R 导论

关于 R 语言的注解：一个数据分析和图形显示的程序设计环境

英文版本*2.3.0 (2006-04-24)*

中文版本*0.1 (2006-06-15)*

W. N. Venables, D. M. Smith

R 核心开发小组（the R Development Core Team）

目录

序言

该文档改自Bill Venables 和David M. Smith (Insightful 公司) 描述 S 和 SPLUS 开发环境的讲义。我们只做了一些很小的修改以反映 R 和 S 的差异，并且扩充了一些材料。

非常感谢Bill Venables 和David Smith 允许我们以这种方式发布该讲义的修改版本以及他们一直以来对 R 不断的支持。

各种评论和校正可以通过电子邮件R-core@R-project.org 联系我们。对于中文版的各种意见可以通过电子邮件ghding@gmail.com联系译者。

0.1 对读者的建议

大多数 R 语言的新手可以从附录A 中的引导性会话（session）<页码：102>入手，进而对 R 会话（ R sessions）有一些简单的认识。更为重要的是，新手将会从这些 R 会话中对一些即时的命令获得实时的反馈。

可能有些用户仅仅关心 R 的绘图功能。在这种情况下，可以马上跳到有关绘图功能的章节(见图形<页码：83> 一章)，而没有必要把前面所有的章节都看完。

下面是译者对还没有安装*R* 程序用户的一个简单提示

新用户可以去`http://cran.r-project.org/mirrors.html`，随便找一个可以访问的镜像地址，点击进入，下载“Precompiled Binary Distributions” 栏中的软件。如果是Windows 用户，可以点击“Windows (95 and later)”，进入“base”，下载“rwxxxx.exe”（如rw2010.exe），然后像一般的Windows 软件安装即可。OK，你可以试试附录A 中的引导性会话（session）<页码：102>了。

0.2 译者前言一(摘自05年网页版)

经过几周的努力，我终于完成了《R 导论》的翻译。这是一本关于R 环境入门的教材，同时也是R 官方文档中面向大众用户的教材。一般用户只要看完这本《R 导论》，并且运行完上面的例子，就可以解决大部分问题了。我没有把文档叫做R 入

门，因为这份文档中有些内容已经超出一般用户的要求，但是把R 作为一个系统看，那些确实又是最基本的。过一些时候，我会列出一个适合一般统计用户看的内容清单。

我是在做第一轮ROTATION 的时候接触R 的，后来就一直用上了这个软件。虽然我还摸过Stata，MATLAB，SPSS 和SAS 等统计计算方面的软件，但是R 依然是我的首选。我选择R 的理由是：

- R 是自由软件。它不会向你收取任何费用，但是它的能力不会比任何同类型商业软件差。从功能相似的角度来说，R 和MATLAB 最像的。
- 通过R 你可以和全球一流的统计计算方面的专家合作讨论，它是全世界统计学家思维的最大集中。我加入了R 的邮件列表，每天都会收到五六十份关于R 的资讯邮件。
- 它是彻底的面向对象的统计编程语言。对于我这种生长在面向对象编程模式年代里的人可是非常容易理解和使用的。
- R 和其他编程语言/数据库之间有很好的接口。代码整合的时候感觉R 为你提供了一系列对象，你用其他语言只要调用这些对象就可以了。这对数据整合工作非常有用。

这里我要说明的是，虽然R 是自由软件，但是我们要记得感激所有为R 贡献智慧的奉献者。所以，大家对R 的支持可以体现在行动上，有力出力有钱出钱或者至少会这样想，这也是出于对知识劳动的尊重。具体可以访问http://www.r-project.org/foundation/about.html。

整个文档的翻译是直接对Texinfo 文档进行的。由于Texinfo 的中文PDF 转换问题还没有完全解决，所以我先用HTML 格式(字符集是UTF-8)发布我的文档。不过，我相信这个问题可以解决的（最笨的方案就是把Texinfo 转换成LaTeX）。PDF 版本的文档会很快和大家见面。另外，我同时发布简体中文版和繁体中文版的译文以方便使用繁体的朋友。

由于时间比较紧张，翻译过程中可能有不少错误。有些数学术语也可能斟酌不够。因此，希望各个兄弟姐妹发现错误后给我发email，我会尽快修改。现在还只是β版，在大家的砖头锤炼后发布正式的版本。那时候，肯定PDF 版本的也搞定了。当然，也要提交给R 核心开发小组了。

我的目标是利用业余时间翻译R 的五份关键文档《An Introduction to R》（本册），《R Data Import/Export》，《The R language definition》，《Writing R Extensions》，《R Installation and Administration/R FAQ》。

每天在中午和黄昏的时候翻译一两部分这些文档还是一件不错的事情。我会尽快发布这些文档。本册在这一套文档中地位是统领性的，也是一般读者需要看的，所以

我提前发布这个文档了。其他的文档有点偏向高级用户或者开发用户，如果不想深入了解R，可以不看。

“工欲善其事，必先利其器”，我常常用R，所以学好它是应该的。而这个翻译的过程中，我学到了很多东西。

非常感谢东京工业大学的Shigeru MASE 以及身边的各位朋友。

丁国徽

Email: *ghding@gmail.com*

*2005*年*6*月*3*日

0.3 译者前言二(本PDF版)

我把《R导论》用LaTeX 重新写了一篇。过去的一年里，我的事情比较多，都拖到现在了。有时，都害怕自己忘了这件事情。但是，当我看到许多R 用户给我Email时，有一种责任感，觉得自己应该好好做做。

我对R 的一些观点还是和一年前写的一样。虽然，R在数据集比较大的时候，可能太耗内存，另外有时候有点精度上的问题，但通过数据库等技术，这些问题都可以解决。我相信它将会是数据分析领域的一把利器。

我上次提到“列出一个适合一般统计用户看的内容清单”。现在，我就直接推荐Emmanuel Paradis 的 R for beginners。中文版由XF Wang 排校。我也写了几章。对于正式发布，我不确定。当然，R for beginners 也是我的R入门读物之一:-)。

由于Texinfo中文化问题，最终我还是没有解决（如果有人解决了可以告诉我一声）。于是，只能有LaTeX 重写。我努力和原文档的格式保持一致。不过，在索引部分依然有一点点问题，如我一直没办法将“|”和“!” 建索引。一插入到文档中就报错。

本PDF版大部分都在德国完成。因此特别感谢Dr. ZP Li和Dr. Rui。Li兄弟让我可以快速适应国外生活，他还借给我厨具，让我可以自己做饭，另外他的厨艺非常好，让我在国外也能吃到正宗的天津包子（我建议他开个中餐馆）。Rui 阿姨让我在另外一个陌生的城市里面可以很快落脚，而且还给我安排了一些非常有意义的交流，让我学到不少东西。

还要感谢我的导师Prof Li。他给予我不少支持。有时，我有点惭愧。

感谢牛津大学的Brian D. Ripley 和Technische Uni. Wien 的Friedrich Leisch 推荐这些文档放在 R 的官方网站。

感谢过去一年来许多网友对该文档提出很多修改意见。特别感谢Ronggui网友。

另外，H Li 为《数组和矩阵》一章提了不少建议（当然，我可是有点蛮不讲理地把这一章给她，让她一定要提建议的-_^）。Q Wang 和K Tu 二位给我不少统计学方面建议(说明一下，网上的CHM版本的《R导论》就是K Tu制作）。还有，G Li，去年和今年我写这个文档的时候都给了不少帮助。哦，我还不能忘了Q Liu师姐，让我

在 Roation 的时候安装R，从而接触R。

最后，感谢LaTeX的中文化开发小组以及各位关注R 的朋友。

对于文档的任何问题和建议可以给我Email。

丁国徽

Email: *ghding@gmail.com*

*2006*年*7*月 *11*日

第一章 绪论

1.1 R 环境

R 环境由一组数据操作，计算和图形展示的工具构成。相对其他同类软件，它的特色在于：

- 有效的数据处理和保存机制，
- 完整的数组和矩阵计算操作符，
- 连贯而又完整的数据分析工具，
- 图形工具可以对数据直接进行分析和展示，同时可用于多种图形设备，
- 它是一种相当完善，简洁而又高效的程序设计语言(也就是'S')。它包括条件语句，循环语句，用户定义的递归函数以及各种输入输出接口。（实际上，系统提供的大多数函数都是用 S 写的）。

在这里, 术语"环境"（environment）是想表明 R是一种经过充分设计并且结构统一的系统，而不是一个功能非常专一, 难以扩充的工具群。但这种情况, 在其他的数据分析软件里面常常会遇到。

R 是开发新的交互式数据分析方法一个非常好的工具。它的开发周期短，有大量的扩展包（packages）可以使用。不过，大多数用 R 开发的程序仅仅是为了处理一些特定的数据，因此很快就被淘汰了。

1.2 相关软件和文档

R 可以看作是贝尔实验室（Bell Laboratories）的Rick Becker，John Chambers 和Allan Wilks 开发的 S 语言的一种实现。当然， S 语言也是SPLUS 的基础。

关于 S 语言的发展过程可以参考John Chambers 及其合著者们编写的四本书。对于 R，最主要的参考书是Richard A. Becker，John M. Chambers 和Allan R.

Wilks 著的*The New S Language: A Programming Environment for Data Analysis and Graphics*。另外，John M. Chambers and Trevor J. Hastie 编的*Statistical Models in S* 覆盖了1991 发布的 S 3 版本[1] 的一些新特征。**methods** 包中的方法（method）和类（class）就是基于John M. Chambers 著的*Programming with Data*。具体参考书目见附录中的参考文献<页码：122>部分.

现在已经有很多关于如何用 R 进行数据分析和统计的书籍。 S/SPLUS方面的文档都可以直接用于 R，不过要注意 R 在 S 实现上的差异。参见 R 的常见问题集：R 常见问题集。

1.3 R 和统计

我们对 R 环境的介绍中没有提到统计，但是大多数人用 R 就是因为它的统计功能。不过，我们宁可把 R 当作一个内部实现了许多经典的时髦的统计技术的环境。部分的统计功能是整合在 R 环境的底层，但是大多数功能则以包 的形式提供。大约有25个包和 R 同时发布（被称为“标准” 和“推荐” 包），更多的包可以通过网上或其他地方的*CRAN* 社区(http://CRAN.R-project.org) 得到。关于包更多的细节将在后面的章节叙述(见包<页码：100>一章)。

大多数经典的统计方法和最新的技术都可以在 R 中直接得到。终端用户只是需要花点精力去找到一下就可以了。

S(也包括 R) 和其他主要的统计系统在观念上有着重要的差异。在S语言中，一次统计分析常常被分解成一系列步骤，并且所有的中间结果都被保存在对象（object）中。因此，SAS 和SPSS 为回归和判别分析提供了丰富的屏幕输出内容，但 R 给出屏幕输出却很少。它将结果保存在一些合适的对象中以便于用 R 里面的函数做进一步的分析[2]。

1.4 R 和桌面系统

最容易的方法就是在一个桌面系统的图形工作站（graphics workstation）上运行 R。当然这主要是对有这种便利的读者说的。大多数情况下我们不会特指在什么 R 环境下使用 R，但我们偶尔会提到在X window 系统上使用 R。

大多数用户都会觉得有必要和计算机系统进行直接交流. 在本手册中, 我们主要讨论在UNIX 操作系统中的交互式操作。如果你在Windows 或者MacOS 上运行 R ，你可能需要做少量的调整。

[1] 译者注: John M. Chambers 提议1988发布的版本称为S3。
[2] 译者注: 这点在 R编程里面非常的重要.

为充分利用 R 的个性化配置，直接设置图形工作站是最直接的办法。不过，这种方法有点乏味。我们不准备讨论这个问题。用户如果遇到这方面的问题可以向你身边高手寻求帮助。

1.5 交互式使用 R

当一个 R 程序需要你输入命令时，它会显示命令提示符。默认的提示符是>。UNIX 系统中可能会和shell 的命令提示符一致。它还表明当前环境没有任务运行。但是，正如我们所期望的一样，你很容易设定你想要的不同于默认值的 R 命令提示符。在接下来的文档中，我们将假定UNIX 的shell 命令的提示符是$。

如果你是第一次在UNIX 系统使用 R，我们推荐的操作步骤如下：

1. 创建一个独立的子目录work 来保存你要在这个系统上用 R 分析的数据文件。当你用 R 处理这些数据时，这将是你的工作目录。

```
$ mkdir work
$ cd work
```

2. 用命令启动 R 程序。

```
$ R
```

3. 此时，可以键入 R 的命令(见后面的内容)。

4. 退出 R 程序的命令是

```
> q()
```

这个时候， R 会话会问你是否需要保存数据。有些系统会弹出一个会话框，还有一些系统则会给出文本命令提示。对于文本命令提示，你可以键入*yes*， *no*, *cancel* 或者它们的首字母以表示在退出前保存数据，不保存数据就退出，和重新返回 R 会话。被保存的数据可以将来被 R 会话重新调用。

随后的 R 会话是比较容易的。

1. 创建工作目录work，和前面一样的步骤启动程序：

```
$ cd work
$ R
```

2. 使用 R 程序，用q() 命令结束会话。

在Windows 系统使用 R 的操作流程在本质上是一样的。创建一个工作目录，将该目录设置为 R 桌面快捷方式的起始位置[3] ，双击快捷图标以启动 R。

1.6 一个引导性的 R 会话

如果读者现在极力想在自己的电脑上体验一下 R 的魅力，那就迅速把附录一个简单会话<页码：102> 中给出的引导性 R 会话做完。这个示意性的 R 会话非常值得推荐。

1.7 通过函数和特征寻求帮助

R 有一个和UNIX的帮助命令`man` 类似的内嵌帮助工具。为了得到任何特定名字的函数的帮助，如`solve`，可以使用如下命令

```
> help(solve)
```

另外一种办法是

```
> ?solve
```

对于有特殊含义的字符，可以加上双引号或者单引号，即“字符串”：这同样适用于有语法涵义的关键字`if`，`for` 和`function`。

```
> help("[[")
```

任何一种引号都可用于逃逸（escape）另外一种，如字符串`"It's important"`[4]。习惯上，一般优先使用双引号。

在大多数 R 平台中，你可以通过运行下面的命令得到**HTML** 格式的帮助。

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

它会启动一个网页浏览器，允许你通过超链访问帮助页。在UNIX系统中，后续的帮助要求可以发送给基于**HTML** 的帮助系统。在`help.start()` 启动的浏览页上，‘搜索引擎和关键词’（Search Engine & Keywords ）链接特别有用，因为它通过搜索可以使用的函数而提供一个高层次的概念列表。这会让你很快认清自己所处的位置和理解 R 所提供的函数能力范围。

[3]译者注：右键点击 R 桌面快捷方式，出现一个菜单，选择“属性”，弹出会话框，点击“快捷方式”，就可以看到“起始位置”。填上你所创建的工作目录，就OK^_^）

[4]译者注：如果采用`'It's important'`， R 就会告诉你语法错误！

`help.search` 命令[5] 允许你用任何方式搜索帮助文档：键入`?help.search` 看一下这个命令的详细信息和例子。

关于某个帮助主题的例子，可以用下面的命令查看。

```
> example(topic) # topic 是你要想测试的命令，如barplot
```

Windows 版本的 R 还有其他可选的帮助工具：你可以利用下面的命令得到更多的信息[6]。

```
> ?help
```

1.8 R 命令，大小写敏感等

技术上来说， R 是一种语法非常简单的*表达式语言*（expression language）。它*大小写敏感*，因此`A` 和`a` 是不同的符号且指向不同的变量。可以在 R 环境下使用的命名字符集依赖于 R 所运行的系统和国家(就是系统的*locale* 设置)。通常，数字，字母，. 和_都是允许的(在一些国家还包括重音字母)。不过，一个命名必须以 . 或者字母开头，并且以 . 开头时第二个字符不允许是数字。

基本命令要么是*表达式*（expressions）要么就是*赋值*（assignments）。如果一条命令是表达式，那么它将会被解析（evaluate），并将结果显示在屏幕上，同时清空该命令所占内存。赋值同样会解析表达式并且把值传给变量但结果不会自动显示在屏幕上。

命令可以被(;)隔开，或者另起一行。基本命令可以通过大括弧({和}) 放在一起构成一个复合表达式（compound expression）。*注释*几乎可以放在任何地方[7]。一行中，从井号(#)开始到句子收尾之间的语句就是注释。

如果一条命令在一行结束的时候在语法上还不完整， R 会给出一个不同的提示符，默认是

```
+
```

该提示符会出现在第二行和随后的行中，它持续等待输入直到一条命令在语法上是完整的。该提示符可以被用户修改。在后面的文档中，我们常常省略延续提示符（continuation prompt），以简单的缩进表示这种延续。

[5] 译者注：我非常喜欢这个命令，除?外它可能是我用的最多的一个
[6] 译者注: BioConductor项目还提供名为 Vignettes 的帮助工具.
[7] 不要放在字符串之中，也不要放在一个函数定义的参数列表中

1.9 重新调用和修正先前的命令

在大多数UNIX 版本和Windows 系统上， R 提供了一种调用和重新执行先前用过的命令的机制。键盘的上下键可以使光标在命令的历史记录（command history）中前翻或者后退。一旦找到某条具体的命令，光标可以通过左右键移动，而且可以插入其他字符或者用 **DEL** 键删除字符。更具体的内容可以参考附录命令行编辑器<页码：114>.

UNIX 下面对以前用过命令的调用和编辑的键设置是可以修改的，具体内容可以参考*readline* 库的指南。

特别提一下，Emacs 文本编辑器[8] 对交互使用 R 提供了更一般的机制(主要是*ESS* 和*Emacs Speaks Statistics*)。具体可以参见R的问题集: R 常见问题集。

1.10 批处理文件和结果重定向

如果一批命令保存在工作目录work 下一个叫commands.R 的文件中，可以用下面的命令在 R 会话中执行这个文件。

```
> source("commands.R")
```

在Windows 版本的 R 控制台中，可以在文件（File）菜单中选择载入（Source）来实现。对于函数`sink`，下面的命令

```
> sink("record.lis")
```

可以把所有后续的输出结果从控制台重定向到外部文件[9] record.lis 中。命令

```
> sink()
```

让你输出流重新定向到控制台。

1.11 永久数据和对象删除

R 创建和控制的实体（entity）被称为对象。它们可以是变量，数组，字符串，函数，或者其他通过这些实体定义的更为一般性的结构（structures）。

[8]译者注：当然Vi，UltraEdit也不错。我就用UltraEdit写 R 代码做蒙特卡罗模拟的。在http://www.ultraedit.com/index.php?name=Content&pa=showpage&pid=40下载 R 的wordfile （“R Scripting - 02/18/2003”，具体可能会有些不同），贴到你的UltraEdit 程序根目录下的wordfile.txt 文件中就行了。这时候，自动会对.R 文件语法高亮显示。

[9]译者注：此时，控制台可以看见你输入的命令，但是看不见输出结果。因为结果都定向到外部文件中去了。

在 R 会话过程中，对象是通过名字创建和保存的(我们将在后面的话题中讨论这个过程)。 R 的命令(或者`ls()`)

```
> objects()
```

是用来显示当前保存在 R 环境中的对象名字（可能不是全部名字）。保存当前对象的地方被称为工作空间（workspace）。

可以通过命令`rm` 删除对象：

```
> rm(x, y, z, ink, junk, temp, foo, bar)
```

R 会话中创建的所有对象可以永久地保存在一个文件中以便于以后的 R 会话调用。在每一次 R 会话结束的时候，你可以保存当前所有可用的对象。如果你想这样做，这些对象将会写入当前目录下一个叫.RData[10] 的文件中，并且所有在这次会话中用过的命令行都会被保存在一个叫.Rhistory 的文件中。

当 R 再次在同一目录下启动，这些对象将从这个文件中重新导入工作空间。同时，相关的历史命令文件也会被导入。

如果采用 R 做分析，你最好用相对独立的工作目录。在分析过程中，将对象命名为`x` 和`y` 是一件非常常见的事情。在一次独立的分析中，这样的命名是有特定含义的，但若几个分析同时在一个目录下进行时，区别它们的涵义可能是一件非常困难的事情。

[10] 文件名起始的“点” 可能会让文件在常规的UNIX 文件列表中不可见，即隐藏文件。

第二章 简单的算术操作和向量运算

2.1 向量和赋值

R 在已经命名的数据结构（data structure）上起作用的。其中，最简单的结构就是由一串有序数值构成的数值向量（vector）。假如我们要创建一个含有五个数值的向量x，且这五个值分别为10.4，5.6，3.1，6.4 和21.7，则 R 中的命令为

```
> x <- c(10.4, 5.6, 3.1, 6.4, 21.7)
```

这是一个用函数 c() 完成的赋值语句。这里的函数 c() 可以有任意多个参数，而它返回的值则是一个把这些参数首尾相连形成的向量[1]。

在 R 环境里面，单个的数值也是被看作长度为1的向量。

注意一下赋值符号(<-)，它实际上包括两个字符，即< (“小于号”) 和- (“负号”)。这两个字符在方向上要求严格一致[2] 并且‘指向’被表达式赋值的对象。在许多情况下，= 可以代替使用。

赋值也可以用函数assign() 实现。下面的命令和前面的赋值命令等价：

```
> assign("x", c(10.4, 5.6, 3.1, 6.4, 21.7))
```

我们常用的赋值符<- 可以看作是该命令一个语义上的缩写。

当然，还可以从另外一个方向上赋值。用下面的语句，可以完成上面同样的赋值工作

```
> c(10.4, 5.6, 3.1, 6.4, 21.7) -> x
```

如果一个表达式是一个完整的命令，那么它的值将会被显示在屏幕上并且不能被别的对象访问[3]。因此，如果我们运行语句

[1] 函数c() 的对向量格式和list 模式的参数起的作用可能会有点差异。具体参见列表的连接<页码：35>

[2] 译者注：‘->’和‘<-’是一致的，但‘-<’与‘>-’就不一致了。

[3] 实际上，在其他命令运行前，它是保存在变量.Last.value 中。译者注：当然，你还可以直接在屏幕上直接拷贝表达式的输出值。

```
> 1/x
```

五个数的倒数就会在终端显示(注意，x 的值没有改变)。

进一步的赋值

```
> y <- c(x, 0, x)
```

会创建一个含有11个元素的向量y，其中包括两份x 拷贝和位于中间的一个0。

2.2 向量运算

在算术表达式中使用向量将会对该向量的每一个元素都进行同样算术运算。出现在同一个表达式中的向量最好是长度一致。如果他们的长度不一样，该表达式的值将是一个和其中最长向量等长的向量。表达式中短的向量会被循环使用（recycled）(可能是部分的元素)以达到最长向量的长度。对于一个常数就是简单的重复。利用前面例子中的变量，命令

```
> v <- 2*x + y + 1
```

将产生一个新的长度为11的向量v。它由2*x 重复2.2次，y 重复一次，1 重复11次得到的向量相加而成。

基本的算术运算符就是常用的+，-，*，/ 和做幂运算用的^。 另外还包括常用的数学函数，如log，exp，sin，cos，tan，sqrt 等等。这些在教科书上都有所定义。 max 和min 分别给出一个向量的最大值和最小值。 函数range 得到的是一个长度为2的向量，即c(min(x), max(x))。 length(x) 给出向量x 的元素个数， sum(x) 给出x 中元素的累加和， 而prod(x) 则得到它们的乘积。

两个统计函数就是计算均值的mean(x) （等价于sum(x)/length(x)） 和计算样本方差的var(x)。var(x) 等价于

```
> sum((x-mean(x))^2)/(length(x)-1)
```

如果var() 的参数是一个$n\times p$ 的矩阵，则将该矩阵行与行之间看作是相互独立的p-变量的样本向量，从而得到一个$p\times p$ 的样本协方差矩阵。

sort(x) 返回一个和x 长度一样但元素以升序排列的向量；此外，还有其他功能更强大的排序函数(如可以随意排列的order() 和sort.list()等)。

注意max 和min 将会给出它们参数向量中的最大和最小值。在同时给予多个参数向量的情况下，这两个函数会把参数向量合并成一个向量处理。并行（parallel）求解最大和最小值的函数pmax 和pmin 将会返回一个和最长的参数长度一致的向量。该向

量每一个元素就是同一位置上的所有输入向量（即函数的参数）元素的最大（最小）值。

大多数情况下，用户并不关心一个数值向量中的“数值” 到底是整数，实数，还是复数。 R 环境内部的计算是以双精度的实数或者双精度的复数（在输入数据是复数的情况下）实现的。

如果要处理复数，应该给出明确的复数部分。因此

```
> sqrt(-17)
```

将会给出NaN 和一个警告，但是

```
> sqrt(-17+0i)
```

就会以复数形式计算。

2.3 生成正则序列

R 有一系列产生常用数列的工具。如1:30 等价于向量c(1, 2, ..., 29, 30)。在 R表达式中，冒号优先级别最高，因此2*1:15 等价于c(2, 4, ..., 28, 30)。读者可以认真将n <- 10，1:n-1，1:(n-1)相互比较一下。

30:1 形式的句法（construction）可用来产生一个逆向的数列。

函数seq() 是数列生成中最为常用的工具。它有五个参数，仅部分参数需要每次都设定。起始的两个参数，表示一个数列的首尾。如果只是给定这两个值，则和冒号运算符的效果完全一样了。如seq(2,10) 等价于2:10。

seq() 和其他许多 R 函数的参数一样都可以用参数命名方式给定。在这情况下，参数的顺序可以是任意的。这样，前两个参数就可以用from=*value* 和to=*value* 方式设定；因此seq(1,30)，seq(from=1, to=30)，seq(to=30, from=1) 同1:30 完全一样。seq() 随后的两个参数是by=*value* 和length=*value*；它们分别表示这个数列的步长和长度。如果二者没有设定，默认值就是by=1（步长为1）。

例如

```
> seq(-5, 5, by=.2) -> s3
```

将向量c(-5.0, -4.8, -4.6, ..., 4.6, 4.8, 5.0) 赋给s3。类似的是，

```
> s4 <- seq(length=51, from=-5, by=.2)
```

将在s4 中产生一样的向量。

第五个参数是along=*vector*。使用这个参数时，它必须是唯一的[4]，它可以创建数列1, 2, ..., length(*vector*)，或者是空数列（在向量*vector*为空时）。

还有一个相关的函数是rep()。它可以用各种复杂的方式重复一个对象。最简单的方式是

```
> s5 <- rep(x, times=5)
```

这种方式先把x 的完整拷贝五次，保持x 的数列顺序，逐一放在s5 中。另一种有用的方式是

```
> s6 <- rep(x, each=5)
```

这种方式把x 中的每个元素都重复五次，然后将重复五次的元素逐一放入。

2.4 逻辑向量

和数值向量一样，R 允许操作逻辑向量。逻辑向量元素可以被赋予的值有TRUE，FALSE 和NA (“不可得到”, 见下一小节)。前两个值可以分别简写为T 和F。注意T 和F 仅仅默认设置为TRUE 和FALSE 的等价变量，不是系统保留字（reserved word），因此可以被用户重写。正因为这样，你应该尽量使用属于系统保留字的TRUE 和FALSE。

逻辑向量可以由条件式（conditions）产生。例如

```
> temp <- x > 13
```

其中, temp 是一个长度和x 一致的向量。它的元素FALSE 表示x 的对应元素不吻合控制条件而TRUE 则相反。

R 的逻辑运算符是<，<=，>，>=，以及判断是否严格相等的== 和判断不等的!=。 此外，如果c1 和c2 是逻辑不等式，那么c1 & c2 是它们的交集运算(“与”)，c1 | c2 是并集运算(“或”)，!c1 是c1 的非运算。

在常规的算术运算中采用逻辑变量，它们会被强制转换成数值变量，FALSE 变成0 ，TRUE 变成1。但是有些情况下，逻辑向量和它们强制转换的数值向量不等价，具体的例子可以看下一小节。

[4]译者注：我加过其他参数，也运行好好的。问题的关键在于，最终产生的数列长度和length(*vector*)一致。

2.5 缺损值

在某些情况下，向量的元素可能有残缺。当一个元素或者值在统计的时候“不可得到”（not available）或者“值丢失”（missing value），相关位置可能会被保留并且赋予一个特定的值NA[5]。任何含有NA 数据的运算结果都将是NA。这样做法的道理很简单，如果一次操作的数据都是残缺的，那么结果也必然是不可预料的，因此也是不可得到的。

函数is.na(x) 返回一个和x 同等长度的向量。它的某个元素值为TRUE 当且仅当x 中对应元素是NA。

```
> z <- c(1:3,NA);  ind <- is.na(z)
```

特别要注意的是逻辑表达式x == NA 和is.na(x) 完全不同。因为NA 不是一个真实的值而是一个符号以表示某个量是不可得到的, 因此x == NA 得到的是一个长度和x 一致的向量。它的所有 元素的值都是NA。因为该逻辑表达式本身不完整，因此也是不可判断的。

还要注意数值计算会产生第二种“缺损”值，也称为非数值（Not a Number）NaN 。例如，

```
> 0/0
```

或者

```
> Inf - Inf
```

得到的都是NaN，这是因为它们的结果都不能显式的定义。

总之，对于NA 和NaN 用is.na(xx) 检验都是 TRUE。为了区分它们，is.nan(xx) 就只对是NaN 元素显示TRUE。

当字符向量以没有引号的形式显示时，缺损值可能会以<NA> 形式显示[6]。

```
> a<-c("a","b",NA)
> a
[1] "a" "b" NA
> print(a,quote=F)
[1] a    b    <NA>
```

[5]译者注：我在0.01β版里面用缺省值这个汉语概念来描述这种数据, PDF版本里面改用缺损值描述。这样可能更为准确一点。

[6]译者注：下面例子由黄荣贵网友提供。

2.6 字符向量

在 R 中，常常会用到字符量和字符向量，如图上的标注。在需要它们的时候，可以用双引号作分割符，如"x-values"，"New iteration results"。

字符串输入的时候既可以用双引号(") 又可以用单引号(')，但是打印的时候则采用双引号(有时根本不用引号)。它们采用C 语言形式的转义控制序列（escape sequences），用\ 表示转义字符，所以输入\ 将会得到\ 的输出，而想插入" 则要输入\"。其他有用的转义字符有\n（换行），\t（制表符）和\b（退格键）等等。

通过函数c() 可以把几个字符向量连接成一个字符向量；这种用法的例子会常常出现的。

函数paste() 可以有任意多的参数，并且把它们一个接一个连成字符串。这些参数中的任何数字都将被显式地强制转换成字符串，而且以同样的方式在终端显示。默认的分隔符是单个的空格符，不过这可以被指定的参数修改。参数sep=*string* 就是将分隔符换成*string*，这个参数可以设为空。

例如

```
> labs <- paste(c("X","Y"), 1:10, sep="")
```

使得labs 变成一个字符向量。

```
c("X1", "Y2", "X3", "Y4", "X5", "Y6", "X7", "Y8", "X9", "Y10")
```

特别要注意一下这里短的向量发生了循环使用；因此c("X", "Y") 重复了5次以吻合1:10 [7]。

2.7 索引向量；选择和修改一个数据集的子集

一个向量的子集（subset）元素可以通过向量名后面的方括号中加入*索引向量* 得到。如果一个表达式的结果是向量，则我们可以直接在表达式的末尾方括号中加入索引向量以得到结果向量的子向量（如果有的话）。

这种索引向量可以采用下面四种方式的任何一种。

1. *逻辑向量*。这种情况下，索引向量必须和被挑选元素的向量长度一致。向量中对应索引向量元素为TRUE 的元素将会被选中，而那些对应FALSE 的元素则被忽略。例如

   ```
   > y <- x[!is.na(x)]
   ```

[7] paste(..., collapse=*ss*) 会在每个结果生成的字符串元素后面加上*ss* 。 R 有许多工具进行字符处理，参见sub 和substring的帮助文档。

这将创建(或重建)一个含x 中非缺省且次序不变的元素的对象y。注意，如果x 含有缺省值，y 在长度上将会比x 短。同样

```
> (x+1)[(!is.na(x)) & x>0] -> z
```

将创建一个对象z 并且把向量x+1 的值赋给它，其中要求x 中对应的元素既非缺省又是正值。

2. *正整数向量*。这种情况下，索引向量必须是{1, 2, . . . , length(x)}的子向量。索引向量中索引对应的元素将会被选中，并且在结果向量中的次序和索引向量中的次序一致。这种索引向量可以是任意长度的，结果向量的长度和索引向量完全一致。如x[6]表示x 的第六个元素，此外

```
> x[1:10]
```

选择x 的前10个元素(我们假定length(x) 长度不小于10)。同样（看上去好像不可能的事情）

```
> c("x","y")[rep(c(1,2,2,1), times=4)]
```

会产生一个长度为16，由"x", "y", "y", "x" 重复4次而构成的向量。

3. *负整数向量*。这种索引向量指定被排除的元素而不是包括进来[8]。因此

```
> y <- x[-(1:5)]
```

将x 除开始五个元素外的其他元素都赋给y。

4. *字符串向量*。这可能仅仅用于一个对象可以用names 属性来识别它的元素。这种情况下，名字向量的子向量可以像上面第二条提到的正整数标签一样使用。

```
> fruit <- c(5, 10, 1, 20)
> names(fruit) <- c("orange", "banana", "apple", "peach")
> lunch <- fruit[c("apple","orange")]
```

名字索引（name indices）相比*数值索引*（numeric indices）的好处就是容易记。该用法在后面的数据框（data frames）操作中，优势最为明显。

[8]译者注：索引向量中，不可以同时出现正整数和负整数

索引表达式同样可以出现在赋值操作的接受端。在这种情况下，赋值操作仅仅发生在这些索引指定的向量元素中。表达式必须以vector[$index_vector$] 的形式出现，其中向量名字可以用任何表达式代替。

被赋值的向量必须吻合索引向量的长度，特别在逻辑向量中它的长度必须和被建索引的向量长度一致。

例如

```
> x[is.na(x)] <- 0
```

将会用0替换x 中所有的缺省值，而

```
> y[y < 0] <- -y[y < 0]
```

和下面式子等价

```
> y <- abs(y)
```

2.8 其他类型的对象

向量是 R 里面最重要的对象，但还有其他几种类型的对象会在后面的内容中遇到。

- 矩阵（matrix）或者更为一般的数组（array）是多维的广义向量。实际上，它们就是向量，而且可以同时被两个或者更多个索引引用，并且以特有的方式显示出来。见数组和矩阵<页码：23>。
- 因子（factor）为处理分类数据提供的一种有效方法。见因子<页码：20>.
- 列表（list）是一种泛化（general form）的向量。它没有要求所有元素是同一类型，许多时候它本身就是向量和列表类型。列表为统计计算的结果返回提供了一种便利的方法。见列表<页码：34>.
- 数据框（data frame）是和矩阵类似的一种结构。在数据框中，列可以是不同的对象。可以把数据框看作是一个行表示观测个体并且（可能）同时拥有数值变量和分类变量的‘数据矩阵’。许多实验数据都可以很好的用数据框描述：处理方式是分类变量而响应值是数值变量。见数据框<页码：36>。
- 函数（function）是可以保存在项目工作空间的 R 对象。该对象为 R 提供了一个简单而又便利的功能扩充方法。见编写你自己的函数<页码：54>。

第三章 对象及它们的模式和属性

3.1 内在属性：模式和长度

R 操作的实体在技术上来说就是对象（object）。实数或复数向量，逻辑向量和字符串向量之类的对象属于“原子”（atomic）型的对象，因为它们的元素都是一样的类型或模式[1]。R 的对象类型包括数值型[2]（numeric），复数型（complex），逻辑型（logical），字符型（character）和原味型（raw）。

向量必须保证它的所有元素是一样的模式。因此任何给定的向量必须明确属于逻辑性，数值型，复数型，字符型或者原味型。(这里有个特定的例外就是“值”为NA 的元素。实际上NA有好几种形式的)。注意空向量也有自己的模式。例如，空的字符串向量将会被显示`character(0)` 和空的数值向量显示为`numeric(0)`。

R 同样操作被称为列表的对象。这种对象在 R 里面是一种列表（list）模式。列表可以为任何模式的对象的有序序列。列表被认为是一种“递归”结构而不是原子结构因为它们的元素可以以它们各自的方式单独列出。

另外两种递归结构是函数（function）和表达式（expression）。构成 R 系统的函数对象以及其他类似的用户定义的函数对象都将在后面的内容中深入讨论。表达式对象是 R 的高级部分，不是本文档的重点，我们只是在讨论 R 统计建模中的公式（formulae）时间接地提一下。

一个对象的模式（mode）是该对象基本要素的类型。这是专门用来描述一个对象“特征”（property）的术语。另外一个所有对象都有的特征是长度（length）。函数`mode(`*object*`)` 和`length(`*object*`)` 可用于任何数据对象以得到其模式和长度[3]。

一个对象更详细的特征常常通过`attributes(`*object*`)` 得到，具体参见返回和设定对象属性<页码：18>. 正因为这样，模式和长度又叫做一个对象的“内在属性”。

例如，如果`z` 是一个长为100 的复数向量，那么命令`mode(z)` 就会得到字符串`"complex"` 而`length(z)` 对应的是`100`。

R 可以在任何需要的时候对模式进行转换(当然，有些时候没有必要)。例如

[1]译者注：实际上 R 已经有自己独立的函数typeof()，仍然保留模式的概念主要是为了和S 兼容。

[2]数值型模式实际上是两种独立模式的混合模式，即整数型（integer）和双精度型（double）。具体可以参考手册。

[3]注意`length(`*object*`)` 有时会返回一些没有意义的信息，如在*object* 是一个对象的时候。

```
> z <- 0:9
```

我们可以进行如下转换

```
> digits <- as.character(z)
```

这样，digits 就是一个字符向量c("0", "1", "2", ..., "9")。我们可以再一次强制转换，或者说模式改变，以重建数值向量：

```
> d <- as.integer(digits)
```

现在d 和z 就一样了[4]。有一系列类似as.*something*() 的函数，这些函数主要用于对象模式数据的强制转换，或者赋予某个对象一些先前没有的功能。读者可以参考不同的帮助文档以熟悉它们。

3.2 改变对象长度

一个“空”的对象仍然有其模式的。例如

```
> e <- numeric()
```

创建了一个数值模式的空向量结构e。类似的是，character()是一个空的字符向量，等等。一旦一个任意长度的对象被创建，新元素可以通过给定一个在先前索引范围外的索引值[5]而加入。因此

```
> e[3] <- 17
```

将创建一个长度为3的向量e(此时，前两个元素都是NA)。这可以用于任何数据结构，并且提供了一种添加和第一个位置的对象模式一致的对象的方式。

这种自动调整对象长度的方法是经常用到的，如等待输入的函数scan()。(scan()函数<页码：40>.)

相反，删减一个对象的大小只需要用赋值操作。因此，如果alpha 是一个长度为10的对象，那么

```
> alpha <- alpha[2 * 1:5]
```

将创建一个由偶数索引位值上的元素构成的长度为5的对象(此时，老的索引将会被抛弃)。我们可以用下面命令仅仅保留起始的三个值

```
> length(alpha) <- 3
```

一个向量也可以用同样的办法扩充（扩充部分用缺损值）。

[4]许多时候，从数值到字符的强制转换，然后再转回不总是可逆的。因为在数字的字符表示时有近似转换（roundoff）的问题。

[5]译者注：这里要小心一点。正整数，负整数，大于或小于原来的索引范围的值都有不同含义。

3.3 读取和设置属性

函数`attributes(`*object*`)` 给出对象当前定义的非内在属性（non-intrinsic attributes）的列表。函数`attr(`*object*`,` *name*`)` 可以用来选择特定的属性。这些函数很少用到[6]，只是在一些非常特殊的情况下,如为特定目的设计一些新属性时才使用。但是，这个概念是非常重要的。

对属性进行赋值和删除操作必须特别小心，因为它们是 R 对象系统的不可分割的一部分。

当它位于一个赋值操作的左边是，它既可用于关联*object* 的新属性也可用于改变一个已经存在的属性。例如, 下面的命令

```
> attr(z, "dim") <- c(10,10)
```

允许 R 把`z` 当作一个10×10 的矩阵。

3.4 对象的类

R 里面的所有对象都属于一个类（class），可以通过函数`class` 查看。对于简单的向量，就是对应的模式`"numeric"`，`"logical"`，`"character"` 或者`"list"`，但是`"matrix"`，`"array"`，`"factor"` 和`"data.frame"` 就可能是其他值。

引入对象的类属性有利于面向对象风格的[7] R 编程。比如说，如果一个对象属于`"data.frame"` 类，那么它将会以一种特定的方式显示[8]，函数`plot()` 也会以特定的方式显示它的图形。其他相关的泛型函数[9]（generic function，如`summary()`等）会把它作为一个参数，像对它的类一样对这个对象响应。

可以用函数`unclass()` 临时去掉一个对象的类作用。 举例说，如果`winter` 有一个`"data.frame"` 的类，那么

```
> winter
```

将会以和矩阵类似的数据框显示，而

```
> unclass(winter)
```

[6]译者注:其实`attributes(`*object*`)`是一个非常好用的函数. 特别在你对一个对象不熟悉的时候, 你可以先用这个函数看看该对象里面有什么. 另外一个类似的函数是`str(`*object*`)`.

[7]包`methods` 提供了一种不同的方式调用‘正式’的或者‘S4’中的类。

[8]译者注: 即响应`print`函数

[9]译者注：如果学过Java 或者C++ 泛型，理解会更深。顺便提醒一下，Java 从1.5 （即5.0）版本才引进泛型概念。

就像一个普通的列表一样打印数据。仅仅在一些非常特殊的情况下，你才需要使用这个函数。当然，如果你是想深入学习类和泛型函数，那就可能常常用到了。

泛型函数和类将会在面向对象<页码：63> 部分进一步讨论，不过内容比较简略。

第四章 有序因子和无序因子

因子（factor）是一个对等长的其他向量元素进行分类（分组）的向量对象。 R同时提供*有序*（ordered）和*无序*（unordered）因子。而“真正”使用因子是在模型设计公式的时候(见对照设计<页码：69>)，这里我们先看一些简单的例子。

4.1 一个特别的例子

假定我们有一份来自澳大利亚所有州和行政区的30个税务会计师的信息样本[1] 以及他们各自所在地的州名。州名以字符串向量的形式保存在state 中

```
> state <- c("tas", "sa",  "qld", "nsw", "nsw", "nt",  "wa",  "wa",
             "qld", "vic", "nsw", "vic", "qld", "qld", "sa",  "tas",
             "sa",  "nt",  "wa",  "vic", "qld", "nsw", "nsw", "wa",
             "sa",  "act", "nsw", "vic", "vic", "act")
```

注意在字符向量中，“有序”意味着以字母排序的[2]。

因子可以简单地用函数`factor()` 创建：

```
> statef <- factor(state)
```

函数`print()` 处理因子和其他对象有点不同：

```
> statef
 [1] tas sa  qld nsw nsw nt  wa  wa  qld vic nsw vic qld qld sa
[16] tas sa  nt  wa  vic qld nsw nsw wa  sa  act nsw vic vic act
Levels:  act nsw nt qld sa tas vic wa
```

函数`levels()` 可以用来得到因子的水平（levels）。

```
> levels(statef)
[1] "act" "nsw" "nt"  "qld" "sa"  "tas" "vic" "wa"
```

[1]澳大利亚的8个州和行政区分别是Australian Capital Territory, New South Wales, the Northern Territory, Queensland, South Australia, Tasmania, Victoria 和Western Australia。

[2]译者注: 如果是汉字, 可能情况就复杂了^_^.

4.2 函数tapply() 和不规则数组

沿用前面的例子，假定我们有这些税务会计师的收入信息并且保存在另外一个向量中(适当的货币单位)

```
> incomes <- c(60, 49, 40, 61, 64, 60, 59, 54, 62, 69, 70, 42, 56,
               61, 61, 61, 58, 51, 48, 65, 49, 49, 41, 48, 52, 46,
               59, 46, 58, 43)
```

为计算样本中每个州的平均收入，我们可以用函数tapply()：

```
> incmeans <- tapply(incomes, statef, mean)
```

这将给出一个均值向量。各个元素都用对应的水平名字标记。

```
   act    nsw     nt    qld     sa    tas    vic     wa
44.500 57.333 55.500 53.600 55.000 60.500 56.000 52.250
```

函数tapply() 将一个功能函数（这里是mean()）用于第二个参数[3]（这里是statef）定义于第一个参数（这里是incomes）上得到的所有组。此时，各个组的数据好像是独立的向量。得到的结果向量长度和因子的水平数一致。读者可以通过帮助文档获得更多的信息。

假定我们进一步想计算各个州的标准误（standard error）[4]。我们可以写了一个 R 函数来计算任一给定向量的标准误。既然已经有内置函数var() 计算样本方差，则这个函数可以在一行写完，并且有一个参数等待赋值：

```
> stderr <- function(x) sqrt(var(x)/length(x))
```

(编写函数可以参考后面的内容编写你自己的函数<页码：54>部分。这里的写的标准误演示函数其实是没有必要的，因为 R 有一个内置计算标准误的函数sd()[5]) 赋值后，标准误被计算出来

```
> incster <- tapply(incomes, statef, stderr)
```

值分别为

[3]注意，当第二个参数不是因子时，函数tapply() 同样有效，如tapply(incomes, state)。这对一些其他函数也是有效，因为必要时R 会用as.factor() 把参数强制转换成因子。

[4]译者注：注意和“标准差”的不同

[5]译者注: 我觉得这里英文原文弄错了. R 里面的内置函数sd()是用来计算'标准差的'不是标准误, 大家可以看看本手册定义的stderr(1:4)和内置的sd(1:4)结果是不是一样. 它们的关系应该是stderr <- function(x){sd(x)/sqrt(length(x))}

```
> incster
act    nsw  nt    qld     sa tas   vic     wa
1.5 4.3102 4.5 4.1061 2.7386 0.5 5.244 2.6575
```

作为一个练习，你可以计算一下州平均收入的95%信度区间。提示一下，你可能要再次使用tapply() 和能得到样本量的函数length()，以及能得到t-分布分位数的函数qt()(你需要参考一下 R 为t-检验设计的函数。)。

函数tapply() 还可以用来处理一个由多个分类因子决定的向量下标组合。例如，我们可能期望通过州名和性别把这税务会计师分类。不过，就在上面最简单的情况中(仅仅一个变量)，我们也可以这样考虑这个问题（复杂因子组合时一样处理）。向量中的值可以根据因子中不同的水平分成许多组。函数就是独立的用于这些组。得到的值是这些函数结果的向量，并且以因子的水平属性标记。

因为子类的大小是不规则的，所以向量和作为标签的因子的组合对象只是我们偶尔会提及的不规则数组（ragged array）一个特例罢了。当子类大小一致的时候，索引最有效，正如我们在下一章中所看到的一样。

4.3 有序因子

因子的水平是以字母顺序排列的，或者显式地在factor 中指定。

有时候因子的水平有自己的自然顺序并且这种顺序是有意义的。我们需要记录下来可能在进一步的统计分析中用到。函数ordered() 就是用来创建这种有序因子。在其他方面，函数ordered() 和factor 基本完全一样。大多数情况下，有序和无序因子的唯一差别在于前者显示的时候反应了各水平的顺序。另外, 在线性模型拟合的时候，两种因子对应的对照矩阵的意义是完全不同的。

第五章 数组和矩阵

5.1 数组

数组可以看作是带有多个下标类型相同的元素集合，如数值型。R 有一些简单的工具创建和处理数组，特别是矩阵。

维度向量（dimension vector）是一个正整数向量。如果它的长度为k，那么该数组就是k-维的，例如矩阵是2-维数组。数组中元素的下标可以从1一直标到维度向量中对应元素的值。

向量只有在定义了 *dim* 属性后才能作为数组在R 中使用。假定，z是一个含1500个元素的向量。那么

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

对*dim* 属性的赋值使得该向量成一个3 ×5 ×100 的数组。

其他函数，如matrix() 和array() 可以更直观更容易地定义，具体参见array()函数<页码：26>部分.

数据向量（data vector）的值在数组中的排列顺序采用 FORTRAN 方式的数组元素次序，即“按列次序”，也就是说第一下标变化最快，最后下标变化最慢。

假定数组a的维数向量是c(3,4,2)，则a 中有$3\times4\times2 = 24$ 元素，依次为a[1,1,1]，a[2,1,1]，...，a[2,4,2]，a[3,4,2]。

数组可以是一维的：这种数组的处理和向量完全一致(包括屏幕显示)，只是有时会导致一些混乱。

5.2 数组索引以及数组分割

数组元素可以通过给定数组名及其后方括号中用逗号隔开的下标访问。

更为一般的是，数组分割可以通过在下标位置给定一系列索引向量实现；需要注意的是，如果某个位置上给定的索引向量为空，则该下标处所有可能值都会被取到。

延续前面的例子，a[2,,] 是一个4×2 的数组。它的维度向量为c(4,2)，数据向量依次包括下面的值

```
c(a[2,1,1], a[2,2,1], a[2,3,1], a[2,4,1],
  a[2,1,2], a[2,2,2], a[2,3,2], a[2,4,2])
```

a[,,]表示整个数组。这和忽略下标直接使用a 效果是一样的。

对于数组Z，用dim(Z) 可以对该数组维度向量进行显式的访问(可以放在赋值的任何一边)。

还有，如果一个数组仅给出一个下标或索引向量，那么只有数据向量中对应的值才会被访问；在这种情况下，维度向量会被忽略的。但是，如果单个索引不是一个向量而是一个数组，可能就不是这样了，具体可以看下面的讨论。

5.3 索引数组

和用于下标位置的索引向量一样，可以根据索引数组去给数组中不规则的元素集合赋值或者将数组中特定的元素返回到一个向量中。

用矩阵作为例子使这个过程变的更容易理解。在一个二维索引数组中，索引矩阵μ 可以假定含有两列及任意多行。索引矩阵中的元素就是数组的行列索引。假定我们有一个4 ×5 的数组X，我们可以做如下的事情：

- 以向量的格式取出元素X[1,3], X[2,2] 和X[3,1]，
- 在数组X 中用0替换这些元素。

在这个例子中，我们需要一个3 ×2 的下标数组，见下面的代码。

```
> x <- array(1:20, dim=c(4,5))   # 产生一个 4 × 5 的数组。
> x
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    5    9   13   17
[2,]    2    6   10   14   18
[3,]    3    7   11   15   19
[4,]    4    8   12   16   20
> i <- array(c(1:3,3:1), dim=c(3,2))
> i        # i 是一个 3 × 2 的索引矩阵。
     [,1] [,2]
[1,]    1    3
[2,]    2    2
[3,]    3    1
> x[i]                          # 提取这些元素。
[1] 9 6 3
> x[i] <- 0                     # 用0替换这些元素。
> x
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    5    0   13   17
[2,]    2    0   10   14   18
[3,]    0    7   11   15   19
[4,]    4    8   12   16   20
>
```

下面是一个不太明显的例子，假定我们要从一个双因子blocks(b水平)和varieties(v 水平)定义的区组化设计实验中得到一个设计矩阵。进一步假定实验进行了n次。我们可以按下面的步骤进行：

```
> Xb <- matrix(0, n, b)
> Xv <- matrix(0, n, v)
> ib <- cbind(1:n, blocks)
> iv <- cbind(1:n, varieties)
> Xb[ib] <- 1
> Xv[iv] <- 1
> X <- cbind(Xb, Xv)
```

我们则可以用下面的办法创建关联矩阵N，

```
> N <- crossprod(Xb, Xv)
```

但是最简单最直接的办法是使用函数table()：

```
> N <- table(blocks, varieties)
```

5.4 array() 函数

除了用设定一个向量dim 属性的方法来构建数组，它还可直接通过函数array 将向量转换得到，具体格式为

```
> Z <- array(data_vector, dim_vector)
```

假定向量h 有24个或更少的数值，那么命令

```
> Z <- array(h, dim=c(3,4,2))
```

就会利用h 在Z 中创建一个3 ×4 ×2 的数组。如果h 的长度正好是24，那么就和下面的命令等价

```
> dim(Z) <- c(3,4,2)
```

如果h 的长度小于24，它的元素将会被循环使用直到长度为24 (见向量元素的循环使用规则<页码：26>)。一个极端但又普遍的例子是

```
> Z <- array(0, c(3,4,2))
```

这样就会使得Z 是一个所有值都是0的数组。

此时，dim(Z) 表示维度向量c(3,4,2)，Z[1:24] 表示数据向量（就像在向量 h 中一样）。空下标的Z[] 和没有下标的Z 都表示整个数组。

数组可用于算术表达式中，并且结果就是一个基于数据向量的对应元素运算而得到的数组。所有操作数的属性dim 必须一致，而这个属性同样也是最终结果的维度向量。因此，如果A, B 和C 是相似矩阵，那么

```
> D <- 2*A*B + C + 1
```

D 同样是一个相似矩阵。它的值是由给定操作数的对应元素计算所得。但是对于数组和向量的混合运算还是要小心一点。

5.4.1 向量和数组混合运算以及循环使用原则

向量和数组间对应元素混合运算的确切规则有点诡异，并且很难在参考文献中找到权威的说法。根据经验，我们列出下面的一些比较可靠的说明。

- 表达式运算是从左到右进行的；
- 短的向量操作数将会被循环使用以达到其他操作数的长度；

- 有且只有短的向量和数组在一起，数组必须有一样的属性dim，否则返回一个错误[1]；
- 向量操作数比矩阵或者数组操作数长时会引起错误；
- 如果数组结构给定，同时也没有关于向量的错误信息和强制转换操作，结果将是一个和它的数组操作数属性dim 一致的数组。

5.5 数组的外积

数组一个非常重要的运算就是外积运算（outer product）。如果a 和b 是两个数值数组，它们的外积将是这样的一个数组：维度向量通过连接两个操作数的维度向量(顺序非常的重要)得到；数据向量则由a 的数据向量元素和b 的数据向量元素的所有可能乘积得到。外积是通过特别的操作符%o%实现：

```
> ab <- a %o% b
```

一种备选的方案是，

```
> ab <- outer(a, b, "*")
```

命令中的乘法操作符可以被任意一个双变量函数代替。例如，我们想研究函数$f(x;y) = \cos(y)/(1+x^2)$ 在 R 在向量x 和y形成的格子平面（regular grid）上的特征，可以按下面的步骤进行：

```
> f <- function(x, y) cos(y)/(1 + x^2)
> z <- outer(x, y, f)
```

特别是，两个常规向量的外积是一个双下标的数组(就是矩阵，最大秩为1)。注意，外积运算不符合交换律。定义你自己的 R 函数可以参考编写你自己的函数<页码：54>.

一个例子：2 ×2 数字矩阵的行列式

这是一个简单但能说明问题的例子，计算一个2 ×2 的矩阵$[a, b; c, d]$ 的行列式。该矩阵的所有元素是$0, 1, \ldots, 9$里面的一个数字。

我们的问题是找出所有这种组合形式的矩阵行列式 $ad - bc$，同时以高密度（high density）图的形式显示这些行列式值的分布。如果所有数字的选取是独立随机的，这样做实际上会得到所有行列式的概率分布图。

解决这个问题一个巧妙的办法就是两次使用函数outer()：

[1]译者注: 原文为"As long as short vectors and arrays *only* are encountered, the arrays must all have the same dim attribute or an error results."

```
> d <- outer(0:9, 0:9)
> fr <- table(outer(d, d, "-"))
> plot(as.numeric(names(fr)), fr, type="h",
       xlab="Determinant", ylab="Frequency")
```

注意，这里把频率表的属性names 强制转换成数值以表示行列式值的范围。“显式”解决这个问题是用for 循环语句。这个将在循环和条件控制<页码：52> 部分讨论，不过效率太低以至现实中很少采用。

还有一点比较奇怪的是，每20个这样的矩阵就有有一个矩阵是奇异矩阵[2]。

5.6 数组的广义转置

函数aperm(a, perm) 可以用来重排一个数组a。参数perm 可以是$\{1,\ldots,k\}$的一个排列，其中k 是a 的下标数目。这个函数将产生一个和a大小一致的数组，不过旧的维度perm[j]将会变成第j个维度。这种操作实际上是对矩阵的一种广义转置。事实上，如果A是一个矩阵(双下标数组)，那么B

```
> B <- aperm(A, c(2,1))
```

仅仅是A 的一个转置。这种情况下，有一个简单的函数t() 可以使用。因此，我们可以用命令B <- t(A)代替上面的语句。

5.7 矩阵工具

正如前面面所说，矩阵仅仅是一个双下标的数组。但是，它非常的重要，以至于需要单独讨论。R 包括许多只对矩阵操作的操作符和函数。例如上面提到的t(X)就是矩阵的转置函数。函数nrow(A) 和ncol(A) 将会分别返回矩阵A 的行数和列数。

5.7.1 矩阵相乘

操作符%*% 用于矩阵相乘。 $n \times 1$ 或者$1 \times n$ 矩阵在情况允许的时候可以作为一个长度为n 的向量处理。反之，向量若出现在矩阵相乘的表达式中会被自动转换成与矩阵对应的行或者列向量（有时候比较含糊，后面会有所论述）。

如果A 和B 是大小一样的方阵，那么

```
> A * B
```

将是一个对应元素乘积的矩阵，而

[2]译者注: 原文是”It is also perhaps surprising that about 1 in 20 such matrices is singular.”

```
> A %*% B
```

则是一个矩阵积。如果x 是一个向量，那么

```
> x %*% A %*% x
```

一个二次型（quadratic form）[3]。

函数crossprod() 可以完成“矢积”（crossproduct）运算，也就是说crossprod(X, y) 和t(X) %*% y 等价，但是在运算上更为高效。如果crossprod() 第二个参数忽略了，它将默认和第一个参数一样，即第一个参数和自己进行运算。

函数diag() 的含义依赖于它的参数。当v 是一个向量时，diag(v)返回以该向量元素为对角元素的对角矩阵。当M 是一个矩阵时，diag(M) 返回M的对角元素。这和Matlab 中diag() 的用法完全一致。不过有点混乱的是，如果k 是单个值[4]，那么diag(k) 的结果就是k ×k 的方阵！

5.7.2 线性方程和求逆

求解线性方程组是矩阵乘法的逆运算。当下面的命令运行后，

```
> b <- A %*% x
```

如果仅仅给出A 和b，那么x 就是该线性方程组的根。在R 里面，用命令

```
> solve(A,b)
```

求解线性方程组，并且返回x (可能会有一些精度丢失)。注意，在线性代数里面该值表示为$x = A^{-1}b$ ，其中A^{-1}表示A的逆（inverse）。矩阵的逆可以用下面的命令计算，

```
solve(A)
```

不过一般很少用到。在数学上，用直接求逆的办法解x <- solve(A) %*% b相比solve(A,b)不仅低效而且还有一种潜在的不稳定性。

用于多元计算的二次型$x'A^{-1}x$可以通过[5]像x %*% solve(A,x)的方式计算得到，而不是直接计算A 的逆。

[3]注意x %*% x 不很明确，因为它既可表示$x'x$ 又可表示xx'，其中x 是列形式。在这种情况下，小矩阵好像比较符合上面的解释，因此标量$x'x$ 是结果（译者注：这里我也有点困惑，只是字面上翻译了）。矩阵xx' 可以通过cbind(x) %*% x 或者x %*% rbind(x) 计算因为rbind() 或者cbind() 的结果都是矩阵。但是，计算$x'x$ 和xx' 最好的办法是crossprod(x) 或者x %o% x。

[4]译者注：正整数和小数都可以，对于正实数会自动去掉小数部分.

[5]最好的方式当然是用$A = BB'$求解矩阵平方根B 和利用A 的Cholesky 或特征值分解的办法得到$By = x$ 的解的自乘长度（squared length）。译者注：这里我还没有完全弄明白，可以参见原文注解“Even better would be to form a matrix square root B with $A = BB'$ and find the squared length of the solution of $By = x$, perhaps using the Cholesky or eigendecomposition of A.”。

5.7.3 特征值和特征向量

函数eigen(Sm) 用来计算矩阵Sm 的特征值和特征向量。这个函数的返回值是一个含有values 和vectors 两个分量的列表。命令

```
> ev <- eigen(Sm)
```

将把这个列表赋给ev。ev$val 表示Sm 的特征值向量，ev$vec 则是相应特征向量构成的一个矩阵。假定我们仅仅需要特征值，我们可以采用如下的命令：

```
> evals <- eigen(Sm)$values
```

evals 现在拥有特征向量，而第二个分量则被抛弃了。如果以下面的表达式作为一个命令，

```
> eigen(Sm)
```

这两个成分连同它们的名字都会被显示。对于大的矩阵，若无必要，最好不要用下面的表达式计算特征向量

```
> evals <- eigen(Sm, only.values = TRUE)$values
```

5.7.4 奇异值分解和行列式

函数svd(M) 可以把任意一个矩阵M作为一个参数, 且对M 进行奇异值分解。这包括一个和M 列空间一致的正交列U 的矩阵，一个和M 行空间一致的正交列V 的矩阵，以及一个正元素D 的对角矩阵，如M = U %*% D %*% t(V)。D 实际上以对角元素向量的形式返回。svd(M) 的结果是由d, u 和v 构成的一个列表。

如果M 是一个方阵，就不难看出

```
> absdetM <- prod(svd(M)$d)
```

计算M 行列式的绝对值。如果在各种矩阵中都需要这种运算，我们可以把它定义为一个R 函数

```
> absdet <- function(M) prod(svd(M)$d)
```

此后, 我们可以把absdet() 当一个R 函数使用了。作为一个零碎但可能很有用的例子，你应该考虑写一个计算方阵迹（trace）的函数tr() [提示: 你不需要外在的循环, 仔细看一下函数diag()]。

R 有一个计算行列式（包括符号）的内置函数det 和另外一个给出符号和模（对数坐标可选）的函数。

5.7.5 最小二乘法拟合和QR 分解

函数lsfit() 返回最小二乘法拟合（Least squares fitting）的结果列表。赋值可以采用入下命令

```
> ans <- lsfit(X, y)
```

这样就得到最小二乘法拟合结果，其中y 是观测向量，X 是设计矩阵。更细节的东西可以查看帮助文档，同时参考相关的回归诊断（regression diagnostics）函数ls.diag()。注意总的平均值会被自动加入而没有必要显式的加入到X的列中。实际上，你在回归分析中可能已经习惯使用lm(.) (见线性模型<页码：70>部分) 而不是lsfit()。

另外一个密切相关的函数是qr() 及其相关函数。注意下面的赋值情况

```
> Xplus <- qr(X)
> b <- qr.coef(Xplus, y)
> fit <- qr.fitted(Xplus, y)
> res <- qr.resid(Xplus, y)
```

这些将会计算y 在fit 的X 上的正交投影，在res 正交补空间上的投影以及在b 投影上的系数向量。本质上而言，b 和Matlab ‘反斜线’操作符的结果是一致的。

这里没有要求X 有完整的列秩，因此可能出现冗余。如果出现，就会被自动去掉。

这里提到的方法是原始的底层实现的最小二乘法计算。尽管在一些情况下仍然有效，但是它现在已经被统计模型特征分析的办法所替换，这些内容将会在R相关的统计模型<页码：66> 中讨论。

5.8 用cbind() 和rbind() 构建分块矩阵

正如前面所暗示的，可以利用函数cbind() 和rbind() 把向量和矩阵拼成一个新的矩阵。概略地说，cbind() 把矩阵横向合并成一个大矩阵（列方式），而rbind() 是纵向合并（行方式）。

在命令中

```
> X <- cbind(arg_1, arg_2, arg_3, ...)
```

cbind() 的参数要么是任何长度的向量，要么是列长度一致的的矩阵（即行数一样）。结果将是一个合并$arg_1, arg_2, \ldots$ 的列形成的矩阵。

如果cbind() 的参数中有一些比其他矩阵参数的列长度短的向量，它们将会被循环使用以吻合矩阵的列长度(在没有矩阵的情况下，吻合其中最长向量的长度)。

函数rbind() 对行进行类似的操作。其中任何向量参数都会被当作行向量且可能被循环使用。

假定X1 和X2 有一样的行数。下面的命令会把它们的列合并以得到矩阵X，同时要求起始列都是1

```
> X <- cbind(1, X1, X2)
```

rbind() 或者cbind() 返回值常常是矩阵形式。因此，cbind(x) 和rbind(x) 可能是把向量x 分别转换成列或者行矩阵最简单的方法。

5.9 对数组实现连接操作的函数c()

需要注意的是，cbind() 和rbind() 是考虑dim 特性的连接函数，而函数c() 则不考虑这些数值对象的dim 和dimnames 属性。这一点在有些时候非常有用。

将一个数组强制转换成简单向量的标准方法是用函数as.vector()。

```
> vec <- as.vector(X)
```

一个相似效果的办法是采用单参数的c()函数，就像下面：

```
> vec <- c(X)
```

这两种方法有少许不同，到底采用那种方式关键是看对结果向量的格式要求(建议使用前者)。

5.10 因子的频率表

单个因子会把各部分数据分成不同的组。类似的是，一对因子可以实现交叉分组等。 函数table() 可以从等长的不同因子中计算出频率表。如果有k 个因子参数，那么结果将是一个k-维的频率分布数组。

假定statef 是一个设定数据向量元素个体所在州的因子，那么下面的赋值

```
> statefr <- table(statef)
```

将会把一个样本中各种状态的频率分布表赋给statefr。这些频率会被排序且以因子的水平特性标记。等价但有点烦琐实现方式如下

```
> statefr <- tapply(statef, statef, length)
```

进一步假设incomef 是一个按适当定义的“收入阶层”对数据向量元素进行分类的因子。它可以用函数cut() 定义：

```
> factor(cut(incomes, breaks = 35+10*(0:7))) -> incomef
```

然后计算频率的二维表：

```
> table(incomef,statef)
         statef
incomef   act nsw nt qld sa tas vic wa
  (35,45]   1   1  0   1  0   0   1  0
  (45,55]   1   1  1   1  2   0   1  3
  (55,65]   0   3  1   3  2   2   2  1
  (65,75]   0   1  0   0  0   0   1  0
```

同样的方法也可以得到高维的频率分布表。

第六章 列表和数据框

6.1 列表

R 的列表（list）是一个以对象的有序集合构成的对象。列表中包含的对象又称为它的分量（components）。

分量可以是不同的模式或类型，如一个列表可以同时包括数值向量，逻辑向量，矩阵，复向量，字符数组，函数等等。下面的例子演示怎么创建一个列表：

```
> Lst <- list(name="Fred", wife="Mary", no.children=3,
              child.ages=c(4,7,9))
```

分量常常会被编号的（numbered），并且可以利用这种编号来访问分量。如果列表 Lst 有四个分量，这些分量则可以用Lst[[1]], Lst[[2]], Lst[[3]] 和Lst[[4]] 独立访问。如果Lst[[4]] 是一个有下标的数组，那么Lst[[4]][1] 就是该数组的第一个元素。

因为Lst 是一个列表，所以函数length(Lst) 给出的仅仅是分量的数目(最高层次的)。

列表的分量可以被命名，这种情况下可以通过名字访问。此时，可以把字符串形式的分量名字放在列表名后面的双中括号中，或者干脆采用下面的形式

```
> name$component_name
```

达到一样的目的。

这种方法非常有用。使你在忘记分量编号的时候，也可以很容易找到想要的东西。

因此在上面给定的例子中，

Lst$name 和Lst[[1]] 返回结果都是"Fred",

Lst$wife 和Lst[[2]] 返回的则是"Mary",

而Lst$child.ages[1] 和Lst[[4]][1] 返回一样的数字4。

另外你同样可以在双中括号中使用列表分量的名字，即和Lst$name 等价的Lst[["name"]] 。当分量的名字保存在另外一个变量中时，这种方法特别的有用。就如下面的例子所示

```
> x <- "name"; Lst[[x]]
```

这里特别要注意一下Lst[[1]] 和Lst[1] 的差别。[[...]] 是用来选择单个元素的操作符，而[...] 是一个更为一般的下标操作符。因此前者得到的是列表Lst 中的第一个对象, 并且含有分量名字的命名列表（named list）中的分量名字会被排除在外的[1]。后者得到的则是列表*Lst* 中仅仅由第一个元素构成的子列表。如果是命名列表，分量名字会传给子列表的。

分量名字可以简写[2]，原则是只要能很好的区分所有分量就行。因此Lst$coefficients 可以简写为Lst$coe 而Lst$covariance 可以简写成Lst$cov。

名字向量（记录分量名字的向量）可以简单地看作是列表的一个属性，能像其他属性一样操作。除了列表，其他的结构对象也可能会给出一个类似的名字(names)属性。

6.2 构建和修改列表

可以通过函数list() 将已有的对象构建成列表。下面的命令

```
> Lst <- list(name_1=object_1, ..., name_m=object_m)
```

将创建一个含有m 个分量的列表Lst。它的分量分别是*object_1*, ..., *object_m*，分量名则是由参数得到（命名没有特定要求）。如果这些名字被忽略了，那么分量只有被编号了。用于创建列表的分量只是原来对象的一份拷贝，因此原来的对象没有受到任何影响。

和其他所有被下标索引的对象一样，列表是可以扩充分量的。如

```
> Lst[5] <- list(matrix=Mat)
```

6.2.1 列表连接

当连接函数c() 的参数中有列表对象时，结果就是一个列表模式的对象。它的分量是那些当作参数的列表。

```
> list.ABC <- c(list.A, list.B, list.C)
```

[1]译者注: 就是返回的对象不包括原来列表中该对象的名字(分量名字).
[2]译者注：当然这里的简写指的是在原来命名的基础上，采用开头连续的几个字母，不是随便取得。

前面提到过连接函数处理向量对象的情况。这种情况下，这些向量对象将会被合并成一个大的的向量结构。此时，所有的其他特性，如dim 等，都会被忽略。

6.3 数据框

数据框（data frame）是一个属于"data.frame" 类的列表。不过，对于可能属于数据框的列表对象有下面一些限制条件，

- 分量必须是向量(数值, 字符, 逻辑)，因子，数值矩阵，列表或者其他数据框;
- 矩阵，列表和数据框为新的数据框提供了尽可能多的变量，因为它们各自拥有列，元素或者变量;
- 数值向量，逻辑值，因子保持原有格式，而字符向量会被强制转换成因子并且它的水平就是向量中出现的独立值;
- 在数据框中以变量形式出现的向量结构必须*长度一致*，矩阵结构必须有一样的*行数*.

数据框常常会被看作是一个由不同模式和属性的列构成的矩阵。它能以矩阵形式出现，行列可以通过矩阵的索引习惯访问。

6.3.1 创建数据框

可以通过函数data.frame 创建符合上面对列(分量)限制的数据框对象：

```
> accountants <- data.frame(home=statef, loot=incomes, shot=incomef)
```

符合数据框限制的列表可被函数as.data.frame() *强制转换*成数据框。

从外部文件读取一个数据框最简单的方法是使用函数read.table()。这个将在从文件中读取数据<页码：39> 部分详细讨论。

6.3.2 attach() 和detach()

用$ 符号访问对象不是非常的方便，如accountants$statef。一个非常有用的工具将会使列表或者数据框的分量可以通过它们的名字直接调用。而且这种调用是暂时性的，没有必要每次都显式的引用列表名字。

函数attach() 除了可以用目录路径作为参数，也可以使用数据框。假定数据框lentils 有三个变量lentils$u, lentils$v, lentils$w，那么

```
> attach(lentils)
```

将把数据框绑定在搜索路径的位置2（position 2）上[3]。如果位置1没有变量u, v 或w，那么u, v 和w 直接在数据框中访问。因此，下面的命令

```
> u <- v+w
```

实际上没有替换数据框中的变量u，而是被处于搜索路径位置1工作空间中的变量u 所屏蔽[4]。为了真正改变数据框中的数据，最简单的办法还是使用$ 符号：

```
> lentils$u <- v+w
```

但是新的分量u 是不可见的[5]，直到数据框绑定去除和重新绑定。
去除一个数据框的绑定，可以使用

```
> detach()
```

确切地说，该命令去掉了搜索路径中与位置2的绑定。此时，u, v 和w 将不再可见，但可以用lentils$u 类似的命令来查看这些变量。如果实体所处的环境位置值大于2，则可以通过把位置值直接传给detach的办法实现绑定去除，不过，最为安全的办法是直接使用名字指明位置，如detach(lentils) 和detach("lentils")

注意：最新版本的R 里面，列表和数据框只能在位置2 或更高的位置层次绑定。这样就不可以直接对绑定的列表和数据框赋值(因此，在一定程度上它们是静态的)[6]。

6.3.3 使用数据框

下面的习惯可以使你很方便地在一个工作目录下同时处理不同的问题

- 将每个独立的定义明确的问题所包含的变量放在一个数据框中, 并且赋予直观表意的名字;
- 处理问题时，将相应的数据框绑定在位置2上，在第1 层的工作目录中存放操作值和临时变量;
- 问题结束时，用$ 形式的赋值命令把任何你想保留的变量加入数据框中，然后利用函数detach() 将绑定去除;

[3]译者注：R 的搜索路径是一种层状结构，当前搜索位置是1，可以通过函数attach()设置搜索路径的位置2。
[4]译者注:如果位置1中原先没有变量u, 执行命令u <- v + w后, 会自动在位置1中创建变量u.
[5]译者注: u还是可以访问的, 这里指的是u的值没有发生变化, 读者可以自己测试一下.
[6]译者注: 在以后的R版本里面, 可能会改变这个限制的.

- 最后去掉工作目录中所有你不想要的变量，尽可能清空临时变量。

这样，就可以非常方便的在同一个目录下面处理多个含有类似名叫x, y 和z 变量的问题。

6.3.4 绑定任意的列表

attach() 是一个泛型函数。它不仅允许搜索路径绑定目录和数据框，而且还可以绑定其他对象。所以任何其他"list" 模式的对象都可以这样绑定：

```
> attach(any.old.list)
```

任何被绑定的东西都可利用detach 通过位置编号或者名字（最好采用名字）去除绑定。

6.3.5 管理搜索路径

函数search 显示当前的搜索路径。它可以用来跟踪已被绑定或者绑定去除的列表和数据框(以及包)。最开始，它会给出

```
> search()
[1] ".GlobalEnv"   "Autoloads"    "package:base"
```

其中.GlobalEnv 是工作空间[7]。

lentils 被绑定后，我们可以看到

```
> search()
[1] ".GlobalEnv"   "lentils"      "Autoloads"    "package:base"
> ls(2)
[1] "u" "v" "w"
```

ls (或者objects) 可以用来查看搜索路径中任何位置的内容。

最后，我们去除数据框的绑定，并且确证它是否已从搜索路径中去除了。

```
> detach("lentils")
> search()
[1] ".GlobalEnv"   "Autoloads"    "package:base"
```

[7]第二个术语的意义可以参考autoload的帮助文件。

第七章 从文件中读取数据

大的数据对象常常是从外部文件中读入，而不是在R 对话时用键盘输入的。R 的导入工具非常简单但是对导入文件的格式有一些比较严格甚至顽固的限制。R的设计者假定你可以用其他工具（如文件编辑器或者Perl[1]）修改你的输入文件格式以使它们符合R的要求。一般来说，这还是比较简单的。

如果变量主要在数据框中操作，我们强烈建议整个数据框用函数`read.table()`读入。还有其他更为古老的输入函数，如`scan()`[2], 它可以直接接受键盘输入的。

关于R 导入导出数据，可以参考另外一本手册《*R* 数据的导入/导出》[3]。

7.1 `read.table()`函数

为了可以直接读取整个数据框，外部文件常常要求有特定的格式。

- 第一行可以有该数据框各个变量的名字。
- 随后的行中第一个条目是行标签，其他条目是各个变量的值。

在文件中，第一行比第二行少一个条目，这样做是被强制要求的[4]。因此一个被看作数据框读入文件的开头几行应该是下面的形式。

[1]在UNIX环境下，工具Sed 或Awk 也可以考虑。

[2]译者注：虽然有点原始，但可能比read.table()用的还多。键入scan()后，可以直接把Excel或其他格式的数据，直接拷到控制台的

[3]译者注：我正在翻译，现在可以看英文原版的，在R 的官方网站上。

[4]译者注：你可以让第一行和第二行条目数一致。但是R 会把第一行当作数据数据处理而不是你所期望的变量名。可以通过设定`read.table()` 的参数`header=TRUE` 来解决这个问题。

有列名字和行标签的输入文件格式：

```
     Price    Floor     Area   Rooms     Age  Cent.heat
01   52.00    111.0      830     5       6.2      no
02   54.75    128.0      710     5       7.5      no
03   57.50    101.0     1000     5       4.2      no
04   57.50    131.0      690     6       8.8      no
05   59.75     93.0      900     5       1.9     yes
...
```

默认情况下，数值项(除了行标签)以数值变量的形式读入, 而非数值变量则以因子的形式读入，如例子中的Cent.heat 项。在必要时可以改变变量类型。

函数read.table() 可以用来直接读入数据框

```
> HousePrice <- read.table("houses.data")
```

你常常需要忽略掉行标签而直接使用默认的行标签。这种情况下，输入文件就如下面所示的一样省略行标签。

没有行标签的输入文件格式：

```
Price    Floor     Area   Rooms     Age  Cent.heat
52.00    111.0      830     5       6.2      no
54.75    128.0      710     5       7.5      no
57.50    101.0     1000     5       4.2      no
57.50    131.0      690     6       8.8      no
59.75     93.0      900     5       1.9     yes
...
```

这时，数据框可用如下命令读入

```
> HousePrice <- read.table("houses.data", header=TRUE)
```

其中header=TRUE 选项指定第一行是标题行，并且因此省略文件中给定的行标签。

7.2 scan() 函数

假定有三个数据向量，长度一致并且要求并行读入。其中，第一个向量是字符模式，另外两个是数值模式，文件是input.dat。第一步是用scan() 以列表的形式读入这三个向量，如下所示

```
> inp <- scan("input.dat", list("",0,0))
```

第二个参数是一个设定读入向量模式的虚拟列表结构（dummy list structure）。返回的结果inp 是以三个读入向量作为分量的列表。为了把数据条目分成三个独立的向量，可以使用下面的赋值方式

```
> label <- inp[[1]]; x <- inp[[2]]; y <- inp[[3]]
```

更为便利的是，虚拟列表可以设定命名的分量。这种情况下，可以用名字直接访问向量。例如

```
> inp <- scan("input.dat", list(id="", x=0, y=0))
```

如果你想分别访问这些变量，你要么可以提取这些数据框中的分量赋给新的变量：

```
> label <- inp$id; x <- inp$x; y <- inp$y
```

要么把这个列表绑定在搜索路径的位置2中(见绑定任意列表<页码：38>)。

如果第二个参数是一个单一值（虚拟值）而不是列表，那么一个单一向量将会被读入。它的所有元素将会和这个虚拟值的模式一致。

```
> X <- matrix(scan("light.dat", 0), ncol=5, byrow=TRUE)
```

R 里面有许多更为精细的输入工具，在其他一些手册中会有具体介绍。

7.3 访问内置数据

R 提供了大约100个内置的数据集(在包**datasets** 中)，其他的包(包括和R捆绑发布的推荐包) 也提供了一些作为例子的数据集。可以用下面的命令查看当前能访问的数据集列表

```
data()
```

自R 2.0.0版本开始，所有R 提供的数据集可以通过名字直接访问。但是，许多包仍然沿用早期用data 在R 中导入数据的方式，例如

```
data(infert)
```

在标准包中，仍然可以这样使用(就像这个例子一样)。许多情况下，这样会加载一个同名的R 对象。不过，在某些情况下它会加载好几个包，你可以查看在线帮助文档弄清楚可能发生的事情。

7.3.1 从其他R 包里面导入数据

为了访问某个特定包的数据，可以使用参数package，例如

```
data(package="rpart")
data(Puromycin, package="datasets")
```

如果一个包已经被library 绑定，那么它的数据集会被自动地加入到 R 的搜索路径中去。

用户捐献的包含有非常丰富的数据集。

7.4 编辑数据

用edit 调用数据框和矩阵时，R 会产生一个电子表形式的编辑环境。这对在数据集上进行小的修改时非常有用的。它的命令是

```
> xnew <- edit(xold)
```

这样做允许你编辑数据集xold，将修改后的对象保存到xnew 里面。如果你想更改原始的数据集xold，最简单的办法是用fix(xold)。它等价于xold <- edit(xold)。

命令

```
> xnew <- edit(data.frame())
```

允许你以电子表格形式的界面输入新数据。

第八章 概率分布

8.1 R 的统计表

R 给出了详尽的统计表。R 还提供了相关工具来计算累计概率分布函数$P(X \leq x)$，概率密度函数和分位数函数(给定q，符合$P(X \leq x) > q$ 的最小x就是对应的分位数)，和基于概率分布的计算机模拟。

概率分布	R 对应的名字	附加参数
β 分布	beta	shape1, shape2, ncp
二项式分布	binom	size, prob
Cauchy 分布	cauchy	location, scale
卡方分布	chisq	df, ncp
指数分布	exp	rate
F分布	f	df1, df1, ncp
γ 分布	gamma	shape, scale
几何分布	geom	prob
超几何分布	hyper	m, n, k
对数正态分布	lnorm	meanlog, sdlog
logistic 分布	logis	location, scale
负二项式分布	nbinom	size, prob
正态分布	norm	mean, sd
Poisson 分布	pois	lambda
t 分布	t	df, ncp
均匀分布	unif	min, max
Weibull 分布	weibull	shape, scale
Wilcoxon 分布	wilcox	m, n

不同的名字前缀表示不同的含义，d表示概率密度函数，p 表示累积分布函数（cumulative distribution function，CDF），q 表示分位函数以及r 表示随机模

拟(*r*random deviates)或者随机数发生器。d*xxx* 的第一个参数是x，p*xxx*是q，q*xxx* 是p，和r*xxx*的是n (rhyper 和rwilcox例外，二者的参数是nn)。偏态指数（non-centrality parameter）ncp 现在仅用于累积分布函数，大多数概率密度函数和部分其他情况[1]：更细节的内容可以参考在线帮助文档。

p*xxx* 和q*xxx* 函数都有逻辑参数lower.tail 和log.p, d*xxx* 也有一个逻辑参数log。这样就让计算函数的各种累积概率值成为可能。例如可以通过下式直接计算累计("积分的") 风险 （hazard）函数，$H(t) = -\log(1 - F(t))$，

```
- pxxx(t, ..., lower.tail = FALSE, log.p = TRUE)
```

或用来计算更精确的对数似然值(d*xxx*(..., log = TRUE))。

此外还有函数ptukey 和qtukey 计算来自正态分布样本的标准化全距（studentized range）的分布。

这里是一些例子

```
> ## t分布的双侧p值
> 2*pt(-2.43, df = 13)
> ## F(2, 7)分布的上1%分位数
> qf(0.99, 2, 7)
```

8.2 检验一个数据集的分布

我们可以用很多方法分析一个单变量数据集的分布。最简单的办法就是直接看数字。利用函数summary 和fivenum 会得到两个稍稍有点差异的汇总信息。 此外，stem ("茎叶"图)也会反映整个数据集的数字信息。

[1]译者注：原文为"In not quite all cases is the non-centrality parameter ncp are currently available..."

```
> attach(faithful)
> summary(eruptions)
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  1.600   2.163   4.000   3.488   4.454   5.100
> fivenum(eruptions)
[1] 1.6000 2.1585 4.0000 4.4585 5.1000
> stem(eruptions)

  The decimal point is 1 digit(s) to the left of the |

  16 | 070355555588
  18 | 000022233333335577777777888822335777888
  20 | 00002223378800035778
  22 | 0002335578023578
  24 | 00228
  26 | 23
  28 | 080
  30 | 7
  32 | 2337
  34 | 250077
  36 | 0000823577
  38 | 2333335582225577
  40 | 000000335778888800233555577778
  42 | 033355557788002333335555777778
  44 | 022223355577800000000233333577788888
  46 | 0000233357700000023578
  48 | 00000022335800333
  50 | 0370
```

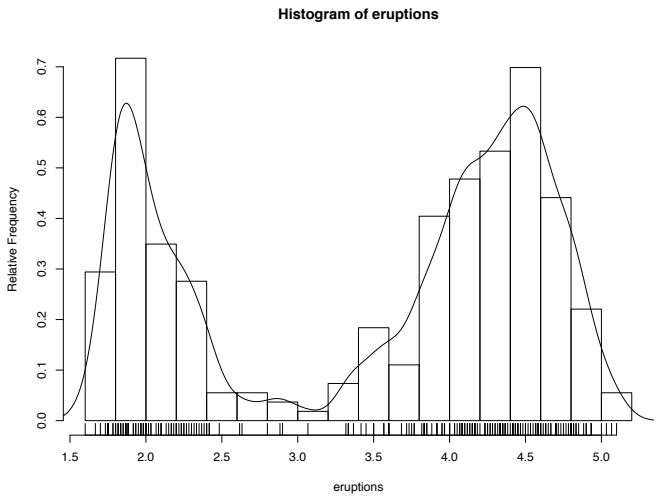
茎叶图和柱状图相似，R 用函数`hist` 绘制柱状图。

```
> hist(eruptions)
> ## 让箱距缩小，绘制密度图
> hist(eruptions, seq(1.6, 5.2, 0.2), prob=TRUE)
> lines(density(eruptions, bw=0.1))
> rug(eruptions) # 显示实际的数据点
```

更为精致的密度图是用函数`density` 绘制的。在这个例子中，我们加了一条由`density` 产生的曲线。你可以用试错法（trial-and-error）选择带宽`bw`（bandwidth）因为默认的带宽值让密度曲线过于平滑（这样做常常会让你得到非常有“意思”的密度分布）。(现在已经有一些自动的带宽挑选方法[2]，在这个例子中`bw = "SJ"`给出的结

[2]译者注：带宽选择对密度曲线的形状影响很大。具体可以参见`?density`和`?bw.nrd`。

果不错。)



我们可以用函数ecdf 绘制一个数据集的经验累积分布（empirical cumulative distribution）函数。

```
> plot(ecdf(eruptions), do.points=FALSE, verticals=TRUE)
```

显然，这个分布和其他标准分布差异很大。那么右边的情况怎么样呢，就是火山爆发3分钟后的状况？我们可以拟合一个正态分布，并且重叠前面得到的经验累积密度分布。

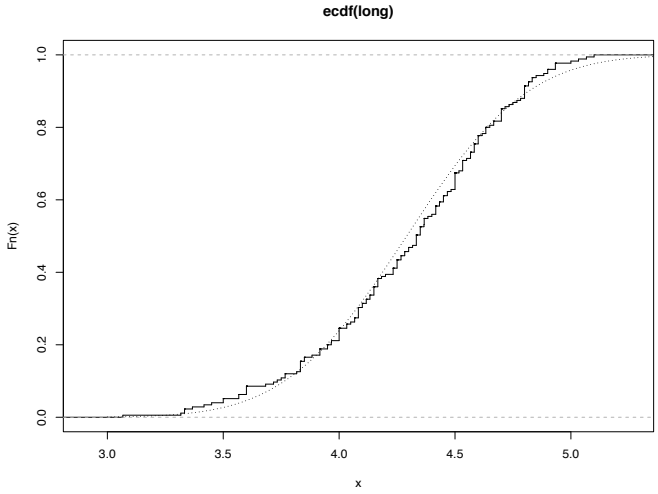
```
> long <- eruptions[eruptions > 3]
> plot(ecdf(long), do.points=FALSE, verticals=TRUE)
> x <- seq(3, 5.4, 0.01)
> lines(x, pnorm(x, mean=mean(long), sd=sqrt(var(long))), lty=3)
```

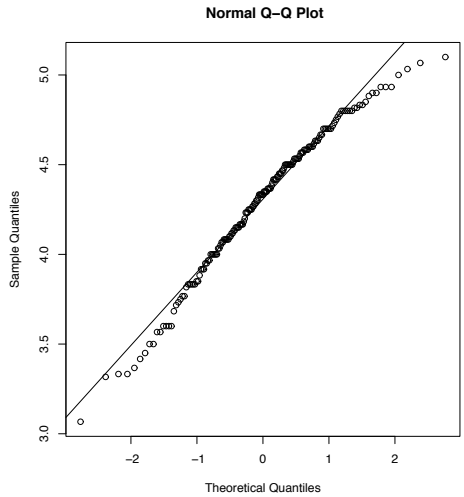
分位比较图（Quantile-quantile (Q-Q) plot）便于我们更细致地研究二者的吻合程度。

```
par(pty="s")        # 设置一个方形的图形区域
qqnorm(long); qqline(long)
```

上述命令得到的QQ图表明二者还是比较吻合的，但右侧尾部偏离期望的正态分布。我们可以用t 分布获得一些模拟数据以重复上面的过程

```
x <- rt(250, df = 5)
qqnorm(x); qqline(x)
```





这里得到的QQ图常常会出现偏离正态期望的长尾区域(如果是随机样本)。我们可以用下面的命令针对特定的分布绘制Q-Q图

```
qqplot(qt(ppoints(250), df = 5), x, xlab = "Q-Q plot for t dsn")
qqline(x)
```

最后，我们可能需要一个比较正规的正态性检验方法。R提供了Shapiro-Wilk 检验

```
> shapiro.test(long)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  long
W = 0.9793, p-value = 0.01052
```

和Kolmogorov-Smirnov 检验

```
> ks.test(long, "pnorm", mean = mean(long), sd = sqrt(var(long)))

        One-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  long
D = 0.0661, p-value = 0.4284
alternative hypothesis: two.sided
```

(注意一般的统计分布理论（distribution theory）在这里可能无效，因为我们用同样的样本对正态分布的参数进行估计的。)

8.3 单样本和双样本检验

到现在为止，我们已经学会了单样本的正态性检验。而更常见的操作是比较两个样本的特征。在R 里面，所有“传统”的检验都放在包**stats** 里面。这个包常常会自动载入。

下面是冰融化过程的潜热（latent heat）(cal/gm) 数据（来自Rice (1995, p.490)）

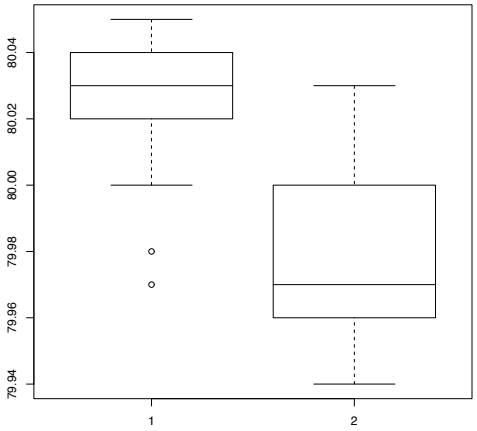
```
Method A: 79.98 80.04 80.02 80.04 80.03 80.03 80.04 79.97
          80.05 80.03 80.02 80.00 80.02
Method B: 80.02 79.94 79.98 79.97 79.97 80.03 79.95 79.97
```

盒状图（boxplot）为这两组数据提供了简单的图形比较。

```
A <- scan()
79.98 80.04 80.02 80.04 80.03 80.03 80.04 79.97
80.05 80.03 80.02 80.00 80.02

B <- scan()
80.02 79.94 79.98 79.97 79.97 80.03 79.95 79.97

boxplot(A, B)
```



从图上可以直观的看出第一组数据相比第二组数据倾向给出较大的值。

为了比较两个样本的均值是否相等，我们可以使用非配对 t-检验

```
> t.test(A, B)

         Welch Two Sample t-test

data:  A and B
t = 3.2499, df = 12.027, p-value = 0.00694
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.01385526 0.07018320
sample estimates:
mean of x mean of y
 80.02077  79.97875
```

上面的结果表明在正态前提下[3]，二者有明显的统计差异。R 函数默认两个样本方差不齐，而SPLUS 类似函数`t.test` 则默认方差齐性。如果两个样本都是来自正态群体，我们可以用F检验来确定方差的齐性情况，

[3]译者注:t-检验有正态性假设的, 所以在进行t-检验前, 原则上需要做一个数据的正态性检验.

```
> var.test(A, B)

        F test to compare two variances

data:  A and B
F = 0.5837, num df = 12, denom df =  7, p-value = 0.3938
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.1251097 2.1052687
sample estimates:
ratio of variances
         0.5837405
```

这表明二者方差在统计学上没有显著差异，我们可以采用传统的假设方差齐性的t-检验。

```
> t.test(A, B, var.equal=TRUE)

        Two Sample t-test

data:  A and B
t = 3.4722, df = 19, p-value = 0.002551
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.01669058 0.06734788
sample estimates:
mean of x mean of y
 80.02077  79.97875
```

所有这些检验都假设了数据的正态性。双样本的Wilcoxon (或者Mann-Whitney)检验没有正态性的前提，仅仅要求在无效假设(null hypothesis)情况下样本来自一个常规的连续分布。

```
> wilcox.test(A, B)

        Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  A and B
W = 89, p-value = 0.007497
alternative hypothesis: true mu is not equal to 0

Warning message:
Cannot compute exact p-value with ties in: wilcox.test(A, B)
```

注意警告信息：在两个样本中都有同秩现象, 这表明这些数据来自离散分布(可能由于数据的近似处理造成)。

有好多种方法可以图形化的显示两个样本的差别。我们已经看过盒状图的比较。下面的命令

```
> plot(ecdf(A), do.points=FALSE, verticals=TRUE, xlim=range(A, B))
> plot(ecdf(B), do.points=FALSE, verticals=TRUE, add=TRUE)
```

同时显示两个样本的经验累计概率分布，而qqplot 得到的是两个样本的Q-Q图。Kolmogorov-Smirnov 检验是对两个经验累计概率分布间的最大垂直距离进行统计的。Kolmogorov-Smirnov 检验只假定数据服从一个常规的连续分布：

```
> ks.test(A, B)

        Two-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  A and B
D = 0.5962, p-value = 0.05919
alternative hypothesis: two.sided

Warning message:
cannot compute correct p-values with ties in: ks.test(A, B)
```

第九章 成组，循环和条件控制

9.1 成组表达式

R 是一种表达式语言（expression language）因为它仅有的命令形式就是返回结果的函数和表达式。赋值操作实际上也是一个表达式结果的再分配，并且可以用在任何表达式中，甚至多重赋值也是允许的。

命令可以用大括弧圈在一起{*expr_1*；...；*expr_m*}。此时，这一组命令的结果是该组中最后一个命令的值。既然一个组依然是一个表达式，它就可能放在括弧中，放在一个更大的表达式中，等等。

9.2 控制语句

9.2.1 条件控制：if语句

R 语言的条件语句形式为

```
> if (expr_1) expr_2 else expr_3
```

其中$expr_1$ 是控制条件并且产生一个唯一的逻辑值，表达式的其他部分则是不言而喻的。

“短路”（short-circuit）操作符&& 和|| 常常用于if 语句的条件控制部分。这里要注意& 和| 将作用于向量的所有元素[1]，而&& 和|| 仅用于长度为1的向量，并且必要时才对第二个参数求值[2]。

R 提供了if/else 条件语句向量形式的函数ifelse。它的使用方式是ifelse(condition, a, b)，最终返回一个和最长的参数向量同长的向量。condition[i] 为真时，该向量对应的元素是a[i]，否则为b[i]。

[1]译者注: 返回的也是一个和最长向量等长的向量.
[2]译者注: “短路”操作符一侧参数值为TRUE或者FALSE决定了另外一侧的参数是否继续求解.

9.2.2 循环控制：for循环，repeat 和while

R 语言有下面形式的for 循环架构

```
> for (name in expr_1) expr_2
```

其中*name* 是循环变量，*expr_1* 是一个向量表达式(常常以1:20这种形式出现)，而*expr_2* 常常是根据虚拟变量*name* 而设计的成组表达式。在*name* 访问*expr_1* 所有可以取到的值时，*expr_2* 都会运行。

下面是个例子。假定ind 是分类指标向量（vector of class indicators），我们将依这种分类指标绘制y 对x的散点图。一种方法时用函数coplot()[3] 产生对应因子各个水平的散点图。另外一种方法就是把所有图在屏幕上同时显示，如下面命令所示：

```
> xc <- split(x, ind)
> yc <- split(y, ind)
> for (i in 1:length(yc)) {
    plot(xc[[i]], yc[[i]]);
    abline(lsfit(xc[[i]], yc[[i]]))
  }
```

(函数split() 通过某个因子把一个大的向量分成一系列小的向量。这是一个非常有用的函数，常常和盒状图一起使用。具体细节可以用help 命令得到。)

> 警告：相比其他程序语言，R 代码里面很少使用for() 形式的循环语句。在 R 里面用‘完整对象’（whole object）形式可能既清晰又高效[4]。

其他循环语句包括

```
> repeat expr
```

和语句

```
> while (condition) expr
```

关键字break可以用于结束任何循环，甚至是非常规的。它是结束repeat 循环的唯一办法。

关键字next 可以用来结束一次特定的循环，然后直接跳入“下一次”循环。

控制语句的应用常常和函数相关。这在下一章编写你自己的函数页码：54中会详细讨论，同时也会引用更多的例子。

[3]将在后面的的内容中讨论，或者用包**lattice** 里面的函数xyplot。

[4]译者注：R 里面显式的循环语句在时间和空间的运行效率上几乎是不能忍受的。但显式的循环常常能避免的，我们可以利用函数对象对成组的元素计算值, 如用sum，mean等统计函数及apply、lapply、sapply、tapply等函数都可以部分代替显式循环。

第一〇章 编写函数

正如前面内容所暗示的一样，R 语言允许用户创建自己的函数（function）对象。R 有一些内部函数可以用在其他的表达式中。通过这个过程，R 在程序的功能性，便利性和优美性上得到了扩展。学写这些有用的函数是一个人轻松地创造性地使用R 的最主要的方式。

需要强调的是，大多数函数都作为R 系统的一部分而提供，如`mean()`, `var()`, `postscript()` 等等。这些函数都是用R 写的，因此在本质上和用户写的没有差别。

一个函数是通过下面的语句形式定义的，

```
> name <- function(arg_1, arg_2, ...)  expression
```

其中*expression* 是一个R 表达式(常常是一个成组表达式)，它利用参数arg_i 计算最终的结果。该表达式的值就是函数的返回值。

可以在任何地方以$name(expr_1, expr_2, \ldots)$ 的形式调用函数。

10.1 一个简单的例子

这是一个简单的例子，它用来计算双样本的t-统计量，并且显示“所有运算步骤”。这是一个人为的例子，当然还有其他更简单的办法得到一样的结果。

函数定义如下：

```
> twosam <- function(y1, y2) {
    n1  <- length(y1); n2  <- length(y2)
    yb1 <- mean(y1);   yb2 <- mean(y2)
    s1  <- var(y1);    s2  <- var(y2)
    s <- ((n1-1)*s1 + (n2-1)*s2)/(n1+n2-2)
    tst <- (yb1 - yb2)/sqrt(s*(1/n1 + 1/n2))
    tst
  }
```

通过这个函数，你可以利用下面的命令实现双样本t-检验：

```
> tstat <- twosam(data$male, data$female); tstat
```

第二个例子是仿效Matlab 里面的反斜杠命令。它是用来返回向量y 正交投影到X列空间上面的系数。(这常常被称为回归系数的最小二乘法估计。) 这可以用函数`qr()`来实现；但是直接使用这个函数有时需要一点技巧。下面提供了一个简单而又安全的函数。

给定一个$n \times 1$ 的向量y 和一个$n \times p$ 的矩阵X，因此$X \backslash y$ 可以定义如下$(X'X)^{-}X'y$, 其中$(X'X)^{-}$ 这就是$X'X$的广义逆矩阵（generalized inverse）。

```
> bslash <- function(X, y) {
  X <- qr(X)
  qr.coef(X, y)
}
```

当这个对象创建后，它可用于这样的命令中：

```
> regcoeff <- bslash(Xmat, yvar)
```

经典的R 函数`lsfit()` 可以很快地完成这个功能和做其他一些相关的事情[1]。它以一种有点有悖直觉的方式依次用函数`qr()` 和`qr.coef()`去完成这部分计算。如果一部分代码常常被使用，我们可以把这部分代码单独列出来成为函数使用。如果是这样考虑，我们可能期望矩阵的二元操作（binary operator）能以一种更为便利的方式进行。

10.2 定义新的二元操作符

假定我们给予函数`bslash()` 一个不同的名字，且以下面的形式给出

```
%anything%
```

那么它将以二元操作符（binary operator）的形式在表达式中使用，而不是函数的形式。例如我们用`!` 作为中间的字符。函数可以如下定义

```
> "%!%" <- function(X, y) { ... }
```

(注意要使用引号)。该函数然后就可以以`X %!% y`的形式使用了。(两个百分号中间的字符最好不要用反斜杠符，因为在某些情况下会引入一些特别的问题。)

矩阵的乘法操作符`%*%` 和外积操作符`%o%` 同样是这种方式定义的二元操作符。

[1] 参见R中的统计模型<页码：66> 中描述的方法

10.3 参数命名和默认值

和产生正则序列<页码：10>中提示的一样，如果被调用函数的参数以 "*name*=*object*" 方式给出，它们可以用任何顺序设置。但是，参数赋值序列可能以未命名的，位置特异性的方式给出，同时也有可能在这些位置特异性的参数后加上命名参数赋值。

因此，如果有下面方式定义的函数fun1

```
> fun1 <- function(data, data.frame, graph, limit) {
    [函数主体部分忽略]
  }
```

那么函数将会被好几种方式调用，如

```
> ans <- fun1(d, df, TRUE, 20)
> ans <- fun1(d, df, graph=TRUE, limit=20)
> ans <- fun1(data=d, limit=20, graph=TRUE, data.frame=df)
```

上面所有的方式是等价的。

许多时候，参数会被设定一些默认值。如果默认值适合你要做的事情，你可以省略这些参数。例如，函数fun1 用下面的方式定义时

```
> fun1 <- function(data, data.frame, graph=TRUE, limit=20) { ... }
```

它可以被如下命令调用

```
> ans <- fun1(d, df)
```

这和前面三种情况等价，而

```
> ans <- fun1(d, df, limit=10)
```

就改变了一个默认值。

特别说明一下，默认值可以是任何表达式，甚至是函数本身所带有其他参数；它们没有要求是常数。我们的例子采用常数只是使问题简单容易说明。

10.4 ... 参数

还有一种常常出现的情况就是要求一个函数的参数设置可以传递给另外一个函数。例如许多图形函数通过调用函数par() 和其他类似plot() 的函数传递图形参数给par() 函数以控制图形输出。(后面的par()函数<页码：90> 章节会给出函数par() 更为详细的内容。)这个可以通过给函数增加一个额外的参数来实现。这个参数字面上就是...，它可以被传递。一个概述性的例子可以如下所示。

```
fun1 <- function(data, data.frame, graph=TRUE, limit=20, ...) {
  [省略一些语句]
  if (graph)
    par(pch="*", ...)
  [省略其他语句]
}
```

10.5 在函数中赋值

注意任何在函数内部的普通赋值都是局部的暂时的，当退出函数时都会丢失。因此函数中的赋值语句`X <- qr(X)` 不会影响调用该函数的程序赋值情况。

如果要彻底理解R 赋值管理的原则，读者需要熟悉解析框架（Evalution frame）的概念。这属于高级内容，不在这里深入讨论。

如果想在一个函数里面全局赋值或者永久赋值，可以采用“强赋值”（superassignment）操作符`<<-` 或者采用函数`assign()`。用`help`命令可以得到更具体的说明。SPLUS 用户需要注意`<<-` 在R 里面有着不同的语义（semantics）。这些会在变量作用范围<页码：60>部分详细讨论。

10.6 更多高级的例子

10.6.1 区组设计中的效率因子

下面是一个有点枯燥但较为完整的例子。它是用来计算一个区组设计中的效率因子(这个问题的一些方面在索引矩阵<页码：24>中已经讨论过了)。

区组设计（block design）需要考虑两个因子`blocks` (`b` 个水平) 和`varieties` (`v` 个水平)。如果R 和K 分别是$v \times v$ 和$b \times b$ 重复（replications）及区组大小（block size）矩阵而N 则是$b \times v$ 的关联矩阵（incidence matrix），那么效率因子就是这个矩阵的特征值，即$E = I_v - R^{-1/2}N'K^{-1}NR^{-1/2} = I_v - A'A$, 其中$A = K^{-1/2}NR^{-1/2}$。写这个函数的一种方式就是

```
> bdeff <- function(blocks, varieties) {
    blocks <- as.factor(blocks)             # minor safety move
    b <- length(levels(blocks))
    varieties <- as.factor(varieties)       # minor safety move
    v <- length(levels(varieties))
    K <- as.vector(table(blocks))           # 去掉 dim 属性
    R <- as.vector(table(varieties))        # 去掉 dim 属性
    N <- table(blocks, varieties)
    A <- 1/sqrt(K) * N * rep(1/sqrt(R), rep(b, v))
    sv <- svd(A)
    list(eff=1 - sv$d^2, blockcv=sv$u, varietycv=sv$v)
}
```

这种情况下，奇异值分解比求解特征值的数值计算效率高。

函数的结果是一个列表。它不仅以第一个分量的形式给出了效率因子，还给出了区组和规范对照信息（block and variety canonical contrasts），因为有些时候这些会给出额外有用的定量信息。

10.6.2 去除打印数组中的名字

为了显示一个大的数组或者矩阵，常常需要需要以一个完整的块的形式显示，同时去掉数组名和编号。简单地去掉`dimnames` 属性是不能达到这个要求的，因为R 环境会把空字符串赋给`dimnames` 属性。为了打印一个矩阵`X`

```
> temp <- X
> dimnames(temp) <- list(rep("", nrow(X)), rep("", ncol(X)))
> temp; rm(temp)
```

这个可以非常容易地通过下面的函数`no.dimnames()` 实现。它是利用一种“卷绕”（wrap around）的方式实现的。这个例子还说明一些非常高效有用的用户函数可以是非常简洁的。

```
no.dimnames <- function(a) {
  ## 为了更紧凑的打印输出，可以去除数组中的维度名字
  d <- list()
  l <- 0
  for(i in dim(a)) {
    d[[l <- l + 1]] <- rep("", i)
  }
  dimnames(a) <- d
  a
}
```

通过这个函数，数组可以用一种紧凑的方式显示

```
> no.dimnames(X)
```

这对大的整数数组非常有用，因为这些数组表现出来的式样（pattern）可能比它们的值更为重要。

10.6.3 递归式的数值积分

函数可以是递归的，可以在函数内部调用自己。但是需要注意的是，这些函数或者变量，不会被更高层次解析框架（evaluation frame）中的函数所继承，除非它们在搜索路径中[2]。

下面的例子显示了一个最简单的一维数值积分方法。被积函数在所积范围的两端和中点的值会被计算。如果单面板梯形法则（one-panel trapezium rule）的结果和双面板(two panel) 的非常相似，那么就以后者结果作为返回值。否则同样的过程会递归用于各个面板。这是一个自适应的积分过程。它会集中各个远离线性曲线区域的被积函数计算值[3]。但是这种方法开销有点过大, 相对其他积分算法，它的优势仅体现在被积函数既平滑又很难求值时。

这个例子同样可以部分的作为一个R 编程的难题给出。

[2]译者注：原文为“that such functions, or indeed variables, are not inherited by called functions in higher evaluation frames as they would be if they were on the search path.”

[3]译者注：原句为：“The result is an adaptive integration process that concentrates funtion evalutions in regions where the integrand is farthest from linear.”

```
area <- function(f, a, b, eps = 1.0e-06, lim = 10) {
  fun1 <- function(f, a, b, fa, fb, a0, eps, lim, fun) {
    ## 函数~‘fun1’仅仅在 ‘区域’中可见
    d <- (a + b)/2
    h <- (b - a)/4
    fd <- f(d)
    a1 <- h * (fa + fd)
    a2 <- h * (fd + fb)
    if(abs(a0 - a1 - a2) < eps || lim == 0)
      return(a1 + a2)
    else {
      return(fun(f, a, d, fa, fd, a1, eps, lim - 1, fun) +
             fun(f, d, b, fd, fb, a2, eps, lim - 1, fun))
    }
  }
  fa <- f(a)
  fb <- f(b)
  a0 <- ((fa + fb) * (b - a))/2
  fun1(f, a, b, fa, fb, a0, eps, lim, fun1)
}
```

10.7 作用域

这一部分的内容相对本文档其他部分的内容更偏向一些技术性的问题。但是它会澄清SPLUS 和R 一些重要的差异。

函数内部的变量可以分为三类：形式参数(formal parameters)，局部变量(local variables)和自由变量(free variables)。形式参数是出现在函数的参数列表中的变量。它们的值由实际的函数参数绑定形式参数的过程决定的。局部变量由函数内部表达式的值决定的。既不是形式参数又不是局部变量的变量是自由变量。自由变量如果被赋值将会变成局部变量。观察下面的函数定义过程,

```
f <- function(x) {
  y <- 2*x
  print(x)
  print(y)
  print(z)
}
```

在这个函数中，x 是形式参数，y 是局部变量，z 是自由变量。

在R 里面，可以利用函数被创建的环境中某个变量的第一次出现解析一个自由变量的绑定。这称为词法作用域（lexical scope）。我们可以定义一个函数cube,

```
cube <- function(n) {
  sq <- function() n*n
  n*sq()
}
```

函数sq 中的变量n 不是函数的参数。因此它是自由变量。一些作用域的原则可以用来确定和它相关的值。在静态作用域(SPLUS)中，这个值指的是一个和全局变量n 相关的值。在词法作用域(R)中，它指的是函数cube 的参数。因为当sq 定义的时候，它会动态绑定参数n。在R 里面解析和在SPLUS 里面解析不同点在于SPLUS 搜索全局变量n 而R 首先寻找函数cube调用时所创建的环境中的变量n。

```
## 首先用 \sm{S} 解析
S> cube(2)
Error in sq(): Object "n" not found
Dumped
S> n <- 3
S> cube(2)
[1] 18
## 同样的函数在 \R{} 中解析}
R> cube(2)
[1] 8
```

词汇作用域会给予函数可变状态（mutable state）。下面的例子演示R 如何模仿一个银行的帐户。真正的银行帐户必须同时有跟踪收支平衡或者总额的变量，提供提款业务，取款业务和显示当前余额的函数。我们可以在account 里面创建三个函数，然后返回一个包含它们的的列表。当调用account 时，它读入一个数值参数total，并且返回一个包含三个函数的列表。因为这些函数时定义在一个有变量total 的环境中，它们可以访问它的值。

<<- 是一个特别的赋值操作符，它用来 更改和total 相关的值。这个操作符会回溯到一个含有标识符total 的密闭环境中。当它找到这个环境，它会用操作符右边的值替换环境中这个变量的值。如果在全局变量或者最高层次的环境中仍然没有找到标识符total，那么该变量就会被创建并且在那里被赋值。大多数用户用<<- 创建全局变量，并且把操作符右边的值赋给它[4]。仅仅当<<- 用于一个函数的输出是另外一个函数的输入时，这里描述的独特行为才会出现。

[4]从某种意义上来说，这样做有点模仿SPLUS 的用法，因为在SPLUS 中，这种操作符就是创建全局变量并且进行赋值操作。

```
open.account <- function(total) {
  list(
    deposit = function(amount) {
      if(amount <= 0)
        stop("Deposits must be positive!\n")
      total <<- total + amount
      cat(amount, "deposited.  Your balance is", total, "\n\n")
    },
    withdraw = function(amount) {
      if(amount > total)
        stop("You don't have that much money!\n")
      total <<- total - amount
      cat(amount, "withdrawn.  Your balance is", total, "\n\n")
    },
    balance = function() {
      cat("Your balance is", total, "\n\n")
    }
  )
}

ross <- open.account(100)
robert <- open.account(200)

ross$withdraw(30)
ross$balance()
robert$balance()

ross$deposit(50)
ross$balance()
ross$withdraw(500)
```

10.8 定制环境

用户可以有好几种办法定制使用环境。可以修改位置初始化文件，并且每个目录都可以有它特有的一个初始化文件。还有就是利用函数.First 和.Last。

位置初始化文件的路径可以通过环境变量R_PROFILE 设置。如果该变量没有设置，默认是R安装目录下面的子目录etc 中的Rprofile.site。这个文件包括你每次执行R时一些自动运行的命令。第二个定制文件是.Rprofile[5]，它可以放在任何目录下面。如果R 在该目录下面被调用，这个文件就会被载入。这个文件允许用户定制它们

[5]在UNIX 系统中，这种文件不可见。

的工作空间，允许在不同的工作目录下设置不同的起始命令。如果在起始目录中没有.Rprofile，R 会在用户主目录[6]下面搜索.Rprofile 文件并且调用它(如果它存在的话)。

在这两个文件或者.RData 中任何叫.First() 的函数都有特定的状态。它会在R对话开始时自动执行并且初始化环境。下面例子中的定义允许将提示符改为$，以及设置其他有用的东西。这些设置同样会在其他会话中起作用。

因此，这些文件的执行顺序是Rprofile.site，.Rprofile，.RData 然后是.First()。后面文件中定义会屏蔽掉前面文件中的定义。

```
> .First <- function() {
  options(prompt="$ ", continue="+\t")  # $ 是提示符
  options(digits=5, length=999)         # 定制数值和输出格式
  x11()                                 # 定制图形环境
  par(pch = "+")                        # 定制数据点的标示符
  source(file.path(Sys.getenv("HOME"), "R", "mystuff.R"))
                                        # 个人编写的函数
  library(MASS)                         # 导入包
}
```

类似的是，如果定义了函数.Last()，它(常常)会在对话结束时执行。一个例子就是

```
> .Last <- function() {
  graphics.off()                        # 一个小的安全措施。
  cat(paste(date(),"\nAdios\n"))        # 该吃午饭了？
}
```

10.9 类，泛型函数和面向对象

一个对象的类决定了它会如何被一个泛型函数[7]处理。相反，一个泛型函数由参数自身类的种类来决定完成特定工作或者事务的。如果参数缺乏任何类属性，或者在该问题中有一个不能被任何泛型函数处理的类，泛型函数会有一种默认的处理方式。

下面的一个例子使这个问题变得清晰。类机制为用户提供了为特定问题设计和编写泛型函数的便利。在众多泛型函数中，plot() 用于图形化显示对象，summary() 用于各种类型的概述分析，以及anova() 用于比较统计模型。

能以特定方式处理类的泛型函数的数目非常庞大。例如，可以在非常时髦的类对象"data.frame" 中使用的函数有

[6]译者注：如 Linux 系统中的 ~/目录。

[7]译者注：R 里面泛形函数和Java里面的接口(interface)行为最像.早期, 我曾考虑用接口这个词来描述这个概念, 但字面而言确实不妥. “泛型函数”的概念借鉴了候捷的翻译术语.

```
[     [[<-    any     as.matrix
[<-   mean    plot    summary
```

可以用函数methods() 得到当前对某个类对象可用的泛型函数列表：

```
> methods(class="data.frame")
```

相反，一个泛型函数可以处理的类同样很多。例如，plot() 有默认的方法和变量处理对象类"data.frame"，"density"，"factor"，等等。一个完整的列表同样可以通过函数methods() 得到：

```
> methods(plot)
```

许多泛形函数的函数主体部分非常的短，如

```
> coef
function (object, ...)
UseMethod("coef")
```

UseMethod 的出现暗示着这是一个泛形函数。为了查看那些方法可以使用，我们可以使用函数methods()

```
> methods(coef)
[1] coef.aov*          coef.Arima*        coef.default*      coef.listof*
[5] coef.nls*          coef.summary.nls*

   Non-visible functions are asterisked
```

这个例子中有六个方法，不过其中任何一个都不能简单地通过键入名字来查看[8]。我们可以通过下面两种方法查看这种方法

[8]译者注：如果简单的键入这些方法名(如coef.aov)，R环境会报出错误信息‘‘Error: object "coef.aov" not found’’.

```
> getAnywhere("coef.aov")
A single object matching 'coef.aov' was found
It was found in the following places
  registered S3 method for coef from namespace stats
  namespace:stats
with value

function (object, ...)
{
    z <- object$coef
    z[!is.na(z)]
}

> getS3method("coef", "aov")
function (object, ...)
{
    z <- object$coef
    z[!is.na(z)]
}
```

读者可以参考文档 R语言定义 以得到关于这种机制更完整的讨论。

第一一章 R中的统计模型

这一部分假定读者已经对统计方法，特别是回归分析和方差分析有一定的了解。后面我们还会假定读者对广义线性模型和非线性模型也有所了解[1]。

R 已经很好地定义了统计模型拟合中的一些前提条件，因此我们能构建出一些通用的方法以用于各种问题。

R 提供了一系列紧密联系的统计模型拟合的工具，使得拟合工作变得简单。正如我们在绪论中提到的一样，基本的屏幕输出是简洁的，因此用户需要调用一些辅助函数来提取细节的结果信息。

11.1 定义统计模型的公式

下面统计模型的模板是一个基于独立的方差齐性数据的线性模型

$$y_i = \sum_{j=0}^{p} \beta_j x_{ij} + e_i, \qquad e_i \sim \text{NID}(0, \sigma^2), \qquad i = 1, \ldots, n$$

用矩阵术语表示，它可以写成

$$y = X\beta + e$$

其中y 是响应向量，X 是模型矩阵（model matrix）或者设计矩阵（design matrix）。X 的列$x_0, x_1, \ldots, x_p$是决定变量（determining variable）。通常，x_0 列都是1，用来定义截距（intercept）项。

例子

在给予正式的定义前，举一些的例子可能更容易了解全貌。

假定`y`, `x`, `x0`, `x1`, `x2`, ... 是数值变量，`X` 是一个矩阵，而`A`, `B`, `C`, ... 是因子。下面的例子中，左边给出公式，右边给出该公式的统计模型的描述。

[1]译者注: 原句为“Later we make some rather more ambitious presumptions, namely that something is known about generalized linear models and nonlinear regression.”

`y ~ x`	
`y ~ 1 + x`	二者都反映了y 对x 的简单线性模型。第一个公式包含了一个隐式的截距项，而第二个则是一个显式的截距项。
`y ~ 0 + x`	
`y ~ -1 + x`	
`y ~ x - 1`	y 对x 过原点的简单线性模型(也就是说，没有截距项)。
`log(y) ~ x1 + x2`	y 的变换形式log(y) 对$x1$ 和$x2$ 进行的多重回归(有一个隐式的截距项)。
`y ~ poly(x,2)`	
`y ~ 1 + x + I(x^2)`	y 对x 的二次多项式回归。第一种是正交多项式（orthogonal polynomial），第二种则显式地注明各项的幂次。
`y ~ X + poly(x,2)`	y 利用模型矩阵X 和二次多项式项x 进行多重回归。
`y ~ A`	y 的单因素方差分析模型，类别由A 决定。
`y ~ A + x`	y 的单因素协方差分析模型，类别由A 决定，协方差项为x。
`y ~ A*B`	
`y ~ A + B + A:B`	
`y ~ B %in% A`	
`y ~ A/B`	y 对A 和B的非可加两因子方差分析模型（two factor non-additive model）。前两个公式表示相同的交叉分类设计（crossed classification），后两个公式表示相同的嵌套分类设计(nested classification)。抽象一点说，这四个公式指明同一个模型子空间。
`y ~ (A + B + C)^2`	
`y ~ A*B*C - A:B:C`	三因子实验。该模型包括一个主效应（main effects）和两个因子的交互效应（interactions）。这两个公式等价。
`y ~ A * x`	
`y ~ A/x`	
`y ~ A/(1 + x) - 1`	在A的各个水平独立拟合y 对x 的简单线性回归。三个公式的编码不一样。最后一个公式会对A 各个水平分别估计截距项和斜率项的[2]。

[2]译者注：原句为“Separate simple linear regression models of y on x within the levels of A, with different codings. The last form produces explicit estimates of as many different intercepts and slopes as there are levels in A.”

`y ~ A*B + Error(C)` 一个实验设计有两个处理因素A 和B以及因子C 决定的误差分层（error strata）。如在裂区实验设计（split plot experiment）中，所有区组（还包括子区组）都由因子 C 决定的。

操作符 ~ 用来定义 R 的模型公式（model formula）。一个普通的线性模型公式可以表示为

response ~ op_1 term_1 op_2 term_2 op_3 term_3 ...

其中

response 是一个作为响应变量的向量或者矩阵，或者是一个值为向量/矩阵的表达式。

op_i 是一个操作符。它要么是+ 要么是-，分别表示在一个模型中加入或者去掉某一项(公式第一项的操作符可选[3]）。

term_i 可以

- 是一个向量，矩阵表达式或者1，
- 因子，
- 是一个由因子，向量或矩阵通过公式操作符 连接产生的公式表达式（formula expression）。

基本上，公式中的项决定了模型矩阵中的列要么被加入要么被去除。1 表示截距项，并且默认就已加入模型矩阵，除非显式地去除这一选项。

公式操作符（formula operators）在效果上和用于程序Glim 和Genstat 中的Wilkinson & Rogers 标记符(notation) 相似。一个不可避免的改变是操作符 . 在 R 里面变成了:，因为点号在R 里面是合法的命名字符。

这些符号总结如下(参考Chambers & Hastie, 1992, p.29):

Y ~ M	*Y* 由模型*M*解释。
M_1 + M_2	同时包括*M_1* 和*M_2*项。
M_1 - M_2	包括*M_1* 但排除*M_2*项。
M_1 : M_2	*M_1* 和*M_2* 的张量积（tensor product）。如果两项都是因子，那么将产生“子类”因子(subclasses factor)[4]。

[3]译者注: 即可以省略.
[4]译者注：因子交互作用项

M_1 %in% *M_2*	和*M_1*:*M_2* 类似，但编码方式不一样。
M_1 * *M_2*	*M_1* + *M_2* + *M_1*:*M_2*.
M_1 / *M_2*	*M_1* + *M_2* %in% M_1.
M^*n*	*M* 的所有各项以及所有到*n*阶为止的“交互作用”项[5]
I(*M*)	隔离*M*。*M*内所有操作符当一般的运算符处理。并且该项出现在模型矩阵中。

注意，在常常用来封装函数参数的括弧中的操作符按普通的四则运算法则解释。I() 是一个恒等函数（identity function），它使得常规的算术运算符可以用在模型公式中。

还要特别注意模型公式仅仅指定了模型矩阵的列项，暗含了对参数项的指定。在某些情况下可能不是这样，如非线性模型的参数指定。

11.1.1 对照

我们至少要知道模型公式是如何指定模型矩阵的列项的。对于连续变量这是比较简单的，因为每一个变量对应于模型矩阵的一个列(如果模型中包含截距，会在矩阵中列出值都是1的一列)。

对于一个k-水平的因子A 该如何处理呢？无序和有序因子给出的结论是不一样的。对于无序因子，因子第2，...，第k 不同水平的指标产生$k-1$ 列。(因此隐含的参数设置就是把其他水平和第一个水平的响应程度进行比较)。对于有序因子，$k-1$ 列是在$1,\ldots,k$ 上的正交项（orthogonal polynomial），并且忽略常数项。

尽管这里的回答有点复杂，但这不是事情的全部。首先在含有一个因子项的模型中忽略截距项，这一项将会被编入指示所有因子水平的k 列中[6]。其次整个行为可以通过options 设置参数contrasts 而改变。R 的默认设置为

```
options(contrasts = c("contr.treatment", "contr.poly"))
```

提这些内容的主要原因是R 和 S 对无序因子采用不同的默认值。 S采用Helmert 对照。因此，当你需要比较你的结果和某本书上或论文上用SPLUS 代码的结果时，你必须设置

```
options(contrasts = c("contr.helmert", "contr.poly"))
```

这是一个经过认真考虑的改变。因为处理对照（treatment contrast）(R默认) 对于新手是比较容易理解的。

[5]译者注: 原文为：“All terms in M together with “interactions” up to order n”

[6]译者注：原句为“First, if the intercept is omitted in a model that contains a factor term, the first such term is encoded into k columns giving the indicators for all the levels.”

这还没有结束，因为在各个模型的各个项中对照方式可以用函数contrasts 和C重新设置。

我们还没有考虑交互作用项：这些交互作用项将会产生各分量项的乘积[7]。

尽管细节是复杂的，R 里面的模型公式在要求不是太离谱的情况下可以产生统计专家所期望的各种模型。提供模型公式的各种扩展特性是让R更灵活。例如，利用关联项而非主要效应的模型拟合常常会产生令人惊讶的结果，不过这些仅仅为统计专家们设计的。

11.2 线性模型

对于常规的多重模型（multiple model）拟合，最基本的函数是lm()。下面是调用它的方式的一种改进版：

```
> fitted.model <- lm(formula, data = data.frame)
```

例如

```
> fm2 <- lm(y ~ x1 + x2, data = production)
```

将会拟合y 对$x1$ 和$x2$ 的多重回归模型(和一个隐式的截距项)。

一个重要的(技术上可选)参数是data = production。它指定任何构建这个模型的变量首先必须来自数据框 production。这里不需要考虑数据框*production* 是否被绑定在搜索路径中。

11.3 提取模型信息的泛型函数

lm() 的返回值是一个模型拟合结果对象；技术上就是属于类"lm" 的一个结果列表。关于拟合模型的信息可以用适合对象类"lm" 的泛型函数显示，提取，图示等等。这包括

```
add1    coef       effects   kappa   predict  residuals
alias   deviance   family    labels  print    step
anova   drop1      formula   plot    proj     summary
```

其中一些常用的泛型函数可以简洁描述如下。

[7]译者注：原文为“ We have not yet considered interaction terms: these generate the products of the columns introduced for their component terms.”

`anova(`*object_1*`,` *object_2*`)`	比较一个子模型和外部模型，并且产生方差分析表。
`coef(`*object*`)`	提取回归系数(矩阵)。 全称：`coefficients(`*object*`)`.
`deviance(`*object*`)`	残差平方和，若有权重可加权。
`formula(`*object*`)`	提取模型公式信息。
`plot(`*object*`)`	产生四个图，显式残差，拟合值和一些诊断图[8]。
`predict(`*object*`,` `newdata=`*data.frame*`)`	提供的数据框必须有同原始变量一样标签的变量。结果是对应于*data.frame*中决定变量预测值的向量或矩阵。
`predict.gam(`*object*`,` `newdata=`*data.frame*`)`	`predict.gam()` 是安全模式的`predict()`。它可以用于`lm`, `glm`和`gam` 拟合对象。在正交多项式作为原始的基本函数并且增加新数据意味着必须使用不同的原始基本函数。
print(*object*)	简要打印一个对象的内容。常常隐式使用[9]。
`residuals(`*object*`)`	提取残差(矩阵)，有权重时可加权， 省略方式：`resid(`*object*`)`。
`step(`*object*`)`	通过增加或者减少模型中的项并且保留层次来选择合适的模型。在逐步搜索过程中，AIC (Akaike信息规范)值最大的模型将会被返回。
`summary(`*object*`)`	显示较详细的模型拟合结果。

[8]译者注：主要用于评估模型拟合情况的残差图。
[9]译者注：一般不用print()，直接键入对象名也可以用来显示。

11.4 方差分析和模型比较

模型拟合函数`aov(formula, data=`*data.frame*`)`和函数`lm()`非常的相似，在泛型函数提取模型信息<页码：70>部分列出的泛型函数同样适用。

需要注意的是`aov()`还允许分析多误差层次（multiple error strata）的模型，如裂区实验设计（split plot experiments），利用区组内信息进行的平衡不完全区组设计（balanced incomplete block design）等。模型公式

response *mean.formula* `+ Error(`*strata.formula*`)`

指定了一个多层次实验设计，误差层由*strata.formula*定义。最简单的情况是，*strata.formula*是单因素的。它定义了一个双层次的实验，也就是研究在这些因子的水平内或者水平间的实验响应。

例如，已知所有的决定变量因子，模型公式可以设计如下：

```
> fm <- aov(yield ~ v + n*p*k + Error(farms/blocks), data=farm.data)
```

这常常用来描述一个同时含有均值模型`v + n*p*k`和三个误差层次（“农田之间”，“农田内但在区组之间”和“区组内”）的实验。

11.4.1 方差分析表

方差表的分析实际上是为拟合模型序列(sequence)进行的[10]。在模型序列的特定地方增加特定的项 会使残差平方和降低。因此仅仅在正交实验中，模型中增加项的次序是没有影响的[11]。

在多层实验设计(multistratum experiments)中，程序首先把响应值依次投射到各个误差层次上，并且用均值模型去拟合各个投射。细节内容可以参考Chambers & Hastie (1992)。

除了使用常规的方差分析表（ANOVA table），你还可以直接用函数`anova()`来比较两个模型。这种方法更为灵活。

`> anova(`*fitted.model.1*`,` *fitted.model.2*`, ...)`

结果将是一个方差分析表以显示依次加入的拟合模型的差异。需要比较的拟合模型常常是等级序列（hierarchical sequence）。这个和默认的设置实际上没有差别，只是使它更容易理解和控制。

[10]译者注：原句为“ Note also that the analysis of variance table (or tables) are for a sequence of fitted models.”

[11]译者注: 原句为“Hence only for orthogonal experiments will the order of inclusion be inconsequential.”

11.5 更新拟合模型

函数update() 是一个非常便利的函数。它允许拟合一个比原先模型增加或减少一个项的模型。它的形式是

```
> new.model <- update(old.model, new.formula)
```

在*new.formula* 中，公式中包含的句点，.， 仅仅表示“旧的公式模型中的对应部分”。例如

```
> fm05 <- lm(y ~ x1 + x2 + x3 + x4 + x5, data = production)
> fm6  <- update(fm05, . ~ . + x6)
> smf6 <- update(fm6, sqrt(.) ~ .)
```

这将分别拟合从数据框production 中得到的五个变量的多重回归模型，拟合额外增加一个变量的六个回归量的模型，和进一步对响应值进行平方根变换后的模型拟合。

注意参数data= 在最开始调用模型拟合函数的时候指定。这个信息将会通过拟合模型对象传递给函数update() 及其相关者。

符号. 同样可以用在其他情况下，不过含义有点不同。如

```
> fmfull <- lm(y ~ . , data = production)
```

它将会拟合响应量y 对数据框*production* 中所有变量回归的模型。

其他研究逐步回归的函数是add1(), drop1() 和step()。 从字面上就可以看出这些函数的意义，更细节的内容可以参考在线帮助文档。

11.6 广义线性模型

广义线性建模是线性建模的一种发展，它通过一种简洁而又直接的方式使得线性模型既适合非正态分布的响应值又可以进行线性变换[12]。广义线性模型是基于下面一系列假设前提的：

- 有一个有意思的响应变量y和一系列刺激变量（stimulus variable）$x_1, x_2, \ldots$。这些刺激变量决定响应变量的最终分布。

[12]译者注：原为为：“Generalized linear modeling is a development of linear models to accommodate both non-normal response distributions and transformations to linearity in a clean and straightforward way.”

- 刺激变量仅仅通过一个线性函数影响响应值y 的分布。该线性函数称为线性预测器（linear predictor），常常写成

$$\eta = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \cdots + \beta_p x_p,$$

因此x_i 当且仅当$\beta_i = 0$ 时对y的分布没有影响。

- y 分布的形式为

$$f_Y(y; \mu, \varphi) = \exp\left[\frac{A}{\varphi}\left\{y\lambda(\mu) - \gamma\left(\lambda(\mu)\right)\right\} + \tau(y, \varphi)\right]$$

其中φ 是尺度参数（scale parameter）(可能已知)，对所有观测恒定，A 是一个先验的权重，假定知道但可能随观测不同有所不同，μ 是y 的均值。也就是说假定y 的分布是由均值和一个可能的尺度参数决定的。

- 均值μ 是线性预测器的平滑可逆函数（smooth invertible function）：

$$\mu = m(\eta), \qquad \eta = m^{-1}(\mu) = \ell(\mu)$$

其中的反函数(inverse function) $\ell()$ 被称为关联函数（link function）。

这些假定比较宽松，足以包括统计实践中大多数有用的统计模型，同时也足够严谨，使得可以发展参数估计和统计推论(estimation and inference)中一致的方法（至少可以近似一致）。读者如果想了解这方面最新的进展，可以参考McCullagh & Nelder (1989) 或者Dobson (1990)。

11.6.1 族

R 提供了一系列广义线性建模工具，从类型上来说包括高斯(gaussian), 二项式, 泊松(poisson), 逆高斯(inverse gaussian) 和伽马(gamma) 模型的响应变量分布以及响应变量分布无须明确给定的拟似然（quasi-likelihood）模型。在后者，方差函数（variance function）可以由均值的函数指定，但在其它情况下，该函数可以由响应变量的分布得到。

每一种响应分布允许各种关联函数将均值和线性预测器关联起来。这些自动可用的关联函数如下表所示：

族名字	关联函数
`binomial`	`logit`, `probit`, `log`, `cloglog`
`gaussian`	`identity`, `log`, `inverse`

Gamma	identity, inverse, log
inverse.aussian	1/mu^2, identity, inverse, log
poisson	identity, log, sqrt
quasi	logit, probit, cloglog, identity, inverse, log, 1/mu^2, sqrt

这些用于模型构建过程中的响应分布，关联函数和各种其他必要的信息统称为广义线性模型的族（family）。

11.6.2 glm()函数

既然响应的分布仅仅通过单一的一个线性函数依赖于刺激变量，那么用于线性模型的机制同样可以用于指定一个广义模型的线性部分。但是族必须以一种不同的方式指定。

R 用于广义线性回归的函数是glm()，它的使用形式为

```
> fitted.model <- glm(formula, family=family.generator, data=data.frame)
```

和lm() 相比，唯一的一个新特性就是描述族的参数*family.generator*。它其实是一个函数的名字，这个函数将产生一个函数和表达式列表用于定义和控制模型的构建与估计过程[13]。尽管这些内容开始看起来有点复杂，但它们非常容易使用。

这些名字是标准的。程序给定的族生成器可以参见族<页码：74> 部分表格中的“族名”。当选择一个关联函数时，该关联函数名和族名可以同时在括弧里面作为参数设定。在拟（quasi）家族里面，方差函数也是以这种方式设定。

一些例子可能会使这个过程更清楚。

gaussian族

命令

```
> fm <- glm(y ~ x1 + x2, family = gaussian, data = sales)
```

和下面的命令结果一致

```
> fm <- lm(y ~ x1+x2, data=sales)
```

但是效率上，前者差一点。注意，高斯族没有自动提供关联函数设定的选项，因此不允许设置参数。如一个问题需要用非标准关联函数的高斯族，那么只能采用我们后面讨论的拟族。

[13]译者注：原文为: “The only new feature is the *family.generator*, which is the instrument by which the family is described. It is the name of a function that generates a list of functions and expressions that together define and control the model and estimation process.”

二项式族

考虑Silvey (1970) 提供的一个人造的小例子。

在Kalythos 的Aegean 岛上，男性居民常常患有一种先天的眼科疾病，并且随着年龄的增长而变的愈明显。现在搜集了各种年龄段岛上男性居民的样本，同时记录了盲眼的数目。数据展示如下：

Age:	20	35	45	55	70
No.: tested:	50	50	50	50	50
No.: blind:	6	17	26	37	44

我们想知道的是这些数据是否吻合logistic 和probit 模型，并且分别估计各个模型的LD50，也就是一个男性居民盲眼的概率为50%时候的年龄。

如果y 和n 分别是年龄为x 时的盲眼数目和检测样本数目，两种模型的形式都为

$$y \sim \mathrm{B}(n, F(\beta_0 + \beta_1 x))$$

其中在probit 模型中，$F(z) = \Phi(z)$ 是标准的正态分布函数，而在logit 模型(默认)中，$F(z) = e^z/(1 + e^z)$。这两种模型中，

$$\mathrm{LD50} = -\beta_0/\beta_1$$

，即分布函数的参数为0时所在的点。

第一步是把数据转换成数据框,

```
> kalythos <- data.frame(x = c(20,35,45,55,70), n = rep(50,5),
                         y = c(6,17,26,37,44))
```

在`glm()` 拟合二项式模型时，响应变量有三种可能性：

- 如果响应变量是向量，则假定操作二元（binary）数据，因此要求是0/1向量。
- 如果响应变量是双列矩阵，则假定第一列为试验成功的次数第二列为试验失败的次数。
- 如果响应变量是因子，则第一水平作为失败(0) 考虑而其他的作为‘成功’(1) 考虑。

这里，我们采用的是第二种惯例。我们在数据框中增加了一个矩阵：

```
> kalythos$Ymat <- cbind(kalythos$y, kalythos$n - kalythos$y)
```

为了拟合这些模型，我们采用

```
> fmp <- glm(Ymat ~ x, family = binomial(link=probit), data = kalythos)
> fml <- glm(Ymat ~ x, family = binomial, data = kalythos)
```

既然logit 的关联函数是默认的，因此我们可以在第二条命令中省略该参数。为了查看拟合结果，我们使用

```
> summary(fmp)
> summary(fml)
```

两种模型都拟合的很好。为了计算LD50，我们可以利用一个简单的函数：

```
> ld50 <- function(b) -b[1]/b[2]
> ldp <- ld50(coef(fmp)); ldl <- ld50(coef(fml)); c(ldp, ldl)
```

从这些数据中得到的年龄分别是43.663年和43.601年。

Poisson 模型

Poisson 族默认的关联函数是`log`。在实际操作中，这一族常常用于拟合计数资料的Poisson 对数线性模型。这些计数资料的实际分布往往符合二项式分布。这是一个非常重要而又庞大的话题，我们不想在这里深入展开。它甚至是非-高斯广义模型内容的主要部分。

有时候，实践中产生的Poisson 数据在对数或者平方根转化后可当作正态数据处理。作为后者的另一种选择是，一个Poisson 广义线性模型可以通过下面的方式拟合：

```
> fmod <- glm(y ~ A + B + x, family = poisson(link=sqrt),
              data = worm.counts)
```

拟似然模型

对于所有的族，响应变量的方差依赖于均值并且拥有作为乘数（multiplier）的尺度参数。方差对均值的依赖方式是响应分布的一个特性；例如对于poisson分布$\mathrm{Var}[y] = \mu$。

对于拟似然估计和推断，我们不是设定精确的响应分布而是设定关联函数和方差函数的形式，因为关联函数和方差函数都依赖于均值。既然拟似然估计和gaussian 分布使用的技术非常相似，因此这一族顺带提供了一种用非标准关联函数或者方差函数拟合gaussian模型的方法。

例如，考虑非线性回归的拟合

$$y = \frac{\theta_1 z_1}{z_2 - \theta_2} + e$$

同样还可以写成

$$y = \frac{1}{\beta_1 x_1 + \beta_2 x_2} + e$$

其中$x_1 = z_2/z_1$, $x_2 = -1/x_1$, $\beta_1 = 1/\theta_1$ and $\beta_2 = \theta_2/\theta_1$。假如有适合的数据框，我们可以如下进行非线性拟合

```
> nlfit <- glm(y ~ x1 + x2 - 1,
               family = quasi(link=inverse, variance=constant),
               data = biochem)
```

如果需要的话，读者可以从其他手册或者帮助文档中得到更多的信息。

11.7 非线性最小二乘法和最大似然法模型

特定形式的非线性模型可以通过广义线性模型(`glm()`) 拟合。但是许多时候，我们必须把非线性拟合的问题作为一个非线性优化的问题解决。R的非线性优化程序是`optim()`，`nlm()` 和`nlminb()`（自R2.2.0开始）。 二者分别替换SPLUS 的`ms()`和`nlminb()`但功能更强。我们通过搜寻参数值使得缺乏度（lack-of-fit）指标最低，如`nlm()` 就是通过循环调试各种参数值得到最优值。和线性回归不同，程序不一定会收敛到一个稳定值。`nlm()` 需要设定参数搜索的初始值，而参数估计是否收敛在很大程度上依赖于初始值设置的质量[14]。

11.7.1 最小二乘法

拟合非线性模型的一种办法就是使误差平方和（SSE）或残差平方和最小。如果观测到的误差极似正态分布，这种方法是非常有效的。

下面是例子来自Bates & Watts (1988)，51页。具体数据是：

```
> x <- c(0.02, 0.02, 0.06, 0.06, 0.11, 0.11, 0.22, 0.22, 0.56, 0.56,
         1.10, 1.10)
> y <- c(76, 47, 97, 107, 123, 139, 159, 152, 191, 201, 207, 200)
```

被拟合的模型是：

```
> fn <- function(p) sum((y - (p[1] * x)/(p[2] + x))^2)
```

[14]译者注: 可以用一些经验的方法判断初始的参数设定。

为了进行拟合，我们需要估计参数初始值。一种寻找合理初始值的办法把数据图形化，然后估计一些参数值，并且利用这些值初步添加模型曲线。

```
> plot(x, y)
> xfit <- seq(.02, 1.1, .05)
> yfit <- 200 * xfit/(0.1 + xfit)
> lines(spline(xfit, yfit))
```

当然，我们可以做的更好，但是初始值200 和0.1 应该足够了。现在做拟合：

```
> out <- nlm(fn, p = c(200, 0.1), hessian = TRUE)
```

拟合后，`out$minimum` 是误差的平方和（SSE），`out$estimate` 是参数的最小二乘估计值。为了得到参数估计过程中近似的标准误(SE)，我们可以：

```
> sqrt(diag(2*out$minimum/(length(y) - 2) * solve(out$hessian)))
```

上述命令中的2表示参数的个数。一个95% 的信度区间可以通过± 1.96 SE 计算得到。我们可以把这个最小二乘拟合曲线画在一个新的图上：

```
> plot(x, y)
> xfit <- seq(.02, 1.1, .05)
> yfit <- 212.68384222 * xfit/(0.06412146 + xfit)
> lines(spline(xfit, yfit))
```

标准包**stats** 提供了许多用最小二乘法拟合非线性模型的扩充工具。我们刚刚拟合过的模型是Michaelis-Menten 模型，因此可以利用下面的命令得到类似的结论。

```
> df <- data.frame(x=x, y=y)
> fit <- nls(y ~ SSmicmen(x, Vm, K), df)
> fit
Nonlinear regression model
  model:  y ~ SSmicmen(x, Vm, K)
   data:  df
         Vm             K
212.68370711   0.06412123
 residual sum-of-squares:  1195.449
> summary(fit)

Formula: y ~ SSmicmen(x, Vm, K)

Parameters:
    Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
Vm 2.127e+02  6.947e+00  30.615 3.24e-11
K  6.412e-02  8.281e-03   7.743 1.57e-05

Residual standard error: 10.93 on 10 degrees of freedom

Correlation of Parameter Estimates:
      Vm
K 0.7651
```

11.7.2 最大似然法

最大似然法（Maximum likelihood）也是一种非线性拟合方法。它甚至可以用在误差非正态的数据中。这种方法估计的参数将会使得对数似然值最大或者负的对数似然值最小。下面的例子来自Dobson (1990), pp. : 108–111。这个例子对剂量－响应数据拟合logistic模型（当然也可以用`glm()` 拟合）。数据是：

```
> x <- c(1.6907, 1.7242, 1.7552, 1.7842, 1.8113,
         1.8369, 1.8610, 1.8839)
> y <- c( 6, 13, 18, 28, 52, 53, 61, 60)
> n <- c(59, 60, 62, 56, 63, 59, 62, 60)
```

要使负对数似然值最小，则：

```
> fn <- function(p)
   sum( - (y*(p[1]+p[2]*x) - n*log(1+exp(p[1]+p[2]*x))
           + log(choose(n, y)) ))
```

我们选择一个适当的初始值，开始拟合：

```
> out <- nlm(fn, p = c(-50,20), hessian = TRUE)
```

拟合后，out$minimum 就是负对数似然值，out$estimate 就是最大似然拟合的参数值。为了得到拟合过程近似的标准误，我们可以：

```
> sqrt(diag(solve(out$hessian)))
```

参数估计的95% 信度期间可由估计值 ± 1.96 SE 计算得到。

11.8 一些非标准模型

在结束本章前，我们简单提一下R 里面某些用于某些特殊回归和数据分析问题的工具。

- *混合模型*（*Mixed models*）。用户捐献包**nlme** 里面提供了函数lme() 和nlme()。这些函数可以用于混合效应模型（mixed-effects models）的线性和非线性回归。也就是说在线性和非线性回归中，一些系数受随机因素的影响。这些函数需要充分利用公式来描述模型。

- *局部近似回归(Local approximating regressions)*。函数loess() 利用局部加权回归进行一个非参数回归。这种回归对显示一组凌乱数据的趋势和描述大数据集的整体情况非常有用。

  函数loess 和投影跟踪回归（projection pursuit regression）的代码一起放在标准包**stats** 中。

- *稳健回归(Robust regression)*。有多个函数可以用于拟合回归模型，同时尽量不受数据中极端值的影响。在推荐包**MASS** 中的函数lqs 为高稳健性的拟合提供了最新的算法。另外，稳健性较低但统计学上高效的方法同样可以在包**MASS** 中得到，如函数rlm。

- *累加模型(Additive models)*。这种技术期望可以通过决定变量的平滑累加函数（smooth additive function）构建回归函数。一般来说，每个决定变量都有一个平滑累加函数。用户捐献的包**acepack** 里面的函数avas 和ace 以及包**mda** 里面的函数bruto 和mars 为这种技术提供了一些例子。这种技术的一个扩充是用户捐献包**gam** 和**mgcv** 里面实现的广义累加模型。

- *树型模型(Tree-based models)*。除了利用外在的全局线性模型预测和解释数据，还可以利用树型模型递归地在决定性变量的判断点上将数据的分叉分开。这样

做会把数据最终分成几个不同组，使得组内尽可能相似而组间尽可能差异。这样常常会得到一些其他数据分析方法不能产生的的信息。

模型可以用一般的线性模型形式指定。该模型拟合函数是`tree()`， 而且许多泛型函数，如`plot()` 和`text()` 都可以很好的用于树型模型拟合结果的图形显示。

R 里面的树型模型函数可以通过用户捐献的包**rpart** 和**tree** 得到。

第一二章 图形工具

图形工具是R 环境里面一个非常重要和多用途的组成部分。我们可以用这些图形工具显示各种各样的统计图并且创建一些全新的图。

图形工具既可交互式使用，也可以批处理使用。在许多情况下，交互式使用是最有效的。打开R 时，它会启动一个图形*设备驱动*（device driver）。该驱动会打开特定的*图形窗口*（graphics window）以显示交互式的图片。尽管这些都是自动实现的，了解用于UNIX 系统的`X11()` 命令和Windows 系统的`windows()` 命令是非常有用的。

一旦设备驱动启动，R 绘图命令可以用来产生统计图或者设计全新的图形显示。

绘图命令可以分成了三个基本的类：

- *高级*绘图命令在图形设备上产生一个新的图区，它可能包括坐标轴，标签，标题等等。
- *低级*画图命令会在一个已经存在的图上加上更多的图形元素，如额外的点，线和标签。
- *交互式*图形命令允许你交互式地用定点设备（如鼠标）在一个已经存在的图上添加图形信息或者提取图形信息。

此外，R 有一*系列图形参数*。这些图形参数可以被修改从而定制你的图形环境。

这本手册仅仅描述了'基本'图形绘制命令。在包**grid** 里面有一个独立的图形子系统与基本图形包同时存在。它的功能非常的强大当然也比较难用。有一个基于**grid** 的推荐包**lattice** 提供了产生类似 S 里面*Trellis* 系统中的多重面板图（multi-panel plot）的工具。

12.1 高级绘图命令

高级图形显示函数是用来产生输入数据的完整图片。其中适当的坐标轴，标签和标题会自动产生(除非你有其他要求)。高级图形显示命令会开始一个新的图区，必要时会清空当前的图区。

12.1.1 plot() 函数

在R 里面最常用的一个图形函数是plot()。这是一个泛型函数：产生的图形依赖于第一个参数的类型或者类。

plot(x, y)	
plot(xy)	如果x 和y 是向量，则plot(x, y) 将产生y 对x 的散点图。用包含两个分量x 和y 的列表或是一个双列的矩阵作为一个参数(第二种形式)也能得到一样的结果。
plot(x)	如果x 是一个时间序列，这将产生一个时间序列图。如果x 是一个数值向量，它将产生一个向量值对该向量索引的图。如果x 是一个复向量，它将会产生一个向量元素的虚部对实部的图。
plot(f)	
plot(f, y)	f是一个因子对象，y 是一个数值向量。第一种形式产生f 的直方图；第二种形式产生y 在f 的各种水平下的盒状图。
plot(df)	
plot(~ $expr$)	
plot(y ~ $expr$)	df 是一个数据框，y 是任何对象，$expr$ 是一个对象名被'+'分割的表列(如，a + b + c)。前两种将产生数据框中变量的分布图（第一种形式）和一系列指定对象的分布图(第二种形式)。第三种形式将得到y 相对$expr$ 中各个对象画的图。

12.1.2 显示多元数据

R 为描绘多元数据提供了两个非常有用的函数。如果X 是一个数值矩阵或者数据框，命令

```
> pairs(X)
```

将产生X 的列之间两两相对的成对散点图阵列（pairwise scatterplot matrix）。也就是说，X的每一列相对X 的所有其他列而产生$n(n-1)$ 个图，并且把这些图以阵列个形式显示在图区。这个图形阵列的行列图形尺度一致。

用*coplot* 处理三个或者四个变量的产生的图可能会更清晰。如果a 和b 是数值向量，c 是数值向量或者因子对象(长度都一致)，那么下面的命令

```
> coplot(a ~ b | c)
```

将产生一系列在给定的c 值下a 对b 的散点图。c 是因子对象，这就简单的表示a在c 各个水平下对b 画的散点图。当c 是数值向量，它将会被分割成一系列条件区间（conditioning intervals），对于任一区间，区间内c 对应的a，b 值将绘制a对b的散点图。区间的数值和位置由coplot() 的参数given.values= 控制——函数co.intervals() 用于选择区间。你还可以对两个给定的变量使用下面的命令

```
> coplot(a ~ b | c + d)
```

产生任何在c 和d 联合区间内的a 对b 的散点图。

函数coplot() 和pairs() 都有一个参数panel=。这个参数可以用来设置各个面板中的图形样式。默认值points() 用来产生散点图，但是通过将低级命令作用于两个向量x 和y 并赋值给参数panel=，你可以产生任何你所期望的图。一个用于coplot的panel 功能的例子是命令panel.smooth()。

12.1.3 图形显示

其他高级绘图函数可以产生多种类型的图。一些例子是：

tsplot(x_1, x_2, ...)	在一个相同的尺度里面绘制任意数目的时间序列。在x_i都是一般的数值向量时，这种自动的同步标化的特性依然很有用。这时，它们相对$1, 2, 3, \ldots$绘制[1]。
qqnorm(x) qqline(x) qqplot(x, y)	分位比较图。第一种形式显示数值向量x 相对期望的正态有序分值（Normal order scores）的比较图(正态分值图)；第二种形式是在这个图上加一条理论上的分位对分位的直线。第三种形式产生x 的分位对y 的分位的图以比较二者的分布是否一致。
hist(x) hist(x, nclass=n) hist(x, breaks=b, ...)	产生数值向量x 的柱状分布图。程序会自动选择适合的分类数目，但可以通过设定参数nclass= 来改变分类数。还有一种方法是，通过参数breaks= 精确设置断点（breakpoint）。如果设定参数probability=TRUE，柱高度将表示频率而不是频数。

[1]译者注: 原文为“ This automatic simultaneous scaling feature is also useful when the $\mathbf{x}_i$'s are ordinary numeric vectors, in which case they are plotted against the numbers $1, 2, 3, \ldots$.”

`dotchart(x, ...)` 产生数据x 的点图。在一个点图里面，y-轴给定x 里面数据的标签，x-轴给出它们的值。这种图非常容易从视觉上看出在某个特定范围内的数据元素。

`image(x, y, z, ...)`
`contour(x, y, z, ...)`
`persp(x, y, z, ...)` 画三变量图。image 产生一个长方形的网格，用不同的颜色表示z 的值，contour 以等高线（contour line）来表示z 的值，persp 产生3D 表面。

12.1.4 高级图形命令的参数

传递给高级绘图函数的命令有许多，如：

`add=TRUE` 强制函数以低级绘图函数的形式运行，在当前的图上加载新的图形元素(仅适合于部分函数)。

`axes=FALSE` 禁止产生坐标轴—当你想用函数axis() 绘制个性化的坐标轴时非常有用。默认值是axes=TRUE，表示产生坐标轴。

`log="x"`
`log="y"`
`log="xy"` 让x 轴，y 轴或者两者都成为对数坐标轴。这对很多图都有效，但不是全部。

`type=` 参数type= 控制输出图形（特别是线条）的类型：

- `type="p"` 只显示点（默认）
- `type="l"` 显示线条
- `type="b"` (同时)显示点和线
- `type="o"` 将点覆盖在线上
- `type="h"` 绘制从点到零轴（x 轴）的垂直线(高密度*(high-density)*)
- `type="s"`
- `type="S"` 步阶图。第一种形式，垂直线顶部匹配数据点；第二种形式，底部匹配。
- `type="n"` 图形不显示。但是坐标轴仍然显示(默认)，并且坐标依然以数据设定。这个非常适合随后用低级绘图函数画图。

`xlab=`*string*
`ylab=`*string* 设定x 和y 轴的标签。可以用这些参数修改默认标签。默认标签常常是用于高级绘图函数中的对象的名字。

main=*string* 图形标题，以大字体置于图形的顶部。
sub=*string* 子标题，以小字体放在x-轴底部。

12.2 低级图形函数

有些时候，高级图形函数不能准确产生你想要的图。此时，低级图形命令可以在当前图上精确增加一些额外信息(如点，线或者文字)。

一些非常有用的低级图形命令是：

`points(x, y)`
`lines(x, y)`
在当前图上增加点或者连接线。`plot()` 的参数`type=` 可用于这些函数(`points()` 的默认值是`"p"`，`lines()` 的默认值是`"l"`。)

`text(x, y, labels, ...)`
在图上给定的`x, y` 位置添加文字。`labels` 经常是整数或者字符向量，此时，`labels[i]` 放在`(x[i], y[i])` 处。默认值是`1:length(x)`。
注意：这个功能常常用于下面的命令

```
> plot(x, y, type="n"); text(x, y, names)
```

图形参数`type="n"` 不让点显示，但设置坐标轴。函数`text()` 提供了一个特别的字符向量，因为相应点的位置上的符标由字符向量`names` 设定。

`abline(a, b)`
`abline(h=`y`)`
`abline(v=`x`)`
`abline(`*lm.obj*`)`
在当前图上增加一个斜率为`b` 截距为`a` 的直线。`h=`y 可用于指定贯穿整个图的水平线高度的y-坐标。`v=`x 类似地用于指定垂直线的x-坐标。同样，*lm.obj* 可能是一个有长度为2的`coefficients` 分量(如模型拟合的结果)的列表。该分量中依次含有截距和斜率。

`polygon(x, y, ...)`
绘制由`(x, y)` 作为顶点定义的多边形。并且可以用剖面线(hatch lines)填充（可选），或者在图形设备允许的情况下填充其他东西。

`legend(x, y, legend, ...)` 在当前图的特定位置增加图例（legend）。标识字符，线条格式，颜色等都是被字符向量`legend` 中的标签所注释。另外一个含有画图单位对应值的参数v (一个和`legend` 长度一致的向量)是必须给定的：

`legend( , fill=`v`)`
填充盒子的颜色

`legend( , col=`v`)`
点或者线条的颜色

`legend( , lty=`v`)`
线条样式

`legend( , lwd=`v`)`
线条宽度

`legend( , pch=`v`)`
标识字符(字符向量)

`title(main, sub)` 将`main` 定义的标题以大字体的形式放在当前图的顶部，同时可以将`sub` 定义的小标题以小字体的形式放在下部（可选）。

`axis(side, ...)` 在第一个参数(1 到4，从底部顺时钟方式数)定义的某一侧增加一个坐标轴。另一个参数控制坐标轴相对图区的位置，刻度位置和标签位置。这对调用参数设置为`axes=FALSE` 的`plot()` 函数后增加定制的坐标轴非常有用。

低级图形函数常常需要一些位置信息(如，x 和y 坐标) 来决定新的图形的放置。坐标是由用户坐标设置。而用户坐标根据先前高级图形命令定义以及由用户提供的数据决定。

其中`x` 和`y` 参数是必须的。如果提供一个同时含有参数`x` 和`y` 的列表对象作为参数也是允许的充分的。类似的是，一个双列的矩阵同样是合法的输入。在这种情况下，函数如`locator()`(见后面的内容) 可以交互式地在一个图上设定位置。

12.2.1 数学标注

在某些情况下，在一个图上加上数学符号和公式是非常有用的。在R 里面，这可以通过函数*expression* 实现，而不是直接把数学符号和公式加在`text`，`mtext`，`axis`，或者`title` 的字符串里面。例如，下面的代码将写出二项式概率分布的公式：

```
> text(x, y, expression(paste(bgroup("(", atop(n, x), ")"), p^x, q^{n-x})))
```

更多的信息，包括R 这些特性的列表，可以利用下面的命令得到：

```
> help(plotmath)
> example(plotmath)
> demo(plotmath)
```

12.2.2 Hershey 矢量字体

函数text 和contour 可以使用Hershey 矢量字体。使用Hershey 矢量字体有三个理由：

- Hershey 字体会产生更好的输出，特别在计算机屏幕上，或者用于旋转以及小字体时。
- Hershey 字体提供一些标准字体库没有的字体。如星座记号，地图符号和天文学符号。
- Hershey 字体提供西里尔字符（cyrillic）和日语字符（假名和日本汉字）。

更多的信息（包括R 里面的Hershey 字符列表）可以通过如下命令得到：

```
> help(Hershey)
> demo(Hershey)
> help(Japanese)
> demo(Japanese)
```

12.3 交互使用图形环境

R 同时提供了允许用户直接用鼠标在一个图上提取和提交信息的函数。其中最为简单的是函数locator()：

`locator(n, type)` 等待用户用鼠标左键点击当前图上的特定位置。这个过程直到n (默认512)个点被选择，或者另外一个鼠标键被点击了。参数type 允许在被选择的点上画图并且有高级画图命令一样的效果；默认情况下不能画图。locator() 以双分量x 和y 的列表形式返回所选中点的位置信息。

locator() 常常没有参数。当我们很难设定一些图形元素（如图例和标签）在图上的放置位置时，交互式选定位置信息可能是一种非常好的办法。例如，在特异点（outlying point）的旁边标注一些提示信息，我们可以用下面的命令

```
> text(locator(1), "Outlier", adj=0)
```

(如果当前设备（如postscript）不支持交互式使用，则locator() 会被自动忽略。)

identify(x, y, labels)	允许用户将labels 定义的标签（在labels为空时，默认为点的索引值）放置在由x 和y (利用鼠标左键)决定的点旁边。当鼠标右键被点击时，返回被选择点的索引。

有时候我们想标定一个图上的一些特定点，而不是它们的位置。例如，我们可能期望用户能在图形显示上选择一些有意思的点，然后以某种方式处理。假定有两个数值向量x 和y 构成的一系列坐标(x, y)，我们可以如下使用函数identify()：

```
> plot(x, y)
> identify(x, y)
```

函数identify() 自己不会标识，但允许用户简单的移动鼠标指针和在一个点附近点击鼠标左键。如果有一个点在鼠标指针附近，那么它将会把自己的索引值(也就是在x/y 向量中的位置)标记在点的旁边。还有一种方案是，你可以通过identify() 的参数labels 设置其他的文字信息(如样本名字等)，并且可以通过参数plot = FALSE 禁止标记重叠在一起。在这个过程结束时（见上面），identify() 返回所选点的索引值；你可以利用这些索引值提取原始向量x 和y 中的点信息。

12.4 使用图形参数

当创建图形时，特别是用于陈述或者出版，R 的默认设置往往不能符合要求。但是你可以利用图形参数几乎可以定制任何你想显示的方式。R 拥有一个数目很大的图形参数列表。该列表包括控制线条样式，颜色，图形排列和文字对齐等方面的参数。每一个图形参数都有名字(如'col'，设置颜色)和值(如颜色值)。

每一个活动的设备都有一套独立的图形参数列表，和启动时各参数的默认值。图形参数可以用两种方式设定：要么是永久性的，影响所有访问当前设备的图形函数；要么是临时性的，仅仅影响特定的图形函数。

12.4.1 永久性地改变: par() 函数

函数par() 用于访问和修改当前图形设备的参数列表。

par()	没有参数，将返回所有图形参数的列表和当前设备的设定值。
par(c("col", "lty"))	设定一个字符串向量的参数，仅仅返回指定的参数(同样是一个列表)。

`par(col=4, lty=2)`	给定参数(或者是一个列表参数)，设置指定图形参数的值，以列表的形式返回参数的初始值。

通过函数`par()` 设定图形参数会永久地改变参数值，因为以后所有在当前设备中调用的图形函数都会受这些设置值影响。你可以用这种办法设定图形参数的“默认”值。这些默认值将会被所有图形函数调用，除非你设定了其他值。

注意，调用`par()` 常常会影响图形参数的全局值，这种情况甚至出现在函数内部调用`par()`。这种行为不是我们想要的－我们通常只是想设定一些图形参数，绘制一些图片，然后恢复原始值以免影响到其他用户的R 会话。你可以通过保存`par()` 的值来恢复初始值。当图形绘制结束后，你可以重新载入这些保存的初始值[2]。

```
> oldpar <- par(col=4, lty=2)
  ... 图形命令 ...
> par(oldpar)
```

为保存和恢复所有设定的[3]图形参数，可以使用

```
> oldpar <- par(no.readonly=TRUE)
  ... 图形命令 ...
> par(oldpar)
```

12.4.2 临时性地改变：图形函数的参数

图形参数可以用命名参数的形式传递到(几乎)所有图形函数。这和函数`par()` 设定的参数有同样的影响，除非参数的改变仅仅影响当前函数调用这个过程而不影响其他函数调用。例如：

```
> plot(x, y, pch="+")
```

这将产生一个以加号为标符的散点图。这个命令不会影响后面的图形命令的默认图标。

不过，这不是总有效的，有些时候还是需要通过`par()` 设定和重新设定图形参数。

12.5 图形参数列表

下面的内容将会具体描述一些常用的图形参数。R 帮助文档中关于`par()` 函数的内容会给出相当简练的概述；这里会给出一个有点具体的描述。

图形参数将会以下面的形式给出：

[2]译者注：有些版本会自动在绘图结束后恢复的原始设定。
[3]一些图形参数，如当前设备的大小，仅仅是信息提示作用。

name=*value* 对参数影响的描述。*name* 是参数名，它可以用于`par()` 或一个图形函数中。*value* 是你想给这个参数设定的值。

注意`axes` 不是图形参数而是一些`plot` 方法的参数：参见`xaxt` 和`yaxt`。

12.5.1 图形元素

R 图形由点，线，文本和多边形（闭合区域）构成。图形参数就是用来控制这些图形元素（graphical element）如何绘制：

`pch="+"` 用于显示点的符标。默认值会随图形驱动不同而有些差异，不过常常是'○'。被显示的点稍稍高于或者低于适当的位置，除非你用位于中心的`"."` 作为显示符标。

`pch=4` 当`pch` 设定一个0到25之间的整数，一个特定的符标将会产生。为了查看各个符标的样子，可以采用下面的命令

```
> legend(locator(1), as.character(0:25), pch = 0:25)
```

这些位于21到25间的符标看上去是前面符标的重复，不过它们可以用不同的颜色显示：查看`points` 的帮助文档和例子。
此外，`pch` 可以是`32:255` 范围内的字符和数字。它们会以字符的当前字体形式显示。

`lty=2` 线条类型。尽管不是所有的图形设备都支持图形类型(就是在支持的设备中，也有点差异)，但是类型1常常是实线，类型0是不可见的，类型2和其他常常是点线和虚线，或者是点划线。

`lwd=2` 线条宽度。以"标准"线条宽度的倍数设定线条宽度。坐标轴线条和利用函数`lines()` 等产生的线条都会受影响。不是所有的设备支持这种特性，而且一些设备会对线条宽度有所限制的。

`col=2` 点，线，文本，填充区域和图像的颜色设置。值可以是来自当前调色板的数字(见`?palette`)或者一个命名的颜色。

`col.axis`
`col.lab`
`col.main`
`col.sub` 分别用于轴标注，x 和y 轴的标签，主标题和次标题等的颜色设置。

`font=2` 整数是用来指定用于文中的字体类型。一般情况下，设备驱动设定的`1` 对应于纯文本，`2` 对应粗体，`3` 对应斜体，`4` 对应粗斜体，`5` 对应符号体(包括希腊字母)。

font.axis
font.lab
font.main
font.sub　分别用于轴标注，x 和y 轴标签，主标题和次标题的字体设置。

adj=-0.1　调整文本对于图形的相对位置。0 表示左对齐，1 表示右对齐，0.5 表示图形位置的水平居中。实际值表示出现在图形位置左侧的文本宽度的比率，因此-0.1 表示将会在文本和图形位置间留下文本宽度的10%。

cex=1.5　字符扩张率。这个值表示期望字符(包括绘图字符)大小相对默认大小的比率。

12.5.2 轴和刻度

许多R 的高级图形自身就含有坐标轴，此外你可以用低级图形函数axis() 设置你自己的坐标轴。坐标轴主要包括三个部分：轴线（axis line）(线条格式由图形参数lty控制)，刻度（tick mark）(划分轴线上的刻度) 和刻度标记（tick label）(标记刻度上的单位)。这些部分可以通过下面的图形参数设置。

lab=c(5, 7, 12)　前两个参数分别是x 和y 轴期望的刻度间隔数目。第三个参数刻度标记的字符长度（包括小数点）。这个参数设的太小会导致所有的标记变成一样的数字。

las=1　刻度标记的方向。0 表示总是平行于坐标轴，1 表示总是水平，以及2 表示总是垂直于坐标轴。

mgp=c(3, 1, 0)　三个坐标成分的位置。第一个参数是轴标签相对轴位置的距离，以文本行作为参照单位的。第二个参数表示刻度标记的距离，最后一个参数是轴位置到轴线的距离(常常是0)。正值表示在图形外，负值表示在图形内。

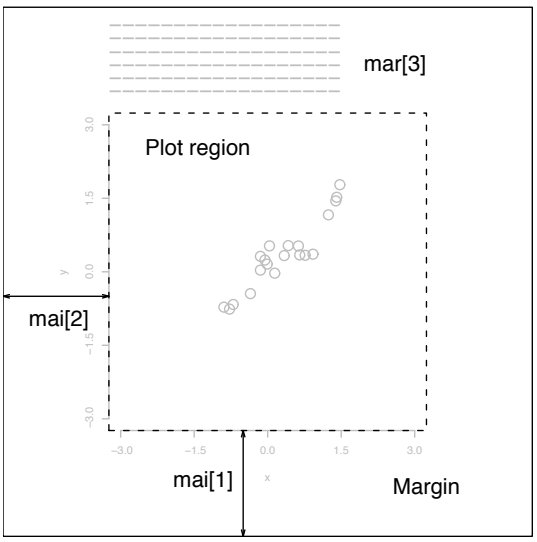
tck=0.01　刻度的长度，以画图区域大小的比率作为度量。当tck 比较小(小于0.5)，x 和y 轴上的刻度强制大小一致。值为1时，给出网格线。负值时刻度在图形外。tck=0.01 和mgp=c(1,-1.5,0) 表示内部刻度。

xaxs="r"
yaxs="i"　分别设定x 和y 轴的形式。"i" (内在的) 和"r" (默认) 形式的刻度都适合数据的范围，但是"r" 形式的刻度会在刻度范围两边留一些空隙(S 还有一些在R 里面没有实现的刻度形式)。

12.5.3 图片边缘

R 里面一个单独的图被称为figure。它还包括一个被边缘（可能包括轴标签，标题等）和坐标轴包围的绘图区域（plot region）。

一个典型的图为



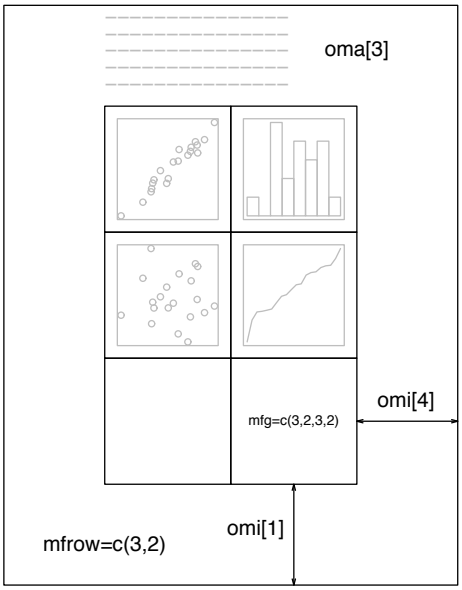
控制图版面的图形参数有：

`mai=c(1, 0.5, 0.5, 0)`	分别表示底部，左边，上部和右边的空间，单位是英寸。
`mar=c(4, 2, 2, 1)`	和`mai` 相似，只是度量单位采用文本行。

`mar` 和`mai` 是等价的因为二者可以相互转换。这些参数的默认值常常有点大；右侧边缘常常是不需要的，没有标题时，顶部边缘也不是需要的。底部和左侧足以用来绘制坐标轴和刻度标记。需要说明的时，默认值没有考虑到设备层面；例如，用设定参数`height=4` 的`postscript()` 驱动会导致一个图有50% 的边缘。这时可以显式地设置`mar` 或者`mai`。当使用多重图形是（下面会讨论），边缘会减少，不过在很多图共享一页时这还是不够的。

12.5.4 多重图形环境

R 允许你在一个单页上创建一个$n \times m$ 图形阵列。每一个图有它自己的边缘，图形阵列是被可选的外边缘（outer margin）包围着。具体可见下面的图。



和多重图形相关的图形参数如下：

`mfcol=c(3, 2)`

`mfrow=c(2, 4)` 设置多重图形阵列的大小。第一个值是行数；第二个值是列数。这两种形式的差异在于`mfcol` 使得图片以列的方式放置；`mfrow` 则以行的方式放置。

例图中版面设计可以通过设置`mfrow=c(3,2)` 实现；图中显示了画了四个图后该页的情况。

设置任一可以减小符号或者文本基本大小参数(`par("cex")`和设备的点大小)的递减因子。在一个双行列的版面中，基本大小是通过因子0.83 递减的；如果有三个或者三个以上的行列时，递减因子是0.66。

`mfg=c(2, 2, 3, 2)` 当前图片在一个多重图形环境中的位置。前两个数字是当前图的行列编号；后面两个数字是多重图形阵列的行列编号。设置这个参数将会调整图形的位置。你甚至可以用和本页上不均等大小图（unequally-sized figures）的实际值不等的值设定后面两个参数。

`fig=c(4, 9, 1, 4)/10` 当前图片在页上的位置。值分别表示左侧，右侧，下侧和上侧的边缘宽度，并且以左侧底部作为参照点得到的页面百分比。演示值表示一个在页面右下侧的图形。可以通过设定这些参数而将图片放置在一个页面的任何地方。如果你想在当前页上增加一个图，可以使用参数`new=TRUE` (和S不同)。

`oma=c(2, 0, 3, 0)` `omi=c(0, 0, 0.8, 0)`	外边缘的大小。同`mar` 和`mai` 相似，第一个以文本行度量，第二个以英寸度量。从底部边缘算起，以顺时钟方向设置值。

外边缘对页面形式的标题特别有用。文本可以通过函数`mtext()` 和参数`outer=TRUE` 加在外边缘。默认没有外边缘，但是你可以用`oma` 或`omi` 显式地定义它们。

更为复杂的多重图形排列可以采用函数`split.screen()` 和`layout()`[4]，以及包**grid** 和**lattice**。

12.6 设备驱动

R 几乎可以在任何形式的显示和打印设备上产生图片(包括各种显示质量的)。但是在显示图片前，R 必须指明采用什么设备处理图片。这可以通过启动*设备驱动*（device driver）来实现。设备驱动的目的在于将R 的画图指令(如“draw a line,”) 转化成特定设备可以识别的指令。

我们可以调用设备驱动函数来启动设备驱动。每一种设备驱动都有对应的函数：输入`help(Devices)` 可以得到它们的列表。例如，发出命令

```
> postscript()
```

会使得所有图形以PostScript 的形式输出。一些常用的设备驱动是：

`X11()`	用UNIX 类型的系统的X11 桌面系统
`windows()`	用于Windows 系统
`quartz()`	用于MacOS X 系统
`postscript()`	用于PostScript 打印机，或者创建PostScript 文件。
`pdf()`	创建可以插入PDF 文件中PDF 文件
`png()`	创建PNG 位图文件。(不总是有效的：参考它的帮助文件)
`jpeg()`	创建JPEG 位图文件，非常适用于影像（image）输出。(不总是有效的：参考它的帮助文件)

当你结束使用一个设备时，用下面的命令终止设备驱动

```
> dev.off()
```

[4]译者注：画多个图时，我非常喜欢这个函数。

这将确信设备完全结束了；例如在硬拷贝设备中，这将保证每一页都已完成并且已经发送给打印机。(在常规会话的结束，这些过程会自动完成。)

12.6.1 排版文档用的PostScript 图表

通过将参数`file` 传递给`postscript()` 设备驱动函数，你可以在你选择的文件中以PostScript 形式保存图片。图片会被横行放置，但你可以设定参数`horizontal=FALSE` 使得图片纵向放置。图形大小将通过参数`width` 和`height` 设置(图形会被适当调整以适合参数要求)。例如，命令

```
> postscript("file.ps", horizontal=FALSE, height=5, pointsize=10)
```

将产生一个高为5英寸以PostScript 格式编码的图片文件。特别要提醒的是，如果命令中的文件名已经存在，原来的文件将会被覆盖。在同一目录下的R 会话中，一定要小心先前创建的文件名字。

PostScript 输出的图片常常用于插入其他文档中。此时最好采用封装的（encapsulated）PostScript 图片：R 常常产生构造性的输出（conformant output），但是只在`onefile=FALSE` 参数提供时才以标记输出。这种奇怪的用法和S 不兼容：它实际上表示输出将会是单页的(这是EPSF 规范的一部分)。因此对于内插图片的生成可以采用下面的命令[5]：

```
> postscript("plot1.eps", horizontal=FALSE, onefile=FALSE,
             height=8, width=6, pointsize=10)
```

12.6.2 多重图形设备

在R 的高级使用里面，几个图形设备的同时工作是非常有用的。不过，在一个时间点，只有一个图形设备可以接受图形命令，这个设备就是所谓的当前设备。当多个设备同时启动时，它们将形成一个以名字作为标识符的有限任务序列。

操作多重图形设备的主要命令和意义列举如下：

`X11()`	[UNIX]
`windows()`	
`win.printer()`	
`win.metafile()`	[Windows]
`quartz()`	[MacOS X]
`postscript()`	
`pdf()`	

[5]译者注：我是用GSview 查看PostScript 文件的，所以对以PostScript 格式的图片我都用这个软件直接转换了。效果还是不错的。

`...`	任何一次调用设备驱动函数都会打开一个图形设备，该设备自动加到一个设备列表的后面。这个设备现在就是当前设备，所有的图形都会输出到这个设备上。(一些平台可能有更多的设备可用。)
`dev.list()`	返回所有处于活动状态的设备的编号和名字。位于列表位置1 的设备常常是零设备（null device），它不接受任何图形命令。
`dev.next()` `dev.prev()`	分别返回当前设备的后一个或者前一个设备的名字和编号。
`dev.set(which=`k`)`	将设备列表中位置k 的设备作为当前设备。返回该设备的标签和编号。
`dev.off(`k`)`	终止设备列表中位置k 的设备。对于一些设备，如`postscript` 设备，该命令要么立即打印该文件，要么正确地结束文件。这依赖于设备时如何初始设置。
`dev.copy(device, ..., which=`k`)` `dev.print(device, ..., which=`k`)`	为设备k 创建一份拷贝。这里，`device` 是一个设备函数，如`postscript`，必要时可以加入由`...` 指定的额外参数。`dev.print` 类似，但是被拷贝的设备会迅速关闭，因此收尾活动，如打印硬拷贝等，会立刻执行。
`graphics.off()`	关闭设备列表中除零设备外的所有设备。

12.7 动态图形

R 目前还没有提供内置的函数处理动态图形，如旋转散点云，“刷亮”（brush）(交互式强调)图形[6]等。但是，强大的动态图形函数可以从Swayne, Cook 和Buja 设计的XGobi 系统中得到，相关的网址是

http://www.research.att.com/areas/stat/xgobi/

并且可以通过R 的包**xgobi** 直接访问。XGobi 可以在UNIX 或者Windows 的X 桌面系统中运行，R 都有相关的接口。

[6]译者注：SAS等统计软件也有类似概念，指在散点图中，用拖动鼠标光标的方法拖出一个小长方形来选中数据点，同时会在另外一个散点图中高亮显示选中的点。

XGobi 的一个衍生版本GGobi 现在正在开发[7]，可以参见：http://www.ggobi.org。

[7]译者注：ggobi通过捐献包Rggobi 提供R的接口。在我翻译本文档时，R和BioConductor的官方网站没有发布该包，但可以去Ggobi的官方网站下载Ggobi和Rggobi，链接地址为http://www.ggobi.org/downloads/。下载后，本地安装Ggobi和在R控制台安装Rggobi包。把Ggobi安装根目录下面的动态链接库文件拷贝到$R_HOME/library/Rggobi/libs下面，详细动态库访问路径设置见Ggobi的官方文档。

第一三章 包

所有的R 函数和数据集是保存在包（packages）里面的。只有当一个包被载入时，它的内容才可以被访问。这样做一是为了高效(完整的列表会耗去大量的内存并且增加搜索的时间)，一是为了帮助包的开发者防止命名和其他代码中的名字冲突。开发包的过程在编写R的扩展里面有详细的介绍。这里，我们仅仅从用户的角度来描述这个问题。

可以使用下面的命令查看你当前环境中安装的包

```
> library()
```

命令中没有参数。为了载入某个特别的包(如包**boot** ，其中包含的函数来自Davison & Hinkley (1997))，使用如下命令

```
> library(boot)
```

用户可以使用函数`CRAN.packages()` 连接因特网(也可以通过Windows 和RAqua图形界面上的`Packages` 菜单访问) ，并且允许自动更新和安装包。

为了查看当前有那些包载入了，可以用

```
> search()
```

产生搜索列表。有一些列表虽然被载入但不会出现在搜索列表中(命名空间<页码：101>)。

为了查看已经安装的包的所有可以访问的帮助主题列表，可以使用

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

这将启动一个**HTML** 形式的帮助系统，然后通过`Reference` 部分链接到所有包的列表。

13.1 标准包

标准(基本)包构成R 原代码的一个重要部分。它们包括允许R 工作的的基本函数，和本文档中描述的数据集，标准统计和图形工具。在任何R 的安装版本中，它们都会被自动获得。在R常见问题集里面可以得到一个完整的列表。

13.2 捐献包和CRAN

世界各地的作者为R 捐献了好几百个包。其中一些包实现了特定的统计方法，另外一些给予数据和硬件的访问接口，其他则作为教科书的补充材料。一些包(推荐包)和二进制形式的R 捆绑发布。更多的可以从**CRAN** (http://CRAN.R-project.org/ 和它的镜像)和其他一些资源，如Bioconductor (http://www.bioconductor.org/) 下载得到。R常见问题集 含有一个已经发布包的列表，不过可以得到的包的清单变更是非常迅速的。

13.3 命名空间

包有自己的命名空间（namespaces），并且现在所有基本的和推荐的的包都依赖于包datasets。命名空间主要三个作用：它们允许包的作者隐藏函数和数据，即只允许内部用户使用，它们防止函数在一个用户（或其他包的作者）使用相同名字时被破坏，它们提供了一种访问特定包的某个对象的方法。

例如，t() 是R 里面的转置函数，但是用户可能会定义一个函数叫t。命名空间防止用户定义的函数居先和破坏矩阵转置的函数。

有两个操作符和命名空间相关。双冒号操作符:: 选择一个特定命名空间得到的函数定义。在上面的例子中，转置函数总是可以通过base::t 使用，因为它是在包base 中定义的。一个包中的函数可以通过这种方式访问。

三冒号操作符::: 可能会出现在一些R 代码中：它有点像双冒号操作符，但可以访问隐藏对象。用户还可能使用函数getAnywhere()，它会搜索多重包。

包常常是包之间依赖的（inter-dependent），载入其中一个可能会引起其他包的自动载入。上面提到的冒号操作符同样会引起相关包的自动载入。当有命名空间的包自动载入时，它们不会被自动加入搜索列表。

附录1 一个演示会话

下面的会话[1] 让你在操作中对R 环境的一些特性有个简单的了解。你对系统的许多特性开始时可能有点不熟悉和困惑，但这些迷惑会很快消失的。

登录，启动你的桌面系统。

```
$ R
```

以适当的方式启动R[2]。

R 程序开始，并且有一段引导语。

(在R 里面，左边的提示符将不会被显示防止混淆。)

```
help.start()
```

启动**HTML** 形式的在线帮助(使用你的计算机里面可用的浏览器)。你可以用鼠标点击上面的链接。

最小化帮助窗口，进入下一部分。

```
x <- rnorm(50)
y <- rnorm(x)
```

产生两个伪正态随机数向量x 和y。

```
plot(x, y)
```

画二维散点图。一个图形窗口会自动出现。

```
ls()
```

查看当前工作空间里面的R 对象。

```
rm(x, y)
```

[1]译者注: 下面的命令都是在Linux环境下写的。不过对 Windows 用户影响不大。

[2]译者注：Windows 用户直接点击R 的快捷图标进入。和其他Windows 程序一样操作。

去掉不再需要的对象。(清空)。

```
x <- 1:20
```

等价于$x = (1, 2, \ldots, 20)$。

```
w <- 1 + sqrt(x)/2
```

标准差的'权重'向量。

```
dummy <- data.frame(x=x, y= x + rnorm(x)*w)
dummy
```

创建一个由x 和y构成的双列数据框，查看它们。

```
fm <- lm(y ~ x, data=dummy)
summary(fm)
```

拟合y 对x 的简单线性回归，查看分析结果。

```
fm1 <- lm(y ~ x, data=dummy, weight=1/w^2)
summary(fm1)
```

现在我们已经知道标准差，做一个加权回归。

```
attach(dummy)
```

让数据框中的列项可以像一般的变量那样使用。

```
lrf <- lowess(x, y)
```

做一个非参局部回归。

```
plot(x, y)
```

标准散点图。

```
lines(x, lrf$y)
```

增加局部回归曲线。

```
abline(0, 1, lty=3)
```

真正的回归曲线：(截距0，斜率1)。

```
abline(coef(fm))
```

无权重回归曲线。

```
abline(coef(fm1), col = "red")
```

加权回归曲线。

```
detach()
```

将数据框从搜索路径中去除。

```
plot(fitted(fm), resid(fm),
 xlab="Fitted values",
 ylab="Residuals",
 main="Residuals vs Fitted")
```

一个检验异方差性（heteroscedasticity）的标准回归诊断图。你可以看见吗？

```
qqnorm(resid(fm), main="Residuals Rankit Plot")
```

用正态分值图检验数据的偏度（skewness），峰度（kurtosis）和异常值（outlier）。（这里没有多大的用途，只是演示一下而已。）

```
rm(fm, fm1, lrf, x, dummy)
```

再次清空。

第二部分将研究Michaelson 和Morley 测量光速的经典实验。这个数据集可以从对象`morley` 中得到，但是我们从中读出数据以演示函数`read.table` 的作用。

```
filepath <- system.file("data", "morley.tab" , package="datasets")
filepath
```

得到文件路径。

```
file.show(filepath)
```

可选。查看文件内容。

```
mm <- read.table(filepath)
mm
```

以数据框的形式读取Michaelson 和Morley 的数据，并且查看。数据由五次实验(Expt 列)，每次运行20 次(Run 列)的观测得到。数据框中的sl 是光速的记录。这些数据以适当形式编码。

```
mm$Expt <- factor(mm$Expt)
mm$Run <- factor(mm$Run)
```

将Expt 和Run 改为因子。

```
attach(mm)
```

让数据在位置3 (默认) 可见（即可以直接访问）。

```
plot(Expt, Speed, main="Speed of Light Data", xlab="Experiment No.")
```

用简单的盒状图比较五次实验。

```
fm <- aov(Speed ~ Run + Expt, data=mm)
summary(fm)
```

分析随机区组，'runs' 和'experiments' 作为因子。

```
fm0 <- update(fm, . ~ . - Run)
anova(fm0, fm)
```

拟合忽略'runs' 的子模型，并且对模型更改前后进行方差分析。

```
detach()
rm(fm, fm0)
```

在进行下面工作前，清空数据。

我们现在查看更有趣的图形显示特性：等高线和影像显示。

```
x <- seq(-pi, pi, len=50)
y <- x
```

x 是一个在$-\pi \le x \le \pi$ 内等间距的50个元素的向量，y 类似。

```
f <- outer(x, y, function(x, y) cos(y)/(1 + x^2))
```

f 是一个方阵，行列分别被x 和y 索引，对应的值是函数$\cos(y)/(1 + x^2)$ 的结果。

```
oldpar <- par(no.readonly = TRUE)
par(pty="s")
```

保存图形参数，设定图形区域为“正方形”。

```
contour(x, y, f)
contour(x, y, f, nlevels=15, add=TRUE)
```

绘制f 的等高线；增加一些曲线显示细节。

```
fa <- (f-t(f))/2
```

`fa` 是f 的“非对称部分”(`t()` 是转置函数)。

```
contour(x, y, fa, nlevels=15)
```

画等高线，...

```
par(oldpar)
```

... 恢复原始的图形参数。

```
image(x, y, f)
image(x, y, fa)
```

绘制一些高密度的影像显示，(如果你想要，你可以保存它的硬拷贝)，...

```
objects(); rm(x, y, f, fa)
```

... 在继续下一步前，清空数据。

R 可以做复数运算。

```
th <- seq(-pi, pi, len=100)
z <- exp(1i*th)
```

`1i` 表示复数i。

```
par(pty="s")
plot(z, type="l")
```

图形参数是复数时，表示虚部对实部画图。这可能是一个圆。

```
w <- rnorm(100) + rnorm(100)*1i
```

假定我们想在这个圆里面随机抽样。一种方法将让复数的虚部和实部值是标准正态随机数...

```
w <- ifelse(Mod(w) > 1, 1/w, w)
```

... 将圆外的点映射成它们的倒数。

```
plot(w, xlim=c(-1,1), ylim=c(-1,1), pch="+",xlab="x", ylab="y")
lines(z)
```

所有的点都在圆中，但分布不是均匀的。

```
w <- sqrt(runif(100))*exp(2*pi*runif(100)*1i)
plot(w, xlim=c(-1,1), ylim=c(-1,1), pch="+", xlab="x", ylab="y")
lines(z)
```

第二种方法采用均匀分布。现在圆盘中的点看上去均匀多了。

```
rm(th, w, z)
```

再次清空。

```
q()
```

离开R 程序。你可能被提示是否保存R 工作空间，不过对于一个调试性的会话，你可能不想保存它。

附录2 调用R

13.4 以命令行调用R

在UNIX 或者Windows 的命令模式下操作时，命令R 可以用下面的形式来启动R 的主程序

`R [options] [<infile] [>outfile],`

我们还可以通过`R CMD` 接口来启动。该接口是各种不想被“直接”访问的(如，处理R 文档格式的文件或者操作另外加上去的包) R 工具的一种包装。

在UNIX 下面，你要确信环境变量`TMPDIR` 还没有设置或者它已指向了一个合理的路径来创建临时文件和目录。

许多可选项是用来控制一个R 会话的起始和终止时的事务。启动机制将会在下面描述(查看帮助文档中关于Startup 的主题，下面的内容有一些Windows-特异的细节)。

- 除非给定`--no-environ`，R 将会自动搜索用户和位置文件来设置环境变量。位置文件名字是由环境变量`R_ENVIRON` 指定的；如果这没有设定，默认是 `$R_HOME/etc/Renviron.site` (如果它存在)。用户文件是在当前或者用户根目录下面的.Renviron。这些文件包含以*name*=*value* 格式赋值的行(`help(Startup)` 可以得到更准确的描述)。你想设定的变量可能还包括`R_PAPERSIZE` (默认的页面类型/大小)，`R_PRINTCMD` (默认的打印命令) 和`R_LIBS` (指定搜索添加包R 库的树型列表)。

- R 搜索位置广泛的启动初试设置文件，除非你已经设置了命令可选项`--no-site-file`。配置文件的名字可以通过环境变量`R_PROFILE` 访问。如果该变量没有设置，将会使用默认的文件$R_HOME/etc/Rprofile.site （如果它存在）。

- 然后，除非`--no-init-file` 被设定，R 会依次搜索当前目录或者用户根目录一个叫.Rprofile 的文件然后载入它。

- 如果有.RData 文件，它将会被载入(除非指定--no-restore 或者--no-restore-data)。
- 最后如果.First 存在，它也会被执行。这个函数(在R 对话结束时运行的.Last 也一样) 可以在适当的启动配置文件中定义，或者放在文件.RData 中。

此外，有可选项控制R 进程的内存使用情况(参考在线帮助关于Memory 的主题)。用户一般很少用到这些设置，除非你想用尽R 的所有内存。

R 接受如下的命令可选项。

--help	
-h	向标准输出打印简短的帮助信息并且顺利退出。
--version	向标准输出打印版本信息并且顺利退出。
--encoding=*enc*	对控制台或者stdin 的输入指定编码方式。这和iconv 类似：查看它的帮助文件。
RHOME	向标准输出打印R 的“根目录”并且顺利退出。独立于shell 脚本和man 页，R 安装过程中会把所有东西(执行文件，包，等等) 都放在这个目录下。
--save	
--no-save	设置R 会话结束时是否保存数据集。如果在一次交互式会话中，二者都没有给定，那么当用户键入*q()* 退出时，会要求决定是否保存数据；在非交互式运行时，其中一种方式要求设定。
--no-environ	不读取任何用户文件去设定环境变量。
--no-site-file	启动时不读取任何位置文件。
--no-init-file	启动时不读取任何用户设置文件。
--restore	
--no-restore	
--no-restore-data	控制是否在启动时恢复镜像文件(指的是R 启动时目录下的文件.RData)。默认是恢复。(--no-restore 暗示所有指定的可选项--no-restore-*。)
--no-restore-history	控制是否在启动时恢复历史文件(常常是R 启动目录下的文件.Rhistory，可以通过环境变量R_HISTFILE 重新设定)。默认是恢复。
--vanilla	同时设定了--no-save, --no-environ --no-site-file, --no-init-file 和--no-restore。

`--no-readline` (仅用于UNIX) 禁止通过*readline* 进行命令行编辑。这对在Emacs 中用ESS (“Emacs Speaks Statistics”) 包运行R非常有用。在命令行编辑器<页码：114>部分可以得到更多的信息。

`--ess` (仅用于Windows)通过`R-inferior-mode` 模式在ESS 中启动`Rterm`。

`--min-vsize=`*N*

`--max-vsize=`*N* 通过设定“向量堆栈”（vector heap）大小为*N* 字节，指定可变大小对象的最大和最小内存占有量。*N* 要么是一个整数，要么是以分别表示‘Giga’ (2^30)，‘Mega’ (2^20)，‘Kilo’ (2^10，计算机)，和‘kilo’ (1000，标准)的G，M，K 和k结尾的整数。

`--min-nsize=`*N*

`--max-nsize=`*N* 通过设定“cons 单元”（cons cells）的数目为*N*，指定不变大小对象的最大和最小内存占有量。参看前面关于*N* 的细节内容。在32位机里面，一个cons 单元等于28个字节，而在64位机里面，常常是56 个字节。

`--max-ppsize=`*N* 设定指针保护栈的最大大小为*N* 个位点。默认值为10000，有时需要增加该值以适应大的复杂计算。现在允许的最大设定值为100000。

`--max-mem-size=`*N* (仅适用于Windows) 设定用于R 对象和工作空间内存总量的限度。默认设置为1024Mb 和机器上的物理内存，但最小要求是16Mb。

`--quiet`

`--silent`

`-q` 不显示起始的版权和欢迎信息。

`--slave` 让R 尽可能平静地运行。该选项用于支持利用R 结果作为输入的程序。

`--verbose` 在R 选项`verbose` 设定为`TRUE`时，显示运行过程中更多的信息。R 使用这个选项控制诊断信息的输出。

`--debugger=`*name*

`-d` *name* (仅用于UNIX) 通过调试器*name* 运行R。注意在这种情况下，进一步的命令行可选项会被忽略，不过可以在R 从内部调试器开始执行时给定。

`--gui=`*type*

`-g` *type*	(仅用于UNIX) 使用*type* 作为用户图形接口(注意这也包括交互式图形接口)。现在，可能用于*type* 的值是X11（默认，假定已经安装Tcl/Tk），Tk，gnome（假定GNOME已经安装）和none。
`--args`	这个标记会让剩余的命令行忽略：这对想用`commandArgs()` 得到返回值非常的有用。

注意，可以用常规的方法(用< 和>) 重定向输入输出。除了Windows 9X/ME 系统，警告和错误信息会被传给标准错误信息流(`stderr`)。

命令`R CMD` 允许调用各种可以连接R 的不能“直接”访问的工具。一般的形式为

```
R CMD command args
```

其中*command* 是工具名，*args* 是传递给它的参数。

现在，下面的工具可以调用

`BATCH`	批处理模式运行R。
`COMPILE`	(仅用于UNIX)用R 编译文件。
`SHLIB`	为动态载入创建共享库（shared library）。
`INSTALL`	安装额外添加的包。
`REMOVE`	去除额外添加的包。
`build`	创建(也就是打包)额外添加的包。
`check`	选择额外添加的包。
`LINK`	(仅用于UNIX)创建可执行程序的前端。
`Rprof`	R 的后处理（Post-process）设置文件。
`Rdconv`	将Rd 格式转换成各种其他格式，包括**HTML**，Nroff，LaTeX，纯文本和S 文档格式。
`Rd2dvi`	将Rd 格式转换成DVI/PDF 格式。
`Rd2txt`	将Rd 格式转换成文本格式。
`Sd2Rd`	将S 文件转换成Rd 格式。
`config`	(仅用于UNIX) 获得配置信息。

使用

```
R CMD \var{command} --help
```

获得可以用`R CMD` 接口访问的工具的使用信息。

13.5 在Windows 下调用R

有两种方法可以在Windows 下运行R。在终端窗口(如cmd.exe，command.com，或者能力更强的脚本)里面运行R.exe 或者更直接的Rterm.exe时，前面提到的方法可能都可以使用它们主要用于批处理)。对于交互式用户，可以使用基于控制台的图形界面(Rgui.exe)。

在Windows 下面的启动过程和UNIX 中的过程非常相似，但是必须指明'根目录'（home directory），因为Windows 系统不会定义这个目录。如果定义了环境变量R_USER，则根目录由这个变量指定。接下来，如果环境变量HOME 定义了，它也会指定根目录。通过这两个用户可控的设置，R 期望可以找到用户定义的根目录。它首先采用Windows 系统的"私人"目录(典型的私人目录如Windows XP 系统中的C:\Documents and Settings\username\My Documents)。如果这样不成功并且环境变量HOMEDRIVE 和HOMEPATH 都设定了(它们常常会在Windows NT/2000/XP 系统下定义)，这些将会决定根目录。如果这些都没有设定，那么就把起始目录当成根目录。

环境变量可以以*name*=*value* 形式放在命令行的尾部。

下面的命令行可选项在调用RGui.exe 时可用。

--mdi
--sdi
--no-mdi 决定以MDI 程序(默认，在一个主窗口中可以运行多个子窗口)还是SDI 软件(图形，页面和控制台的多重高层次窗口)的形式运行Rgui。
--debug 允许Rgui 的菜单项"Break to debugger"可用，并且可以在命令行处理中设定断点。

在Windows 系统中，你可以用R CMD 运行你指定的*.bat 和*.exe 而不需要内部命令。下面的环境变量可用于这个命令中：R_HOME，R_VERSION，R_CMD，R_OSTYPE，PATH，PERL5LIB，和TEXINPUTS。例如，如果你设置的路径中有latex.exe，那么

```
R CMD latex.exe mydoc
```

将对mydoc.tex 运行LaTeX 并且把R 的share/texmf 宏包路径加到环境变量TEXINPUTS 中。

13.6 在Mac OS X 下调用R

在Mac OS X 下面运行R 有两种方式。在Terminal.app 窗口调用R 时，前面提到的方法都可用。同样还有基于控制台的图形界面(R.app)。它默认安装在系统

的Applications 文件夹中。它是一个标准的双击启动的Mac OS X 程序。

Mac OS X 的启动流程和UNIX 下的流程非常相似。‘根目录’在R.framework 中设置。启动目录和当前目录设置为用户的根目录，当然，你可以在图形界面中的参数选择窗口中重新设定一个不同的启动目录。

附录3 命令行编辑器

13.7 预备工作

如果你的UNIX 系统已经安装了GNU *readline* 库，那么R 配置中允许在UNIX 下编译R 代码，调用内置的命令行编辑器，编辑和重新调用以前用过的命令。注意：该附录提到的接口不是用于UNIX 系统的GNOME接口，而仅仅用于标准的命令行接口。

如果启动时设置了参数`--no-readline` (使用ESS 时非常有用[3])，则该命令不可用。

Windows 版本的R 有简单的命令行编辑功能；见GUI 界面的Help 菜单下的Console，已经描述`Rterm.exe` 的命令行操作的文件README.Rterm。

当使用*readline* 写R 命令时，下面描述的函数可用。

这些函数常常是控制字符或者是元字符（Meta character）。控制字符，如*Control-m* 表示同时按住 **CTRL** 和 **m** 键，并且以*C-m* 形式表示。元字符，如*Meta-b* 表示同时按住 **META** [4] 和 **b** 键，下面以*M-b* 形式记录。如果你的终端没有 **META** 键，你可以用*ESC* 开始的两个字符序列键入元字符。因此对于*M-b*，你可以键入 **ESC** **b**。*ESC* 字符序列在有真正元键的终端也是允许的。注意这种情况对元字符有特殊意义的。

13.8 编辑

R 保存你键入的命令行的历史，包括错误的命令。历史文件中的命令可以被重新调用，修改以新的命令的形式重新提交。在Emacs-形式的命令行编辑中，任何直接的输入都会将字符直接插入到你所编辑的命令中，并且取代光标右侧的字符。*vi* 输入模式是通过*M-i* 或*M-a* 启动，字符可以被键入并且通过键入 **ESC** 结束输入模式。

任何时候键入 **RET** 都会使得命令重新被提交。

其他的编辑命令在下面的表中有所总结。

[3] 'Emacs Speaks Statistics' 包；参见URL http://ESS.R-project.org

[4] 在PC 键盘上，它常常是Alt 键，偶尔是'Windows'键。

13.9 命令行编辑总结

重新调用命令和垂直移动

C-p	跳到前一个命令(回溯历史文件)。
C-n	跳到下一个命令(前溯历史文件)。
C-r *text*	搜索含有字符串*text* 的最后一个命令。

在大多数终端，你可以使用上下键分别代替*C-p* 和*C-n*。

水平移动指针

C-a	回到命令行开头。
C-e	跳到命令行结束。
M-b	回溯一个单词。
M-f	前溯一个单词。
C-b	回溯一个字符。
C-f	前溯一个字符。

在大多数终端，你可以使用左右键分别代替*C-b* 和*C-f*。

编辑和再提交

text	在光标处插入文本*text*。
C-f *text*	在光标后插入*text*。
DEL	删除前面的字符(光标左侧)。
C-d	删除光标处的字符。
M-d	删除光标处单词以外的部分，并且“保存”它们。
C-k	删除光标到命令结束的部分，并且“保存”它们。
C-y	插入最后“保存”的文本。
C-t	转置光标处的文本。
M-l	将字符转换成小写字符。
M-c	将单词转换成大写。
RET	重新向R 提交命令。

最后的**RET** 命令将会终止命令行编辑。

附录4 概念索引

附录5 函数索引

附录6 参考文献

D. M. Bates and D. G. Watts (1988), *Nonlinear Regression Analysis and Its Applications.* John Wiley & Sons, New York.

Richard A. Becker, John M. Chambers and Allan R. Wilks (1988), *The New S Language.* Chapman & Hall, New York. This book is often called the "*Blue Book*".

John M. Chambers and Trevor J. Hastie eds. (1992), *Statistical Models in S.* Chapman & Hall, New York. This is also called the "*White Book*".

John M. Chambers (1998) *Programming with Data.* Springer, New York. This is also called the "*Green Book*".

A. C. Davison and D. V. Hinkley (1997), *Bootstrap Methods and Their Applications*, Cambridge University Press.

Annette J. Dobson (1990), *An Introduction to Generalized Linear Models*, Chapman and Hall, London.

Peter McCullagh and John A. Nelder (1989), *Generalized Linear Models.* Second edition, Chapman and Hall, London.

John A. Rice (1995), *Mathematical Statistics and Data Analysis.* Second edition. Duxbury Press, Belmont, CA.

S. D. Silvey (1970), *Statistical Inference.* Penguin, London.