

A:\17 Cloud\OneDrive\Documents\GitHub\r\_projekt\_chirurgie\scripts\02\_visualisierung\_v4.R

```
1 # -----
2 # 02_visualisierung.R
3 # Grafische Darstellung der Daten mit ggplot2
4 # inkl. Histogramme und kombinierter Beeswarmplot
5 cat("----- \n")
6 cat("02_visualisierung.R \n")
7 cat("----- \n")
8 # -----
9
10 # 1) Packages laden und installieren, wenn nötig
11 cat("🔍 Überprüfe, ob die Pakete ggplot2, ggbeeswarm und reshape2 installiert sind...\n")
12
13 # Warnungen vorübergehend deaktivieren
14 options(warn = -1)
15
16 # 1.1) ggplot2 Paket laden (automatisch installieren, wenn nötig)
17 if (!requireNamespace("ggplot2", quietly = TRUE)) {
18   install.packages("ggplot2")
19 }
20 library(ggplot2)
21
22 # 1.2) ggbeeswarm Paket laden (automatisch installieren, wenn nötig)
23 if (!requireNamespace("ggbeeswarm", quietly = TRUE)) {
24   install.packages("ggbeeswarm")
25 }
26 library(ggbeeswarm)
27
28 # 1.3) reshape2 Paket laden (automatisch installieren, wenn nötig)
29 if (!requireNamespace("reshape2", quietly = TRUE)) {
30   install.packages("reshape2")
31 }
32 library(reshape2)
33
34 cat("✅ Alle Pakete wurden erfolgreich geladen.\n")
35
36 # 2) Ordnerstruktur erstellen, wenn noch nicht vorhanden
37 cat("🔍 Überprüfe, ob der Ordner 'export/02_visualisierung' existiert...\n")
38 output_dir <- "export/02_visualisierung"
39
40 if (!dir.exists(output_dir)) {
41   dir.create(output_dir, recursive = TRUE)
42   cat("✅ Ordner wurde erstellt.\n")
43 } else {
44   cat("✅ Ordner existiert bereits.\n")
45 }
46
47 # 3) Einheitliches Theme für Plots
48 theme_white_report <- function(base_size = 14) {
49   theme_bw(base_size = base_size) +
50     theme(
51       plot.background = element_rect(fill = "white", color = NA),
52       panel.background = element_rect(fill = "white", color = "black"),
53       text = element_text(color = "black"),
54       axis.text = element_text(color = "black"),
55       axis.title = element_text(color = "black"),
56       plot.title = element_text(face = "bold")
57     )
58 }
59
60 # 4) Funktionen berechnen, je nach Aufgabenstellung
61 cat("📂 Lade den Datensatz 'chirurgische_komplikationen.RData'...\n")
62 load("data/chirurgische_komplikationen.RData")
63
64 # -----
65 # Histogramme
66
67 # Histogramm: Operationsdauer
68 p_hist_operationsdauer <- ggplot(daten, aes(x = Operationsdauer)) +
69   geom_histogram(binwidth = 20, fill = "lightblue", color = "black") +
70   labs(title = "Histogramm: Operationsdauer", x = "Minuten", y = "Frequenz") +
71   xlim(30, 300) +
72   theme_white_report()
73
74 # Histogramm: Blutverlust
75 p_hist_blutverlust <- ggplot(daten, aes(x = Blutverlust)) +
```

```

76 geom_histogram(binwidth = 20, fill = "lightgreen", color = "black") +
77 labs(title = "Histogramm: Blutverlust", x = "Milliliter", y = "Frequenz") +
78 xlim(30, 300) +
79 theme_white_report()
80
81 # Histogramm: Komplikationsrisiko
82 p_hist_komplikationsrisiko <- ggplot(daten, aes(x = Komplikationsrisiko)) +
83   geom_histogram(binwidth = 20, fill = "lightcoral", color = "black") +
84   labs(title = "Histogramm: Komplikationsrisiko", x = "Skalenwert", y = "Frequenz") +
85   xlim(30, 300) +
86   theme_white_report()
87
88 # Plots anzeigen und speichern
89 plots <- list(p_hist_operationsdauer, p_hist_blutverlust, p_hist_komplikationsrisiko)
90 names(plots) <- c("hist_operationsdauer.png", "hist_blutverlust.png", "hist_komplikationsrisiko.png")
91
92 for (plot_name in names(plots)) {
93   print(plots[[plot_name]]) # Plot im Reiter "Plots" anzeigen
94   ggsave(file.path(output_dir, plot_name), plot = plots[[plot_name]], width = 8, height = 6)
95 }
96
97 cat("✅ Alle Histogramme wurden erstellt und gespeichert.\n")
98
99 # -----
100 # Gemeinsamer Beeswarmplot für alle Merkmale
101
102 daten_long <- melt(daten,
103                   measure.vars = c("Operationsdauer", "Blutverlust", "Komplikationsrisiko"),
104                   variable.name = "Merkmal",
105                   value.name = "Wert")
106
107 p_beeswarm_all <- ggplot(daten_long, aes(x = Merkmal, y = Wert)) +
108   geom_beeswarm(priority = "density", color = "darkblue", size = 1.5, alpha = 0.6) +
109   labs(
110     title = "Beeswarmplot: Vergleich der Merkmale",
111     x = "Merkmal",
112     y = "Wert (30-300)"
113   ) +
114   ylim(30, 300) +
115   theme_white_report()
116
117 # Plot anzeigen und speichern
118 print(p_beeswarm_all) # Plot im Reiter "Plots" anzeigen
119 ggsave(file.path(output_dir, "beeswarm_alle_merkmale.png"),
120        plot = p_beeswarm_all, width = 9, height = 6)
121
122 cat("✅ Beeswarmplot für alle Merkmale wurde erstellt und gespeichert.\n")
123
124 # 5) Plots in R-Studio unter Reiter Plots ausgeben
125 cat("🖼️ Alle Plots werden in R-Studio unter dem Reiter 'Plots' angezeigt.\n")
126
127 # Nach dem Plot die Warnungen wieder aktivieren
128 options(warn = 0)
129

```