersonen ausgeben zu lassen, die die größte Veränderung gezeigt haben.

```
my_1st_tibble %>%
  arrange(desc(change)) %>%
  slice(1:3)
```

```
## # A tibble: 3 x 6
##   index name      group points_t1 points_t2 change
##   <int> <chr>      <dbl>    <dbl>    <dbl> <dbl>
## 1     8 Leonard of Q~ 2      2.8      6.2 3.4
## 2     2 Samuel Vimes 2      3.2      5.8 2.6
## 3     4 Gytha Ogg    1      3.1      5.3 2.2
```

5.4 Vorlesung

5.4.1 Skript aus der Vorlesung:

```
library(tidyverse)

a <- data.frame(x = 1:100,
               y = 201:300)

b <- tibble(x = 1:100,
           y = 201:300)

tibble(x = 1,
      y = 1:3,
      z = '10')
```

```
## # A tibble: 3 x 3
##       x     y z
##   <dbl> <int> <chr>
## 1     1     1 10
## 2     1     2 10
```

```
## 3      1      3 10
```

```
tibble(iris)
```

```
## # A tibble: 150 x 5
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
##   <dbl>         <dbl>         <dbl>         <dbl>
## 1         5.1         3.5         1.4         0.2
## 2         4.9         3         1.4         0.2
## 3         4.7         3.2         1.3         0.2
## 4         4.6         3.1         1.5         0.2
## 5          5         3.6         1.4         0.2
## 6         5.4         3.9         1.7         0.4
## 7         4.6         3.4         1.4         0.3
## 8          5         3.4         1.5         0.2
## 9         4.4         2.9         1.4         0.2
## 10        4.9         3.1         1.5         0.1
## # ... with 140 more rows, and 1 more variable:
## #   Species <fct>
glimpse(iris)
```

```
## Rows: 150
## Columns: 5
## $ Sepal.Length <dbl> 5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5.0, 5.4, 4~
## $ Sepal.Width <dbl> 3.5, 3.0, 3.2, 3.1, 3.6, 3.9, 3~
## $ Petal.Length <dbl> 1.4, 1.4, 1.3, 1.5, 1.4, 1.7, 1~
## $ Petal.Width <dbl> 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.4, 0~
## $ Species <fct> setosa, setosa, setosa, setosa, ~
```

```
a <- iris
```

```
a <- mutate(a, new_column = 1)
```

```
df <- tibble(id = sample(letters, 20, replace = TRUE),
             spr_iq = sample(80:115, 20, T),
             log_iq = sample(80:115, 20, T),
             smokes = sample(c(T,F), 20, T))
```

```
df %>%
  mutate(ges_iq = (spr_iq + log_iq) / 2) %>%
  arrange(ges_iq) %>%
  filter(ges_iq > 100) %>%
  select(contains('iq')) %>%
  cor()
```

```
##           spr_iq      log_iq      ges_iq
## spr_iq  1.0000000 -0.6604616  0.5033474
## log_iq -0.6604616  1.0000000  0.3163644
## ges_iq  0.5033474  0.3163644  1.0000000
```

Als ergänzende Nebenbemerkung:

mit `skim` aus dem `skimr`-Paket lässt sich der Überblick noch schöner gestalten:

```
skimr::skim(iris)
```


Chapter 6

Faktoren und Aggregation

6.1 Faktoren

6.1.1 Gruppierungsfaktoren

Mit der Klasse **factor** können die Eigenschaften kategorialer Variablen abgebildet werden. Sie wird insbesondere für Gruppierungsfaktoren im versuchsplanerischen Sinn verwendet und kann bei statistischen Auswertung und Darstellungen hilfreich sein.

Eine Möglichkeit, ein Objekt der Klasse **factor** zu erstellen, ist die **factor()**-Funktion.

Die Stufen eines ungeordneten Faktors haben keine hierarchische Ordnung - Beispiel "Geschlecht":

```
sex <- c("m", "f", "f", "m", "m", "m", "f", "f")
class(sex)
```

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

```
sexFac <- factor(sex)
class(sexFac)
```

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

```
sexFac
```

```
## [1] m f f m m m f f
```

```
## Levels: f m
```

Ebenso funktioniert dies mit numerischen Faktorstufen.

```
factor(c(1, 1, 3, 3, 4, 4))
```

```
## [1] 1 1 3 3 4 4
```

```
## Levels: 1 3 4
```

factor() bietet außerdem die Möglichkeit, nicht im Ursprungsvektor definierte Faktorstufen zu definieren:

```
numericfactor <- factor(c(1, 1, 3, 3, 4, 4), levels=1:5)
numericfactor
```

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

6.1.2 Mit Faktorstufen arbeiten

```
## 0=Mann, 1=Frau
(sexNum <- sample(0:1, 30,T))
```

```
## [1] 0 1 0 1 1 0 0 0 0 1 0 0 0 1 1 1 1 0 0 0 1 1 1 0 0
## [26] 0 1 0 0 1
```

```
sexFac <- factor(sexNum, labels=c("male", "female"))
sexFac
```

```
## [1] male   female male   female female male   male
## [8] male   male   female male   male   male   female
## [15] female female female male   male   male   female
## [22] female female male   male   male   female male
## [29] male   female
## Levels: male female
```

```
## ausgeben, wie häufig welche Stufe vorkommt
summary(sexFac)
```

```
##   male female
##    17     13
```

```
## die Struktur des Faktors ausgeben
str(sexFac)
```

```
## Factor w/ 2 levels "male","female": 1 2 1 2 2 1 1 1 1 2 ...
```

Achtung: Die Struktur des Faktors ist immer numerisch von 1 aufsteigend (auch wenn es ursprünglich “0” und “1” waren, s.o.).

6.1.3 ändern von Faktorstufen

Das `tidyverse` bietet einen netten Wrapper um Faktoren umzuwandeln.

Zuerst wandeln wir die Stufen unseres `sexFac` in andere labels um:

```
library(tidyverse)

recode_factor(sexFac,
              male = 'männlich',
              female = 'weiblich')
```

```
## [1] männlich weiblich männlich weiblich weiblich
## [6] männlich männlich männlich männlich weiblich
## [11] männlich männlich männlich weiblich weiblich
## [16] weiblich weiblich männlich männlich männlich
```

```
## [21] weiblich weiblich weiblich männlich männlich
## [26] männlich weiblich männlich männlich weiblich
## Levels: männlich weiblich
```

Was aber im Zweifel noch praktischer sein kann, ist unnötige Stufen zusammenzufassen:

```
numericfactor
```

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

```
recode_factor(numericfactor,
              '1' = 'one',
              '2' = 'two',
              '3' = 'three',
              .default = 'rest')
```

```
## [1] one   one   three three rest  rest
## Levels: one two three rest
```

6.1.4 Quantitative in kategoriale Variablen umwandeln

Für Median-Splits und ähnliches ist es sehr praktisch, direkt numerische Variablen in nach Grenzen eingeteilte Faktoren umzuwandeln. Dabei ist Variante 1 die schon bekannte `ifelse`-Funktion:

```
a_numeric_variable <- sample(1:100, 100, T)

factor(ifelse(a_numeric_variable > median(a_numeric_variable),
             'high',
             'low'))
```

```
## [1] low high low high high low low low low
## [10] high high low low high high high high high
## [19] low low low low high high high low high
## [28] low low low high high low high low low
## [37] low high low high high high high high low
## [46] high low low low high low high low low
## [55] high low low high low high high low low
## [64] low low low high high high low low high
## [73] low low high high high low high high low
## [82] high high low low low high low low high
## [91] low low high high high high high high high
## [100] low
## Levels: high low
```

Wenn mehr als 2 Gruppen gewünscht sind, hilft die `cut`-Funktion IQ-Werte in 3 Klassen einteilen:

```
IQ <- sample(80:120, 100, T)
## Intervalle: [0;85], (85;115], (115;inf]
IQfac <- cut(IQ, breaks=c(0, 85, 115, Inf),
```

```
labels=c("lo", "mid", "hi"))
summary(IQfac)
```

```
## lo mid hi
## 18 66 16
```

`cut` kann man außerdem ganz einfach zusammen mit der `quantile`-Funktion benutzen um beliebige Perzentil-Splits durchzuführen:

```
quantSplit <- cut(IQ,
                  breaks=c(-Inf,
                           quantile(IQ,
                                     probs=c(0.25,
                                              0.5,
                                              0.75)),
                           Inf))
summary(quantSplit)
```

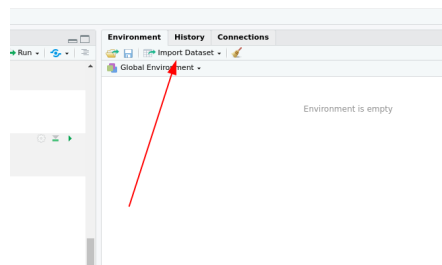
```
## (-Inf,90] (90,99] (99,111] (111, Inf]
##          27      24      28      21
```

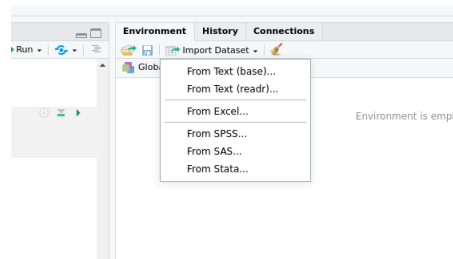
6.2 Daten einlesen I

6.2.1 csv

Die nächste Veranstaltung wird sich nochmal umfassen mit dem Einlesen und Abspeichern von Datensätzen beschäftigen, um ein bisschen flexibler bei den Übungsaufgaben zu sein, führen wir hier aber schon mal eine Funktion aus dem `readr`-Paket (natürlich Teil des `tidyverse`) ein; die `read_csv`-Funktion. `.csv`-files sind eine weit verbreitete Art und Weise, tabellarische Daten abzuspeichern.

Der einfachste Weg, solche files einzulesen, führt über die RStudio-GUI:





Hier im Beispiel hab ich jetzt die Datei `test.csv` ausgewählt, die ein Beispiel aus der letzten Vorlesung enthält:

Data Preview:

Index (double)	name (character)	group (double)	points_t1 (double)	points_t2 (double)
1	Agnes Nitt	1	4.8	2.8
2	Samuel Vimes	2	3.2	5.8
3	Ernie Weatherwax	1	3.5	4.8
4	Gytha Ogg	1	3.1	5.3
5	Horace Worblehat	3	4.2	5.8
6	Mustrum Ridcully	3	4.7	5.0
7	Fred Colon	2	3.4	4.7
8	Leonard of Quirm	2	2.8	6.2
9	Havelock Vetinari	2	4.2	4.0
10	Reg Shoe	2	4.0	5.2

Was mir den den folgenden Code-Schnipsel liefert, den ich dann in mein Skript kopieren kann:

Code Preview:

```
library(readr)
test <- read_csv("data/test.csv")
View(test)
```

```
test <- read_csv("data/test.csv")
```

Für's Erste soll uns das an Einlese-Strategien reichen.

6.3 deskriptive Kennwerte

6.3.1 Einfache deskriptiv-statistische Kennwerte

Wir hatten in der zweiten Veranstaltung ja schon ein paar deskriptive Kennwerte, die wollen wir jetzt auf Datensätze anwenden.

Wir könnten uns beispielsweise fragen, was der Mittelwert der beiden Punkte pro Testzeitpunkt war.

Dafür können wir die `pull`-Funktion nutzen, um uns einfache Spalten des Datensatzes als Vektor ausgeben zu lassen:

```
test %>%
  pull(points_t1) %>%
  mean()

test %>%
```

```
pull(points_t2) %>%
  mean()
```

```
## [1] 3.79
## [1] 4.96
```

Das funktioniert zwar, wird aber umständlicher, je mehr Spalten und Kennwerte wir berechnen wollen.

Natürlich gibt es **tidyverse** auch dafür Funktionen, die uns die Arbeit leichter machen. Mit der **summarise**-Funktion können wir ähnlich wie mit der **mutate**-Funktion Variablen definieren, die dann aber Zusammenfassungen über angegebene Funktionen sind:

```
test %>%
  summarise(m_t1 = mean(points_t1),
            sd_t1 = sd(points_t1),
            m_t2 = mean(points_t2),
            sd_t2 = sd(points_t2),)
```

```
## # A tibble: 1 x 4
##   m_t1 sd_t1 m_t2 sd_t2
##   <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1  3.79 0.689  4.96 0.989
```

Das ist ja schon ganz nett, aber diese Infos sind selten hilfreich. In unserem Datensatz sind Experimentalgruppen eingeteilt, eigentlich wollen wir unsere Mittelwerte pro Gruppe ausrechnen. Mit der **group_by**-Funktion ist das auch ganz einfach möglich.

In unsere **pipe** von eben bauen wir dazu einfach einen kurzen **group_by**-Aufruf ein und schon sind wir beim erwünschten Ergebnis:

```
test %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(m_t1 = mean(points_t1),
            sd_t1 = sd(points_t1),
            m_t2 = mean(points_t2),
            sd_t2 = sd(points_t2))
```

```
## # A tibble: 3 x 5
##   group m_t1 sd_t1 m_t2 sd_t2
##   <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1     1  3.8  0.889  4.3  1.32
## 2     2  3.52 0.576  5.18 0.873
## 3     3  4.45 0.354  5.4  0.566
```

Und diese Gruppierungen können wir jetzt einfach mit dem vorhin gesehenen **cut** zur Gruppierung kombinieren.

So könnten wir uns zum Beispiel fragen, wie die Mittelwerte und Streuungen in den Quartilen aussehen. Dafür können wir einfach ein **mutate** vorschalten, indem wir die Verbesserung zum zweiten Termin und einen Quartilsplit einführen, den wir dann direkt zum Gruppieren benutzen:

```
test <- test %>%
  mutate(improvement = points_t2 - points_t1,
         quart_split = cut(improvement,
                          breaks = c(-Inf,
                                     quantile(improvement,
                                               probs = c(.25,.5,.75)),
                                     Inf),
         right = T,
         labels = c('q1', 'q2', 'q3', 'q4')
        )
  )

test %>%
  group_by(quart_split) %>%
  summarise(m_t1 = mean(points_t1),
            sd_t1 = sd(points_t1),
            m_t2 = mean(points_t2),
            sd_t2 = sd(points_t2))

## # A tibble: 4 x 5
##   quart_split m_t1 sd_t1 m_t2 sd_t2
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 q1         4.57 0.321  3.93 1.10
## 2 q2         3.75 0.354   5    0.283
## 3 q3         3.8  0.566  5.25 0.778
## 4 q4         3.03 0.208  5.77 0.451
```

6.3.2 Häufigkeitsauszählungen

Diese pipe können wir auch verwenden, um uns Häufigkeiten von Bedingungskombinationen anzugucken. Dafür tauschen wir einfach die `summarise`- durch die `count`-Funktion aus und schon ist der Output eine Tabelle mit den absoluten Häufigkeiten:

```
test %>%
  group_by(quart_split) %>%
  count()

## # A tibble: 4 x 2
## # Groups:   quart_split [4]
##   quart_split    n
##   <fct>      <int>
## 1 q1          3
## 2 q2          2
## 3 q3          2
## 4 q4          3
```

Die `group_by`-Funktion kann dabei auch mehrere Argumente verstehen, wir können also auch nach Gruppe und Quantilen auszählen:

```
test %>%
  group_by(quart_split, group) %>%
```

```
count()

## # A tibble: 9 x 3
## # Groups:   quart_split, group [9]
##   quart_split group     n
##   <fct>         <dbl> <int>
## 1 q1             1     1
## 2 q1             2     1
## 3 q1             3     1
## 4 q2             1     1
## 5 q2             2     1
## 6 q3             2     1
## 7 q3             3     1
## 8 q4             1     1
## 9 q4             2     2
```

Chapter 7

Aggregation und Filemanagement

7.1 Aggregation

7.1.1 Aggregation über mehrere Spalten

Beispiel aus der letzten Sitzung:

```
test <- read_csv("data/test.csv")
test %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(m_t1 = mean(points_t1),
            sd_t1 = sd(points_t1),
            m_t2 = mean(points_t2),
            sd_t2 = sd(points_t2))
```

```
## # A tibble: 3 x 5
##   group m_t1 sd_t1 m_t2 sd_t2
##   <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1     1  3.8  0.889  4.3  1.32
## 2     2  3.52 0.576  5.18 0.873
## 3     3  4.45 0.354  5.4  0.566
```

7.1.2 across-Funktion

Statt die Spalten auf denen wir Operationen durchführen wollen alle einzeln auszuwählen, können wir mit der **across**-Funktion auch eine Stapelweise Operation anstoßen.

Dazu benutzen wir die **select**-helper, die wir schon kennen:

```
test %>%
  select(contains('points'))
```

```
## # A tibble: 10 x 2
##   points_t1 points_t2
##   <dbl>     <dbl>
## 1      4.8      2.8
## 2      3.2      5.8
## 3      3.5      4.8
## 4      3.1      5.3
## 5      4.2      5.8
## 6      4.7      5
## 7      3.4      4.7
## 8      2.8      6.2
## 9      4.2      4
## 10     4      5.2
```

Diese praktischen Tools können wir jetzt mit der `across`-Funktion in unsere `summarise`-pipeline integrieren:

```
test %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(across(contains('points'),
    .fns = mean,
    .names = 'm_{.col}'),
    across(contains('points'),
    .fns = sd,
    .names = 'sd_{.col}'))
```

```
## # A tibble: 3 x 7
##   group m_points_t1 m_points_t2 sd_points_t1
##   <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1     1      3.8      4.3      0.889
## 2     2      3.52     5.18     0.576
## 3     3      4.45     5.4      0.354
##   sd_points_t2 sd_m_points_t1 sd_m_points_t2
##   <dbl>         <dbl>         <dbl>
## 1      1.32      NA      NA
## 2      0.873     NA      NA
## 3      0.566     NA      NA
```

7.1.3 Frage

```
## # A tibble: 3 x 7
##   group m_points_t1 m_points_t2 sd_points_t1
##   <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1     1      3.8      4.3      0.889
## 2     2      3.52     5.18     0.576
## 3     3      4.45     5.4      0.354
##   sd_points_t2 sd_m_points_t1 sd_m_points_t2
##   <dbl>         <dbl>         <dbl>
## 1      1.32      NA      NA
```

```
## 2      0.873      NA      NA
## 3      0.566      NA      NA
```

Warum sind da zwei leere Spalten?

1. Weil wir was falsch gemacht haben.
2. Weil auch die Streuungen der Mittelwerte berechnet wurde, also von jeweils einem Wert, was nicht geht.
3. Das ist das Ergebnis der Standardisierung der Streuungen am N, da das N hier 0 ist, wird durch 0 geteilt und es kommt nix raus.

7.1.4 lazy evaluation

Die `tidyverse`-Funktionen folgen dem Prinzip der ‘lazy evaluation’, das heißt ein Argument wird nach dem anderen ausgeführt.

Wenn wir also im ersten Argument Spalten erstellen, die zusätzlich zum ursprünglichen Datensatz von `contains` betroffen werden, werden die folgenden Funktionen auch auf diese angewandt. Um das zu verhindern, können wir das `.fn`-Argument erweitern und im `.names`-Argument einen weiteren Platzhalter verwenden:

```
test %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(across(contains('points'),
    .fns = list(mean = mean,
                sd = sd),
    .names = '{.fn}_{.col}'))

## # A tibble: 3 x 5
##   group mean_points_t1 sd_points_t1 mean_points_t2
##   <dbl>         <dbl>         <dbl>         <dbl>
## 1     1           3.8           0.889           4.3
## 2     2           3.52          0.576           5.18
## 3     3           4.45          0.354           5.4
##   sd_points_t2
##   <dbl>
## 1     1.32
## 2     0.873
## 3     0.566
```

Die lazy evaluation ist ein feature, das wir zum Beispiel dazu benutzen können, Zwischenergebnisse zu benutzen. Da die `summarise`-Argumente Schritt für Schritt ausgeführt werden, funktioniert der folgende Code:

```
test %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(n = n(),
    sd = sd(points_t1),
    sem = sd / sqrt(n))

## # A tibble: 3 x 4
##   group      n      sd      sem
##   <dbl> <int> <dbl> <dbl>
```

```
## 1      1      3 0.889 0.513
## 2      2      5 0.576 0.258
## 3      3      2 0.354 0.25
```

7.1.5 Mit aggregierten Daten weiterarbeiten

Um die Ergebnisse einer nach einer **gruppierten summarise**-Funktion für weitere Manipulationen zu verwenden, müssen wir noch ein **ungroup** in die pipe einfügen, um R mitzuteilen dass die folgenden Operationen wieder Datensatz-übergreifend gedacht sind. So können wir zum Beispiel aus absoluten relative Häufigkeiten errechnen.

```
test %>%
  group_by(group) %>%
  count() %>%
  ungroup() %>%
  mutate(rel_n = n/sum(n))
```

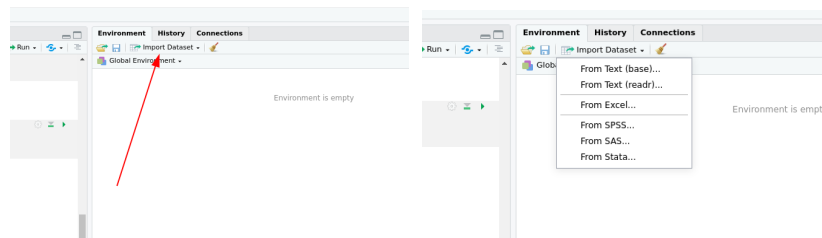
```
## # A tibble: 3 x 3
##   group      n rel_n
##   <dbl> <int> <dbl>
## 1     1      3  0.3
## 2     2      5  0.5
## 3     3      2  0.2
```

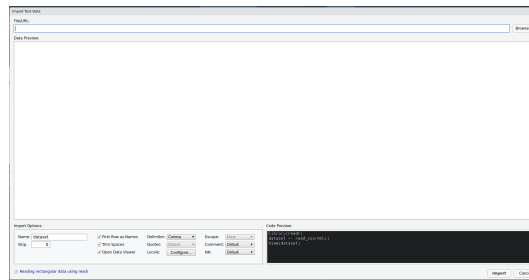
7.2 Daten einlesen II und zusammenfügen

7.2.1 Daten aus Textfiles

Daten aus Textfiles lassen sich am Einfachsten (wie letzte Sitzung auch schon kurz gezeigt) über die RStudio-IDE einlesen.

Dazu einfach auf das ‘Import Dataset’- Menü über dem Environment klicken und ‘From Text (readr)...’ auswählen:





Der mit der grafischen Oberfläche erstellte Code lässt sich dann einfach in's R-Skript kopieren:

```
test <- read_csv("data/test.csv")

test2 <- read_delim("data/test2.txt",
                    "\t",
                    escape_double = FALSE,
                    trim_ws = TRUE)

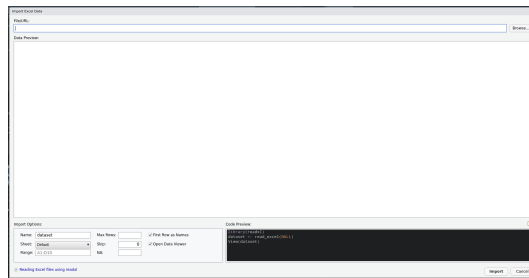
stadtteile <- read_delim("data/test3.csv",
                        ";",
                        escape_double = FALSE,
                        locale = locale(decimal_mark = ",",
                                       encoding = "ISO-8859-2",
                                       asciiify = TRUE),
                        trim_ws = TRUE)

glimpse(stadtteile)
```

```
## Rows: 30
## Columns: 6
## $ Land      <chr> "de-sh", "de-sh", "de-sh", "de-sh"~
## $ Stadt     <chr> "Kiel", "Kiel", "Kiel", "Kiel", "K~
## $ Kategorie <chr> "geo", "geo", "geo", "geo", "geo",~
## $ Merkmal   <chr> "Flächen in Hektar", "Flächen in H~
## $ Stadtteil <chr> "Altstadt", "Vorstadt", "Exerzierp~
## $ Hektar    <dbl> 35.0983, 45.8515, 42.0120, 45.1336~
```

7.2.2 Daten aus Excel-Dateien

Daten aus Excel-Dateien lassen sich ganz ähnlich einlesen, nur dass wir statt 'From Text (readr)...' nun 'From Excel...' auswählen.



```
library(readxl)
kiel_haushalte <- read_excel("data/kiel.xlsx", sheet = "Haushalte")

glimpse(kiel_haushalte)
```

```
## Rows: 30
## Columns: 7
## $ Stadtteile <chr> "Altstadt", "~
## $ Einpersonen <dbl> 384, 657, 321~
## $ `Paar ohne Kind` <dbl> 305, 303, 143~
## $ `Paar mit Kindern` <dbl> 165, 167, 921~
## $ `Paar mit Nachkommen` <dbl> 29, 13, 56, 4~
## $ Alleinerziehende <dbl> 28, 34, 215, ~
## $ `Sonst. Mehrpersonenhaushalte` <dbl> 118, 110, 444~
```

7.2.3 Kombinieren von Datensätzen

Das `tidyverse` bietet eine sehr praktische Familie von Funktionen, um Datensätze zusammenzuführen, die `join`-Funktionen.

Wir werden hier erstmal nur eine davon benutzen, die `left_join`-Funktion. Sie nimmt zwei Datensätze als Argumente, gerne auch den ersten als Ergebnis einer pipeline, und fügt diese anhand einer im `by`-Argument angegebenen Spalte zusammen.

Wir wollen mal die Datensätze zu den Haushalten und der Fläche der Kieler Stadtteile zusammenführen:

```
df <- stadtteile %>%
  left_join(kiel_haushalte, by = c('Stadtteil' = 'Stadtteile'))

glimpse(df)
```

```
## Rows: 30
## Columns: 12
## $ Land <chr> "de-sh", "de--
## $ Stadt <chr> "Kiel", "Kiel~
## $ Kategorie <chr> "geo", "geo",~
## $ Merkmal <chr> "Flächen in H~
## $ Stadtteil <chr> "Altstadt", "~
## $ Hektar <dbl> 35.0983, 45.8~
## $ Einpersonen <dbl> 384, 657, 321~
## $ `Paar ohne Kind` <dbl> 305, 303, 143~
```

```
## $ `Paar mit Kindern`          <dbl> 165, 167, 921~
## $ `Paar mit Nachkommen`      <dbl> 29, 13, 56, 4~
## $ `Alleinerziehende`         <dbl> 28, 34, 215, ~
## $ `Sonst. Mehrpersonenhaushalte` <dbl> 118, 110, 444~
```

Das sieht ja sehr nett aus, wir können den zusammengeführten Datensatz nun benutzen, um eine Korrelationsmatrix für alle numerischen Spalten zu erstellen:

```
df %>%
  select(where(is.numeric)) %>%
  cor()
```

	Hektar	Einpersonen	Paar ohne Kind	Paar mit Kindern	Paar mit Nachkommen
Hektar	1.000	-0.029	0.364	0.314	0.445
Einpersonen	-0.029	1.000	0.766	0.565	0.426
Paar ohne Kind	0.364	0.766	1.000	0.822	0.814
Paar mit Kindern	0.314	0.565	0.822	1.000	0.950
Paar mit Nachkommen	0.445	0.426	0.814	0.950	1.000
Alleinerziehende	0.199	0.617	0.739	0.932	0.880
Sonst. Mehrpersonenhaushalte	0.204	0.750	0.853	0.933	0.877

7.2.4 Exportieren von Datensätzen in csv-Format

Um diesen Datensatz jetzt wieder zu exportieren, können wir uns eins von den schon beim Einlesen kennengelernten Formaten aussuchen. Hier können wir dann aber leider nicht so einfach die GUI benutzen, wenn wir nicht ein `.RData`-File erstellen wollen (was wir dieses Semester nicht tun).

Um in `csv`-Dateien zu exportieren, können wir einfach die `write_csv`-Funktion aus dem `tidyverse` verwenden. Sie nimmt wieder einen Datensatz als erstes Argument (pipeline!) und dazu einen Pfad, in den wir unser Ergebnis abspeichern wollen. Wir versuchen mal unsere Korrelationstabelle von eben abzuspeichern. Dabei müssen wir aber darauf achten, dass wir aus der Tabelle ein `tibble` und am Besten noch die Zeilenamen zu einer Spalte machen, damit diese erhalten bleiben:

```
correlations <-
  df %>%
    select(where(is.numeric)) %>%
    cor() %>%
    as_tibble(rownames = 'Masseinheit')

correlations %>%
  write_csv('data/correlations.csv')
```

7.2.5 Exportieren von Datensätzen in Excel-Format

Manchmal ist es aber praktischer (vor allem wenn man einen Bericht in MS Office erstellt), die Ergebnisse als `.xlsx` zu exportieren.

Das ist leider nicht mit dem `readxl`-Paket möglich. Dafür benötigen wir das `openxlsx`-Paket, das natürlich zuerst mit `install.packages` installiert werden muss.

Mit den Funktionen `createWorkbook` und `addWorksheet` können wir ein Excel-Dokument und Tabellen in diesem anlegen, die wir dann mit `writeData` füllen und mit `saveWorkbook` abspeichern können.

```
library(openxlsx)

excel_output <- createWorkbook()

addWorksheet(excel_output, 'correlations')
writeData(excel_output, 'correlations', correlations)

addWorksheet(excel_output, 'original_data')
writeData(excel_output, 'original_data', df)

saveWorkbook(excel_output, 'data/output.xlsx', overwrite = T)
```

Chapter 8

Abbildungen I

8.1 Pivotieren von Datensätzen

Als Vorbereitung auf die Darstellung von Daten brauchen wir noch eine Funktion.

Für das Grafikpaket, das wir benutzen wollen, müssen die Daten im **long format** vorliegen. Das heißt, dass jede Variable eine Spalte und jede Zeile eine Beobachtung darstellt.

Insbesondere müssen wir darauf achten, dass alle Werte, die wir zum Beispiel an einer Achse darstellen wollen in einer Variable vorliegen.

8.1.1 Datensatz

Wir nutzen den zusammengeführten Datensatz aus der letzten Sitzung:

```
library(readxl)
df <- read_xlsx('data/output.xlsx', sheet = 2)
summary(df)
```

Name	RT	Bedingung
Snake Müller	2624	t_1
Snake Müller	3902	t_2
Snake Müller	6293	t_3
Vera Baum	1252	t_1
Vera Baum	2346	t_2
Vera Baum	4321	t_3

Name	t_1	t_2	t_3
Snake Müller	2624	3902	6293
Vera Baum	1252	2346	4321

```

##      Land      Stadt
## Length:30      Length:30
## Class :character Class :character
## Mode  :character Mode  :character
##
##
##
##      Kategorie      Merkmal
## Length:30      Length:30
## Class :character Class :character
## Mode  :character Mode  :character
##
##
##
##      Stadtteil      Hektar      Einpersonen
## Length:30      Min.   : 35.1      Min.   : 70.0
## Class :character 1st Qu.:237.3      1st Qu.: 821.5
## Mode  :character Median :357.6      Median :1823.5
##                  Mean   :380.1      Mean   :2609.1
##                  3rd Qu.:573.8      3rd Qu.:3795.8
##                  Max.   :803.5      Max.   :7257.0
## Paar ohne Kind   Paar mit Kindern
## Min.   : 144.0      Min.   : 131.0
## 1st Qu.: 696.5      1st Qu.: 906.8
## Median :1817.5      Median :1831.5
## Mean   :1859.6      Mean   :2091.2
## 3rd Qu.:2573.2      3rd Qu.:2715.5
## Max.   :4856.0      Max.   :7703.0
## Paar mit Nachkommen Alleinerziehende
## Min.   : 13.0      Min.   : 17.0
## 1st Qu.: 141.5      1st Qu.: 150.8
## Median : 294.0      Median : 380.5
## Mean   : 369.8      Mean   : 504.9
## 3rd Qu.: 537.0      3rd Qu.: 677.8
## Max.   :1271.0      Max.   :1926.0
## Sonst. Mehrpersonenhaushalte
## Min.   : 45.0
## 1st Qu.: 235.2
## Median : 541.5
## Mean   : 613.8
## 3rd Qu.: 850.8
## Max.   :1763.0

```

Um den Datensatz richtig darstellen zu können, müssen wir nun alle Werte, die auf einer Dimension dargestellt werden, in eine Variable pivotieren. Wir wollen als erstes die Anzahl der einzelnen Haushalte in einer Grafik darstellen, pivotieren den Datensatz also so, dass alle Haushalts-Spalten in einer Spalte landen. Dafür nutzen wir die `pivot_longer`-Funktion:

```
df_long <- df %>%
  pivot_longer(cols = all_of(c("Einpersonen",
                                "Paar ohne Kind",
                                "Paar mit Kindern",
                                "Paar mit Nachkommen",
                                "Alleinerziehende",
                                "Sonst. Mehrpersonenhaushalte")),
              names_to = 'Haushaltsform',
              values_to = 'Anzahl')
df_long
```

```
## # A tibble: 180 x 8
##   Land Stadt Kategorie Merkmal           Stadtteil
##   <chr> <chr> <chr>      <chr>           <chr>
## 1 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Altstadt
## 2 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Altstadt
## 3 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Altstadt
## 4 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Altstadt
## 5 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Altstadt
## 6 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Altstadt
## 7 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Vorstadt
## 8 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Vorstadt
## 9 de-sh Kiel  geo      Flächen in Hektar Vorstadt
## 10 de-sh Kiel geo      Flächen in Hektar Vorstadt
##   Hektar Haushaltsform           Anzahl
##   <dbl> <chr>           <dbl>
## 1   35.1 Einpersonen           384
## 2   35.1 Paar ohne Kind       305
## 3   35.1 Paar mit Kindern     165
## 4   35.1 Paar mit Nachkommen   29
## 5   35.1 Alleinerziehende     28
## 6   35.1 Sonst. Mehrpersonenhaushalte 118
## 7   45.9 Einpersonen          657
## 8   45.9 Paar ohne Kind       303
## 9   45.9 Paar mit Kindern     167
## 10  45.9 Paar mit Nachkommen   13
## # ... with 170 more rows
```

8.2 Diagramme erstellen

8.2.1 Diagramme

Diagramme als grafische Darstellung deskriptiver und inferenzstatistischer Ergebnisse sind ein wichtiger Teil jeder Auswertung. Natürlich lassen sich diese als Schritt der

Auswertung auch in R realisieren. Im Core-Paket von R gibt es einen großen Satz an mitgelieferten Grafikfunktionen. Diese sind aber oft nur mit Mühe zu ästhetischem Wert zu bewegen und oft aufwändig von gewünschter Form zu überzeugen.

8.2.2 ggplot2

Eine Alternative stellt das Zusatzpaket `ggplot2` dar. Dieses hat den Vorteil einer einheitlichen Syntax für die meisten Grafiken, die wir brauchen werden und macht einige häufig nötige Aspekte grafischer Darstellungen mit deutlich weniger Komplikation zugänglich. Dabei ist die Syntax aber ein wenig gewöhnungsbedürftig.

Dafür müssen wir zuerst eine Grundebene erstellen, auf die wir die Grafik anschließend layern können.

Diese Grundebene kann man sich ein bisschen wie eine leere Leinwand vorstellen. Dabei wird beim Erstellen der ‘Leinwand’ direkt festgelegt, auf welchen Daten die Abbildung basieren soll und welche Variablen wie dargestellt werden sollen.

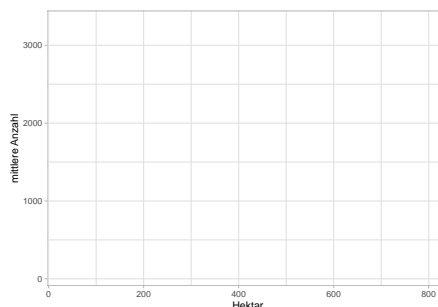
8.2.3 Grafiken erstellen

Grafiken in `ggplot2` werden alle unabhängig vom Typ der am Ende erzeugten Grafik auf Basis eines `ggplot`-Objekts erstellt und manipuliert. Dieses `ggplot`-Objekt wird mit der `ggplot`-Funktion erstellt und kann sich ein bisschen wie eine leere Leinwand vorgestellt werden.

Diese ‘leere Leinwand’ erwartet einen Datensatz als 1. und das Ergebnis eines Aufrufes der `aes()`-Funktion als 2. Argument. Der Datensatz dient dazu einen Variablenraum für die Darstellungen zur Verfügung zu stellen, die `aesthetics` geben unter anderem an, welche Werte für x - und y -Achse herangezogen werden.

So wollen wir einen Plot vorbereiten, in dem die mittlere Anzahl der Haushalte als Scatterplot gegen die Größe des Viertels abgetragen wird. Dafür pipen wir einfach die mittleren Größen in eine `ggplot`-Funktion und legen fest, was auf der x und was auf der y -Achse abgetragen werden soll:

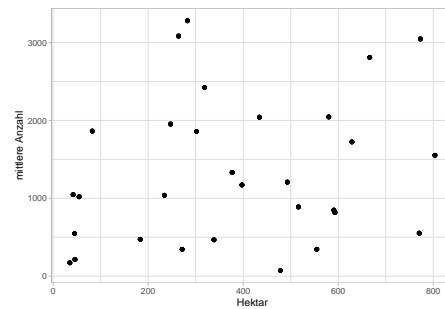
```
df_long %>%
  group_by(Stadtteil) %>%
  summarise(`mittlere Anzahl` = mean(Anzahl),
            Hektar = Hektar) %>%
  ggplot(aes(x = Hektar,
            y = `mittlere Anzahl`))
```



8.3 geoms

Auf diese ‘Leinwand’ können wir jetzt sogenannte **geoms** legen, die unsere Daten darstellen. Da wir einen Scatterplot planen, müssen wir nur noch Punkte hinzufügen. Dafür können wir einfach ein **point-geom** mit der **geom_point**-Funktion hinzufügen. Um den layer abzutragen, addieren wir einfach das geom hinzu.

```
df_long %>%
  group_by(Stadtteil) %>%
  summarise(`mittlere Anzahl` = mean(Anzahl),
            Hektar = Hektar) %>%
  ggplot(aes(x = Hektar,
             y = `mittlere Anzahl`)) +
  geom_point()
```

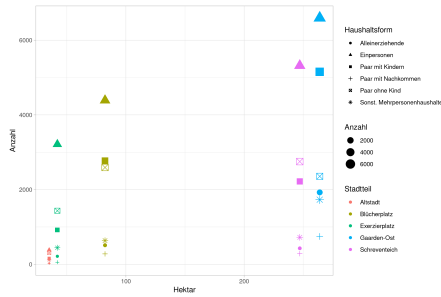


8.3.1 aesthetics zur Darstellung zusätzlicher Variablen

Die **aes**-Funktion kann mit einer ganzen Reihe von zusätzlichen Argumenten umgehen und so mehr grafische Eigenschaften des Plots anpassen.

So könnten wir zum Beispiel die Original-Haushaltsgrößen darstellen wollen, jetzt aber ohne zu mitteln sondern als nach den Stadtteilen eingefärbten Punkten. Außerdem wollen wir jetzt mal die Größe der Punkte mit der Anzahl an Haushalten skalieren und mit den für die Punkte genutzten Symbolen die Haushalte. Um das ganze übersichtlich zu halten, legen wir uns aber auf die Stadtteile Altstadt, Schreventeich, Exerzierplatz, Gaarden-Ost und Blücherplatz fest.

```
df_long %>%
  filter(Stadtteil %in% c('Altstadt',
                          'Schreventeich',
                          'Exerzierplatz',
                          'Blücherplatz',
                          'Gaarden-Ost')) %>%
  ggplot(aes(x = Hektar,
             y = Anzahl,
             colour = Stadtteil,
             shape = Haushaltsform,
             size = Anzahl)) +
  geom_point()
```



Schön ist das jetzt nicht, aber es gibt einen Eindruck für die Möglichkeiten, die **ggplot** bietet.

Die möglichen **aes()**-Argumente sind die folgenden:

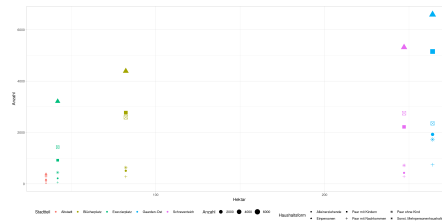
- **colour**: Eine Variable, die farblich zu codierende Einträge kennzeichnet
- **fill**: Eine Variable, die bei Säulendiagrammen u.ä. die zu unterscheiden Einträge kennzeichnet
- **shape**: die bei Punktdiagrammen zu nutzenden Symbole
- **linetype**: der bei Liniendiagrammen zu nutzende Linientyp
- **group**: Ein für zukünftige Schichten zu berücksichtigender Gruppierungsfaktor
- **alpha**: Transparenz der Farben

8.3.2 Grafiken fine-tunen

Zusätzlich zu der Grundebene und den **geoms** bietet **ggplot** noch eine Reihe von Optimierungs-Stellschrauben an denen wir schrauben können. Die erste die wir angucken, ist die **theme**-Funktion. Mit der können wir sehr sehr viele Parameter der Grafik anpassen, wir geben uns hier jetzt aber mal mit der Legenden-Position zufrieden:

```
df_long %>%
  filter(Stadtteil %in% c('Altstadt',
                        'Schreventeich',
                        'Exerzierplatz',
                        'Blücherplatz',
                        'Gaarden-Ost')) %>%

  ggplot(aes(x = Hektar,
             y = Anzahl,
             colour = Stadtteil,
             shape = Haushaltsform,
             size = Anzahl)) +
  geom_point() +
  theme(legend.position = 'bottom')
```



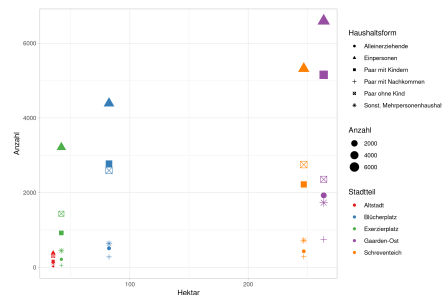
Nicht viel besser, wir bleiben bei der alten Variante.

8.3.3 Parameter mit den scale-Funktionen anpassen

Wir könnten zum Beispiel neue Farben für unseren Plot festlegen.

```
df_long %>%
  filter(Stadtteil %in% c('Altstadt',
                        'Schreventeich',
                        'Exerzierplatz',
                        'Blücherplatz',
                        'Gaarden-Ost')) %>%

  ggplot(aes(x = Hektar,
             y = Anzahl,
             colour = Stadtteil,
             shape = Haushaltsform,
             size = Anzahl)) +
  geom_point() +
  scale_color_brewer(palette = 'Set1')
```



8.4 line-charts

Andere Darstellungsformen lassen sich dann einfach mit anderen geomen umsetzen. So könnten wir zum Beispiel versuchen die mittleren Temperaturen in Kiel seit beginn der Aufzeichnungen darzustellen. Dafür lesen wir zuerst den Datensatz ein:

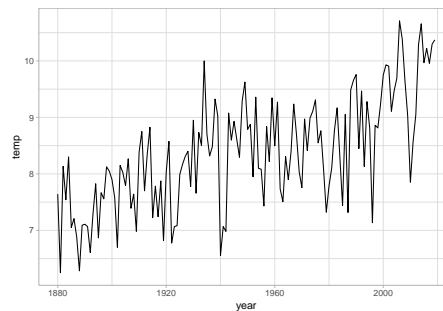
```
weather_df <- read_csv('data/mean_weather.csv')
summary(weather_df)
```

```
##      year      temp
## Min.   :1880   Min.   : 6.250
```

```
## 1st Qu.:1914    1st Qu.: 7.662
## Median :1950    Median : 8.308
## Mean   :1950    Mean   : 8.374
## 3rd Qu.:1984    3rd Qu.: 9.051
## Max.   :2019    Max.   :10.710
```

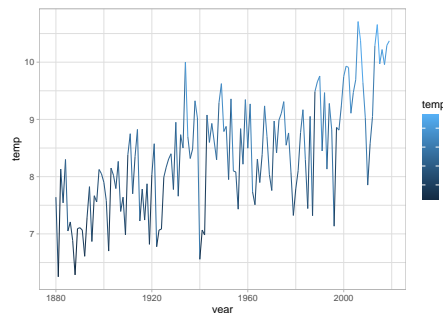
Diese Daten können wir jetzt einfach wieder einer `ggplot`-Funktion übergeben, auf die wir dann ein `Linien-geom` layern:

```
weather_df %>%
  ggplot(aes(x = year,
             y = temp)) +
  geom_line()
```



Da wir Temperaturen darstellen liegt nahe, die Werte mit einer Farbskala einzufärben:

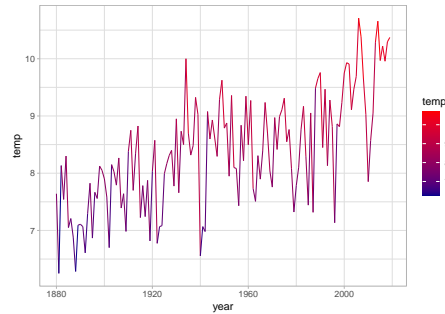
```
weather_df %>%
  ggplot(aes(x = year,
             y = temp,
             color = temp)) +
  geom_line()
```



Da es sich um Temperaturen handelt ist eine Farbskala von blau bis rot vielleicht näher an der Konvention, dafür können wir eine andere `scale`-Funktion benutzen:

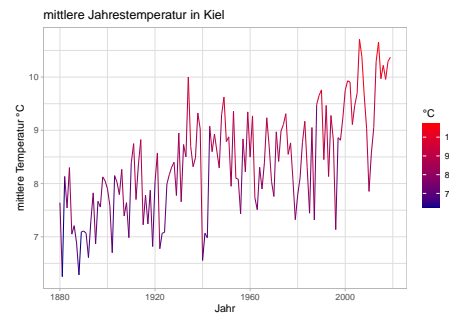
```
weather_df %>%
  ggplot(aes(x = year,
             y = temp,
             color = temp)) +
  geom_line() +
```

```
scale_color_gradient(low = 'darkblue',
                    high = 'red')
```



Um das ein bisschen eindeutiger zu machen, können wir noch die Achsenbeschriftungen ändern und eine Überschrift hinzufügen:

```
weather_df %>%
  ggplot(aes(x = year,
            y = temp,
            color = temp)) +
  geom_line() +
  scale_color_gradient(low = 'darkblue',
                    high = 'red') +
  labs(title = 'mittlere Jahrestemperatur in Kiel',
       x = 'Jahr',
       y = 'mittlere Temperatur °C',
       color = '°C')
```



8.5 Balkendiagramme

In vielen Publikationen finden sich Balkendiagramme mit Streuungsbalken, die zur Illustration von Mittelwertsvergleichen eingesetzt werden.

Um so ein Diagramm zu erstellen, beginnen wir mit der Aggregation unserer Werte. Da wir die oberen und unteren Grenzen der Fehlerbalken festlegen müssen, erstellen wir gleich je eine Spalte mit den Mittelwerten plus und minus den SEM.

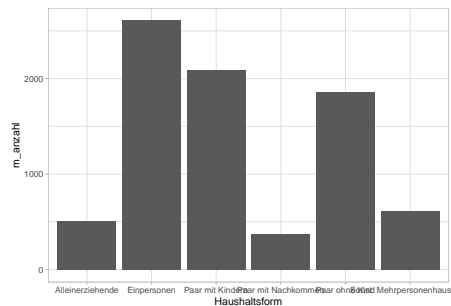
```
agg_df <- df_long %>%
  group_by(Haushaltsform) %>%
  summarise(m_anzahl = mean(Anzahl),
            sem_anzahl = sqrt(var(Anzahl) / length(Anzahl)),
            lower = m_anzahl - sem_anzahl,
            upper = m_anzahl + sem_anzahl)
```

Diesen Datensatz übergeben wir jetzt wieder der `ggplot`-Funktion:

```
p <- agg_df %>%
  ggplot(aes(x = Haushaltsform,
            y = m_anzahl))
```

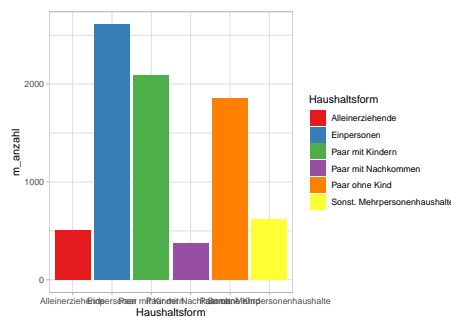
Auf deren Ergebnis wir dann das `geom_col`-geom addieren:

```
p + geom_col()
```



Das können wir ein bisschen schöner machen, indem wir die Balken einfärben:

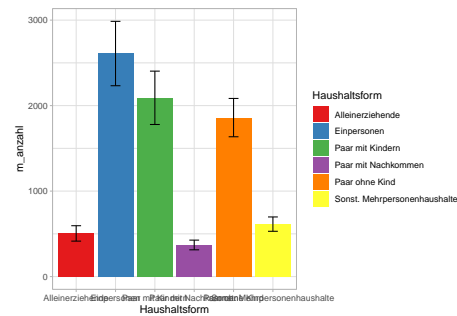
```
p <- p + geom_col(aes(fill = Haushaltsform)) +
  scale_fill_brewer(palette = 'Set1')
p
```



Jetzt fügen wir der Grafik mit `geom_errorbar` die SEM-Fehlerbalken hinzu:

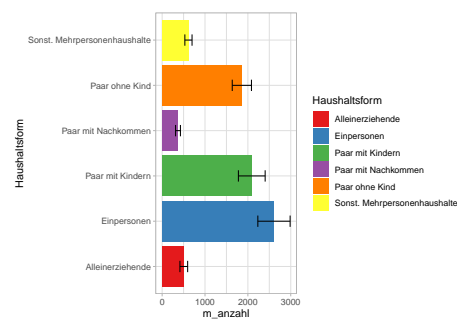
```
p <- p + geom_errorbar(aes(ymin = lower,
                        ymax = upper),
                      width = .25)
```

```
p
```



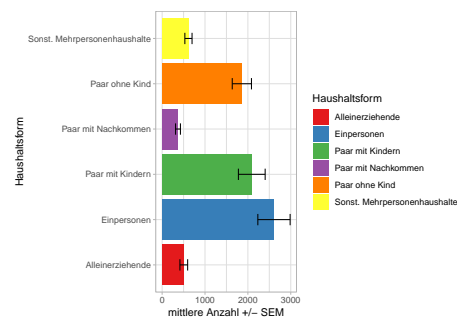
Um den Graphen ein bisschen lesbarer zu machen, tauschen wir x- und y-Achse:

```
p + coord_flip()
```



...und ändern wieder die Achsenbeschriftung:

```
p + coord_flip() +
  labs(y = 'mittlere Anzahl +/- SEM',
       x = 'Haushaltsform')
```

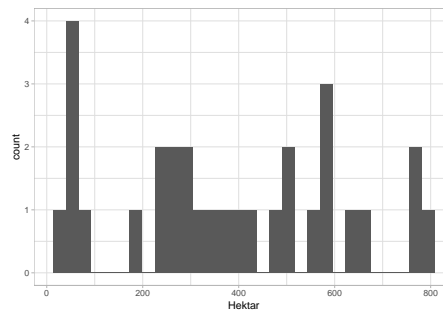


8.6 Verteilungsdarstellungen

8.6.1 Histogramme

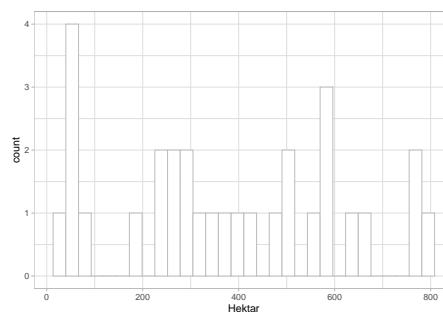
Um ein Histogramm zu erstellen, müssen wir nur auf einen `ggplot` mit einem festgelegt `x`-aesthetic ein `geom_histogram` addieren. So könnten wir uns die Hektarzahlen in unserem originalen, nicht pivotierten Kiel-Datensatz anschauen:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = Hektar)) +
  geom_histogram()
```



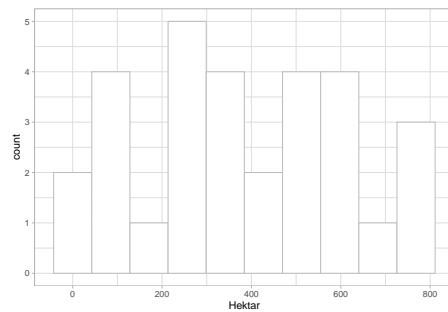
Das ist jetzt nicht besonders schön, mit einem Festlegen von aesthetics außerhalb der `aes`-Funktion können wir aber für alle Teile des Plots einen Wert festlegen. So können wir die Flächen mit weiß füllen und hellgrau umreißen:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = Hektar)) +
  geom_histogram(fill = 'white',
                 color = 'grey')
```



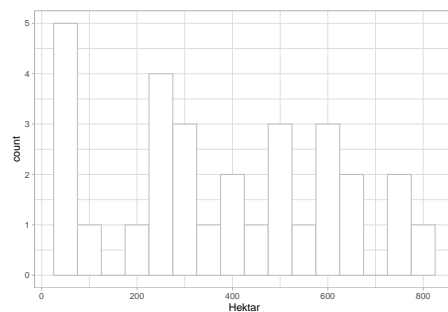
Wir können außerdem die Breite der dargestellten Balken anpassen. mit dem `bins`-Argument können wir eine Anzahl an Balken festlegen...

```
df %>%
  ggplot(aes(x = Hektar)) +
  geom_histogram(fill = 'white',
                 color = 'grey',
                 bins = 10)
```

...mit dem `binwidth`-Argument eine Breite für die Balken:

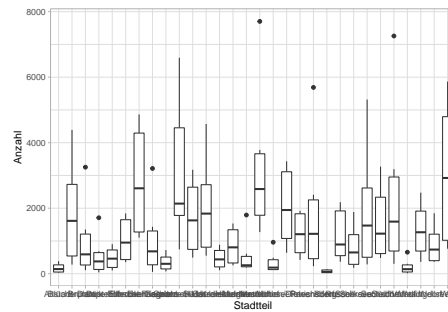
```
df %>%
  ggplot(aes(x = Hektar)) +
  geom_histogram(fill = 'white',
                 color = 'grey',
                 binwidth = 50)
```



8.6.2 Boxplots

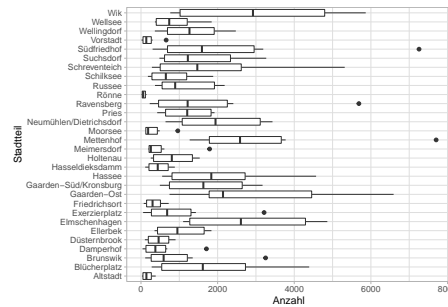
Eine sehr praktische Art und Weise Verteilungen darzustellen, vor allem wenn man die Verteilungen von Gruppen darstellen möchte, sind *Boxplots*. Hierfür definieren wir einfach einen base-layer mit der Gruppierungsvariable auf der x-Achse und einer numerischen Variable auf der y-Achse:

```
df_long %>%
  ggplot(aes(x = Stadtteil,
             y = Anzahl)) +
  geom_boxplot()
```



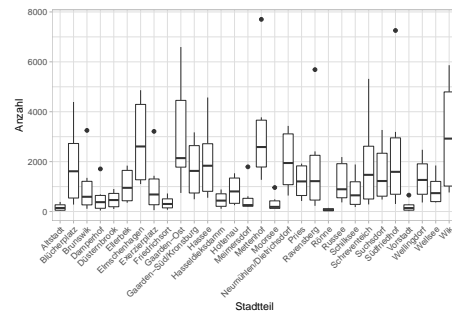
Um die Achsenbeschriftung lesbarer zu machen könnten wir jetzt entweder erneut die Achsen flippen:

```
df_long %>%
  ggplot(aes(x = Stadtteil,
             y = Anzahl)) +
  geom_boxplot() +
  coord_flip()
```



Oder die Achsenbeschriftung mit einem neuen Argument der **theme**-Funktion drehen. Dieses erwartet ein Ergebnis der **element_text**-Funktion, die die Möglichkeit bietet, ästhetische Parameter für Schriftzüge festzulegen, so zum Beispiel den Winkel (**angle** in °) und die Adjustierung entlang der x-Achse (**hjust**):

```
df_long %>%
  ggplot(aes(x = Stadtteil,
             y = Anzahl)) +
  geom_boxplot() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45,
                                   hjust = 1))
```



Chapter 9

Abbildungen II

9.1 Gruppierte Darstellungen

9.1.1 Balkendiagramme

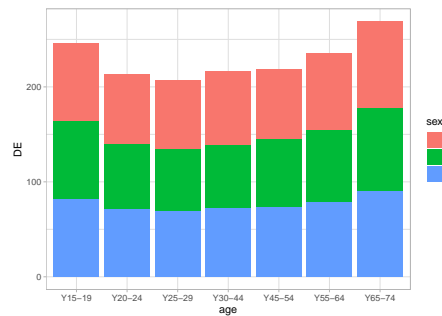
Bei dem Versuch zwei kategoriale mit einer numerischen zu kombinieren oder kombinierte Häufigkeiten von zwei Gruppierungsfaktoren darzustellen kommen wir mit den bisher benutzten `aesthetics` nicht unbedingt weiter.

Als Beispiel betrachten wir folgenden Ausschnitt des hier verfügbaren Datensatz:

```
## # A tibble: 21 x 3
##   sex   age    DE
##   <chr> <chr> <dbl>
## 1 F     Y15-19  82.7
## 2 F     Y20-24  73.4
## 3 F     Y25-29  73.2
## 4 F     Y30-44  76.9
## 5 F     Y45-54  74
## 6 F     Y55-64  81.7
## 7 F     Y65-74  91.1
## 8 M     Y15-19  81.4
## 9 M     Y20-24  68.7
## 10 M    Y25-29  65.1
## # ... with 11 more rows
```

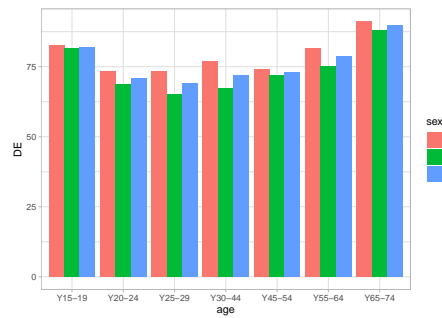
Diese Anteile an Rauchern pro Altersgruppe wollen wir jetzt in einem Balkendiagramm darstellen, in dem an der x-Achse die Altersgruppen abgetragen sind. Außerdem wollen wir die Balken nach Geschlecht gruppieren:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age, fill = sex, y = DE)) +
  geom_col()
```



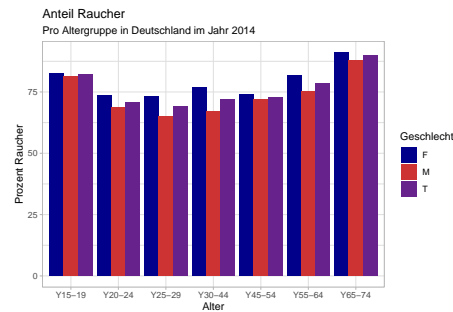
Diese Darstellung ist zwar ganz nett um einen Eindruck für den Verlauf über die Kohorten zu sehen, die Balken nebeneinander zu gruppieren ist aber vielleicht eher wünschenswert. Dafür können wir das `position`-Argument und die `position_dodge()`-Funktion benutzen:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age, fill = sex, y = DE)) +
  geom_col(position = position_dodge())
```



Den Graphen können wir jetzt wie gewohnt verschönern, zum Beispiel indem wir die Farben ändern und die Achsenbeschriftung anpassen:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age, fill = sex, y = DE)) +
  geom_col(position = position_dodge()) +
  scale_fill_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +
  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
       fill = 'Geschlecht',
       title = 'Anteil Raucher',
       subtitle = 'Pro Altergruppe in Deutschland im Jahr 2014')
```



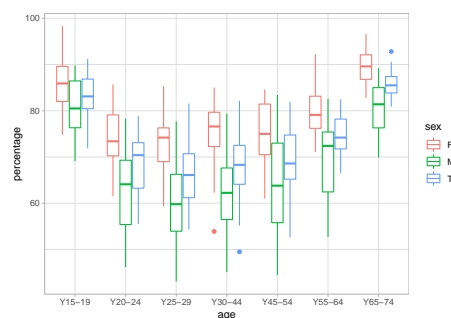
9.1.2 Boxplots

Wenn wir den Datensatz ein bisschen anders aufbereiten, können wir die Verteilungen der Raucher-Anteile über Europa darstellen.

```
## # A tibble: 651 x 4
##   sex  age  country percentage
##   <chr> <chr> <chr>      <dbl>
## 1 F    Y15-19 BE          76.6
## 2 F    Y15-19 BG          83.2
## 3 F    Y15-19 CZ          83.5
## 4 F    Y15-19 DK          82.1
## 5 F    Y15-19 DE          82.7
## 6 F    Y15-19 EE          91.2
## 7 F    Y15-19 IE          86.3
## 8 F    Y15-19 EL          87.7
## 9 F    Y15-19 ES          89.8
## 10 F   Y15-19 FR          80.8
## # ... with 641 more rows
```

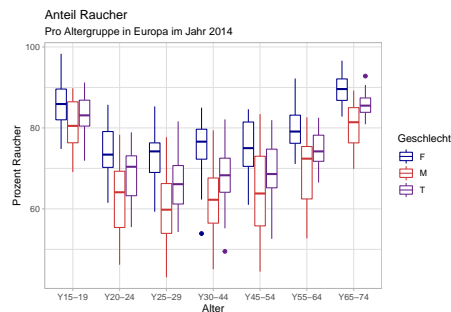
Um einen Eindruck über die Verteilung der Raucherzahlen über Europa zu bekommen, stellen wir diesen Datensatz als gruppierte Boxplots dar:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot()
```



Hier können wir auch wieder die grafischen Optimierungen anwenden, die wir beim Balkendiagramm genutzt haben:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot() +
  scale_color_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +
  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
       color = 'Geschlecht',
       title = 'Anteil Raucher',
       subtitle = 'Pro Altergruppe in Europa im Jahr 2014')
```



9.2 Layer für zusätzliche Informationen

9.2.1 Gruppenzusammenfassungen

Zu unserem gerade erstellten Boxplot wollen wir jetzt die mittleren Raucherquoten als horizontale Linie einfügen.

Dazu erstellen wir zuerst einen Datensatz mit den Mittelwerten:

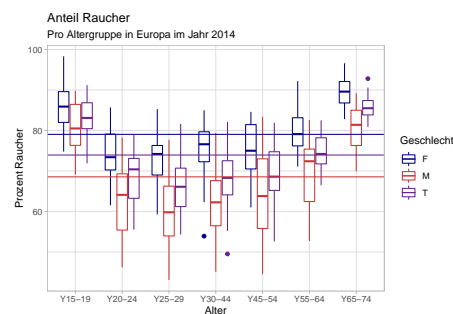
```
mean_per_sex <- df %>%
  group_by(sex) %>%
  summarise(percentage = mean(percentage, na.rm = T))
mean_per_sex
```

```
## # A tibble: 3 x 2
##   sex    percentage
##   <chr>    <dbl>
## 1 F         79.0
## 2 M         68.5
## 3 T         73.9
```

Diese können wir dann als eigenen Datensatz einem neuen `geom` hinzufügen. Da wir horizontale Linien hinzufügen wollen, nutzen wir dafür `geom_hline`.


```
df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot() +
  scale_color_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +

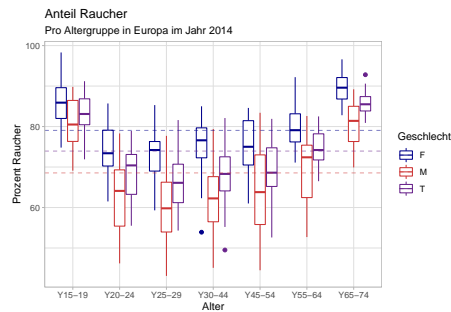
  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
       color = 'Geschlecht',
       title = 'Anteil Raucher',
       subtitle = 'Pro Altergruppe in Europa im Jahr 2014') +
  geom_hline(data = mean_per_sex,
            mapping = aes(yintercept = percentage,
                          color = sex))
```



Mit außerhalb der `aes`-Funktion gesetzten ‘aesthetics’ können wir die Linien noch ein bisschen mehr von den Boxplots abheben.

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot() +
  scale_color_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +

  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
       color = 'Geschlecht',
       title = 'Anteil Raucher',
       subtitle = 'Pro Altergruppe in Europa im Jahr 2014') +
  geom_hline(data = mean_per_sex,
            mapping = aes(yintercept = percentage,
                          color = sex),
            alpha = .5,
            lty = 2)
```



Wir können auch komplexere Informationen nachträglich hinzufügen, so zum Beispiel wenn wir die jeweiligen Mittelwerte als Punkte und die SEMs als Fehlerbalken hinzufügen. Wir fangen wieder damit an, einen Datensatz zu erstellen:

```
mean_sem_per_box <- df %>%
  group_by(sex, age) %>%
  summarise(sem = sqrt(var(percentage, na.rm = T) / length(percentage)),
            percentage = mean(percentage, na.rm = T),
            upper = percentage + sem,
            lower = percentage - sem)
mean_sem_per_box
```

```
## # A tibble: 21 x 6
## # Groups:   sex [3]
##   sex   age      sem percentage upper lower
##   <chr> <chr>   <dbl>      <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 F     Y15-19  1.04         85.8  86.8  84.7
## 2 F     Y20-24  1.16         74.2  75.4  73.1
## 3 F     Y25-29  1.07         73.7  74.7  72.6
## 4 F     Y30-44  1.27         74.7  75.9  73.4
## 5 F     Y45-54  1.22         74.8  76.0  73.6
## 6 F     Y55-64  0.952        79.7  80.7  78.7
## 7 F     Y65-74  0.678        89.8  90.4  89.1
## 8 M     Y15-19  1.03         80.8  81.9  79.8
## 9 M     Y20-24  1.53         62.8  64.3  61.3
## 10 M    Y25-29  1.75         59.3  61.0  57.5
## # ... with 11 more rows
```

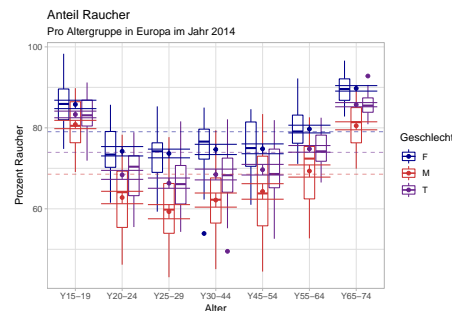
Diesen Datensatz können wir dann wieder zu dem Plot hinzufügen:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot() +
  scale_color_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +
  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
```

```

color = 'Geschlecht',
title = 'Anteil Raucher',
subtitle = 'Pro Altergruppe in Europa im Jahr 2014') +
geom_hline(data = mean_per_sex,
           mapping = aes(yintercept = percentage,
                        color = sex),
           alpha = .5,
           lty = 2) +
geom_point(data = mean_sem_per_box) +
geom_errorbar(data = mean_sem_per_box,
              aes(ymin = lower,
                  ymax = upper))

```



Nicht wirklich optimal, aber in der Richtung sinnvoll. Als ersten Optimierungsschritt benutzen wir wieder das `position`-Argument, wie vorher bei den Balkendiagrammen.

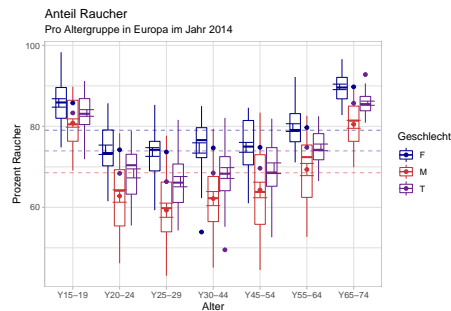
```

df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot() +
  scale_color_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +

  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
       color = 'Geschlecht',
       title = 'Anteil Raucher',
       subtitle = 'Pro Altergruppe in Europa im Jahr 2014') +
  geom_hline(data = mean_per_sex,
            mapping = aes(yintercept = percentage,
                          color = sex),
            alpha = .5,
            lty = 2) +
  geom_point(data = mean_sem_per_box,
            position = position_dodge()) +
  geom_errorbar(data = mean_sem_per_box,
               aes(ymin = lower,
                   ymax = upper),

```

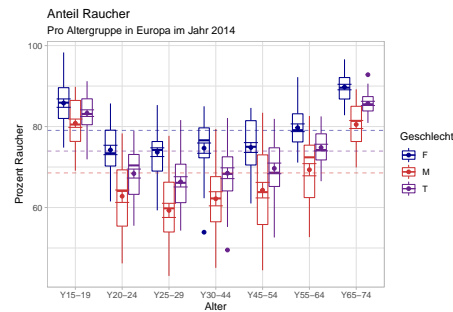
```
position = position_dodge())
```



Die `position_dodge`-Funktion kann ein `width`-Argument annehmen, das uns die Menge der Verschiebung zu bestimmen erlaubt:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot() +
  scale_color_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +

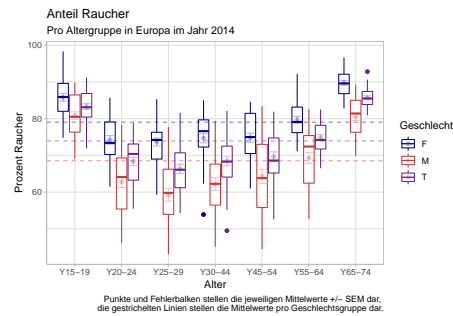
  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
       color = 'Geschlecht',
       title = 'Anteil Raucher',
       subtitle = 'Pro Altergruppe in Europa im Jahr 2014') +
  geom_hline(data = mean_per_sex,
            mapping = aes(yintercept = percentage,
                          color = sex),
            alpha = .5,
            lty = 2) +
  geom_point(data = mean_sem_per_box,
            position = position_dodge(.75)) +
  geom_errorbar(data = mean_sem_per_box,
               aes(ymin = lower,
                   ymax = upper),
               position = position_dodge(.75))
```



Um das noch ein bisschen zu verbessern, verkleinern wir die Breite der Fehlerbalken und machen die neuen Farben ein wenig transparent um sie abzuheben:

```
df %>%
  ggplot(aes(x = age,
             y = percentage,
             color = sex)) +
  geom_boxplot() +
  scale_color_manual(values = c(F = 'darkblue',
                                M = 'brown3',
                                T = 'darkorchid4')) +

  labs(x = 'Alter',
       y = 'Prozent Raucher',
       color = 'Geschlecht',
       title = 'Anteil Raucher',
       subtitle = 'Pro Altergruppe in Europa im Jahr 2014',
       caption = "Punkte und Fehlerbalken stellen die jeweiligen Mittelwerte +/- SEM dar, \n die gestrichelten Linien die Boxplots darstellen") +
  geom_hline(data = mean_per_sex,
            mapping = aes(yintercept = percentage,
                          color = sex),
            alpha = .5,
            lty = 2) +
  geom_point(data = mean_sem_per_box,
            position = position_dodge(.75),
            alpha = .3) +
  geom_errorbar(data = mean_sem_per_box,
               aes(ymin = lower,
                   ymax = upper),
               position = position_dodge(.75),
               width = .5,
               alpha = .3)
```



9.3 Zusätzliche tweaks

9.3.1 Sortieren von labels

Wir gucken uns den folgenden, von dieser website bezogenen Datensatz an, die die Produktion grüner Kaffeebohnen pro Land in hg/ha beinhaltet:

```
coffee_df <- read_csv('data/coffee_data.csv')
coffee_df
```

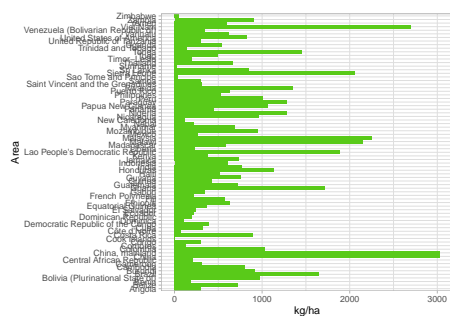
```
## # A tibble: 77 x 4
##   Area                                Year Unit  Value
##   <chr>                                <dbl> <chr> <dbl>
## 1 Angola                               2019 hg/ha  3073
## 2 Belize                               2019 hg/ha  7273
## 3 Benin                                2019 hg/ha  1900
## 4 Bolivia (Plurinational State of)    2019 hg/ha  9742
## 5 Brazil                               2019 hg/ha 16504
## 6 Burundi                              2019 hg/ha  9136
## 7 Cambodia                             2019 hg/ha  8000
## 8 Cameroon                             2019 hg/ha  3121
## 9 Central African Republic            2019 hg/ha  2075
## 10 China                               2019 hg/ha 30298
## # ... with 67 more rows
```

Hektogramm pro Hektar ist ein bisschen ungewöhnlich, deshalb rechnen wir die Angabe in Kilogramm pro Hektar um:

```
coffee_df <- coffee_df %>%
  mutate('kg/ha' = .1 * Value)
```

Diesen Datensatz wollen wir jetzt als Balkendiagramm darstellen:

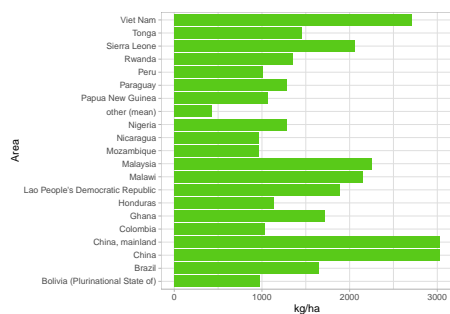
```
coffee_df %>%
  ggplot(aes(x = Area,
             y = `kg/ha`)) +
  geom_col(fill = '#59ca19') +
  coord_flip()
```



Das sind sehr, sehr viele Einträge. Wir fangen damit an alle Länder unter dem 3. Quartil in eine Kategorie “other” zusammenzufassen und diese Werte dann zu mitteln:

```
coffee_df %>%
  mutate(Area = ifelse(`kg/ha` < quantile(`kg/ha`,probs = .75),
    'other (mean)',
    Area)) %>%

  group_by(Area) %>%
  summarise(`kg/ha` = mean(`kg/ha`)) %>%
  ggplot(aes(x = Area,
    y = `kg/ha`)) +
  geom_col(fill = '#59ca19') +
  coord_flip()
```

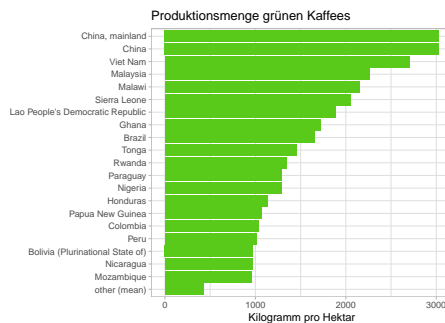


Die y-Achse ist jetzt alphabetisch sortiert. Für einen Länder-Vergleich ist aber eine Ordnung nach Größe vorzuziehen, also machen wir das mal:

```
coffee_df %>%
  mutate(Area = ifelse(`kg/ha` < quantile(`kg/ha`,probs = .75),
    'other (mean)',
    Area)) %>%

  group_by(Area) %>%
  summarise(`kg/ha` = mean(`kg/ha`)) %>%
  mutate(Area = forcats::fct_reorder(Area, `kg/ha`)) %>%
  ggplot(aes(x = Area,
    y = `kg/ha`)) +
  geom_col(fill = '#59ca19') +
  coord_flip() +
  labs(x = '',
```

```
y = 'Kilogramm pro Hektar',
title = 'Produktionsmenge grünen Kaffees')
```



9.3.2 facets

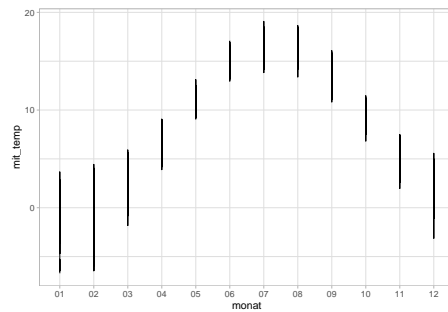
Wir betrachten den folgenden Datensatz, der ursprünglich von der open-data Plattform des dwd stammt.

```
flensburg_kiel_weather <- read_csv("data/flensburg_kiel_weather.csv")
str(flensburg_kiel_weather)
```

```
## spec_tbl_df [78,283 x 7] (S3: spec_tbl_df/tbl_df/tbl/data.frame)
## $ station      : chr [1:78283] "Flensburg" "Flensburg" "Flensburg" "Flensburg" ...
## $ jahr         : num [1:78283] 1985 1985 1985 1985 1985 ...
## $ monat        : chr [1:78283] "07" "07" "07" "07" ...
## $ tag          : chr [1:78283] "01" "02" "03" "04" ...
## $ tagesmittel   : num [1:78283] 14.4 13.8 15.6 18 19.2 18.9 14.8 14.2 14.7 15.5 ...
## $ niederschlaege : num [1:78283] 0 0 0 0 0 0 0 7.6 0.2 0 ...
## $ niederschlagsart: chr [1:78283] "kein Niederschlag" "kein Niederschlag" "kein Niederschlag" ...
## - attr(*, "spec")=
## .. cols(
## ..   station = col_character(),
## ..   jahr = col_double(),
## ..   monat = col_character(),
## ..   tag = col_character(),
## ..   tagesmittel = col_double(),
## ..   niederschlaege = col_double(),
## ..   niederschlagsart = col_character()
## .. )
## - attr(*, "problems")=<externalptr>
```

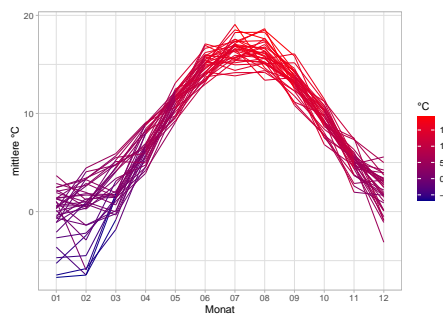
Diesen Datensatz können wir jetzt benutzen um die mittlere Monatstemperatur über die Jahre darzustellen:

```
flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(jahr, monat) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel)) %>%
  ggplot(aes(x = monat, y = mit_temp)) +
  geom_line()
```

Mit der `group`-aesthetic können wir diesen Graph jetzt per Jahreszahl aufteilen und mit `color` wieder die Temperatur verdeutlichen:

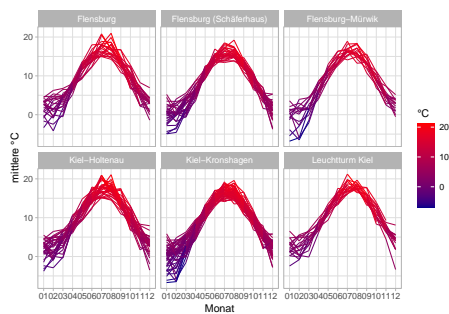
```
flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(jahr, monat) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel)) %>%
  ggplot(aes(x = monat,
             y = mit_temp,
             group = jahr,
             color = mit_temp)) +
  geom_line() +
  scale_color_gradient(low = 'darkblue',
                      high = 'red') +
  labs(y = 'mittlere °C',
       color = '°C',
       x = 'Monat')
```



Das ist zwar ganz hübsch, aber nicht alle Informationen, die wir darstellen können. Im Datensatz sind noch Angaben zu den Messstationen, die wir auch gern unterscheiden würden. `facets` können uns helfen, wir können so die einzelnen Stationen in Unterplots darstellen:

```
flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(jahr, monat, station) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel)) %>%
  ggplot(aes(x = monat,
             y = mit_temp,
             group = jahr,
             color = mit_temp)) +
```

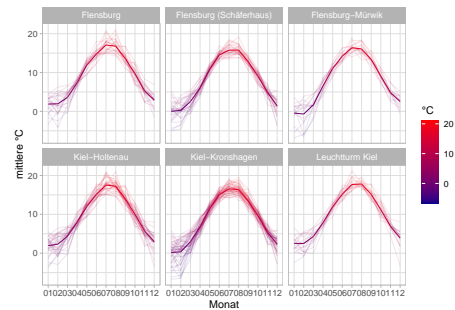
```
geom_line() +
scale_color_gradient(low = 'darkblue',
                    high = 'red') +
labs(y = 'mittlere °C',
     color = '°C',
     x = 'Monat') +
facet_wrap(~station)
```



Auf diesen Graphen können wir noch Zusatzinformationen legen, so zum Beispiel einen layer, der die mittleren Monatstemperaturen über alle Jahre pro Station darstellt:

```
means_per_station <- flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(monat, station) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel, na.rm = T),
            jahr = 'mean')

flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(jahr, monat, station) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel)) %>%
  ggplot(aes(x = monat,
             y = mit_temp,
             group = jahr,
             color = mit_temp)) +
  geom_line(alpha = .1) +
  geom_line(data = means_per_station) +
  scale_color_gradient(low = 'darkblue',
                    high = 'red') +
  labs(y = 'mittlere °C',
       color = '°C',
       x = 'Monat') +
  facet_wrap(~station)
```

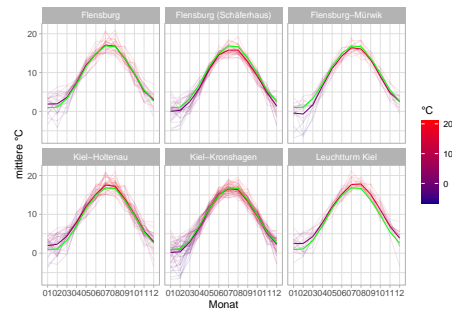


Mit einem Layer nach dem `facet-wrap` kann man auch einen Wert für alle hinzufügen. So könnten wir uns überlegen, in jeden Plot noch einen Mittelwertsverlauf für alle Stationen aufnehmen zu wollen:

```
means_per_station <- flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(monat, station) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel, na.rm = T),
            jahr = 'mean')

means_for_all <- flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(monat) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel, na.rm = T),
            jahr = 'mean')

flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(jahr, monat, station) %>%
  summarise(mit_temp = mean(tagesmittel)) %>%
  ggplot(aes(x = monat,
            y = mit_temp,
            group = jahr,
            color = mit_temp)) +
  geom_line(alpha = .1) +
  geom_line(data = means_per_station) +
  scale_color_gradient(low = 'darkblue',
                    high = 'red') +
  labs(y = 'mittlere °C',
       color = '°C',
       x = 'Monat') +
  facet_wrap(~station) +
  geom_line(data = means_for_all,
            color = 'green')
```

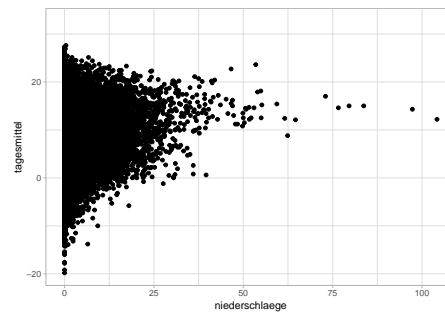


9.3.3 Deskriptiv-statische Layer

In dem Datensatz von oben waren auch Werte zur Niederschlagsmenge. Wir könnten uns jetzt die Frage stellen, ob es einen Zusammenhang zwischen der Art und Menge des Niederschlags und der Temperatur gibt.

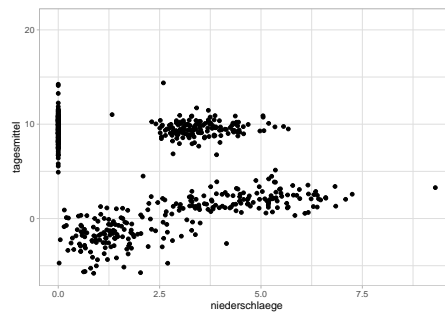
Dafür erstellen wir zuerst einen Scatterplot, der die Niederschlagsmenge gegen die Temperatur abträgt:

```
flensburg_kiel_weather %>%
  ggplot(aes(x = niederschlaege,
             y = tagesmittel)) +
  geom_point()
```



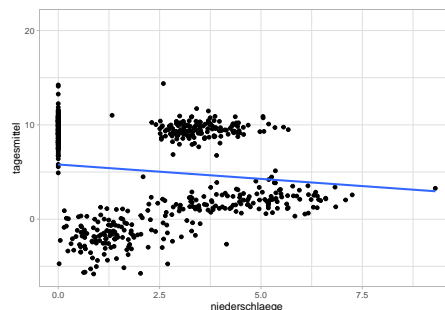
Das ist ein bisschen unübersichtlich, wir aggregieren mal pro Niederschlagsart, Jahr und Station:

```
flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(niederschlagsart, jahr, station) %>%
  summarise(across(where(is.numeric), mean)) %>%
  ggplot(aes(x = niederschlaege,
             y = tagesmittel)) +
  geom_point()
```



Jetzt könnten wir die Hypothese haben, dass es eine Korrelation zwischen Temperatur und Niederschlagsmenge gibt. `ggplot2` stellt mit der `geom_smooth`-Funktion eine einfache Möglichkeit dar, eine lineare Regression auf die Daten zu fitten. Wir setzen hier die Argumente `method = 'lm'` um anzugeben, dass wir ein lineares Modell fitten wollen und das Argument `se = F`, weil wir keine Fehlerbereiche anzeigen wollen:

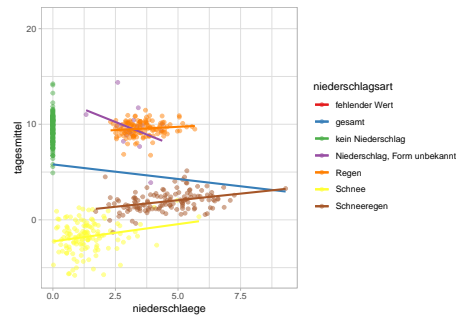
```
flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(niederschlagsart, jahr, station) %>%
  summarise(across(where(is.numeric), mean)) %>%
  ggplot(aes(x = niederschlaege,
             y = tagesmittel)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method = 'lm',
             se = F)
```



Das ist ein bisschen unbefriedigend. Wenn wir die Niederschlagsart als Gruppierung hinzufügen wird's aber ein bisschen schicker:

```
flensburg_kiel_weather %>%
  group_by(niederschlagsart, jahr, station) %>%
  summarise(across(where(is.numeric), mean)) %>%
  ggplot(aes(x = niederschlaege,
             y = tagesmittel)) +
  geom_point(aes(color = niederschlagsart),
            alpha = .5) +
  geom_smooth(method = 'lm',
            se = F,
            aes(color = 'gesamt')) +
  geom_smooth(method = 'lm',
```

```
se = F,  
aes(color = niederschlagsart)) +  
scale_color_brewer(palette = 'Set1')
```



Bibliography

Grolemund, G. and Wickham, H. (2017). *R for Data Science*.

Wollschläger, D. (2016). *R kompakt: Der schnelle Einstieg in die Datenanalyse*. Springer-Lehrbuch. Springer Spektrum, second edition.