

# Testtheorie mit R

Martin Papenberg

# Testtheorie mit R

Autor: Martin Papenberg

E-Mail: [martin.papenberg@hhu.de](mailto:martin.papenberg@hhu.de)

„Testtheorie mit R“ wird regelmäßig erweitert. Die aktuelle Version kann unter <https://osf.io/y4a6k/> abgerufen werden.

Letzte Aktualisierung: 18. Juni 2021

## Lizenz



Dieses Dokument ist unter einer [Creative Commons Attribution 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/) veröffentlicht.

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einstieg</b>	<b>6</b>
1.1	Über dieses Skript	6
1.1.1	Feedback und Fehlermeldungen	7
1.1.2	Danksagung	7
1.2	Erste Schritte mit R	7
1.2.1	Die R-Konsole	8
1.2.2	Der Skript-Editor	9
1.2.3	Kommentare	9
1.3	Ausblick	9
<b>2</b>	<b>Vektoren</b>	<b>11</b>
2.1	Vektorisierung	14
2.2	Variablen	14
2.2.1	Ausgabe versus Abspeichern	16
2.2.2	Variablennamen	16
2.3	Datentypen von Vektoren	18
2.3.1	<code>character</code>	18
2.3.2	<code>logical</code>	19
2.3.3	<code>factor</code>	20
2.3.4	<code>NA</code>	22
2.4	Logische Vergleiche	22
2.4.1	Logische Vergleiche mit Vektoren vom Typ <code>character</code>	24
2.4.2	Komponentenweise Vergleiche	24
2.4.3	Anwendungsbeispiel: Überprüfe das Gesetz der großen Zahlen	25
2.4.4	Logische Operationen mit <code>NA</code>	28
2.4.5	Der <code>%in%</code> -Operator	29
2.5	Zugriff auf Vektorelemente	29
2.5.1	Der <code>[·]</code> -Zugriff	30
2.5.2	<code>[·]</code> -Zugriff mit einem logischen Vektor	30
2.5.3	<code>[·]</code> -Zugriff zum Ändern von Daten	31
2.6	Präzedenz	33
2.7	Zusammenfassung	35
2.8	Fragen zum vertiefenden Verständnis	35
<b>3</b>	<b><code>data.frames</code></b>	<b>36</b>
3.1	Die Funktion <code>data.frame()</code>	36
3.2	Zugriff auf eine einzelne Spalte: die <code>\$</code> -Notation	37
3.3	Zugriff auf Spalten und Zeilen: die <code>[·, ·]</code> -Notation	38
3.3.1	Spaltenauswahl von Items mit der Funktion <code>paste0()</code>	40
3.3.2	Spaltenauswahl von Items mit der Funktion <code>grep1()</code>	41
3.3.3	Komplexere logische Operationen zur Zeilenauswahl	42
3.3.4	Weitere Beispiele zur Verwendung der <code>[·, ·]</code> -Notation	42
3.4	Die Funktion <code>subset()</code>	44

3.4.1	Vereinfachte Zeilenauswahl	44
3.4.2	Funktionsargumente	45
3.4.3	Sonderregeln zur Auswahl von Spalten	48
3.4.4	Non-Standard-Evaluation	49
3.4.5	Umgang mit NA: <code>subset()</code> bevorzugt zur Zeilenauswahl	50
3.5	Weitere Zugriffe auf <code>data.frames</code>	52
3.5.1	Der <code>[[·]]</code> -Zugriff	52
3.5.2	Der <code>[·]</code> -Zugriff	52
3.5.3	Zugriff nach Name und Index	54
3.6	Nützliche Funktionen zum Arbeiten mit <code>data.frames</code>	55
3.6.1	Gruppierte Statistiken: <code>tapply()</code>	55
3.6.2	Datenstruktur: <code>nrow()</code> und <code>ncol()</code>	56
3.6.3	Wie sieht die Tabelle aus: <code>head()</code> und <code>tail()</code>	56
3.6.4	Zusammenfassung aller Spalten: Hilfe aus Zusatzpaketen	57
3.6.5	Sortieren: Die Funktion <code>arrange()</code> aus dem Paket <code>dplyr</code>	58
3.7	Zusammenfassung	59
3.8	Fragen zum vertiefenden Verständnis	60
<b>4</b>	<b>Erste psychometrische Auswertungen</b>	<b>61</b>
4.1	Summenwerte	62
4.2	Item-Schwierigkeiten	62
4.3	Item-Interkorrelationen	63
4.3.1	Exkurs: Programmatische Untersuchung der Korrelationsmatrix	63
4.4	Item-Trennschärfen	66
4.5	Cronbachs Alpha	68
4.6	Split-Half-Reliabilität	70
4.7	In der Praxis: Nutzung von Zusatzpaketen	71
<b>5</b>	<b>Aufarbeitung von Fragebogendaten</b>	<b>73</b>
5.1	Umkodierung von Antworten	73
5.1.1	Die Funktion <code>ifelse()</code>	74
5.1.2	Vektorisierung der Funktion <code>ifelse()</code>	75
5.2	Invertierung von Antworten	75
5.2.1	Invertierung mit <code>ifelse()</code>	77
5.3	Umgang mit fehlenden Werten	78
5.3.1	Identifikation von fehlenden Werten	79
5.4	Fragen zum vertiefenden Verständnis	82
<b>6</b>	<b>Funktionen</b>	<b>83</b>
6.1	Das Black-Box-Modell	83
6.2	Argumente	84
6.2.1	Die R-Hilfe	86
6.2.2	Namenlose Argumente	88
6.3	Rückgabewerte	89
6.4	Seiteneffekte	91

6.5	Selbst geschriebene Funktionen . . . . .	91
6.5.1	Definition der eigenen Funktion . . . . .	92
6.5.2	Lokale Variablen . . . . .	93
6.5.3	Optionale Argumente . . . . .	94
6.5.4	Wann schreibe ich meine eigene Funktion . . . . .	94
6.6	Fragen zum vertiefenden Verständnis . . . . .	94
<b>7</b>	<b>Schleifen</b>	<b>96</b>
7.1	Sequentielle Bepunktung von Testitems . . . . .	97
7.2	Berechnung von part-whole korrigierten Trennschärfen . . . . .	99
7.3	Datenspeicherung in einer Schleife . . . . .	100
7.3.1	Adressierung per Name . . . . .	100
7.3.2	Vektorspeicherung – Adressierung per Index . . . . .	101
<b>8</b>	<b>Anhang</b>	<b>103</b>
8.1	Daten einlesen . . . . .	103
8.2	Das Environment sauber halten . . . . .	104
8.2.1	Variablen löschen . . . . .	104
8.2.2	Mit einem sauberen Environment starten . . . . .	104
<b>9</b>	<b>Referenzen</b>	<b>106</b>

# 1 Einstieg

Das Skript „Testtheorie mit R“ bietet einen Einstieg in die statistische Programmiersprache R. Es wurde ursprünglich als Begleitmaterial für eine ein-semesterige Lehrveranstaltung im Master-Studiengang Psychologie an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf entworfen. Im Seminar wird kein R-Vorwissen vorausgesetzt. Ich habe das Skript in der Hoffnung öffentlich gemacht, dass es auch für andere R-Einsteiger nützlich sein kann.

R kann – unter anderem – als eine Alternative zur kommerziellen Statistik-Software IBM-SPSS verwendet werden. Anders als SPSS ist R *frei*, d.h. wir können es gratis aus dem Internet runterladen, auf beliebig vielen Computern installieren, und unsere Analysen mit jeder anderen Person teilen, da niemand eine Lizenz zur Nutzung benötigt. Da R mithilfe von *Paketen* beliebig erweitert werden kann, stehen neue statistische Verfahren häufig schnell zur Verfügung (etwa *Bayesianische Statistik*). Die Nutzung von R ist in den letzten Jahren **stark angestiegen**. Auch in der psychologischen Forschung **wird R immer mehr zum Standard**. Inzwischen ist es normal, dass Datensätze zusammen mit R-Code zur Reproduzierbarkeit von Forschungsergebnissen auf offenen Internetportalen wie dem *Open Science Framework* zur Verfügung gestellt werden. Etwa **hier** findet sich öffentlicher R-Code aus einem meiner eigenen Forschungsprojekte. Mithilfe von **R Markdown** können sogar Forschungsberichte erstellt werden, bei denen die Datenauswertung per R-Code direkt im Text integriert wird. Das geht sogar **im APA-Format**. Dieses Skript selbst wurde ebenfalls mit R und R Markdown erstellt. Die Quelldateien, die zur Erstellung des Skripts verwendet wurden, finden sich unter <https://github.com/m-Py/Testtheorie-R>.

Wir lernen die Nutzung von R anhand von Beispielen der psychologischen Diagnostik beziehungsweise der Testtheorie kennen. Dabei werden auch echte Datensätze verwendet, beispielsweise ein Datensatz zum *Narcissistic Personality Inventory*, der online frei über das „Open Source Psychometrics Project“ (<https://openpsychometrics.org/>) verfügbar ist.

## 1.1 Über dieses Skript

Dieses Skript wurde als Begleitmaterial für eine Lehrveranstaltung konzipiert. Die Veranstaltung selbst hat einen starken praktischen Anteil; in jeder Woche werden Übungsaufgaben in R bearbeitet. Das Skript bietet den theoretischen Unterbau zu den Übungen. Die Übungen des Seminars und die zur Bearbeitung nötigen Daten – wie auch der jeweils aktuelle Stand dieses Skripts – können unter <https://osf.io/y4a6k/> abgerufen werden. Unter <https://m-py.github.io/TesttheorieR/> findet sich eine online lesbare Version des Skripts. Das Skript wird stetig aktualisiert; diese Version wurde am 18. Juni 2021 erstellt.

Wer R lernen möchte, muss sich klar machen, dass die reine Aufarbeitung einer oder mehrerer schriftlicher Lektüren zu diesem Zweck nicht ausreicht. Die praktische Anwendung – das Ausprobieren und „Rumspielen“ – sollte einen mindestens genau so großen Anteil haben. Erst durch die Fehler, die man beim praktischen Arbeiten macht – und die macht man immer –, lassen sich die eigenen R-Fertigkeiten weiterentwickeln.

Insgesamt gilt: Das Skript und die Übungen stellen nur eine kleine Auswahl dessen vor, was R bietet. Notwendigerweise werden Inhalte ausgelassen. Bei der Darstellung wird vor allem Wert

auf die inhaltliche Sinnhaftigkeit und Verständlichkeit gelegt; dafür kann es vorkommen, dass – wenn angemessen – Kompromisse bei der technischen Genauigkeit eingegangen werden. Kapitel 2 enthält beispielsweise eine Beschreibung verschiedener Datentypen in R (Zahlen, Text etc.). Diese Liste deckt zwar die für uns wichtigsten Datentypen ab, ist aber nicht vollständig. Aus inhaltlichen Gründen folgt sie außerdem nicht der R-internen „technischen“ Kategorisierung. Auch hat R für so gut wie jede allgemeine Regel mindestens eine Ausnahme. Auf solche Spezialfälle werde ich bei der Beschreibung allgemeiner Grundsätze der Programmiersprache R nicht immer Rücksicht nehmen. Das Skript ist so ausgelegt, dass ein Grundstein an Kenntnissen gelegt wird, jedoch erfordert die Meisterung von R noch weitere eigenständige Einarbeitung.

### 1.1.1 Feedback und Fehlermeldungen

Für Feedback und eine Rückmeldung bei der Entdeckung von Fehlern im Skript (auch und insbesondere bei der Entdeckung einfacher Rechtschreibfehler, doppelter oder fehlender Wörter, fehlender Kommas etc.) bin ich sehr dankbar! Meldungen können mir an [martin.papenberg@hhu.de](mailto:martin.papenberg@hhu.de) gesendet werden.

### 1.1.2 Danksagung

Ich danke Juli Tkotz für ihre wertvollen Beiträge und ihr nützliches Feedback zum Skript. Hanna Siegers, Marlene Wettstein, Frank Calio, Ingo Weigel, Katharina Sophie Apenbrink, Jutta Peterburs, Sara Vera Brockhaus und Sophie Schalberger danke ich für Fehlermeldungen.

Zur Erstellung des Skripts wurden R (R Core Team, 2018) und die R-Pakete *bookdown* (Xie, 2016), *knitr* (Xie, 2015), *rmarkdown* (Allaire u. a., 2017) genutzt.

## 1.2 Erste Schritte mit R

Im Seminar nutzen wir die „integrierte Entwicklungsumgebung“ (engl: integrated development environment; *IDE*) RStudio, um mit R zu arbeiten. Zum Nachvollziehen des Skripts und der Übungen solltet ihr deswegen RStudio auf eurem eigenen Rechner/Laptop installieren.<sup>1</sup> Das geht über diesen Link:

<https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/#download>

Vermutlich wollt ihr eine Installationsdatei für Windows herunterladen, es gibt aber auch Optionen für Linux und Mac. Dafür schaut ihr unter „Installers for Supported Platforms“ beispielsweise unter „RStudio 1.1.442 - Windows Vista/7/8/10“.

**Wichtig:** RStudio ist nur die R-Umgebung, die wir nutzen, aber nicht die Programmiersprache R selbst. R muss noch einmal unter <https://cran.r-project.org/> gesondert heruntergeladen werden.

Hier könnt ihr beispielsweise über „Download R for Windows“ → „install R for the first time“ gehen.

---

<sup>1</sup>Falls ihr eine andere Umgebung benutzt, ist das natürlich auch kein Problem. Alternativen sind beispielsweise *rkward* (<https://rkward.kde.org/>) oder *emacs ESS* (<https://ess.r-project.org/>).

### 1.2.1 Die R-Konsole

Wenn wir R und RStudio installiert haben, können wir unsere ersten Schritte mit R nehmen. Dafür geben wir R-Code in die sogenannte Konsole ein. Im Normalfall finden wir in RStudio die Konsole in der Anzeige auf der linken Seite (je nachdem, wie ihr RStudio geöffnet habt, befindet sich die Konsole auch links unten). Wir erkennen die Konsole daran, dass die Zeile, in die wir unsere R-Befehle eintragen, mit einem > beginnt. Diese spitze Klammer fordert uns zum Eingeben von R-Code auf. Um unseren ersten R-Befehl auszuführen, schreiben wir Folgendes in die Konsole und drücken **Enter**:

```
> "Hallo Welt!"
```

Wenn folgende Ausgabe erscheint, hat die Installation funktioniert:

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

Wir können die Arbeit mit R beziehungsweise der R-Konsole als Kommunikation verstehen: Wir teilen R etwas mit, und R gibt uns dazu passend etwas zurück – **wenn unsere Anfrage ein *syntaktisch* korrekter R-Befehl war**. Andernfalls gibt R eine Fehlermeldung aus. Zum Beispiel können wir die R-Konsole als Taschenrechner benutzen:

```
1 + 3
```

```
[1] 4
```

```
3 - 17
```

```
[1] -14
```

```
3 * 2
```

```
[1] 6
```

```
3^2
```

```
[1] 9
```

```
3^2 + 4^2
```

```
[1] 25
```

```
10 / 5
```

```
[1] 2
```

```
# Auf Klammerung achten:
```

```
(3 + 5) / 2
```

```
[1] 4
```

```
3 + 5 / 2
```

```
[1] 5.5
```



### 1.2.2 Der Skript-Editor

Zumeist werden wir R-Code nicht nur in der Konsole schreiben und ausführen. Wenn wir einen Befehl in der Konsole geschrieben und mit **Enter** ausgeführt haben, ist er ja quasi verschwunden.<sup>2</sup> Um Analysen übersichtlich, nachvollziehbar und reproduzierbar zu gestalten, speichern wir unseren Code in sogenannten Quellcode-Dateien ab. Dafür gibt es in RStudio (und auch in anderen R-Umgebungen) einen Texteditor. Wir können eine neue Quellcode-Datei unter „Datei → Neue Datei → R Skript“ öffnen. Darin können wir unseren R-Code schreiben und permanent auf unserem Computer abspeichern (und ggf. mit anderen Personen teilen). Textdateien, die R-Code enthalten, speichern wir mit der Dateiendung „.r“ oder „.R“ ab.

Das Praktische: Wenn wir Code im Editor schreiben, können wir ihn auch direkt von dort ausführen; wir müssen ihn nicht noch einmal in die Konsole „copy-pasten“. Das funktioniert so: Wenn sich mein Cursor in einer Zeile befindet und ich **STRG-Enter** drücke, wird der Code in dieser Zeile ausgeführt. Wenn ich einen Code-Abschnitt markiere, kann ich ebenso mit **STRG-Enter** genau diesen Abschnitt ausführen. Der Code wird in diesen Fällen an die Konsole gesendet, die dann die Ausführung des Codes für uns übernimmt.

### 1.2.3 Kommentare

Wenn ein **#**-Symbol in die Konsole oder den Skript-Editor geschrieben wird, wird der Rest dieser Zeile nicht mehr interpretiert, das heißt nicht als R-Code ausgeführt. Beispiel:

```
# 5 + 5
# nichts ist passiert - `R` gibt mir nicht 10 aus
```

Man nutzt **#**, um Code zu „kommentieren“, das heißt um zu erklären und zu dokumentieren, was der geschriebene Code macht. Diese Kommentare fügt man in den Quelldateien ein, in denen man die eigenen Analysen abspeichert. Dieses Skript enthält viel R-Code,<sup>3</sup> den ich stets kommentiere. (Ich habe die Angewohnheit, ein doppeltes **##** am Anfang einer Zeile zu benutzen, aber das hat keinerlei Bedeutung.) Gewöhnt euch ebenfalls an, **immer** euren eigenen Code zu kommentieren. Das gilt sowohl für „richtige“ Projekte als auch für Übungsaufgaben. Das Kommentieren von Code ist vor allem nützlich, um anderen Personen euren Code zugänglich und verständlich zu machen. Im häufigsten Fall seid ihr selbst in zwei Wochen diese „andere“ Person.

## 1.3 Ausblick

In den ersten zwei Kapiteln beschäftigen wir uns damit, wie R Daten darstellt. Dabei betrachten wir zunächst die grundlegendste Datenstruktur, den Vektor (**Kapitel 2**). Danach

---

<sup>2</sup>Praktisch: Wenn ich mich in der Konsole befinde, kann ich mit den Pfeil-Tasten (vor allem wichtig: Pfeil-nach-oben) auf meine letzten Befehle wieder zugreifen. Probiert es aus.

<sup>3</sup>Codeblöcke im Skript bestehen immer aus dem eigentlichen Code (dieser ist leicht grau hinterlegt) und der *Ausgabe*, die bei Eingabe des Codes auch so in der R-Konsole erscheinen würde. Den Code könnt ihr auch selbst per Copy & Paste nachvollziehen (was ich auch empfehle). Die Ausgabe des Codes erkennt ihr meistens daran, dass sie mit **[1]** startet; so wird in der R-Konsole das erste Element der Ausgabe eines Vektors gekennzeichnet (siehe Kapitel 2).

lernen wir `data.frames` kennen (**Kapitel 3**) – also Datentabellen, wie wir sie auch aus Excel oder SPSS kennen. In **Kapitel 4** werden wir psychometrische Datenauswertungen durchführen und dabei das Wissen anwenden, das wir zuvor erworben haben. In **Kapitel 5** lernen wir, wie wir mit Rohdaten aus Fragebögen umgehen, also fehlende Werte auszuschließen und Antworten umzukodieren. In den **Kapiteln 6 und 7** lernen wir mit Funktionen und Schleifen wichtige Programmiersprachenelemente kennen und werden sehen, wie wir damit unsere Arbeit automatisieren können.

## 2 Vektoren

Die einfachste und wichtigste Datenstruktur von R ist der *Vektor*. Ein Vektor ist beispielsweise eine einzelne Zahl wie in den Taschenrechner-Berechnungen in Kapitel 1. So gilt für die Berechnung  $1 + 3$ :

- 1 ist ein Vektor
- 3 ein Vektor
- das Ergebnis 4 ist auch ein Vektor

Das Interessante an Vektoren ist, dass der ein-elementige Vektor nur ein Spezialfall ist. Im Normalfall können Vektoren mehrere Elemente enthalten; die „atomare“ Einheit in R ist also nicht ein einzelnes Element, sondern gleich eine Aneinanderreihung beliebig vieler<sup>4</sup> gleichartiger Elemente, etwa Zahlen. Statistische Berechnungen – wie die Berechnung eines Mittelwerts oder einer Standardabweichung – lassen sich direkt auf einer Menge an Daten durchführen, da diese in **einem** Vektor gespeichert sind. Diese „Vektorbasiertheit“ ist vermutlich die größte Stärke von R für statistische Berechnungen.

Elemente zu Vektoren zusammenfügen (sprich: **mehrere** Vektoren zu **einem** Vektor zusammenfügen) funktioniert mit der *Funktion* `c()` – die vermutlich basalste Funktion in R. Sie ist so simpel und grundlegend, dass man sie gegebenenfalls vergisst, wenn man sie braucht – versucht, sie zu erinnern!

```
## Füge mehrere Zahlen zu einem Vektor zusammen:  
c(0.5, 1, 1.5) # Kommazahlen mit DezimalPUNKT schreiben
```

```
[1] 0.5 1.0 1.5
```

Man kann die Funktion `c()` auch auf eine einzelne Zahl anwenden. Das ist dasselbe als würde man nur die Zahl eingeben:

```
c(1)
```

```
[1] 1
```

Folgendes geht auch, da `c()` mehrere Vektoren zu **einem einzelnen** Vektor „verschmilzt“:

```
c(0.5, 1, 1.5, c(1, 2, 3))
```

```
[1] 0.5 1.0 1.5 1.0 2.0 3.0
```

Auf mehrelementigen Vektoren kann man statistische Berechnungen durchführen, wie etwa die Bestimmung des arithmetischen Mittels, einer Standardabweichung, der Varianz, oder des Minimums oder Maximums:<sup>5</sup>

```
## Berechne einen Mittelwert  
mean(c(0.5, 1, 1.5))
```

---

<sup>4</sup>Interessanterweise gibt es sogar Vektoren der Länge 0 – also Vektoren, die gar kein Element beinhalten. Das soll uns aber erst einmal nicht beschäftigen.

<sup>5</sup>R würde oft auch bei einelementigen Vektoren ein Ergebnis ausgeben, aber das ist zum Beispiel beim Mittelwert wenig sinnvoll.

```
[1] 1
```

```
## Berechne eine Standardabweichung  
sd(c(0.5, 1, 1.5))
```

```
[1] 0.5
```

```
## Berechne eine Varianz:  
var(c(0.5, 1, 1.5))
```

```
[1] 0.25
```

```
## Und jetzt noch einmal die Standardabweichung:  
sqrt(var(c(0.5, 1, 1.5))) # was ist `sqrt`?
```

```
[1] 0.5
```

```
## Minimum:  
min(c(0.5, 1, 1.5))
```

```
[1] 0.5
```

```
## Maximum:  
max(c(0.5, 1, 1.5))
```

```
[1] 1.5
```

In diesem Code-Block haben wir implizit einen wichtigen Bestandteil von R kennengelernt: *Funktionen*. Für den Einstieg reicht es für uns, folgende Eigenschaften von Funktionen zu verstehen:

- Funktionen haben einen Namen – etwa: `mean` oder `c`
- Hinter dem Namen einer Funktion werden in Klammern ein oder mehrere *Argumente* übergeben, etwa: ein Vektor
- Wenn einer Funktion mehrere Argumente übergeben werden, werden diese mit Kommata separiert, etwa: `c(1, 2, 3)`
- Funktionen führen mit den übergebenen Daten eine Berechnung durch und geben uns das Ergebnis zurück

Einfach gesagt nehmen also Funktionen Daten entgegen und geben wiederum Daten zurück. Der Großteil unserer Arbeit mit R ist die Anwendung von Funktionen. Es ist möglich, Funktionsaufrufe zu verschachteln, wie dieses Beispiel zeigte:

```
sqrt(var(c(0.5, 1, 1.5)))
```

Hier wertet die Funktion `sqrt()` (die Wurzel; engl. *square root*) das Ergebnis der Funktion `var()` aus, um eine Standardabweichung zu bestimmen. Der Aufruf ist also äquivalent zu `sqrt(0.25)`, da die Varianz von 0.5, 1, und 1.5 gleich 0.25 ist. Diese Beobachtung offenbart eine weitere wichtige Eigenschaft von R: Wir können unseren Code immer als das verstehen, was er ergibt, wenn er von R ausgewertet wird. Es macht keinen Unterschied, ob ich das Ergebnis einer Berechnung selber „händisch“ aufschreibe – also hier 0.25 –, oder Code schreibe,

der mir dieses Ergebnis generiert – hier: `var(c(0.5, 1, 1.5))`.

Eine nützliche und oft verwendete Kurzform, um Vektoren aufsteigender, ganzer Zahlen zu erstellen ist folgende:

```
1:20
```

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

So lässt sich beispielsweise sehr einfach die Summe aller Zahlen von 1 bis 1,000 berechnen:

```
sum(1:1000)
```

```
[1] 500500
```

Wir können auch absteigende Sequenzen erstellen:

```
5:-5
```

```
[1] 5 4 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5
```

Diese Tabelle enthält einige nützliche Funktionen, die auf Vektoren anwendbar sind (in R-Jargon: sie nehmen einen Vektor als *Argument* an) und jeweils selber auch einen Vektor zurückgeben:

Name	Funktionalität
<code>mean</code>	Berechnet den Mittelwert eines Vektors
<code>median</code>	Berechnet den Median eines Vektors
<code>sum</code>	Berechnet die Summe aller Elemente eines Vektors
<code>max</code>	Gibt den größten Wert eines Vektors zurück
<code>min</code>	Gibt den kleinsten Wert eines Vektors zurück
<code>length</code>	Gibt die Zahl der Elemente eines Vektors zurück
<code>sd</code>	Berechnet die Standardabweichung eines Vektors
<code>var</code>	Berechnet die Varianz eines Vektors
<code>sort</code>	Sortiert einen Vektor aufsteigend
<code>rev</code>	Kehrt die Reihenfolge der Elemente im Vektor um
<code>round</code>	Rundet die Elemente in einem Vektor
<code>sqrt</code>	Berechnet für jedes Element im Vektor die Quadratwurzel
<code>unique</code>	Gibt alle unterschiedlichen Werte eines Vektors aus

Für die Funktionen in dieser Tabelle gilt, dass sie zwar alle einen Vektor zurückgeben, aber die Länge des Ausgabevektors unterschiedlich sein kann. Die Funktionen `mean()` und `sum()` ergeben etwa Vektoren der Länge 1, da sie genau einen Kennwert bestimmen. Die Funktionen `sort()`, `sqrt()` und `round()` geben hingegen einen Vektor zurück, der aus genauso vielen Elementen besteht wie der Eingabevektor.

## 2.1 Vektorisierung

Basale mathematische Berechnungen werden gleich auf alle Elemente eines Vektors angewendet:

```
1:10 * 2
```

```
[1]  2  4  6  8 10 12 14 16 18 20
```

```
(1:10 * 2) - 1
```

```
[1]  1  3  5  7  9 11 13 15 17 19
```

Hierbei werden die Operationen `* 2` bzw. `-1` direkt auf alle Elemente der Vektoren `1:10` bzw. `(1:10 * 2)` angewendet; die Ausgabe ist jeweils ein Vektor der Länge 10. Bei gleich langen Vektoren werden solche Operationen im Allgemeinen **komponentenweise** angewendet:

```
2:4 * 4:6 # entspricht c(2*4, 3*5, 4*6)
```

```
[1]  8 15 24
```

Dieses Verhalten ist typisch für R: Viele Funktionen und Operationen in R arbeiten komponentenweise, wenn zwei Vektoren gleicher Länge übergeben werden. Das Element an Position 1 im einen Vektor wird dann mit dem Element an Position 1 im anderen Vektor gepaart, das Element an Position 2 im einen Vektor mit dem Element an Position 2 im anderen Vektor – und so weiter.

Werden ein ein-elementiger Vektor und ein mehr-elementiger Vektor mit einer Berechnung (etwa einer Addition) verknüpft, wird normalerweise das einzelne Element mit allen Elementen des anderen Vektors „gepaart“.

Wir werden nur diese Fälle betrachten: Entweder wird ein ein-elementiger Vektor mit einem längeren Vektor verknüpft oder zwei gleich lange Vektoren werden miteinander verknüpft. Es ist auch möglich, andere Kombinationen von Vektorlängen zu paaren, was wir jedoch erst einmal vernachlässigen; interessierte Leser können die folgenden Befehle in die R-Konsole eingeben und beobachten, was passiert.

```
c(1,2) * 1:4
```

```
c(1,2) * 1:3
```

## 2.2 Variablen

Wir wollen unsere Daten nicht nur in der Konsole ausgeben lassen, sondern auch abspeichern und damit arbeiten. Ein essentieller Bestandteil einer jeden Programmiersprache ist es, Daten in Variablen abzuspeichern. Variablen sind Namen, mit deren Hilfe wir auf gespeicherte Daten zugreifen. Wenn wir Daten in einer Variablen abgespeichert haben, können wir unter dem Namen der Variablen immer wieder darauf zugreifen. In R funktioniert das mit der Zuweisung `<-`.

```
## Speichert einen Vektor in einer Variablen:  
meinVektor <- c(1, 2, 6, 7, 10)
```

Ich kann den Inhalt von Variablen in der R-Konsole ausgeben lassen, wenn ich den Namen der Variablen in die Konsole schreibe und **Enter** drücke:

```
meinVektor
```

```
[1] 1 2 6 7 10
```

Ich kann Variablen in Berechnungen verwenden:

```
meinVektor * 2
```

```
[1] 2 4 12 14 20
```

Ich kann Funktionen auf Variablen anwenden und das Ergebnis der Funktion wiederum in einer Variablen speichern:

```
xx <- mean(meinVektor)
```

```
## "Zentrierter" numerischer Vektor:  
meinVektor - xx
```

```
[1] -4.2 -3.2 0.8 1.8 4.8
```

Variablen können an jeder Stelle verwendet werden, an der man Daten sonst „händisch“ eingeben würde. Wir können jegliche Objekte – nicht nur Vektoren, sondern auch Datentabellen oder beliebig komplizierte Ergebnisse von Berechnungen – in Variablen speichern. Der Workflow in R ist so ausgelegt, dass Zwischenergebnisse weiterverwendet werden können. Hierbei unterscheidet es sich fundamental von SPSS, das einen Unterschied zwischen Daten und „Output“ macht. In R kann das Ergebnis jeglicher Berechnung als Input einer anderen Berechnung dienen.

**Merke:** In R kann (fast) alles in Variablen gespeichert und weiterverwendet werden.

Wir können auch mit einem Gleichzeichen = Daten zu Variablen zuweisen. Das funktioniert genauso wie mit <-:

```
foo = 1:2  
foo
```

```
[1] 1 2
```

In R hat sich aus historischen Gründen die Konvention durchgesetzt, <- zu verwenden, die ich in diesem Skript auch befolgen werde. In vielen anderen Programmiersprachen werden Variablen mit Gleichzeichen zugewiesen.

### 2.2.1 Ausgabe versus Abspeichern

Wir haben jetzt zwei verschiedene Möglichkeiten kennengelernt, Objekte<sup>6</sup> in R zu verwenden:

1. Wir geben Objekte in der Konsole aus.
2. Wir speichern Objekte in einer Variable ab.

Diese beiden Verwendungen sind **fundamental** unterschiedlich. Das mag erst einmal trivial erscheinen, aber ist im Einzelfall nicht unbedingt ersichtlich. Betrachten wir das folgende Beispiel:

```
bar <- c(3, 2, 6, 3, 9, 5, 7, -3)
sort(bar)
```

```
[1] -3  2  3  3  5  6  7  9
```

Die Funktion `sort()` sortiert den numerischen Vektor `bar` aufsteigend. Wie sieht der Vektor `bar` nach der Operation aus? Es gibt zwei Möglichkeiten:

1. `bar` enthält den sortierten Vektor, den ich mithilfe von `sort(bar)` erstellt habe
2. `bar` enthält den unsortierten Vektor, den ich vor der Operation `sort(bar)` erstellt habe

Wir können die Frage leicht klären, indem wir `bar` in der Konsole ausgeben:

```
bar
```

```
[1]  3  2  6  3  9  5  7 -3
```

Offensichtlich hat `sort(bar)` den Vektor, der in der Variablen `bar` gespeichert ist, nicht geändert. Das ist eine fundamentale Eigenschaft der Programmiersprache R: **Funktionen nehmen Daten an und sie geben Daten zurück – sie verändern aber nicht die eingegebenen Daten.** Wenn wir wollen, dass `bar` die Zahlenfolge in sortierter Reihenfolge enthält, können wir die folgende Befehlskette verwenden:

```
bar <- c(3, 2, 6, 3, 9, 5, 7, -3)
bar <- sort(bar)
```

In diesem Fall geht der Ursprungsvektor verloren und wir behalten nur den sortierten Vektor. Generell gilt: wenn wir Daten in der Konsole ausgeben lassen, verschwinden diese sozusagen im „Nirvana“. Wenn wir mit Daten weiterarbeiten wollen, müssen wir die Ausgabe einer Funktion in einer Variablen speichern. Beide Verwendungszwecke sind denkbar: Manchmal benötige ich nur die Ausgabe einer Berechnung, manchmal möchte ich das Ergebnis abspeichern.

### 2.2.2 Variablennamen

Generell bestehen Variablennamen aus Buchstaben und Zahlen und den Zeichen `.` und `_`. Folgende Einschränkungen sind zu beachten:

- Variablennamen dürfen keine Leerzeichen enthalten

---

<sup>6</sup>Bis jetzt kennen wir nur das Vektor-Objekt. In R gibt es aber ganz verschiedene „Datencontainer“, die allgemein als Objekte bezeichnet werden.



- `bla bla <- c(1, 2)` funktioniert nicht
- `blabla <- c(1, 2)` funktioniert
- Variablennamen dürfen nicht mit einer Zahl starten
  - `1bla <- c(1, 2)` funktioniert nicht
  - `bla1 <- c(1, 2)` funktioniert
- Variablennamen dürfen keine Sonderzeichen außer `_` oder `.` enthalten
  - `bla-bla <- c(1, 2)` funktioniert nicht
  - `bla%bla <- c(1, 2)` funktioniert nicht
  - `bla_bla <- c(1, 2)` funktioniert
  - `bla.bla <- c(1, 2)` funktioniert
- `bla <- 1` ist nicht das Gleiche wie `Bla <- 1` oder gar `BLA <- 1`
- Vermeidet Umlaute in Variablennamen. R wird diese zwar akzeptieren, aber ich würde dennoch davon abraten, sie zu nutzen.

Eine fundamentale Schwierigkeit beim Programmieren ist das Finden *guter* Variablennamen; `bla` und `blabla` sind denkbar schlechte Variablennamen. Gute Variablennamen *sprechen*, d.h. sie machen eine Aussage darüber, was für Daten sie beinhalten.

```
## Schlechter Variablenname:
```

```
foo <- mean(age)
```

```
## Ggf. etwas besser:
```

```
mean_age <- mean(age)
```

Beachtet **immer** folgende Regel: Variablennamen sollten nicht lügen, also verwendet niemals einen Namen der folgenden Art:

```
mean_age <- sd(age) # Niemals machen!
```

Man ist schnell geneigt einen unsinnigen Variablennamen zu vergeben, um keine Zeit mit der Namensfindung zu verschwenden – man hat ja schließlich wichtigen Code zu schreiben! Man sollte sich jedoch so gut wie immer kurz Zeit nehmen, einen sinnigen Namen zu finden – das zukünftige Selbst wird es einem danken. Unsinnige Variablennamen sind in Ordnung, wenn man sich zu 100% sicher ist, dass man die Variable nach einmaliger Nutzung nicht mehr verwendet. Wenn man eine Variable nicht mehr benutzen möchte, kann man sie mit der `rm()` Funktion löschen:

```
foo <- 1:10 # Wegwerfvariable
```

```
rm(foo)
```

```
foo
```

```
Fehler: Objekt 'foo' nicht gefunden
```

Weiterhin ist es guter Stil *konsistent* in der Vergabeung der Variablennamen zu sein. Variablennamen sollen einen semantischen Gehalt haben, das heißt sie machen eine Aussage darüber, welche Daten sie enthalten. Häufig ist diese Information nicht in einem Wort erklärbar. Um auszusagen, dass eine Variable „das mittlere Alter“ enthält, müssen mindestens die Anteile „mittel“ und „Alter“ enthalten sein. Wie soll das verknüpft werden? Verschiedene

Konventionen existieren; wichtig ist, dass ihr euch konsistent für eine Variante entscheidet.<sup>7</sup>

```
## Mögliche Konventionen der Namensgebung von Variablen:
```

```
mean_age <- mean(age)
```

```
mean.age <- mean(age)
```

```
meanAge  <- mean(age)
```

```
## keine gute Konvention:
```

```
meanage  <- mean(age)
```

## 2.3 Datentypen von Vektoren

In R hat jeder Vektor genau einen Datentyp. Bis jetzt haben wir nur mit dem Datentyp Zahl gearbeitet, der in R „numeric“ heißt. Der Datentyp eines Vektors bestimmt, was für Operationen wir damit durchführen können. Vektoren vom Typ `numeric` etwa kann man addieren, multiplizieren und so weiter. Mit der Funktion `mode` können wir überprüfen, welchen Datentyp ein Vektor hat:

```
mode(1:10)
```

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

In diesem Abschnitt werden weitere Datentypen behandelt, die wir nutzen, um unterschiedliche Informationen darzustellen.

### 2.3.1 character

Der Datentyp für Text heißt `character`. Text wird mit doppelten oder einfachen Anführungszeichen angegeben:

```
"Hallo Welt!" # doppelte Anführungszeichen
```

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

```
mein_text <- 'bla bla bla' # einfache Anführungszeichen
```

```
## zwei-elementiger Vektor vom Typ character:
```

```
mein_text2 <- c("Cronbachs", "Alpha")
```

Mit Texten können wir andere Operationen durchführen als mit Zahlen, etwa ergibt Folgendes eine Fehlermeldung<sup>8</sup> und ergibt auch gar keinen Sinn, da man Text nicht mit einer Zahl multiplizieren kann:

```
"bla" * 2
```

```
Fehler in "bla" * 2 : nicht-numerisches Argument  
für binären Operator
```

---

<sup>7</sup>Ich werde von dieser Regel in diesem Skript abweichen.

<sup>8</sup>Leider sind Fehlermeldungen in R oftmals sehr kryptisch und gerade für Anfänger schwer verständlich.

In erster Linie werden wir Vektoren vom Typ `character` für Datenzugriffe verwenden; im Speziellen werden wir sie einsetzen, um Spalten in Datentabellen zu adressieren, da Spalten normalerweise per Namen angesteuert werden (siehe [Kapitel 3](#)).

### 2.3.2 logical

Es hat sich als nützlich erwiesen, einen Datentyp einzuführen, der „Wahrheit“ kodiert. Dieser Datentyp wird in R „logical“ genannt; er kennt nur die Ausprägungen `TRUE` und `FALSE`. Eine sonst gängige Bezeichnung für diesen Datentyp ist auch „boolean“.

```
wahr <- TRUE
falsch <- FALSE
```

Im Allgemeinen interpretieren wir `TRUE/FALSE` als logische Bedingungen, die entweder erfüllt sind oder nicht. Ist die Ampel grün? Hat die Versuchsperson eine Reaktionszeit von 2000ms oder mehr? Ist der Kuchen schon 60 Minuten im Ofen? Wir werden häufig vom Typ `logical` Gebrauch machen, wenn wir in Datentabellen Fälle auswählen; dann wird jeweils überprüft, welche Fälle die gewünschten Bedingungen erfüllen und anhand dessen findet eine Auswahl statt (etwa: wähle alle weiblichen oder männlichen Teilnehmer/innen in einer Umfrage aus).

Mit logischen Werten kann man die logischen Operationen UND (in R: `&`), ODER (in R: `|`) und NICHT (in R: `!`) umsetzen. UND und ODER verknüpfen jeweils zwei logische Bedingungen (sprich: zwei logische Werte, also `TRUE/FALSE`) miteinander und geben selbst einen logischen Wert zurück. UND gibt dann `TRUE` aus, wenn beide Bedingungen erfüllt sind, also nur dann, wenn die erste **und** die zweite Bedingung erfüllt ist:

```
## Logisches UND
TRUE & TRUE
```

```
[1] TRUE
```

```
TRUE & FALSE
```

```
[1] FALSE
```

```
FALSE & FALSE
```

```
[1] FALSE
```

ODER ist etwas weniger streng und gibt auch dann schon `TRUE` aus, wenn mindestens eine Bedingung erfüllt ist, also wenn die erste **oder** die zweite Bedingung erfüllt ist:

```
## Logisches ODER
TRUE | TRUE
```

```
[1] TRUE
```

```
TRUE | FALSE
```

```
[1] TRUE
```

```
FALSE | FALSE
```

```
[1] FALSE
```

Beachtet, dass ODER immer TRUE ausgibt, wenn mindestens eine Bedingung erfüllt ist; also auch dann, wenn beide Bedingungen erfüllt sind – es ist kein umgangssprachliches entweder/oder.

Das logische NICHT invertiert die Eingabe: Aus TRUE wird FALSE und umgekehrt.

```
## Logisches NICHT
```

```
!TRUE
```

```
[1] FALSE
```

```
!FALSE
```

```
[1] TRUE
```

Die logischen Operationen UND und ODER arbeiten komponentenweise auf Vektoren, die mehr als ein Element enthalten:

```
c(TRUE, FALSE, FALSE) & c(TRUE, TRUE, FALSE)
```

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

```
c(TRUE, FALSE, FALSE) | c(TRUE, TRUE, FALSE)
```

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

Auch das logische NICHT arbeitet vektorisiert. Es kann auf einen logischen Vektor angewendet werden, der beliebig viele Elemente enthält und kehrt alle Elemente darin um:

```
!c(TRUE, FALSE)
```

```
[1] FALSE TRUE
```

Während die Operationen UND, ODER und NICHT an dieser Stelle nur abstrakt eingeführt werden, werden wir in weiteren Abschnitten ([Kapitel 2](#) und [Kapitel 3](#)) noch lernen, wie wir logische Bedingungen verwenden, um gezielt Daten mit bestimmten Eigenschaften auszuwählen.

### 2.3.3 factor

Vektoren vom Typ **factor** stellen kategoriale Variablen dar – etwa die unabhängigen Variablen in einer Varianzanalyse. Mithilfe der Funktion **factor()** können wir einen Vektor vom Typ **factor** erstellen:

```
laune <- c(1, 2, 3, 1, 2, 1)
```

```
laune_faktor <- factor(  
  laune,
```

```
1:3,
c(":((", " :) ", ":D")
)
```

```
laune_faktor
```

```
[1] :( :) :D :( :) :(
Levels: :( :) :D
```

Die Funktion `factor()` wandelt die numerischen Werte im Vektor `laune` in den Typ `factor` um. Das heißt: Den numerischen Kategorien (1, 2 und 3) in `laune` wird eine textuelle Beschreibung zugeordnet, hier umgesetzt durch unterschiedlich fröhliche Smileys. Es macht nur dann Sinn einen Vektor vom Typ `factor` anzulegen, wenn eine numerische Variable eine vordefinierte Zahl an Ausprägungen aufweist. Welche Ausprägungen im Eingangsvektor in diesem Fall möglich sind habe ich mit dem zweiten Argument – `1:3` – spezifiziert.

Die Darstellung als `factor` ist für Menschen besser zu verarbeiten als numerische Kategorien. Die Bedeutung der numerischen Kodierung stellt eine Gedächtnisbelastung dar: War beispielsweise ein höherer Wert in `laune` besonders traurig oder besonders fröhlich? Ein Problem ist oftmals auch die Kodierung des Geschlechts von Studienteilnehmer\*innen: Wurde weibliche Teilnehmerinnen jetzt mit einer 1 oder mit einer 2 kodiert? Bei einer Dateneingabe werden oftmals numerische Kodierungen eingegeben, da dies schneller geht als einen Text abzutippen. In der Datenauswertung sollten solche numerischen kategorialen Variablen jedoch **immer** in `factor` umgewandelt werden, damit die Kodierung eindeutig ist.

Mit einem Vektor vom Typ `factor` kann ich keine numerischen Berechnungen mehr durchführen, da er **kategoriale** Daten beinhaltet. Etwa kann ich für `laune_faktor` keinen Mittelwert berechnen:

```
mean(laune)
```

```
[1] 1.666667
```

```
mean(laune_faktor)
```

```
[1] NA
```

Da die Berechnung nicht möglich ist, gibt R folgende recht technisch klingende “Warnmeldung” aus:

```
Warnmeldung:
```

```
In mean.default(laune_faktor) :
```

```
Argument ist weder numerisch noch boolesch: gebe NA zurück
```

In den meisten Fällen verhält sich ein Faktor wie ein Vektor vom Typ `character` und nicht wie ein numerischer Vektor (ein Beispiel dafür findet sich im Abschnitt [Logische Vergleiche](#) weiter unten). Inhaltlich macht das Sinn: In beiden Fällen ist das Vektorelement ein „Text“ – eine verbale Beschreibung. Der Unterschied ist, dass wir Faktoren normalerweise erhalten,

indem wir eine numerische Kodierung in eine für Menschen verständliche verbale Beschreibung umwandeln.

### 2.3.4 NA

R hat einen eigenen Datentyp, um fehlende Werte zu kodieren: **NA**.<sup>9</sup> Da wir mit echten Datensätzen arbeiten, die oftmals „messy“ sind, also nicht notwendigerweise vollständig, ist diese Eigenschaft sehr nützlich. Gerade bei der Arbeit mit Daten in der psychologischen Diagnostik ist das wichtig: Menschen geben in Fragebögen eben nicht immer auf alle Fragen eine Antwort.

Man kann selber Vektoren erstellen, die fehlende Werte enthalten:

```
messy_data <- c(1, 3, 2, 9, 3, NA, 6, NA, 5)
```

Die Anwesenheit von fehlenden Werten hat Auswirkungen darauf, welche Berechnungen R mit dem Vektor anstellen kann. Etwa können wir nicht mehr ohne Weiteres einen Mittelwert berechnen:

```
mean(messy_data) # geht nicht wegen des fehlenden Werts
```

```
[1] NA
```

Man muss R explizit mitteilen, dass man trotz des Auftretens fehlender Werte einen Mittelwert ausrechnen möchte. Dies funktioniert mit dem *optionalen Argument* **na.rm**<sup>10</sup> der Funktion **mean()**, welches wir auf **TRUE** setzen können. Mit dem *Argument* **na.rm** (“NA remove”) teilen wir der Funktion **mean()** mit, dass fehlende Werte bei der Berechnung des Mittelwerts nicht berücksichtigt werden sollen. Ähnliche Funktionen wie **sd()** und **var()** nehmen auch das Argument **na.rm** an; andere Funktionen hingegen ignorieren fehlende Werte schon von Haus aus.

```
mean(messy_data, na.rm = TRUE)
```

```
[1] 4.142857
```

Hierbei nehmen wir zur Kenntnis, dass man Argumente von Funktionen benennen kann (per “**na.rm =**”), was wir aber nicht immer machen. Zu diesem Thema mehr in [Kapitel 3](#).

## 2.4 Logische Vergleiche

Wir können in R mithilfe von logischen Abfragen überprüfen, ob die Elemente in einem Vektor bestimmte Eigenschaften aufweisen. So können wir beispielsweise erfragen, welche Werte

---

<sup>9</sup>Eigentlich ist NA kein eigener Datentyp. In R hat jeder Vektor **nur genau einen** Datentyp. Es ist beispielsweise nicht möglich, dass in einem Vektor gleichzeitig Werte vom Typ **numeric**, **character** und **factor** vorkommen. NA-Werte können jedoch in Kombination mit jedem Datentyp vorkommen. Sie kodieren dann die Abwesenheit eines Datums; dieses Datum hätte – wenn es nicht fehlen würde – den Datentyp des Vektors.

<sup>10</sup>Ein Argument heißt optional, wenn wir dafür keinen Wert angeben müssen. Stattdessen hat es einen sogenannten Standardwert, der angenommen wird, wenn wir das Argument nicht selber angeben. Der Standardwert des Arguments **na.rm** der Funktion **mean()** ist **FALSE**.

eines numerischen Vektors (a) gleich, (b) größer, (c) kleiner, (d) größer gleich, (e) kleiner gleich oder (f) ungleich einem bestimmten Wert sind. Der folgende Code-Abschnitt stellt die grundlegenden logischen Vergleiche für numerische Vektoren dar:

```
vergleichswert <- 3
daten <- 1:5
daten > vergleichswert
```

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

```
daten < vergleichswert
```

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

```
daten >= vergleichswert
```

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

```
daten <= vergleichswert
```

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

```
daten == vergleichswert
```

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

```
daten != vergleichswert
```

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

Das Ergebnis dieser Operationen ist ein logischer Vektor aus TRUE und FALSE Werten. Die Werte nehmen TRUE an, wenn die Zahlen die kleiner/größer/gleich Bedingung erfüllen – andernfalls FALSE. **Beachtet, dass auf Gleichheit mit dem “doppelten” == Operator getestet wird und nicht mit einem einfachen =.** Dies ist eine häufige Quelle von Fehlern, die schwierig zu entdecken sind. Betrachtet etwa folgenden Code – was geht hier schief?

```
daten = vergleichswert
```

Hierbei wird die Variable `daten` mit dem Wert in der Variablen `vergleichswert` überschrieben, da `=` als Zuweisung agiert:

```
daten
```

```
[1] 3
```

Dies ist ein Beispiel für einen Fehler (*Bug*), den man nicht anhand von einer Fehlermeldung bemerkt, da der Befehl *syntaktisch* korrekt ist. Es ist jedoch problematisch, dass ich an dieser Stelle meine Daten mit einem irrelevanten Wert überschrieben habe, und das bei einem späteren Zugriff darauf vermutlich nicht beachten werde.

### 2.4.1 Logische Vergleiche mit Vektoren vom Typ `character`

Welche logischen Vergleiche möglich sind, hängt vom Datentyp eines Vektors ab. Für Vektoren vom Typ `character` etwa macht eine Kleiner-/Größer-Abfrage keinen Sinn, jedoch eine Abfrage auf Gleichheit:

```
text1 <- "Hallo Welt"
text1 == "Hallo Welt"
```

```
[1] TRUE
```

```
text1 == "Hallo Welt!"
```

```
[1] FALSE
```

Das funktioniert auch mit Vektoren vom Typ `factor`, die sich ja größtenteils wie Vektoren vom Typ `character` verhalten. Hier wird beim Test auf Gleichheit das überprüfte `factor`-Label in Anführungszeichen gesetzt:

```
geschlecht <- c(1, 2, 1, 1, 2, 1, 3)
geschlecht <- factor(
  geschlecht,
  1:3,
  c("weiblich", "maennlich", "divers")
)
geschlecht == "maennlich"
```

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

### 2.4.2 Komponentenweise Vergleiche

Wenn zwei Vektoren gleicher Länge mit logischen Operatoren verglichen werden, werden die Elemente komponentenweise verglichen:

```
score_test1 <- c(23, 19, 44, 18, 25, 22)
score_test2 <- c(26, 23, 29, 18, 32, 19)
```

```
score_test1 > score_test2
```

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

```
score_test1 == score_test2
```

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

Erneut treffen wir auf dieses komponentenweise Verhalten. Wir können noch eine Schippe drauf legen, indem wir vektorisierte logische Vergleiche mit vektorisierten UND- oder ODER-Operationen verbinden:

```
(score_test1 > score_test2) | (score_test1 > 23)
```



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

Es macht an dieser Stelle Sinn, darüber nachzudenken, wie diese Ausgabe zustande kommt.

### 2.4.3 Anwendungsbeispiel: Überprüfe das Gesetz der großen Zahlen

Häufig verwendet man die Vergleichsoperatoren, um zu prüfen, wie viele Daten eine bestimmte Eigenschaft erfüllen. Dafür können wir die Vergleichsoperatoren mit den Funktionen `sum()` oder `mean()` verknüpfen.

Dafür bietet sich ein Beispiel aus der Statistik an: Wie viele von 1,000 Zufallsdaten aus einer Standardnormalverteilung sind größer als 1? R hat zahlreiche Funktionen, um Zufallszahlen aus verschiedenen Verteilungen zu generieren. Mit `rnorm()` lassen sich Zufallszahlen generieren, die einer Normalverteilung folgen; wenn man keine weiteren Argumente angibt, ist die Standardnormalverteilung gemeint, die einen Mittelwert von 0 und eine Standardabweichung von 1 hat:

```
# Erstelle 1,000 Zufallsdaten:
zufallsdaten <- rnorm(1000)
```

Zur Verdeutlichung: Der Vektor `zufallsdaten` enthält jetzt 1,000 Elemente, wie wir mit der Funktion `length` leicht überprüfen können:

```
length(zufallsdaten)
```

```
[1] 1000
```

Die Funktion `head()` zeigt uns die ersten sechs Werte des Vektors an; sie ist sehr praktisch, um sich schnell einen Überblick über Daten zu verschaffen. Das machen wir hier auch, da wir nicht alle 1,000 Werte in die Konsole schreiben wollen:

```
head(zufallsdaten)
```

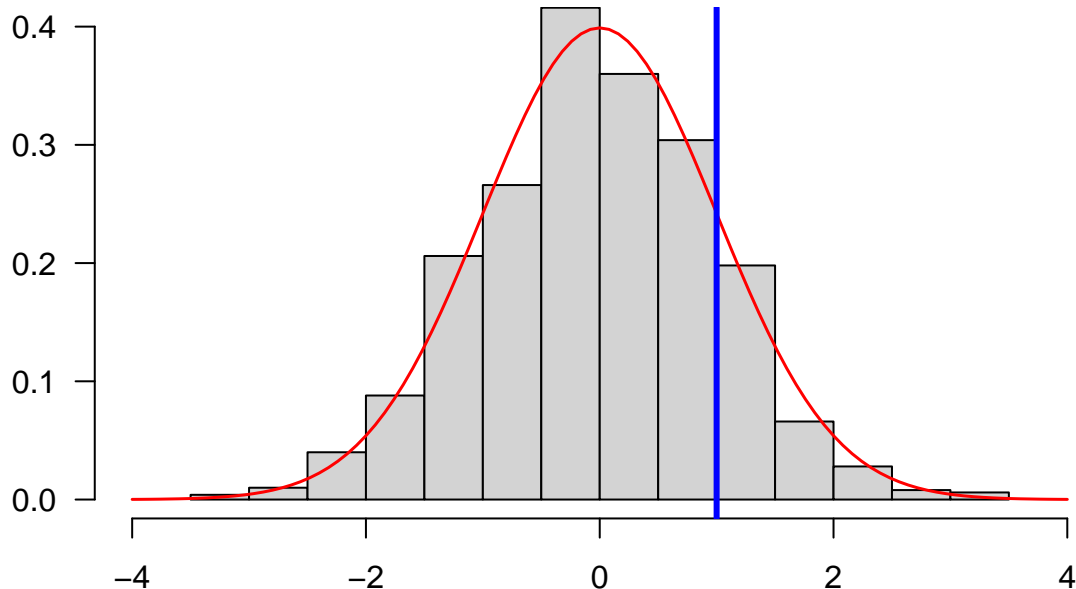
```
[1] 1.3709584 -0.5646982 0.3631284 0.6328626 0.4042683 -0.1061245
```

Wir können die Daten mithilfe eines Histogramms betrachten, um uns davon zu überzeugen, dass sie tatsächlich normalverteilt sind – sich also der Großteil der Daten um die 0 tummelt und extreme Werte in beide Richtungen seltener werden (dieser Code muss nicht verstanden werden):

```
# Male Histogram
hist(
  zufallsdaten,
  freq = FALSE,
  main = "Schöne normalverteilte Daten",
  xlab = "",
  ylab = "",
  las = 1,
  xlim = c(-4, 4),
  ylim = c(0, 0.4),
```

```
)
# Lege eine Normalverteilungskurve über die Daten
curve(dnorm, col = "red", add = TRUE, lwd = 1.5)
# Zeichne eine blue Linie beim x-Wert `1` ein:
abline(v = 1, lwd = 3, col = "blue")
```

## Schöne normalverteilte Daten



Nach visueller Inspektion der Verteilung der Zufallszahlen können wir mit `sum` testen, wie viele der 1,000 Zufallsdaten größer als 1 sind:

```
sum(zufallsdaten > 1)
```

```
[1] 153
```

Zur Erinnerung: Der Befehl “`zufallsdaten > 1`” ergibt einen Vektor aus `TRUE` und `FALSE` Werten, der genauso viele Elemente enthält wie der Vektor `zufallsdaten`; wann immer ein Eintrag in `zufallsdaten` größer ist als 1, erhalten wir `TRUE`, andernfalls `FALSE`. Die Funktion `sum()` gibt die Zahl der `TRUE` Einträge aus. **Das funktioniert, da `TRUE` und `FALSE` eine numerische Interpretation haben: `TRUE` wird als 1 interpretiert und `FALSE` als 0.**<sup>11</sup>

Analog können wir mit `mean()` den relativen Anteil der Daten bestimmen, die größer als 1 sind:

```
mean(zufallsdaten > 1)
```

```
[1] 0.153
```

<sup>11</sup>Wenn logische Vektoren einer numerischen Berechnung übergeben werden, werden die `TRUE/FALSE` Elemente des Vektors automatisch in Zahlen, d.h. 1 und 0 umgewandelt. Deswegen funktioniert beispielsweise auch folgender Befehl: `TRUE + 1`

Der Aufruf `mean(zufallsdaten > 1)` ergibt also den relativen Anteil der Datenpunkte, die größer sind als 1. Es lohnt sich ein wenig darüber nachzudenken, warum wir `mean()` hier verwenden können, um den relativen Anteil zu bestimmen. Normalerweise sind wir es eher gewohnt, dass Mittelwerte und relative Anteile etwas Unterschiedliches sind. Der Grund dafür ist folgender: Für eine Variable, bei der die Werte nur 1 oder 0 annehmen können (analog in R: TRUE/FALSE), entspricht der Mittelwert dieser Variablen dem relativen Anteil der Werte, die 1 bzw. TRUE sind. Als Beispiel betrachten wir den folgenden Vektor:

```
beispiel_01 <- c(1, 0, 1, 1)
mean(beispiel_01)
```

```
[1] 0.75
```

Der Mittelwert des Vektors ist  $(1 + 0 + 1 + 1) / 4$ , also 0.75 – und damit genau der relative Anteil der 1-Elemente. Dies ist eine praktische Eigenschaft der 1/0- bzw. TRUE/FALSE-Kodierung und macht logische Abfragen in R so mächtig.

Wenn wir einen relativen Anteil in eine Prozentzahl umwandeln wollen, können wir ihn einfach mit 100 multiplizieren:

```
mean(zufallsdaten > 1) * 100
```

```
[1] 15.3
```

Der Erwartungswert, dass eine zufällige Zahl aus einer Standardnormalverteilung größer ist als 1 – also mehr als eine Standardabweichung vom Mittelwert entfernt liegt – liegt bei etwa 15.9%. Den exakten Erwartungswert könnte ich in R mit der Funktion `pnorm()` herausfinden:

```
1 - pnorm(1)
```

```
[1] 0.1586553
```

Die Funktion `pnorm()` ist die kumulative Verteilungsfunktion der Normalverteilung. Sie sagt aus, wie viel Prozent der Werte in einer Normalverteilung kleiner sind als der übergebene Wert. Um heraus zu finden, wie viele Werte **größer** als 1 sind, wird hier das Komplement, also `1 - pnorm(1)`, gebildet. Das funktioniert, da die Gesamtdichte einer Wahrscheinlichkeitsverteilung immer 1 ist.

Nach dem Gesetz der großen Zahlen liegt der folgende Wert wahrscheinlich näher am “wahren Wert” von 15.9% als der Schätzer, der auf 1,000 Zufallszahlen basiert:

```
# 100,000 Zufallsdaten sind für R kein Problem
zufallsdaten <- rnorm(100000)
mean(zufallsdaten > 1)
```

```
[1] 0.15838
```

Ihr könnt für das Gesetz der großen Zahlen selber ein Gefühl entwickeln, wenn ihr mehrfach `mean(rnorm(1000) > 1)` und `mean(rnorm(100000) > 1)` in die R-Konsole eingibt und beobachtet, welcher Wert häufiger näher an 0.159 liegt.

#### 2.4.4 Logische Operationen mit NA

Oftmals will man herausfinden, ob in Vektoren fehlende Werte vorliegen (also ob einige Elemente darin NA sind). Die Funktion `is.na()` führt eine logische Abfrage durch, die für jedes Element in einem Vektor überprüft, ob es NA ist.

```
mein_vektor <- c(1, 2, 1, NA, 4, NA, 3)
is.na(mein_vektor)
```

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

Die Funktion `is.na()` gibt an den Positionen `TRUE` zurück, an denen in `mein_vektor` ein fehlender Wert vorliegt, ansonsten `FALSE`. Die Ausgabe ist also ein logischer Vektor, der genauso lang ist wie der Eingabevektor.

Oftmals kombiniert man `is.na()` mit der Funktion `sum()`, um die absolute Anzahl der fehlenden Werte zu erhalten:

```
sum(is.na(mein_vektor))
```

```
[1] 2
```

Die Funktion `mean()` gibt dementsprechend die relative Häufigkeit fehlender Werte aus – die ist im Idealfall nicht allzu hoch.

```
mean(is.na(mein_vektor))
```

```
[1] 0.2857143
```

**Wichtig:** Man **muss** `is.na()` verwenden, um zu prüfen, ob Werte in einem Vektor NA sind. Folgender „naiver“ Vergleich mit NA geht schief:

```
mein_vektor == NA
```

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

Auch bei Größer- oder Kleiner-Abfragen enthält sich R der Aussage, wie fehlende Werte zu klassifizieren sind. Dementsprechend wird im folgenden Befehl an den Positionen NA ausgegeben, an denen in `mein_vektor` ein Wert fehlt:

```
mein_vektor < 4
```

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

Ein logischer Vergleich mit NA ergibt immer NA, da beim fehlenden Wert keine Aussage darüber gemacht werden kann, ob er einem anderen Wert entspricht. Man kennt den fehlenden Wert zwar nicht, aber irgendeine Ausprägung hat er in der Realität.

Interessant ist auch der Umgang der UND- und ODER-Operationen mit fehlenden Werten. Der Befehl `TRUE & NA` gibt NA aus. Denn je nachdem, ob der fehlende Wert `TRUE` oder `FALSE` wäre, wäre das Ergebnis auch entweder `TRUE` oder `FALSE`. Wir können in diesem Fall nicht voraussagen, was das Ergebnis der UND-Operation wäre, da der fehlende Wert unbekannt,

aber kritisch für das Ergebnis ist. Anders sieht es bei dem Befehl `TRUE | NA` aus. Dieser ergibt `TRUE`, da auf jeden Fall eine Bedingung erfüllt ist und nur eine Bedingung erfüllt sein muss, damit die ODER-Bedingung `TRUE` ergibt. Mit diesen Erklärungen im Hinterkopf können wir auch nachvollziehen, was passiert, wenn wir `FALSE` mit `NA` per `UND` und `ODER` verknüpfen: `FALSE | NA` ergibt `NA`, `FALSE & NA` ergibt `FALSE`.

### 2.4.5 Der `%in%`-Operator

Um zu testen, ob ein oder mehrere Elemente in einem Vektor enthalten sind, kann man den `%in%`-Operator verwenden. Der sieht zwar gewöhnungsbedürftig aus, ist aber einfach zu verwenden und hat auch eine einfache verbale Interpretation: Sind die Elemente aus Vektor A in Vektor B?

```
2 %in% 1:3
```

```
[1] TRUE
```

```
4 %in% 1:3
```

```
[1] FALSE
```

Wir können den `%in%`-Operator als eine Aneinanderreihung mehrerer ODER-Bedingungen verstehen. Folgendes ist äquivalent zu den obigen Aufrufen von `%in%`:

```
zu_testen <- 2
zu_testen == 1 | zu_testen == 2 | zu_testen == 3
```

```
[1] TRUE
```

```
zu_testen <- 4
zu_testen == 1 | zu_testen == 2 | zu_testen == 3
```

```
[1] FALSE
```

Der `%in%`-Operator ist wie so vieles in R „vektorisiert“, das heißt wir können für mehrere Elemente gleichzeitig testen, ob sie in einem Vektor enthalten sind:

```
c(2, 3) %in% 3:5
```

```
[1] FALSE TRUE
```

In diesem Fall wird für jedes der Vektorelemente *vor* `%in%` geprüft, ob dieses im Vektor *nach* `%in%` enthalten ist. Die Ausgabe der `%in%`-Operation ist immer ein logischer Vektor; die Länge des Ausgabevektors entspricht der Länge des Vektors auf der linken Seite von `%in%`.

## 2.5 Zugriff auf Vektorelemente

Der Zugriff auf Daten ist ein wichtiger Abschnitt unserer Einleitung in die Grundlagen von R. In diesem Abschnitt lernen wir, wie wir Elemente aus Vektoren „herausgreifen“ können und wie wir einzelne Elemente in einem Vektor ändern können. In [Kapitel 3](#) wird als Fortführung behandelt, wie wir Daten aus Tabellen (wie wir sie etwa aus Excel kennen) auswählen können.

### 2.5.1 Der `[·]`-Zugriff

Daten können mit dem `[·]`-Zugriff<sup>12</sup> *indexbasiert* aus Vektoren ausgewählt werden. Jedes Element im Vektor hat einen *Index*, der seiner Position im Vektor entspricht. Im folgenden Vektor etwa hat 2 den Index 1, 4 den Index 2 und 1 den Index 3:

```
daten <- c(2, 4, 1)
```

Ich kann mit dem `[·]`-Zugriff durch Angabe des Index auf einzelne Elemente im Vektor zugreifen:

```
daten[1]
```

```
[1] 2
```

```
xx <- daten[3] # ein-elementiger Vektor  
xx
```

```
[1] 1
```

Ebenso kann ich einen „Negativ“-Zugriff durchführen: Ich kann auswählen, welchen Index ich *nicht* in meinem Ergebnis haben will:

```
daten[-1]
```

```
[1] 4 1
```

Interessant wird diese Art des Zugriffs, da der Index in den `[·]` Klammern auch ein mehr-elementiger numerischer Vektor sein kann – hier nutzen wir die Funktion `c()`:

```
daten[c(1, 2)]
```

```
[1] 2 4
```

```
daten[-c(2, 3)]
```

```
[1] 2
```

### 2.5.2 `[·]`-Zugriff mit einem logischen Vektor

Anstatt direkt den Index eines Elements zu übergeben – den wir häufig nicht wissen, da wir bei vielen Daten nicht den Überblick über die Position aller einzelnen Datenpunkte behalten – möchten wir häufig Daten auswählen, die eine bestimmte Eigenschaft erfüllen. Hierbei machen wir uns die logischen Operationen zunutze, die wir oben kennengelernt haben:

```
meinVektor <- c(1, 2, 3, 7, 8, 9)
```

---

<sup>12</sup>Ich nenne diese Operation `[·]`-Zugriff, da zur Datenauswahl aus Vektoren hinter den Vektor eckigen Klammern gestellt werden. Die Klammern enthalten eine Angabe darüber, welche Elemente ich aus dem Vektor auswählen will. Etwa wählt `c(4, 2, 6)[1]` das erste Element aus dem Vektor `c(4, 2, 6)` aus, also 4. Der Punkt ist bloß ein Platzhalter in der `[·]`-Notation.

```
auswahl <- meinVektor > 5
auswahl
```

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

Der logische Vektor `auswahl` kodiert, welche Elemente des Vektors `meinVektor` größer sind als 5 (spezifisch: an welchen Positionen `meinVektor` ein Element enthält, das größer ist als 5). Ich kann nun `auswahl` in der `[·]`-Notation verwenden, um nur die Elemente auszuwählen, die größer sind als 5:

```
meinVektor[auswahl]
```

```
[1] 7 8 9
```

Hierbei wurden die Werte 7, 8 und 9 ausgewählt, da für diese Werte der Vektor `auswahl` auf `TRUE` steht. Genauer gesagt: `auswahl` steht für die Indexe 4, 5 und 6 auf `TRUE` und es gilt `meinVektor[4] == 7`, `meinVektor[5] == 8`, und `meinVektor[6] == 9`.

Man kann dieses Vorgehen sogar mit den UND/ODER-Operationen verknüpfen, um Daten anhand verschiedener Kriterien auszuwählen:

```
meinVektor <- 1:20
```

```
auswahl <- (meinVektor < 5) | (meinVektor > 17)
auswahl
```

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

```
meinVektor[auswahl]
```

```
[1] 1 2 3 4 18 19 20
```

Hier ein weiteres Beispiel mit normalverteilten Zufallsdaten:

```
## Wähle alle Daten aus, die größer sind als 2 (das sollten im Schnitt
## etwa 2.5% der Daten sein)
daten <- rnorm(300)
daten[daten > 2]
```

```
[1] 3.196362 2.386513 2.791331 2.123950
```

An dieser Stelle sollte man sich klar machen, warum `daten` sowohl vor als auch innerhalb der `[·]` Klammern vorkommt. Das ist prinzipiell dasselbe wie im Beispiel `meinVektor[auswahl]` oben, nur das ich dort den `TRUE/FALSE` Vektor, der die Daten ausgewählt hat, in einer Variablen – `auswahl` – zwischengespeichert habe.

### 2.5.3 `[·]`-Zugriff zum Ändern von Daten

Wir sind mit dem `[·]`-Zugriff nicht darauf beschränkt Elemente aus Vektoren auszulesen, sondern wir können auf diese Weise auch einzelne Elemente im Vektor verändern:

```
daten <- 1:5
daten[c(2, 5)] <- 0
daten
```

```
[1] 1 0 3 4 0
```

Dies geht wiederum auch mit einem logischen Vektor in den `[·]`-Klammern, wie das folgende Beispiel zeigt:

```
daten <- 1:5
daten[c(TRUE, FALSE, TRUE, FALSE, FALSE)] <- 0
daten
```

```
[1] 0 2 0 4 5
```

Das würde man so “händisch” nicht machen, aber es soll zum Verständnis dessen dienen, was im folgenden – anwendungsnäheren – Beispiel passiert. Angenommen, bei einer Dateneingabe wurden fehlende Werte in einem Fragebogen mit `-99` kodiert.<sup>13</sup> Wir wollen R mitteilen, diesen Wert als fehlend zu interpretieren. Hier kommt uns wiederum eine logische Abfrage zugute:

```
daten <- c(1, -99, 5, -99, 2, -99, 4, 1:3)
daten
```

```
[1] 1 -99 5 -99 2 -99 4 1 2 3
```

```
missing_values <- daten == -99
missing_values
```

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

Die Variable `missing_values` kodiert jetzt, an welchen Positionen des Vektors `daten` sich eine `-99` befindet. Wir können diese Werte nun wie folgt durch `NA` ersetzen:

```
daten[missing_values] <- NA
daten
```

```
[1] 1 NA 5 NA 2 NA 4 1 2 3
```

Semantisch ist dieser Vorgang gut zu verstehen: Setze alle Werte, die einen fehlenden Wert enthalten – d.h. mit `-99` kodiert wurden – auf `NA`, damit R für weitere Berechnungen weiß, dass diese Werte als fehlend zu verstehen sind. Technisch umgesetzt wird dies mit einem `TRUE/FALSE` Vektor, den wir mithilfe der Anweisung `daten == -99` erstellt haben.

Wir werden wohl selten “händisch” per Index oder logischem `TRUE/FALSE` Vektor eine Auswahl/Änderung von Daten durchführen. Aber in Zusammenarbeit mit den logischen Operatoren (`>`, `<`, `==`, `&`, `|` etc.) ist die Auswahl von Elementen aus Vektoren – und auch die Auswahl von Daten aus Tabellen – eine häufige Anwendung. Diese werden wir bei der gezielten Auswahl von Zeilen aus Datentabellen (siehe Kapitel 3) wiederfinden und uns

<sup>13</sup>Das macht beispielsweise Sinn, damit bei der Eingabe explizit gemacht wird, dass der Wert fehlt. Andernfalls könnte das Datum bei der Eingabe auch vergessen worden sein.



zunutze machen. Das gegebene Beispiel zur Umkodierung von fehlenden Werten werden wir in einer sehr ähnlichen Form in [Kapitel 5](#) nutzen, da wir sonst Daten aus dem Narcissistic Personality Inventory nicht auswerten können. Bevor die Analyse startet, müssen fehlende Werte gekennzeichnet werden.

## 2.6 Präzedenz

Durch Klammerung können wir die *Präzedenz* von R-Befehlen steuern. Präzedenz bezieht sich auf die Reihenfolge, in der R-Befehle ausgeführt werden. Betrachten wir das folgende Beispiel:

```
TRUE | TRUE & FALSE
```

```
[1] TRUE
```

Die Ausgabe ist `TRUE`. Daraus können wir schlussfolgern, dass die Befehle `ODER` und `UND` **nicht** von links nach rechts ausgeführt wurden. In dem Fall wäre nämlich zunächst `TRUE | TRUE` ausgeführt worden, was `TRUE` ergibt. Dieses Ergebnis (also `TRUE`) wäre dann per `UND` mit `FALSE` verknüpft worden, was insgesamt `FALSE` ausgegeben hätte. Wir haben aber `TRUE` bekommen. Warum?

Der Grund: **Die UND-Operation hat eine höhere Präzedenz als die ODER-Operation.** Wenn `UND` und `ODER` in einem logischen Ausdruck verbunden werden, wird zunächst die `UND` und dann die `ODER`-Operation ausgeführt, unabhängig davon, in welcher Reihenfolge wir die Befehle aufschreiben. Möchten wir erzwingen, dass die `ODER`-Operation zuerst durchgeführt wird, können wir – ganz analog zu mathematischen Berechnungen – Klammern verwenden:

```
(TRUE | TRUE) & FALSE
```

```
[1] FALSE
```

Die Präzedenzregeln gelten ebenfalls, wenn die logischen Vektoren aus mehr als einem Element bestehen. Betrachten wir dazu die folgenden Beispiele:

```
c(FALSE, TRUE) | c(FALSE, FALSE) & c(TRUE, FALSE)
```

```
[1] FALSE TRUE
```

```
(c(FALSE, TRUE) | c(FALSE, FALSE)) & c(TRUE, FALSE)
```

```
[1] FALSE FALSE
```

Wir werden logische Ausdrücke vor allem zur Fallauswahl in Datentabellen verwenden (siehe [Kapitel 3](#)). Dann kann es sehr wichtig sein, auf korrekte Klammerung zu achten. Andernfalls besteht die Gefahr, dass wir nicht genau die Fälle auswählen, die wir eigentlich auswählen wollen.

Betrachten wir ein weiteres Beispiel zur Steuerung von Präzedenz: Nehmen wir an, wir

benötigen eine Sequenz aller Zahlen zwischen 1 und 10 – außer der 8.<sup>14</sup> Ein naheliegender Befehl wäre folgender:

```
1:10[-8]
```

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

Das hat aber nicht funktioniert, die Acht ist in der Ausgabe enthalten. Woran liegt das? **Die Auswahl per eckiger Klammer hat eine höhere Präzedenz als der Doppelpunktoperator.** Die Klammerungsoperation zur Auswahl aus einem Vektor wurde also nicht auf den Vektor `1:10`, sondern auf den Vektor `10` angewendet (Erinnerung: Einzelne Zahlen sind Vektoren). Das heißt, in diesem Beispiel wurde als Erstes das achte Element aus dem Vektor `10` ausgeschlossen, das aber gar nicht existiert. Stattdessen erhalten wir einfach wieder `10`:

```
10[-8]
```

```
[1] 10
```

Durch Klammerung können wir das gewünschte Ergebnis erhalten:

```
(1:10)[-8]
```

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

**Merke:** Im Zweifel verwenden wir Klammern lieber einmal zu viel als einmal zu wenig.

---

<sup>14</sup>Das Beispiel mag hier künstlich wirken, aber genau so etwas werden wir in **Kapitel 4** machen.

## 2.7 Zusammenfassung

- Wir haben die grundlegendste Datenstruktur von R, den Vektor, kennengelernt
- Vektoren enthalten beliebig viele Elemente gleichartiger Daten, etwa
  - Zahlen (“numeric”)
  - Texte (“character”)
  - Kategorielle Daten (“factor”)
  - TRUE/FALSE (“logical”)
- Mit dem `[·]`-Zugriff kann man Elemente aus Vektoren auswählen
  - a. indem man die Position der Elemente angibt, die man auswählen will (“Positiv-auswahl”)
  - b. indem man die Position der Elemente angibt, die man **nicht** auswählen will (“Negativauswahl”)
  - c. indem man einen TRUE/FALSE Vektor angibt
- Man kann mit logischen Vergleichen die Eigenschaften von Vektoren überprüfen
  - diese Operation lässt sich gut mit der `[·]`-Auswahl verbinden

## 2.8 Fragen zum vertiefenden Verständnis

1. Wie berechnet man den Standardfehler von `1:10`?
2. Was für Objekte nimmt die Funktion `c()` entgegen, und was gibt sie zurück?
3. Was ergibt `1:6 + 1:2`? Was passiert? Warum gibt `1:4 + 1:3` eine Warnmeldung aus?
4. Nutzt `paste0()`, den `:`-Operator und den `[·]`-Negativ-Zugriff, um den folgenden Vektor zu erstellen:

```
[1] "item_2" "item_4" "item_5" "item_6" "item_7" "item_8" "item_10"
```

5. In R haben Elemente eines Vektors nur einen Datentyp. Der Befehl `c(1, 'moep')` vermischt eine Zahl und einen Text miteinander, aber ergibt keinen Fehler – was ist passiert?
6. Was sind plausible Ergebnisse von `sum(rnorm(100) > 1.645)`? (Erst überlegen, dann mehrfach in der R-Konsole ausführen!)
7. Was sind die Ausgaben von `mode(2)` und `mode(mode(2))`. Warum?
8. Was ist der Unterschied zwischen `sum(c(TRUE, FALSE, TRUE))` und `length(c(TRUE, FALSE, TRUE))`?

### 3 data.frames

Wir haben gelernt, dass R Daten in Vektoren abspeichert. Im Normalfall haben wir in der psychometrischen Datenauswertung aber eine große Datenmenge vorliegen, die wir nicht sinnvoll als einzelnen Vektor darstellen können. Etwa: 150 Studierende bearbeiten in einer Diagnostikklausur 42 Multiple-Choice-Klausuritems. Wir stellen solche Daten in Tabellen dar, wie man sie auch aus Excel oder SPSS kennt. In diesen Tabellen repräsentieren Spalten Messvariablen, etwa die Punktzahlen in einer Klausuraufgabe. Zeilen stellen Fälle dar, etwa Personen, die an der Klausur teilgenommen haben. Andere Datenformate wären auch denkbar, etwa eines bei dem jede Zeile einer Antwort entspricht. Bei uns wird aber gelten: Jede Zeile entspricht genau einer Person.

In R speichern wir Datentabellen in `data.frames` ab. Ein `data.frame` ist, vereinfacht gesagt, eine Sammlung von Vektoren gleicher Länge. Jede Spalte – also jede Messvariable – ist ein Vektor. Mit dieser Datenstruktur werden wir uns im vorliegenden Kapitel auseinandersetzen.

#### 3.1 Die Funktion `data.frame()`

Mit der Funktion `data.frame()` können wir “händisch” einen `data.frame` erstellen.<sup>15</sup> Die folgende unscheinbare Tabelle wird uns durch einen Großteil des Kapitels begleiten, um Grundlagen von `data.frame`-Operationen zu betrachten.

```
mdf <- data.frame(  
  Fallnummer = 1:5,  
  Item1 = c(1, 0, 0, 1, 1),  
  Item2 = c(1, 1, 0, 0, 1),  
  Alter = c(13, 14, 13, 12, 15),  
  Geschlecht = c("w", "m", "m", "w", "m")  
)
```

Der erstellte `data.frame` ist nun in der Variablen `mdf` – was beispielsweise für “mein `data.frame`” stehen könnte – abgespeichert. Durch Eingabe des Variablennamens in der R-Konsole können wir die ganze Tabelle ausgeben lassen:

```
mdf
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht
1	1	1	1	13	w
2	2	0	1	14	m
3	3	0	0	13	m
4	4	1	0	12	w
5	5	1	1	15	m

Bei der Erstellung des `data.frames` mit der Funktion `data.frame()` wurde jede Spalte mit der Funktion `c()` oder dem Doppelpunktoperator mit genau einem Vektor befüllt. Alle

<sup>15</sup>In der Praxis werden wir selten händisch einen ganzen `data.frame` aufschreiben, sondern stattdessen Daten aus einer externen Datei einlesen. Beispielsweise können die Daten in einem *Spreadsheet-Editor* wie Excel eingegeben worden sein und wir importieren diese dann in R.

Spalten wurden bei der Erstellung benannt. **Dieser Punkt ist sehr wichtig, da wir Spalten anhand ihrer Namen gezielt auswählen können.** Wenn ich die Spaltennamen eines `data.frames` nicht mehr weiß, kann ich sie mit der Funktion `names()` abrufen:

```
names(mdf)
```

```
[1] "Fallnummer" "Item1"      "Item2"      "Alter"      "Geschlecht"
```

### 3.2 Zugriff auf eine einzelne Spalte: die `$`-Notation

Der `$`-Zugriff ist die grundlegendste Operation auf `data.frames`. Wir nutzen ihn, um auf einzelne Spalten zuzugreifen und diese **als Vektor** auszulesen:

```
mdf$Item1 # gibt einen Vektor aus
```

```
[1] 1 0 0 1 1
```

Ich kann den `$`-Zugriff nicht nur verwenden, um eine Spalte aus einem `data.frame` auszulesen, sondern kann damit auch neue Spalten hinzufügen. Das funktioniert, indem ich der neu zu erstellenden Spalte per `<-` einen Vektor zuweise:

```
## Beachtet die Länge des Vektors
```

```
mdf$Augenfarbe <- c("braun", "blau", "blau", "braun", "gruen")
```

Die Tabelle `mdf`<sup>16</sup> hat nun eine zusätzliche Spalte:

```
mdf
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe
1	1	1	1	13	w	braun
2	2	0	1	14	m	blau
3	3	0	0	13	m	blau
4	4	1	0	12	w	braun
5	5	1	1	15	m	gruen

Beim Anhängen von Spalten an `data.frames` mit der `$`-Notation kann ich jegliche Berechnungsvorschriften für Vektoren verwenden. So kann ich etwa einen Testscore über zwei Items berechnen und direkt an den `data.frame` anhängen:

```
mdf$Testscore <- mdf$Item1 + mdf$Item2
```

```
mdf$Testscore
```

```
[1] 2 1 0 1 2
```

In diesem Beispiel kommt die `$`-Notation recht häufig zum Einsatz, was etwas gewöhnungsbedürftig aussieht. Aber es ist wichtig darauf zu achten. Die Variablen,<sup>17</sup> die wir verwenden,

<sup>16</sup>Technisch korrekt müsste ich sagen: Der `data.frame`, der in der Variablen `mdf` abgespeichert ist, hat nun eine zusätzliche Spalte.

<sup>17</sup>Es ist etwas unglücklich, dass der Begriff "Variable" doppeldeutig ist: (1) In `R` sind Variablen die Speicher-

um den Testscore zu berechnen, “wohnen” in `mdf` und können nicht ohne Verweis darauf adressiert werden. Das hier geht schief:

```
mdf$Testscore <- Item1 + Item2
Fehler: Objekt 'Item1' nicht gefunden
```

Hier sucht R nach einer Variablen `Item1`, die aber nicht existiert; `Item1` ist nur eine Spalte von `mdf`. Noch schlimmer wäre es, wenn in meiner Arbeitsumgebung tatsächlich Variablen mit den Namen `Item1` und `Item2` existieren sollten. In dem Fall würden wir gegebenenfalls falsche Daten abspeichern und nicht einmal eine Fehlermeldung erhalten.

Mit der `$`-Notation werden wir häufig auf Daten zugreifen, um Berechnungen durchzuführen. Wir können beispielsweise Mittelwerte von Messvariablen berechnen oder uns Häufigkeiten von kategorialen Daten angeben lassen:

```
mean(mdf$Alter)
```

```
[1] 13.4
```

```
table(mdf$Geschlecht)
```

```
m w
3 2
```

Die Funktion `mean()` kennen wir bereits. Die Funktion `table()` gibt aus, wie häufig jeder Wert in einem Vektor vorkommen. Wir nutzen `table()` vor allem zur Beschreibung kategorialer Messvariablen. Auch zur Überprüfung der Plausibilität von Daten ist `table()` nützlich: Ist jeder Wert ein “legaler” Wert, der auch vorkommen sollte? Wir können die Funktion `table()` auch verwenden, um die Häufigkeit der Kombination von mehreren Variablen zu erfragen:

```
# Erstelle Kreuztabelle von Geschlecht und Augenfarbe:
table(mdf$Geschlecht, mdf$Augenfarbe)
```

	blau	braun	gruen
m	2	0	1
w	0	2	0

### 3.3 Zugriff auf Spalten und Zeilen: die `[·, ·]`-Notation

Einzelne Spalten können wir mit dem `$`-Zugriff aus `data.frames` auslesen. Wir lernen nun den `[·, ·]`-Zugriff kennen, mit dem wir nicht nur einzelne Spalten, sondern beliebige Spalten und Zeilen aus `data.frames` auslesen können. Wie wir sehen werden, ist der `[·, ·]`-Zugriff dem `[·]`-Zugriff ähnlich, den wir zur Auswahl von Daten aus Vektoren kennengelernt haben.

---

orte von Objekten; ich erstelle sie mit der “<-”-Zuweisung. (2) Andererseits werden auch Messwerte – etwa die Punktzahlen in einem Testitem – als Variablen bezeichnet. In diesem Sinne würde der Begriff Variable in R auf die Spalte in einem `data.frame` verweisen, da Spalten Messvariablen beinhalten. Diese Doppeldeutigkeit ist deswegen unglücklich, da eine Spalte in einem `data.frame` keine R-Variable ist. Stattdessen ist der gesamte `data.frame` in einer Variablen abgespeichert.

Der `[·, ·]`-Zugriff erlaubt es uns, eine Teilmenge aller Fälle aus `mdf` auszuwählen, etwa nur die Personen mit blauen Augen, oder alle Personen, die den maximalen Testwert erreicht haben. Für solche Auswahlen hilft uns unser Wissen über [logische Vergleiche aus dem letzten Kapitel](#). Betrachten wir zunächst ein Beispiel:

```
mdf[mdf$Augenfarbe == "blau", ]
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0

Beachtet, dass durch diesen Aufruf der `data.frame`, der in der Variablen `mdf` abgespeichert ist, nicht verändert wird. Der `[·, ·]`-Zugriff gibt stattdessen einen neuen `data.frame` zurück, der nur die Fälle enthält, bei denen `mdf$Augenfarbe == "blau"` `TRUE` ergibt. Wir müssten das Ergebnis der Funktion in einer Variablen speichern, wenn wir damit weiter arbeiten wollen (Erinnerung: [Kapitel 2](#)).

Wie das folgende Beispiel zeigt, können wir mit der `[·, ·]`-Notation auch gezielt Spalten aus `data.frames` auswählen:

```
mdf[, c("Augenfarbe", "Alter")]
```

	Augenfarbe	Alter
1	braun	13
2	blau	14
3	blau	13
4	braun	12
5	gruen	15

Die zwei Beispiele zeigen, dass das Komma in der `[·, ·]`-Notation dafür entscheidend ist, ob eine Auswahl nach Zeilen oder Spalten stattfindet. **Vor dem Komma werden Zeilen adressiert, nach dem Komma Spalten.** Es ist auch eine gleichzeitige Auswahl nach Zeilen und Spalten möglich. Allgemein ist die Syntax zum Ansprechen von `data.frames` mit dem `[·, ·]`-Zugriff die folgende:

```
data.frame[Reihenvektor, Spaltenvektor]
```

Dabei ist *Reihenvektor/Spaltenvektor* entweder ein (a) numerischer Vektor, der die Indexe der Reihen/Spalten enthält, die ausgewählt werden sollen, (b) ein logischer Vektor, der für jede Reihe/Spalte kodiert, ob diese in der Ausgabe enthalten sein soll (vgl. [Kapitel 2](#)), oder (c) Vektor vom Typ `character`, der die Namen der Zeilen/Spalten enthält, die ausgegeben werden sollen.<sup>18</sup>

Spalten werden am häufigsten per Namen – also durch Angabe eines Vektors vom Typ `character` – adressiert; Zeilen werden am häufigsten durch einen logischen Ausdruck – also durch Angabe eines Vektors vom Typ `logical` – adressiert (“Gib mir alle Fälle aus, die eine bestimmte Eigenschaft aufweisen.”).

<sup>18</sup>Auch Zeilen können benannt sein. Den Fall hatten wir bislang aber nicht und es kommt auch nicht oft vor, dass Zeilen explizit benannt sind. Häufiger ist der Fall, in dem wir Spalten nach Namen auswählen.

### 3.3.1 Spaltenauswahl von Items mit der Funktion `paste0()`

Die Funktion `paste0()` kann genutzt werden, um effizient Spaltennamen zu erstellen, wenn die Spaltennamen einem bestimmten Schema folgen, wie es bei der Benennung von Fragebogen-Items oftmals der Fall ist. Sie erstellt `character`-Vektoren beliebiger Länge. Etwa wie folgt lassen sich bequem 10 durchnummerierte Itemnamen generieren:

```
paste0("item_", 1:10)
```

```
[1] "item_1" "item_2" "item_3" "item_4" "item_5" "item_6" "item_7"
[8] "item_8" "item_9" "item_10"
```

Hierbei wird der Text “item\_” mit den Zahlen von 1 bis 10 gepaart. Das Ergebnis des Befehls ist ein 10-elementiger Vektor, der zur Spaltenauswahl mithilfe der `[·, ·]`-Notation genutzt werden könnte. Diese Operation ist nützlich, da Spaltennamen in echten Datentabellen oft aus einem fixen Stamm – hier `item` – und einem variablen Teil bestehen – hier den Zahlen von 1 bis 10. Die Funktion `paste0()` ermöglicht uns dann, den fixen Teil nicht mehrfach aufschreiben zu müssen. Außerdem besteht der variable Teil oftmals aus einer aufsteigenden Zahlenfolge, die wir unkompliziert mit dem Doppelpunktoperator erstellen können.<sup>19</sup>

Die Funktion `paste0()` ist nicht auf die Kombination von zwei Vektoren beschränkt, sondern verknüpft im Allgemeinen beliebig viele Vektoren. Sollten die Spaltennamen beispielsweise noch ein festes Suffix nach der Nummerierung enthalten, kann dieses einfach durch ein zusätzliches Argument angefügt werden:

```
paste0("item_", 1:3, "R")
```

```
[1] "item_1R" "item_2R" "item_3R"
```

In unserer kleinen Datentabelle `mdf` können wir mithilfe der Funktion `paste0()` die zwei Items wie folgt auswählen:

```
mdf[, paste0("Item", 1:2)]
```

	Item1	Item2
1	1	1
2	0	1
3	0	0
4	1	0
5	1	1

Natürlich ist diese Operation nützlicher, wenn die Tabelle mehr Items enthält.

Eine Verallgemeinerung von `paste0()` stellt die Funktion `paste()` dar, die das Trennzeichen zwischen den zusammengeführten Vektoren explizit definieren kann. Dazu verwendet `paste()` das benannte Argument `sep`:

---

<sup>19</sup>Bei der Auswahl von Items aus Subskalen ist dieses Vorgehen oftmals etwas schwieriger, da hier nur Teilmengen des gesamten Itempools ausgewählt werden sollen. Aber auch dann kann die Funktion `paste0()` helfen.



```
paste("item", 1:10, sep = "-")
```

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

Die Funktionen `paste()` und `paste0()` arbeiten vektorisiert und im Allgemeinen auch komponentenweise, verknüpfen also gleich lange Eingabevektoren paarweise anhand der Position ihrer Elemente.

### 3.3.2 Spaltenauswahl von Items mit der Funktion `grepl()`

Die Funktion `grepl()` kann ebenfalls genutzt werden, um gezielt Spalten auszuwählen, deren Namen einem gewissen Format entsprechen. Sie nimmt (als zweites Argument) einen Vektor vom Typ `character` entgegen und vergleicht darin alle Elemente mit einer Vorlage (die als erstes Argument übergeben wird):

```
names(mdf)
```

```
[1] "Fallnummer" "Item1"      "Item2"      "Alter"      "Geschlecht"  
[6] "Augenfarbe" "Testscore"
```

```
# Teste pro Spaltenname, ob der Stamm "Item" enthalten ist:  
grepl("Item", names(mdf))
```

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

```
# Nutze grepl zur Auswahl der Spalten:  
mdf[, grepl("Item", names(mdf))]
```

	Item1	Item2
1	1	1
2	0	1
3	0	0
4	1	0
5	1	1

Ähnlich funktioniert die Funktion `grep()`, die jedoch numerische Indices statt einem logischen Vektor zurückgibt und demnach auch zur Spaltenauswahl genutzt werden kann.

```
grep("Item", names(mdf))
```

```
[1] 2 3
```

Bei der Nutzung von `grepl()` oder `grep()` zur Spaltenauswahl ist Vorsicht geboten, dass wirklich nur die gewünschten Spalten ausgewählt werden und nicht andere, die zufällig denselben Stamm enthalten, aber nicht in der Ausgabemenge erwünscht sind.

### 3.3.3 Komplexere logische Operationen zur Zeilenauswahl

Durch die UND- bzw. ODER-Operationen können wir auch komplexere logische Bedingungen zur Auswahl von Fällen formulieren:

```
mdf[mdf$Augenfarbe == "blau" | mdf$Augenfarbe == "braun", ]
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0
4	4	1	0	12	w	braun	1

```
mdf[(mdf$Augenfarbe == "blau" | mdf$Augenfarbe == "braun") & mdf$Item1 == 1, ]
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
4	4	1	0	12	w	braun	1

Beachtet, dass wir hier ohne Klammerung der ODER-Operation eine andere Ausgabe erhalten (Erinnerung: Diesen Fall kennen wir auch aus [Kapitel 2](#)):

```
mdf[mdf$Augenfarbe == "blau" | mdf$Augenfarbe == "braun" & mdf$Item1 == 1, ]
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0
4	4	1	0	12	w	braun	1

Wie wir merken, wird die `[·, ·]`-Notation recht schnell unübersichtlich, wenn sie komplexere logische Bedingungen enthält. Die Verknüpfung mehrerer ODER-Bedingungen lässt sich durch den `%in%`-Operator verkürzen:

```
mdf[mdf$Augenfarbe %in% c("blau", "braun"), ]
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0
4	4	1	0	12	w	braun	1

Allgemein können beliebige logische Operationen bzw. Vektoren zur Zeilenauswahl angegeben werden. Im nächsten Abschnitt lernen wir mit der Funktion `subset()` eine Möglichkeit kennen, komplexere logische Anfragen zur Zeilenauswahl noch etwas prägnanter zu formulieren.

### 3.3.4 Weitere Beispiele zur Verwendung der `[·, ·]`-Notation

Zum Abschluss dieses Abschnitts betrachten wir noch einige weitere Beispiele für die verschiedenen Auswahlmöglichkeiten per `[·, ·]`:

```
## Wähle per Index die ersten drei Zeilen aus
mdf[1:3, ]
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0

```
## Wähle per Index die zweite und vierte Spalte aus
mdf[, c(2, 4)]
```

	Item1	Alter
1	1	13
2	0	14
3	0	13
4	1	12
5	1	15

```
## Wähle per logischem Vektor alle Personen aus, die beide Aufgaben
## richtig gelöst haben:
mdf[mdf$Testscore == 2, ]
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
5	5	1	1	15	m	gruen	2

```
## Wähle Fallnummer, Alter und Testscore per Spaltenname aus:
mdf[, c("Fallnummer", "Alter", "Testscore")]
```

	Fallnummer	Alter	Testscore
1	1	13	2
2	2	14	1
3	3	13	0
4	4	12	1
5	5	15	2

```
## Wähle Fallnummer, Alter und Testscore aus für alle Personen, die
## älter als 13 sind
mdf[mdf$Alter > 13, c("Fallnummer", "Alter", "Testscore")]
```

	Fallnummer	Alter	Testscore
2	2	14	1
5	5	15	2

```
## Wähle Fallnummer, Alter und Testscore aus für die ersten drei Fälle
mdf[1:3, c("Fallnummer", "Alter", "Testscore")]
```

	Fallnummer	Alter	Testscore
1	1	13	2

2	2	14	1
3	3	13	0

```
## Wähle die Itemscores aus - nutze dabei die Funktion paste0
mdf[, paste0("Item", 1:2)]
```

	Item1	Item2
1	1	1
2	0	1
3	0	0
4	1	0
5	1	1

**Merke:** Mit dem `[·, ·]`-Zugriff wird vor dem Komma die Zeile und nach dem Komma die Spalte adressiert. Man kann die Auswahl nach numerischem Index, mit einem logischen Vektor oder mit einem `character`-Vektor durchführen.

### 3.4 Die Funktion `subset()`

In diesem Abschnitt lernen wir die Funktion `subset()` kennen, die wir ebenfalls verwenden können, um Zeilen und Spalten aus `data.frames` auszulesen. Ganz ähnlich zur `[·, ·]`-Notation funktioniert etwa der folgende Aufruf:

```
subset(mdf, mdf$Augenfarbe == "blau", c("Item1", "Augenfarbe"))
```

	Item1	Augenfarbe
2	0	blau
3	0	blau

Als erstes Argument nimmt die Funktion `subset()` immer den `data.frame` an, aus dem wir Daten auslesen wollen. Danach folgen Argumente zur Auswahl von Zeilen und zur Auswahl von Spalten.

Wie hier angewendet, ist durch die Funktion `subset()` im Vergleich zur `[·, ·]`-Notation noch nicht viel gewonnen. Was die Funktion `subset()` so nützlich macht, ist dass sie zwei wichtige Zugriffe auf `data.frames` vereinfacht:

1. Die Auswahl von Zeilen mithilfe logischer Bedingungen
2. Die Auswahl von Spalten durch Angabe von Spaltennamen

Diese Vereinfachungen besprechen wir im Folgenden. Des Weiteren bietet dieser Abschnitt einen ersten theoretischen Überblick über die **Arbeitsweise von Funktionen in R**, der in **Kapitel 6** vertieft wird.

#### 3.4.1 Vereinfachte Zeilenauswahl

Die Funktion `subset()` erlaubt uns logische Bedingungen für die Zeilenauswahl zu formulieren, ohne die `$`-Notation zu verwenden:

```
subset(mdf, Augenfarbe == "blau")
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0

Folgendermaßen könnte man durch Verwendung von `$` einen äquivalenten Aufruf durchführen, der uns eher an die `[·,·]`-Notation erinnert:

```
subset(mdf, mdf$Augenfarbe == "blau")
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0

Außerhalb der Funktion `subset()` würde der Ausdruck `Augenfarbe == "blau"` einen Fehler ausgeben; schließlich ist `Augenfarbe` selbst keine R-Variable, sondern nur eine Spalte von `mdf`.<sup>20</sup> Innerhalb der Funktion `subset()` kann die logische Bedingung in dieser Form jedoch verarbeitet werden.

Der äquivalente Befehl mit der `[·,·]`-Notation sähe folgendermaßen aus:

```
mdf[mdf$Augenfarbe == "blau", ]
```

Gerade bei der Verknüpfung mehrerer logischer Bedingungen ist es praktisch, nicht mehrfach die `$`-Notation verwenden zu müssen:

```
subset(mdf, Augenfarbe == "blau" & Item2 == 1)
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
2	2	0	1	14	m	blau	1

### 3.4.2 Funktionsargumente

Die Funktion `subset()` nimmt optional ein drittes Argument an, das auszulesende Spalten adressiert:

```
subset(mdf, Augenfarbe == "blau", c("Item1", "Augenfarbe"))
```

	Item1	Augenfarbe
2	0	blau
3	0	blau

Durch die Kombination der Auswahl von Zeilen und Spalten gibt dieser Befehl einen `data.frame` aus, der nur die Spalten `Item1` und `Augenfarbe` enthält, und diese nur für Personen mit blauen Augen.

---

<sup>20</sup>Es macht an dieser Stelle Sinn, einen Moment inne zu halten und zu überlegen, warum es eigentlich außergewöhnlich ist, dass der Befehl `Augenfarbe == "blau"` innerhalb der Funktion `subset()` funktioniert.

Was machen wir aber, wenn wir nur eine Auswahl nach Spalten durchführen wollen? Probieren wir erst einmal Folgendes:

```
subset(mdf, c("Item1", "Augenfarbe"))
```

Hier habe ich einfach das Argument für die Zeilenauswahl weggelassen und als zweites Argument einen `character`-Vektor zur Auswahl zweier Spalten angegeben – was aber nicht funktioniert hat. R gibt uns eine kryptische Fehlermeldung aus:

```
Fehler in subset.data.frame(mdf, c("Item1", "Augenfarbe")) :  
'subset' muss boolesch sein
```

Warum gibt uns R hier einen Fehler aus? An dieser Stellen machen wir uns eine wichtige Eigenschaft von Funktionen bewusst: **Funktionen identifizieren Argumente anhand der Reihenfolge, in der sie übergeben werden.** Bei der Funktion `subset()` ist das erste Argument der `data.frame`, von dem wir Daten anfordern. Das zweite Argument wählt mit einem logischen Ausdruck Zeilen aus. Das dritte Argument adressiert Spalten.

Wir erhalten den obigen Fehler also, weil die Funktion `subset()` an zweiter Stelle einen logischer Ausdruck zur Zeilenauswahl erwartet; die Auswahl der Spalten muss mit dem dritten Argument geschehen. Um eine Auswahl trotzdem nur nach Spalten auszuführen, können wir eine praktische Eigenschaft von R ausnutzen: **Funktionsargumente haben Namen.** Anstatt Argumente anhand ihrer Position zu identifizieren, können wir sie auch benennen. Bislang haben wir das ignoriert bzw. es ist uns nur am Rande begegnet – erinnern wir uns an das Argument `na.rm` der Funktion `mean()`.

Die Funktion `subset()` hat drei benannte Argumente:

- `x`: der Datensatz, aus dem ausgewählt wird
- `subset`: wählt Zeilen aus
- `select`: wählt Spalten aus

Um eine Übersicht über die Argumente einer Funktion zu erhalten, können wir mit dem `?`-Operator die R-Hilfe anfordern:

```
?subset
```

Leider ist die R-Hilfe oftmals kryptisch – und das nicht nur für Anfänger. Sie ist die offizielle Dokumentation von Funktionen und legt deswegen zwar großen Wert auf technische Genauigkeit, ist aber nicht immer sonderlich ausführlich oder gar verständlich. Wir werden in **Kapitel 5** bei einer ausführlicheren Besprechung von Funktionen noch einmal darauf zurückkommen, wie wir mit der R-Hilfe umgehen können.

Wenn wir die Namen der Argumente kennen, können wir die Funktion `subset()` auch wie folgt aufrufen:

```
subset(  
  x = mdf,  
  subset = Augenfarbe == "blau",  
  select = c("Item1", "Augenfarbe")
```

```
)
```

	Item1	Augenfarbe
2	0	blau
3	0	blau

Beachtet, dass ich beim Funktionsaufruf Zeilenumbrüche zwischen den Argumenten nutze, was nicht hätte sein müssen – das mache ich nur, damit mein Code schön übersichtlich ist.

Wenn ich Funktionsargumente mit Namen adressiere, kann ich deren Reihenfolge beliebig vertauschen. Deswegen funktioniert auch der folgende Aufruf:

```
subset(  
  select = c("Item1", "Augenfarbe"),  
  subset = Augenfarbe == "blau",  
  x = mdf  
)
```

	Item1	Augenfarbe
2	0	blau
3	0	blau

Eine Auswahl nur anhand von Spalten können wir umsetzen, indem wir benannt nur das Argument `select` angeben, aber nicht das Argument `subset`:

```
subset(mdf, select = c("Item1", "Augenfarbe"))
```

	Item1	Augenfarbe
1	1	braun
2	0	blau
3	0	blau
4	1	braun
5	1	gruen

Dieser Aufruf zeigt, dass wir im selben Aufruf manche Argumente anhand ihrer Position identifizieren können und manche anhand ihres Namens. Für das erste Argument `mdf` habe ich den Namen nicht extra angegeben – daher wurde das Argument anhand seiner Position identifiziert. Für die Auswahl der Spalten habe ich jedoch den Argumentnamen angegeben. **Das war auch nötig**, da `subset()` als zweites Argument ansonsten die Auswahl der Zeilen erwartet hätte.

**Merke:** In R können Funktionsargumente per Position und per Namen identifiziert werden. Die Identifikation per Name schlägt dabei die Identifikation per Position. Argumente explizit mit ihrem Namen zu benennen ist oft sicherer als auf die richtige Reihenfolge der Argumente zu vertrauen.

### 3.4.3 Sonderregeln zur Auswahl von Spalten

Die Funktion `subset()` bietet einige Sonderregeln zur Auswahl von Spalten, die über die Angabe der Spaltennamen per `character`-Vektor hinausgehen, wie wir sie von der `[·, ·]`-Notation kennen. Zunächst einmal können wir Spaltennamen ohne Anführungszeichen angeben:

```
subset(mdf, select = c(Augenfarbe, Alter))
```

	Augenfarbe	Alter
1	braun	13
2	blau	14
3	blau	13
4	braun	12
5	gruen	15

Genau wie die Zeilenauswahl, die ohne die `$`-Notation auskommt, ist es eine Besonderheit der Funktion `subset()`, dass wir Spaltennamen ohne Anführungszeichen adressieren können. Einfach in die Konsole eingegeben würde der Ausdruck `c(Augenfarbe, Alter)` höchstwahrscheinlich<sup>21</sup> einen Fehler verursachen, da `Augenfarbe` und `Alter` nicht unbedingt als Variablen definiert sind; sie sind bloß Spalten von `mdf`.

Die Auswahl von Spalten ohne Anführungszeichen ist noch keine allzu große Arbeitserleichterung im Vergleich zur `[·, ·]`-Notation. Die Funktion `subset()` lässt aber noch einen weiteren Sonderfall bei der Spaltenauswahl zu, der einiges an Schreibarbeit ersparen kann: Wir können den Doppelpunktoperator verwenden, um mehrere Spalten auszuwählen.

```
subset(mdf, select = Item1:Geschlecht)
```

	Item1	Item2	Alter	Geschlecht
1	1	1	13	w
2	0	1	14	m
3	0	0	13	m
4	1	0	12	w
5	1	1	15	m

Von „links nach rechts“ wählt der Doppelpunktoperator alle Spalten zwischen einschließlich `Item1` und `Geschlecht` aus. Auch hier verzichten wir auf die Angabe von Anführungszeichen.

Es gibt noch eine weitere Vereinfachung, die uns die Funktion `subset()` bietet. Wir können angeben, welche Spalten wir **nicht** ausgeben wollen:

```
subset(mdf, select = -c(Geschlecht, Alter))
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Augenfarbe	Testscore
1		1	1	braun	2
2		2	0	blau	1
3		3	0	blau	0

---

<sup>21</sup>Unter welchen Umständen würde R keinen Fehler ausgeben, wenn wir `c(Augenfarbe, Alter)` in die Konsole eingeben? Es ist nützlich, diesen Punkt zu verstehen.



4	4	1	0	braun	1
5	5	1	1	gruen	2

### 3.4.4 Non-Standard-Evaluation

Wie schafft es die Funktion `subset()`, dass wir etwa wie folgt Spalten in einem `data.frame` – ohne Anführungszeichen und ohne die `$`-Notation – ansteuern können:

```
subset(mdf, Testscore == 1)
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
2	2	0	1	14	m	blau	1
4	4	1	0	12	w	braun	1

```
subset(mdf, select = Item1:Alter)
```

	Item1	Item2	Alter
1	1	1	13
2	0	1	14
3	0	0	13
4	1	0	12
5	1	1	15

Dass das funktioniert, ist gewiss nicht selbstverständlich. Normalerweise würden wir ja erwarten, dass ein Name ohne Anführungszeichen eine eigenständige Variable sein muss, nicht bloß eine Spalte in einem `data.frame`. Auch der Doppelpunktoperator kann außerhalb von `subset()` nicht zur Generierung von Spaltennamen, sondern nur zur Erstellung ganzer Zahlen genutzt werden. Dass solche Sonderregeln bei `subset()` trotzdem funktionieren, ist einer mächtigen Eigenart von R zu verdanken, die unter dem Namen „Non-Standard-Evaluation“ (NSE) bekannt ist. NSE ist ein komplexes und sogar kontroverses Thema. Ohne in die Tiefe zu gehen, können wir uns NSE wie folgt klar machen: Wann immer eine Funktion ein Argument annimmt, das für sich gesehen kein legales R-Objekt ist, muss sie intern so damit umgehen, dass daraus korrekter R-Code wird. Dieses Verhalten nennt man „non-standard“; die Funktion wendet NSE an.

Dass `subset()` NSE anwendet, können wir daran sehen, dass die oben übergebenen Argumente für sich gesehen keine R-Objekte, sondern bloß Fehlermeldungen ausgeben:

```
Testscore == 1
```

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

```
Item1:Alter
```

```
Error in eval(expr, envir, enclos): Objekt 'Item1' nicht gefunden
```

Weitere Ausführungen zu NSE spare ich mir an dieser Stelle; für Interessierte sei das [Kapitel zu NSE](#) in Hadley Wickhams Buch „Advanced R“ (2014) als Standardreferenz genannt; eine schnelle Internetrecherche wird ebenfalls einen Überblick zu dem Thema liefern.

**Merke:** Wann immer eine Funktion ein Argument annimmt, das für sich selbst genommen kein legales R-Objekt ist, wendet sie Non-Standard-Evaluation an.

### 3.4.5 Umgang mit NA: `subset()` bevorzugt zur Zeilenauswahl

Die Funktion `subset()` bietet uns nicht nur syntaktische Vereinfachungen zur Auswahl von Zeilen und Spalten. Darüber hinaus ist auch das Verhalten von `subset()` manchmal gegenüber dem `[·, ·]`-Zugriff zu bevorzugen, zumindest was die Auswahl von Zeilen angeht. Betrachten wir im Folgenden, wie `subset()` und der `[·, ·]`-Zugriff jeweils auf die Anwesenheit von fehlenden Werten (NA) reagieren:

```
minidf <- data.frame(  
  nummer = 1:5,  
  wert = c(1, 2, 4, NA, 1)  
)
```

```
minidf[minidf$wert < 4, ]
```

	nummer	wert
1	1	1
2	2	2
NA	NA	NA
5	5	1

Die Ausgabe des `[·, ·]`-Zugriffs sieht etwas unschön aus; für die Zeile, in der `minidf$wert` den Wert NA hat, wird hier eine Zeile ausgegeben, die nur aus fehlenden Werten besteht. (Selbst die Zeilennummer wurde auf NA gesetzt!) Es ist schwer vorstellbar, dass es sich hierbei um die gewünschte Ausgabe handelt. Höchstens erinnert sie an die Anwesenheit fehlender Werte – was vielleicht manchmal nützlich sein mag.

Die Funktion `subset()` hingegen schließt die Zeile aus, in der `minidf$wert` fehlt:

```
subset(minidf, wert < 4)
```

	nummer	wert
1	1	1
2	2	2
5	5	1

Diese Ausgabe entspricht vermutlich häufiger dem gewünschten Verhalten. Um diese Ausgabe auch mit der `[·, ·]`-Notation zu erhalten, kann ein etwas komplizierterer, expliziter Ausschluss der NA-Werte genutzt werden:

```
minidf[minidf$wert < 4 & !is.na(minidf$wert), ]
```

	nummer	wert
1	1	1
2	2	2

5        5        1

Es lohnt sich ein wenig über die logische Operation nachzudenken, die diesem Befehl zugrunde liegt. Man kann sie mithilfe der folgenden Wahrheitstabelle verdeutlichen:

```
data.frame(
  wert = minidf$wert,
  kleiner4 = minidf$wert < 4,
  nichtNA = !is.na(minidf$wert),
  kleiner4_und_nichtNA = minidf$wert < 4 & !is.na(minidf$wert)
)
```

	wert	kleiner4	nichtNA	kleiner4_und_nichtNA
1	1	TRUE	TRUE	TRUE
2	2	TRUE	TRUE	TRUE
3	4	FALSE	TRUE	FALSE
4	NA	NA	FALSE	FALSE
5	1	TRUE	TRUE	TRUE

Die gewünschte Ausgabe wird erreicht, da die logische Operation `NA & FALSE` immer `FALSE` ergibt. Hier erinnere ich auch noch einmal an den Abschnitt zu **logischen Operationen mit NA** aus dem letzten Kapitel.

Es gibt jedoch eine weitere, einfachere und zu bevorzugende Variante, um mithilfe des `[, ]`-Zugriffs fehlende Werte bei einer logischen Auswahl nicht zu berücksichtigen: durch Verwendung der Funktion `which()`. Die Funktion `which()` gibt für einen logischen Vektor alle Positionen aus, an denen dieser auf `TRUE` steht. Etwa:

```
minidf$wert < 4
```

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

```
which(minidf$wert < 4)
```

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

Die Länge der Ausgabe von `which(x)` entspricht `sum(x, na.rm = TRUE)` für einen beliebigen logischen Vektor `x`.

Wir können `which()` also zur Datenauswahl nutzen; die Auswahl findet dann im Endeffekt nicht mit einem logischen, sondern einem numerischen Vektor statt. Die zugrundeliegende logische Abfrage wird durch `which()` in einen numerischen Vektor konvertiert.

```
minidf[which(minidf$wert < 4), ]
```

	nummer	wert
1	1	1
2	2	2
5	5	1

Durch Verwendung der Funktion `which()` werden also die Zeilen ausgelassen, in denen

`minidf$wert` den Wert `NA` hat. Stattdessen beinhaltet die Ausgabe nur die Positionen, an denen die logische Abfrage `minidf$wert < 4` den Wert `TRUE` ergibt. Die Funktion `which()` ist also bevorzugt zu nutzen, wenn fehlende Werte vorliegen.

## 3.5 Weitere Zugriffe auf `data.frames`

Dieser Abschnitt behandelt zwei weitere Möglichkeiten, mit eckigen Klammern auf Spalten in `data.frames` zuzugreifen. Da wir diese Zugriffe danach erst einmal nicht weiter verwenden, kann der folgende Inhalt jedoch zunächst problemlos **übersprungen werden**. Datenzugriffe mit eckigen Klammern sind jedoch ein zentraler Bestandteil von R; daher lohnt es sich, diesen Abschnitt später zu konsultieren oder zum Nachschlagen zu nutzen.

### 3.5.1 Der `[[·]]`-Zugriff

Den `[[·]]`-Zugriff nutzen wir genau wie den `$`-Zugriff zum Auslesen einzelner Spalten aus `data.frames`:

```
mdf[["Item1"]] # dasselbe wie mdf$Item1
```

```
[1] 1 0 0 1 1
```

Hierbei wird der Spaltenname als ein-elementiger Vektor vom Typ `character` angegeben – also in Anführungszeichen. Die Anführungszeichen sind hier notwendig, bei der `$`-Notation verwenden wir sie hingegen nicht. Das hat zur Folge, dass wir statt der expliziten Angabe des Texts auch eine Variable übergeben können, die einen ein-elementigen `character`-Vektor abgespeichert hat; dies ist mit der `$`-Notation nicht möglich.

```
spalte <- "Augenfarbe"
mdf[[spalte]]
```

```
[1] "braun" "blau"  "blau"  "braun" "gruen"
```

Ebenso ist es möglich, der `[[·]]`-Klammerung eine Funktion zu übergeben, die einen ein-elementigen Vektor vom Typ `character` ausgibt – etwa die Funktion `paste0()`:

```
mdf[[paste0("Item", 1)]]
```

```
[1] 1 0 0 1 1
```

Der `[[·]]`-Zugriff wird in Zusammenspiel mit der Funktion `paste0()` noch einmal interessant werden, wenn wir in **Kapitel 6** mit *Schleifen* nacheinander auf beliebig viele Spalten von `data.frames` zugreifen. In einer Schleife können wir dann Spaltennamen automatisiert nacheinander austauschen (etwa: `Item_1`, `Item_2`, ...).

### 3.5.2 Der `[·]`-Zugriff

Nicht äquivalent zu den Zugriffen mit `$` und `[[·]]` ist folgender `[·]`-Zugriff:

```
mdf["Item1"]
```

	Item1
1	1
2	0
3	0
4	1
5	1

Auch hier sind Anführungszeichen zur Identifikation der auszuwählenden Spalte nötig. Der Unterschied von `[·]` zu `[[·]]` und `$`:

- `[[·]]` und `$` ergeben einen Vektor
- `[·]` ergibt einen `data.frame` mit einer Spalte

Außerdem können wir mit dem `[·]`-Zugriff gleichzeitig mehrere Spalten auswählen, indem wir einen mehr-elementigen Vektor vom Typ `character` übergeben. Das ist mit den Zugriffen per `[[·]]` und `$` nicht möglich, die immer nur eine Spalte ausgeben.

```
mdf[c("Item1", "Augenfarbe")]
```

	Item1	Augenfarbe
1	1	braun
2	0	blau
3	0	blau
4	1	braun
5	1	gruen

Dieser Aufruf sollte uns an die `[·, ·]`-Notation zur Auswahl von Spalten erinnern; in der Tat ist der folgende Ausdruck äquivalent:

```
mdf[, c("Item1", "Augenfarbe")]
```

	Item1	Augenfarbe
1	1	braun
2	0	blau
3	0	blau
4	1	braun
5	1	gruen

Zwischen dem `[·]`-Zugriff und der `[·, ·]`-Auswahl für Spalten gibt es jedoch einen Unterschied, der zutage kommt, wenn wir nur eine Spalte auswählen:

```
mdf["Item1"]
```

	Item1
1	1
2	0
3	0

```
4      1
5      1
```

```
mdf[, "Item1"]
```

```
[1] 1 0 0 1 1
```

Wenn wir nur eine Spalte auslesen, gibt die `[·, ·]`-Auswahl einen Vektor aus, die `[·]`-Auswahl jedoch einen `data.frame` mit einer Spalte. Dieses Verhalten offenbart einen Sonderfall der `[·, ·]`-Auswahl: Im Normalfall gibt `[·, ·]` ebenfalls einen ganzen `data.frame` aus. Wenn wir aber nur eine einzige Spalte anfordern, „reduziert“ sich die Ausgabe zu einem Vektor.

Ich persönlich bevorzuge die `[·, ·]`-Notation gegenüber der `[·]`-Notation zur Auswahl von Spalten, auch wenn ich hier ein zusätzliches Komma verwenden muss (ansonsten sind die beiden Notationen ja fast äquivalent zur Auswahl von Spalten). Wenn ich Code mit der `[·, ·]`-Notation lese, weiß ich, dass Spalten ausgewählt werden – selbst wenn ich gar nicht weiß, was in dem Objekt steckt, auf dem die Auswahl stattfindet. Die `[·]`-Notation ist uneindeutiger: Sie könnte auch auf einem Vektor operieren, der gar keine Spalten enthält. Wir merken uns: **Code ist in erster Linie für Menschen gemacht; verständlicher Code ist gegenüber kürzerem Code zu bevorzugen.**

### 3.5.3 Zugriff nach Name und Index

Wir haben nun alle wichtigen Möglichkeiten kennengelernt, Zugriffe auf `data.frames` durchzuführen. An dieser Stelle lohnt es sich deswegen, ein grundsätzliches Prinzip von Datenzugriffen in R festzuhalten: **Datenzugriffe können nach Index oder nach Name stattfinden.** Dies gilt für Vektoren, `data.frames` und auch für andere Datenstrukturen, die wir noch gar nicht behandelt haben.

Wir haben bereits Beispiele für beide Arten des Datenzugriffs kennengelernt: In Vektoren haben wir Zugriffe mithilfe von Indexen durchgeführt, indem wir (a) die Position von auszuwählenden Elementen mit einem numerischen Vektor angegeben haben, oder (b) indem wir einen logischen Vektor übergeben haben, der die Indexe auswählt, deren Elemente ausgegeben werden sollen. Der Vollständigkeit halber sei hier mitgeteilt, dass man sogar bei Vektoren Zugriffe nach Namen durchführen kann, wenn die Elemente des Vektors benannt sind. Das ist gar nicht so ungewöhnlich; wie folgt könnte man einen Vektor mit benannten Elementen erstellen und mit der bekannten `[·]`-Notation darauf zugreifen.

```
## Benannte Vektoren erstellen funktioniert wie einen data.frame zu  
## erstellen:
```

```
vec <- c(foo = 1, bar = 2)  
vec
```

```
foo bar  
  1   2
```

```
vec["foo"]
```

```
foo
```

1

```
vec["bar"]
```

bar

2

```
vec[c("bar", "foo")]
```

bar foo

2 1

In `data.frames` haben wir Spalten zumeist nach Namen ausgewählt:

- Mit der `$`-Notation
- Mit der `[, ]`-Notation
- Mit der Funktion `subset()`
- Mit der `[[ ]]`-Notation
- Mit der `[ ]`-Notation

Wie wir gesehen haben, können wir mit der `[, ]`-Notation in `data.frames` zusätzlich auch Zugriffe nach numerischem oder logischem Index durchführen. Dabei kann die Auswahl sowohl nach Spalten als auch nach Zeilen – oder beidem – geschehen.

## 3.6 Nützliche Funktionen zum Arbeiten mit `data.frames`

### 3.6.1 Gruppierte Statistiken: `tapply()`

Die Funktion `tapply()` kann ich verwenden, um mir deskriptive Statistiken anhand von Gruppierungsvariablen ausgeben zu lassen, hier etwa die mittlere Punktzahl oder das mittlere Alter nach Geschlecht der Schüler/innen:

```
tapply(mdf$Testscore, mdf$Geschlecht, mean)
```

```
  m    w  
1.0 1.5
```

```
tapply(mdf$Alter, mdf$Geschlecht, mean)
```

```
  m    w  
14.0 12.5
```

Die Funktion `tapply()` erhält als erstes Argument den Messwertvektor, für den Statistiken angefordert werden. Das zweite Argument ist die Gruppierungsvariable.<sup>22</sup> Interessanterweise ist das dritte Argument eine Funktion, in diesem Fall die Funktion `mean()`. So können wir die *mittlere* Punktzahl nach Geschlecht anfordern. Entsprechend könnten wir hier andere Funktionen übergeben, um etwa die Standardabweichung des Alters zu erfragen:

---

<sup>22</sup>Beachtet, dass sowohl Messwerte als auch Gruppierungsvariable als **Vektoren** übergeben werden. Ich behandle die Funktion `tapply()` jedoch im Kapitel zu `data.frames`, da es zumeist so sein wird, dass wir beide Vektoren aus **einem** `data.frame` mit der `$`-Notation auslesen werden.

```
tapply(mdf$Alter, mdf$Geschlecht, sd)
```

```
      m      w  
1.0000000 0.7071068
```

Wie `table()` kann auch `tapply()` deskriptive Statistiken anhand mehrerer Gruppierungsvariablen anfordern. Um mehrere Gruppierungsvariablen zu nutzen, lesen wir diese als `data.frame` aus:

```
tapply(mdf$Alter, mdf[, c("Geschlecht", "Augenfarbe")], mean)
```

```
      Augenfarbe  
Geschlecht blau braun gruen  
      m 13.5    NA    15  
      w  NA   12.5    NA
```

Mit nur fünf Datenpunkten macht diese Anfrage hier nur wenig Sinn, da jeder ausgegebene Mittelwert nur anhand eines einzelnen Wertes gebildet wurde,<sup>23</sup> was die Idee des Mittelwerts eher ad absurdum führt. Manche Kombinationen von Geschlecht und Augenfarbe kommen in unseren Daten sogar gar nicht vor; in diesen Fällen wird `NA` ausgegeben. Die Funktion `tapply()` zeigt ihre Stärke vor allem, wenn man viele – und nicht nur fünf – Datenpunkte hat. Das gilt gerade dann, wenn wir mehrere Gruppierungsvariablen angeben.

### 3.6.2 Datenstruktur: `nrow()` und `ncol()`

Wie viele Zeilen ein `data.frame` hat – d.h. oftmals die Zahl der *Fälle* – lässt sich mit der Funktion `nrow()` bestimmen:

```
nrow(mdf)
```

```
[1] 5
```

Analog gibt `ncol()` die Zahl der Spalten aus:

```
ncol(mdf)
```

```
[1] 7
```

### 3.6.3 Wie sieht die Tabelle aus: `head()` und `tail()`

Um sich einen Überblick über einen `data.frame` zu verschaffen, sind die Funktionen `head()` und `tail()` sehr nützlich. Die Funktion `head()` gibt die ersten Zeilen eines `data.frames` aus; `tail()` gibt entsprechend die letzten Zeilen aus. Beide Funktionen haben ein zweites Argument `n`, mit dem wir spezifizieren können, wie viele Zeilen ausgegeben werden sollen. Wenn wir `n` nicht angeben, werden sechs Zeilen ausgegeben (in R-Jargon: 6 ist der Standardwert des *optionalen Arguments* `n`). Wir können die Funktionen wie folgt nutzen:

---

<sup>23</sup>Wie viele Datenpunkte in die Berechnung jedes Mittelwerts eingehen, können wir in diesem Fall prüfen mit `table(mdf$Geschlecht, mdf$Augenfarbe)`.



```
head(mdf, n = 2)
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
2	2	0	1	14	m	blau	1

```
tail(mdf, n = 3)
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
3	3	0	0	13	m	blau	0
4	4	1	0	12	w	braun	1
5	5	1	1	15	m	gruen	2

### 3.6.4 Zusammenfassung aller Spalten: Hilfe aus Zusatzpaketen

Es gibt zahlreiche Funktionen, aus verschiedenen R-Zusatzpaketen und auch der Basisversion von R („Base-R“) selbst, die alle dafür gedacht sind, möglichst kompakt einen Überblick über einen ganzen `data.frame` zu bieten. Solche Funktionen geben normalerweise pro Spalte deskriptive Statistiken aus – etwa Mittelwert, Standardabweichung, Perzentile, Minimum, Maximum, oder eine Häufigkeitsverteilung bei kategorialen Faktoren – und wie viele Werte darin fehlen, also `NA` sind. Bei der Arbeit mit einem neuen Datensatz ist es nützlich auf diese Weise erst einmal einen groben Überblick zu erhalten.

Zu nennen sind etwa folgende Funktionen:

- Die Funktion `skim()` aus dem Paket `skimr` (Waring et al., 2020)
- Die Funktion `describe()` aus dem Paket `psych` (Revelle, 2019)
- Die Funktion `describe()` aus dem Paket `Hmisc` (Harrell, 2020)
- Die Funktion `summary()`, schon ohne Zusatzpaket in Base-R enthalten

Zusatzpakete stellen zusätzliche Funktionen zur Verfügung, die in der Basisversion von R nicht enthalten sind. Um die Funktionen auszuprobieren, können die nötigen Zusatzpakete mit der Funktion `install.packages()` installiert und der Funktion `library()` geladen werden:

```
# Man kann mit einem Befehl mehrere Pakete installieren:
```

```
install.packages(c("skimr", "psych", "Hmisc"))
```

```
# Geladen werden müssen sie aber alle einzeln:
```

```
library("skimr")
```

```
library("psych")
```

```
library("Hmisc")
```

Beachtet an dieser Stelle, dass Zusatzfunktionen aus Paketen erst dann genutzt werden können, wenn diese per `library()` geladen wurden; es reicht nicht aus, wenn ein Paket nur per `install.packages()` installiert wurde. Insbesondere heißt das, dass benötigte R-Zusatzpakete in jeder neuen R-Sitzung mit `library()` neu geladen werden müssen. Eine (fast) äquivalente Alternative zu `library()` stellt die Funktion `require()` dar.

Interessanterweise bemerken wir an dieser Stelle ein mögliches Problem, das sich bei der

Arbeit mit R-Paketen ergeben kann: Sowohl im Paket `psych`<sup>24</sup> als auch im Paket `Hmisc` gibt es eine Funktion mit dem Namen `describe()`. Wenn ich per `library()` beide Pakete geladen habe – welche Funktion wird dann genutzt, wenn ich `describe()` aufrufe? Das ist von vornherein leider nicht zu sagen und hängt von der Reihenfolge ab, in der die Pakete geladen wurden. Wenn ich gezielt genau eine der beiden Funktionen ansteuern will, kann ich den doppelten Doppelpunktoperator nutzen, um das zugehörige Paket anzugeben:

```
psych::describe(mdf)
Hmisc::describe(mdf)
```

Die Variante mit doppeltem Doppelpunkt ist in jedem Fall sicher und sollte verwendet werden, wenn aus verschiedenen Paketen Funktionen mit demselben Namen in Konflikt stehen. Wer ganz sicher gehen will, kann bei der Verwendung von Funktionen aus Zusatzpaketen immer den doppelten Doppelpunktoperator nutzen, auch wenn das vermutlich ein bisschen übertrieben ist. In der psychometrischen Auswertung kann sich beispielsweise der Konflikt ergeben, dass in den zwei wichtigen Paketen `psych` (Revelle, 2019) und `psychometric` (Fletcher, 2010) jeweils eine Funktion `alpha()` zur Berechnung von Cronbachs Alpha zur Verfügung gestellt wird. Beide berechnen zwar – wie zu erwarten – Cronbachs Alpha, jedoch gibt `psych::alpha()` noch weitere Ergebnisse aus, wohingegen `psychometric::alpha()` wirklich nur Cronbachs Alpha liefert.

### 3.6.5 Sortieren: Die Funktion `arrange()` aus dem Paket `dplyr`

Oftmals wollen wir Datentabellen nach einer oder mehreren Variablen sortieren. Dies funktioniert am bequemsten, wenn wir das Paket `dplyr` laden (Wickham, François, Henry, & Müller, 2018):

```
library("dplyr")
```

Voraussetzung dafür, dass ich das Paket `dplyr` nutzen kann ist, dass ich das Paket auf meinem Rechner installiert habe. Falls das Paket noch nicht installiert ist – in dem Fall ergibt der Befehl `library('dplyr')` einen Fehler – können wir es mit dem folgenden Befehl installieren:

```
install.packages("dplyr")
```

Die Funktion `arrange()` aus dem Paket `dplyr` ermöglicht es uns, einen `data.frame` zu sortieren:

```
arrange(mdf, Testscore) # dplyr muss geladen sein
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	3	0	0	13	m	blau	0
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	4	1	0	12	w	braun	1

<sup>24</sup>Das Paket `psych` ist in der psychometrischen Arbeit übrigens äußerst wichtig; beispielsweise enthält es viel genutzten Funktionen für Faktorenanalysen (etwa eine Standardimplementierung der Parallelanalyse), eine Funktion, die Cronbachs Alpha berechnet, und viele mehr.

4	1	1	1	13	w	braun	2
5	5	1	1	15	m	gruen	2

In der Funktion `arrange()` geben wir als erstes Argument den zu sortierenden `data.frame` an. Darauf folgen – mit Komma separiert – alle Spalten nach denen wir sortieren wollen (hier erst mal nur der Testscore). Standardmäßig sortiert `arrange()` *aufsteigend*; wenn wir eine absteigende Sortierung wünschen, müssen wir ein Minus vor die Sortierspalte setzen:

```
arrange(mdf, -Testscore)
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	1	1	1	13	w	braun	2
2	5	1	1	15	m	gruen	2
3	2	0	1	14	m	blau	1
4	4	1	0	12	w	braun	1
5	3	0	0	13	m	blau	0

Es ist auch möglich, nach mehreren Spalten zu sortieren. In dem Fall wird bei gleichen Werten im ersten Sortierkriterium anhand des nächsten Kriteriums die Reihenfolge entschieden. Wir könnten etwa unsere Daten nach Geschlecht sortieren, und innerhalb der Personen gleichen Geschlechts nach Punktzahl:

```
arrange(mdf, Geschlecht, -Testscore)
```

	Fallnummer	Item1	Item2	Alter	Geschlecht	Augenfarbe	Testscore
1	5	1	1	15	m	gruen	2
2	2	0	1	14	m	blau	1
3	3	0	0	13	m	blau	0
4	1	1	1	13	w	braun	2
5	4	1	0	12	w	braun	1

Beachtet, dass die Funktion `arrange()` eine Ähnlichkeit zur Funktion `subset()` aufweist und ebenfalls auf Non-Standard-Evaluation vertraut: Die Spaltennamen können adressiert werden, ohne dass sie explizit aus dem zugehörigen `data.frame` ausgelesen werden. Das Paket `dplyr` gehört zu einer umfangreichen Sammlung von Paketen, dem **Tidyverse** (Wickham et al., 2019), das stark von Non-Standard-Evaluation Gebrauch macht. Die Pakete aus dem Tidyverse folgen einem zugrundeliegenden Entwurfsprinzip und sollen viele Aufgaben der statistischen Datenanalyse vereinfachen.

### 3.7 Zusammenfassung

- Wir haben den `data.frame` als Datenstruktur zur Speicherung von psychometrischen Daten kennengelernt
- Wir haben die `$`-Notation für den Zugriff auf einzelne Spalten von `data.frames` kennengelernt
- Mit der `[, ]`-Notation und der Funktion `subset()` können wir Zeilen und Spalten aus `data.frames` auslesen

- Zur Anforderung von deskriptiven Statistiken können wir die Funktionen `table()` und `tapply()` verwenden
- Wir haben weitere Funktionen kennengelernt, die uns einen Überblick über `data.frames` verschaffen:
  - `names()`
  - `nrow()/ncol()`
  - `head()/tail()`
  - `dplyr::arrange()`

### 3.8 Fragen zum vertiefenden Verständnis

1. Worin unterscheiden sich die folgenden Aufrufe? Welche Aufrufe sind zueinander äquivalent?

```
subset(mdf, select = "Item1")
```

```
mdf[, "Item1"]
```

```
mdf[, "Item1", drop = FALSE]
```

```
mdf["Item1"]
```

```
mdf[["Item1"]]
```

```
mdf$Item1
```

2. Vergleiche die folgenden Aufrufe der Funktion `subset`. Warum funktionieren der erste und der zweite Aufruf, aber nicht der dritte und vierte? Wie kann es überhaupt sein, dass die ersten beiden Funktionsaufrufe funktionieren, obwohl Argumente unbenannt an der “falschen” Position stehen?

```
subset(mdf, select = "Item1", Augenfarbe == "blau")
```

```
subset(select = "Item1", mdf, Augenfarbe == "blau")
```

```
subset(mdf, "Item1", Augenfarbe == "blau")
```

```
subset("Item1", mdf, Augenfarbe == "blau")
```

## 4 Erste psychometrische Auswertungen

Dieses Kapitel arbeitet einige Kennwerte der klassischen Testtheorie auf und bespricht wie wir diese in R berechnen können. Dabei werden die folgenden Konzepte behandelt:

- Summenwerte
- Item-Schwierigkeit
- Item-Trennschärfe
- Item-Interkorrelation
- Reliabilität
  - Interne Konsistenz („Cronbachs Alpha“)
  - Split-Half/Odd-Even-Reliabilität
- Spearman-Brown-Formel

Angenommen, eine Datentabelle enthält die Punktzahlen von zehn Schulkindern in einer Klassenarbeit mit fünf Aufgaben. Diese kann man gut in einer  $10 \times 5$  (Reihe  $\times$  Spalten) Datentabelle darstellen. Ein Eintrag kodiert, ob das Kind (*Reihe*) die Aufgabe (*Spalte*) korrekt gelöst hat. Korrekte Antworten werden mit 1 kodiert, falsche Antworten mit 0 – ein typisches Datenformat in der psychologischen Diagnostik. Wenn uns Daten in diesem Format vorliegen, können wir auf viele Funktionen in R zurückgreifen, um grundlegende psychometrische Auswertungen durchzuführen. Dies sind etwa die Bestimmung der Schwierigkeit und der Trennschärfe von Items, sowie die Bestimmung einer Split-Half Reliabilität. Für fortgeschrittenere Auswertungen – wie etwa die Berechnung von Cronbachs Alpha oder einer Faktorenanalyse – werden wir auf Pakete zurückgreifen, die uns über die Basics in R hinaus weitere Funktionalitäten bieten. Aber auch für diese Analysen benötigen wir genau dieses Datenformat!

Um das fortführende Beispiel selbst nachzuvollziehen, muss der folgende `data.frame` eingelesen werden:

```
test_data <- data.frame(  
  Item_1 = c(1, 1, 1, 0, 0, 0, 1, 1, 1, 0),  
  Item_2 = c(0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0),  
  Item_3 = c(1, 0, 1, 0, 1, 1, 1, 0, 1, 0),  
  Item_4 = c(1, 0, 1, 0, 1, 0, 0, 0, 1, 0),  
  Item_5 = c(1, 0, 1, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0)  
)
```

**Merke:** Das ist das Standard-Datenformat für all unsere psychometrischen Berechnungen: (a) Zeilen sind Fälle; (b) Spalten sind Items bzw. Messvariablen; (c) Zellen enthalten Datenpunkte, etwa die Korrektheit von Antworten (kodiert mit 1/0). Datenpunkte müssen nicht unbedingt – wie es in diesem Beispiel der Fall ist – dichotom sein, sondern können beispielsweise auch die Antworten in einem Persönlichkeitsfragebogen auf einer Likert-Skala repräsentieren.

## 4.1 Summenwerte

Wir bestimmen zunächst die Testscores der 10 Kinder. Da jede Zeile ein Kind repräsentiert, ist der Gesamt-Testscore die Summe der Werte in jeder Reihe. Die Summe der Reihen (engl: *rows*) eines `data.frames` können wir mit der Funktion `rowSums()` bestimmen:

```
rowSums(test_data)
```

```
[1] 4 1 5 0 3 1 2 1 3 0
```

Es ist manchmal praktisch Berechnungen, die pro Fall einen Wert ergeben, direkt an den ursprünglichen `data.frame` anzuhängen. Wie in Kapitel 3 erklärt, ist das mit der `$`-Notation möglich:

```
test_data$score <- rowSums(test_data)
test_data
```

	Item_1	Item_2	Item_3	Item_4	Item_5	score
1	1	0	1	1	1	4
2	1	0	0	0	0	1
3	1	1	1	1	1	5
4	0	0	0	0	0	0
5	0	0	1	1	1	3
6	0	0	1	0	0	1
7	1	0	1	0	0	2
8	1	0	0	0	0	1
9	1	0	1	1	0	3
10	0	0	0	0	0	0

Da viele viele Analysen aber nur einen `data.frame` mit den Item-Spalten benötigt (→ psychometrisches Standardformat), ist hier Vorsicht bei der Weiterverwendung geboten!

## 4.2 Item-Schwierigkeiten

Die Schwierigkeit eines Items ist die mittlere Punktzahl aller Personen in diesem Item. Auch bei Items, die nicht Korrektheit kodieren, kann man von Item-Schwierigkeit sprechen. Beispielsweise wäre dann die Item-Schwierigkeit die mittlere Zustimmungsrate für ein Item in einem Persönlichkeitsinventar, in dem Antworten auf einer 5-stufigen Likert-Skala gegeben werden. Hierbei macht die Einteilung in hohe vs. niedrige Schwierigkeit wenig Sinn; technisch gesehen bedeuten immer niedrigere Werte eine höhere Schwierigkeit (also etwa eine niedrige Zustimmungsrate).

Technisch gesehen ist die Schwierigkeit eines Items der Mittelwert der Itemwerte in einer Spalte (engl: *column*) eines `data.frames` im psychometrischen Standardformat. Den Mittelwert pro Spalte kann ich mit der Funktion `colMeans()` bestimmen (analog gibt es auch die Funktionen `colSums()` und `rowMeans()`):

```
colMeans(test_data)
```

```
Item_1 Item_2 Item_3 Item_4 Item_5 score
      0.6   0.1   0.6   0.4   0.3   2.0
```

Da ich gerade den Gesamtscore als Spalte an `test_data` angehängt habe, bekomme ich die mittlere Punktzahl der Schüler/innen in den fünf Testitems direkt mitgeliefert.

Die Funktion `colMeans()` generalisiert die Funktion `mean()` von einem einzelnen Vektor auf alle Spalten in einem `data.frame`. Beachtet: Würde der `data.frame` auch Spalten vom Typ `factor` oder `character` enthalten, wäre es nicht möglich, Funktionen wie `rowSums()` und `colMeans()` darauf anzuwenden. Hier muss jede Spalte einen numerischen Vektor enthalten.

### 4.3 Item-Interkorrelationen

Als Nächstes geben wir mit der Funktion `cor()` die Korrelationen zwischen allen Items als Korrelationsmatrix aus. Wenn `cor()` als Argument einen `data.frame` erhält, wird eine Tabelle ausgegeben, die die Korrelation zwischen allen Spalten – d.h. Items – des `data.frames` enthält.

```
round(cor(test_data), 2)
```

```
      Item_1 Item_2 Item_3 Item_4 Item_5 score
Item_1  1.00  0.27  0.17  0.25  0.09  0.51
Item_2  0.27  1.00  0.27  0.41  0.51  0.62
Item_3  0.17  0.27  1.00  0.67  0.53  0.76
Item_4  0.25  0.41  0.67  1.00  0.80  0.89
Item_5  0.09  0.51  0.53  0.80  1.00  0.81
score   0.51  0.62  0.76  0.89  0.81  1.00
```

Die Korrelationen wurden aus Darstellungszwecken mit der Funktion `round()` auf zwei Nachkommastellen gerundet. Die Ausgabe der Funktion `cor()` ist eine Tabelle, die alle Korrelationen zwischen den Items (und auch mit dem Gesamtscore) abbildet. Beachtet, dass die Matrix symmetrisch ist, also die Korrelation zwischen Item 1 und Item 2 natürlich der Korrelation zwischen Item 2 und Item 1 entspricht. Auf der Diagonalen befindet sich immer eine 1, da jedes Item perfekt mit sich selbst korreliert. Die ausgegebene Tabelle erinnert an einen `data.frame`, ist aber technisch gesehen eine andere Datenstruktur, nämlich eine Matrix. Der Unterschied zwischen Matritzen und `data.frames` soll uns jedoch zunächst nicht kümmern.

#### 4.3.1 Exkurs: Programmatische Untersuchung der Korrelationsmatrix

Große Item-Korrelationsmatritzen sind oftmals unübersichtlich und erschweren den Überblick darüber, welche Items stärker oder weniger stark miteinander korrelieren. Eine visuelle Inspektion ist demnach mühsam und fehleranfällig. Stattdessen würden wir lieber programmatisch die Eigenschaften der Korrelationsmatrix erforschen. Glücklicherweise ist dies mit R möglich, da die Korrelationsmatrix selbst nur ein R-Objekt ist und wir beliebig damit arbeiten können.

Typischerweise weiß man beispielsweise gerne, welche zwei Items am stärksten miteinander korrelieren. Um dieser Frage nachzugehen, lernen wir in diesem Abschnitt, dass vektorisierte R-Funktionen im Normalfall nicht nur auf einfachen Vektoren agieren (siehe [Kapitel 2](#)), sondern sich auch auf komplexere Strukturen wie eine Korrelationsmatrix übertragen lassen.

Speichern wir zunächst die Item-Korrelationsmatrix in einer Variablen ab. Dabei achten wir darauf, die Korrelation zum Summenscore aus der Korrelationsmatrix zu entfernen; es interessieren uns nur die Korrelationen zwischen den einzelnen Items (der nächste Abschnitt behandelt die Bedeutung der Korrelationen zwischen Items und Summenscore):

```
item_cors <- cor(test_data[, -6]) # 6. Spalte = Summenscore über die Items
```

Zunächst stellen wir fest, dass logische Operationen auf Korrelationsmatritzen anwendbar sind. Wir können so etwa feststellen, welche Items stärker als zu  $r = .50$  miteinander korrelieren:

```
item_cors > .50
```

	Item_1	Item_2	Item_3	Item_4	Item_5
Item_1	TRUE	FALSE	FALSE	FALSE	FALSE
Item_2	FALSE	TRUE	FALSE	FALSE	TRUE
Item_3	FALSE	FALSE	TRUE	TRUE	TRUE
Item_4	FALSE	FALSE	TRUE	TRUE	TRUE
Item_5	FALSE	TRUE	TRUE	TRUE	TRUE

Die Ausgabe ist eine logische Matrix, die für jedes Itempaar kodiert, ob die Korrelation zwischen diesen Items größer ist als  $r = .50$ . Bei Item 5 und Item 2 ist dies beispielsweise der Fall. Eine solche logische Matrix kann jedoch gerade bei vielen Items unübersichtlich werden. Wir können mit der Funktion `which()` herausfinden, welche Items mit mehr als  $r = .50$  miteinander korrelieren:

```
which(item_cors > .50, arr.ind = TRUE)
```

	row	col
Item_1	1	1
Item_2	2	2
Item_5	5	2
Item_3	3	3
Item_4	4	3
Item_5	5	3
Item_3	3	4
Item_4	4	4
Item_5	5	4
Item_2	2	5
Item_3	3	5
Item_4	4	5
Item_5	5	5

Da wir hier eine Matrix und nicht einen Vektor untersuchen, müssen wir das Argument



`arr.ind = TRUE` setzen, um eine sinnvolle Ausgabe zu erhalten. Besonders übersichtlich ist diese Ausgabe jedoch immer noch nicht, da sie auch alle “Autokorrelationen” markiert – also die Diagonale der Korrelationsmatrix, die die Korrelation jedes Items mit sich selbst abbildet. Dies wollen wir vermeiden. Eine Möglichkeit ist es, die Diagonale der Korrelationsmatrix anzupassen. Auch hier verwenden wir eine Operation, die wir im Kapitel zu Vektoren kennengelernt haben und die auch auf Matrizen generalisiert:

```
item_cors[item_cors == 1] <- NA
round(item_cors, 2)
```

	Item_1	Item_2	Item_3	Item_4	Item_5
Item_1	NA	0.27	0.17	0.25	0.09
Item_2	0.27	NA	0.27	0.41	0.51
Item_3	0.17	0.27	NA	0.67	0.53
Item_4	0.25	0.41	0.67	NA	0.80
Item_5	0.09	0.51	0.53	0.80	NA

Wir ersetzen auf diese Weise alle Einsen der Korrelationsmatrix durch einen fehlenden Wert; danach können wir per `which()` einfacher erfragen, welche Korrelationen größer als  $r = .50$  sind:

```
which(item_cors > .50, arr.ind = TRUE)
```

	row	col
Item_5	5	2
Item_4	4	3
Item_5	5	3
Item_3	3	4
Item_5	5	4
Item_2	2	5
Item_3	3	5
Item_4	4	5

Noch besser wird die Ausgabe, wenn wir die Redundanz aus der Korrelationsmatrix entfernen; schließlich befinden sich im oberen und unteren Dreieck der Matrix dieselben Informationen. Wir können die Korrelationen oben rechts durch Verwendung der Funktion `upper.tri()`<sup>25</sup> durch NA ersetzen:

```
item_cors[upper.tri(item_cors)] <- NA
round(item_cors, 2)
```

	Item_1	Item_2	Item_3	Item_4	Item_5
Item_1	NA	NA	NA	NA	NA
Item_2	0.27	NA	NA	NA	NA
Item_3	0.17	0.27	NA	NA	NA
Item_4	0.25	0.41	0.67	NA	NA

<sup>25</sup>Wer mehr zur Manipulation von Matrizen lernen möchte, kann eine Recherche zu den Funktionen `upper.tri()`, `lower.tri()` und `diag()` durchführen.

```
Item_5    0.09    0.51    0.53    0.8      NA
```

```
which(item_cors > .50, arr.ind = TRUE)
```

```
      row col
Item_5   5   2
Item_4   4   3
Item_5   5   3
Item_5   5   4
```

Item 5 korreliert also stark mit den Items 2, 3 und 4, und Item 3 korreliert noch stark mit Item 4.

Mit einem ähnlichen Vorgehen können wir programmatisch – ohne visuelle Inspektion – bestimmen, zwischen welchen Items die stärkste Korrelation besteht. Hier wenden wir zunächst die Funktion `max()` auf die Korrelationsmatrix an:

```
maximum_cor <- max(item_cors, na.rm = TRUE)
maximum_cor
```

```
[1] 0.8017837
```

Beachtet, dass diese Operation nicht sinnvoll gewesen wäre, wenn die Autokorrelationen auf der Diagonalen noch enthalten gewesen wären. Nun können wir durch eine logische Abfrage und die Funktion `which()` bestimmen, zwischen welchen Items die stärkste Korrelation besteht:

```
which(item_cors == maximum_cor, arr.ind = TRUE)
```

```
      row col
Item_5   5   4
```

Am stärksten korrelieren also die Items 4 und 5 miteinander. Zugegeben, das hätten wir im Falle von 5 Items auch einfach durch Betrachten der Korrelationsmatrix erfassen können, aber gerade bei sehr großen Test-Inventaren ist die programmatische Untersuchung einer Korrelationsmatrix einer visuellen Inspektion gegenüber deutlich zu bevorzugen.

## 4.4 Item-Trennschärfen

Interessant ist die letzte Spalte (bzw. genauso die letzte Zeile) der obigen Korrelationsmatrix:

```
round(cor(test_data), 2)
```

	Item_1	Item_2	Item_3	Item_4	Item_5	score
Item_1	1.00	0.27	0.17	0.25	0.09	0.51
Item_2	0.27	1.00	0.27	0.41	0.51	0.62
Item_3	0.17	0.27	1.00	0.67	0.53	0.76
Item_4	0.25	0.41	0.67	1.00	0.80	0.89
Item_5	0.09	0.51	0.53	0.80	1.00	0.81
score	0.51	0.62	0.76	0.89	0.81	1.00

Diese gibt an, wie stark die Korrelation zwischen jedem Item und dem Testscore ausfällt. Dieser Kennwert ist die (unkorrigierte) Trennschärfe der Items; wir erhalten sie, da wir oben den Testscore als Spalte an unseren `data.frame` angehängt haben. Die Item-Trennschärfe macht eine Aussage darüber, wie stark das Abschneiden in einem Item mit dem Gesamt-Testscore zusammenhängt. Je höher die Trennschärfe, desto besser vermag das Item zwischen Schüler/innen mit viel und wenig Wissen (also einem hohen bzw. einem niedrigen Gesamt-Testscore) zu trennen. Die Trennschärfe ist ein Kennwert, der zur Beurteilung der Güte eines Items dienen kann.

Oftmals wird die „part-whole“ korrigierte Trennschärfe berechnet, bei der zur Berechnung der Trennschärfe jedes Items der Itemscore dieses Items aus der Gesamtpunktzahl ausgelassen wird. Somit wird eine „Kriterienkontamination“ vermieden, die zu einer Erhöhung der Trennschärfe führt. Diese Kriterienkontamination ergibt sich bei der unkorrigierten Trennschärfe daraus, dass der Itemscore selbst in das „Kriterium“ – also den Gesamt-Testscore – eingeht.<sup>26</sup> Im Folgenden berechnen wir eine part-whole korrigierte Trennschärfe für Item 2. Zunächst erstelle ich einen Vektor zur Auswahl der Items, die ich zur Berechnung des Testscores unter Ausschluss von Item 2 heranziehe:

```
## Wähle Antworten auf Items 1, 3, 4, 5 aus:
select_items <- paste0("Item_", (1:5)[-2])
responses_no_item2 <- test_data[, select_items]

## Betrachte die Tabelle:
head(responses_no_item2)
```

	Item_1	Item_3	Item_4	Item_5
1	1	1	1	1
2	1	0	0	0
3	1	1	1	1
4	0	0	0	0
5	0	1	1	1
6	0	1	0	0

```
## Berechne den Testscore über Items 1, 3, 4 und 5:
corrected_score <- rowSums(responses_no_item2)
```

Die Variable `corrected_score` enthält nun die Testscores, die unter Ausschluss des zweiten Items gebildet wurden. Das Vorgehen zur Berechnung der bereinigten Scores lässt sich mithilfe der `[·,·]`-Notation und den Funktionen `paste0()` und `rowSums()` auch auf beliebig viele Items erweitern. Da wir hier den Summenwert nur über vier Items gebildet haben, hätte auch der folgende Code funktioniert:

```
corrected_score <- test_data$Item_1 + test_data$Item_3 +
  test_data$Item_4 + test_data$Item_5
```

<sup>26</sup>Praktisch gesehen werden unkorrigierte und korrigierte Trennschärfe dieselbe relative Rangreihe zwischen den Items hinsichtlich ihrer Diskriminationsgüte abbilden.

Wie folgt können wir nun mithilfe der Funktion `cor()` die korrigierte Trennschärfe für Item 2 bestimmen:

```
cor(test_data$Item_2, corrected_score)
```

```
[1] 0.4842001
```

Die korrigierte Trennschärfe von 0.48 liegt unter der unkorrigierten Trennschärfe von 0.62. Je weniger Items ein Test hat, desto mehr Gewicht hat das einzelne Item für den Testscore und umso stärker weichen korrigierte und unkorrigierte Trennschärfe voneinander ab. Bei nur fünf Items kann der Effekt substantiell sein.

Es ist zu beachten, dass die Funktion `cor()` an dieser Stelle anders verwendet wird als oben: Hier übergebe ich der Funktion `cor()` mit dem Befehl `cor(test_data$Item_2, corrected_score)` zwei Vektoren gleicher Länge. Ein Vektor enthält die Korrektheiten der Antworten auf Item 2, der andere Vektor enthält den um Item 2 bereinigten Testscore. Oben habe ich der Funktion `cor()` nur ein Argument übergeben, nämlich den `data.frame` `test_data`. In dem Fall wurde eine Tabelle ausgegeben – eine *Korrelationsmatrix* –, die die Korrelationen zwischen allen Spalten enthält.

Ich empfehle den Code-Block zur Berechnung der korrigierten Trennschärfe genau zu studieren. Darin finden sich viele der Grundlagen aus Kapitel 2 und 3 wieder:

- Die Erstellung von Vektoren mit der `1:n`-Notation
- Die Negativ-Auswahl von Elementen aus Vektoren mit der `[-]`-Notation
- Die Generierung eines Vektors vom Typ `character` mit der Funktion `paste0()`
- Die Auswahl von Spalten in einem `data.frame` mit der `[, ]`-Notation

Wir merken, dass es mühsamer ist, die korrigierte Trennschärfe zu berechnen als die unkorrigierte. Die unkorrigierte Trennschärfe erhielt ich oben einfach, indem ich einen ganzen `data.frame` an die Funktion `cor()` übergeben habe. Ich musste nur einen einzigen Funktionsaufruf – oder eine Zeile Code – investieren. Um jedoch die korrigierte Trennschärfe zu bestimmen, muss ich bei  $n$  Items  $n$  Mal einen korrigierten Gesamtscore berechnen. Für jedes Item muss ich dann jeweils das Item mit diesem korrigierten Score korrelieren. Wenn wir das für jedes Item „händisch“ machen würden, wäre das sehr aufwendig (beispielsweise könnten wir den Code oben  $n$  Mal kopieren und jeweils die Itemnummern anpassen – das wäre sehr fehleranfällig). Einer der Hauptgründe aus denen wir R lernen ist, dass wir uns solche Arbeit nicht machen wollen. Stattdessen wollen wir lernen, wie wir repetitive Arbeiten automatisieren können. In [Kapitel 7](#) lernen wir Schleifen kennen, die uns ermöglichen, ohne wesentlich mehr Aufwand für beliebig viele Items korrigierte Trennschärfen zu bestimmen.

## 4.5 Cronbachs Alpha

Als Nächstes bestimmen wir „Cronbachs Alpha“ als Maß für die interne Konsistenz der Antworten der Schüler/innen. Cronbachs Alpha ist ein Schätzer für die Reliabilität eines Tests. Im Falle eines Leistungstest mit dichotomer Bepunktung gibt es eine Antwort auf die Frage: Haben Kinder, die ein Item richtig beantworten, auch eine erhöhte Wahrscheinlichkeit, andere Items richtig zu beantworten? (Ebenso: haben Kinder, die ein Item falsch beantworten, auch

eine erhöhte Wahrscheinlichkeit, andere Items falsch zu beantworten?). Je näher Cronbachs Alpha an 1 ist, desto stärker ist das der Fall – desto stärker ist die interne Konsistenz der Punktwerte. Ein Wert von 0 spricht dafür, dass gar keine Systematik in den Punktzahlen liegt – ob ich viele oder wenig Punkte bekommen habe, ist gänzlich zufällig.

R bietet in der Grundversion keine Möglichkeit, Cronbachs Alpha zu bestimmen. Man könnte sich eine eigene Berechnung programmieren, die Cronbachs Alpha umsetzt.<sup>27</sup> Wir machen uns aber zunutze, dass bereits andere R-Nutzer Cronbachs Alpha als Funktion umgesetzt haben, und diese in einem *Paket* zur Verfügung gestellt haben. Eine Umsetzung von Cronbachs Alpha findet sich im Paket `psychometric` (Fletcher, 2010). Mit der Funktion `library()` kann ich Pakete laden, die nicht zur Grundausstattung von R gehören. Voraussetzung ist, dass ich das Paket auf meinem Rechner installiert habe. Die Erweiterbarkeit durch Pakete ist eine der großen Stärken von R.

```
# Das Paket `psychometric` enthält eine Funktion, die Cronbachs Alpha
# berechnet
library("psychometric")
```

Falls das Paket nicht installiert ist, kann ich es mit dem folgenden Befehl installieren:

```
install.packages("psychometric")
```

Praktischerweise arbeitet die Funktion `alpha()` aus dem `psychometric` Paket genau mit dem Standard-Datenformat, das uns vorliegt: Zeilen kennzeichnen Testteilnehmer, Spalten kennzeichnen Items. **Wichtig ist aber nun:** Wir haben soeben den Testscore als zusätzliche Spalte an die Testdatentabelle angehängt. Diese geht aber nicht in die Berechnung von Cronbachs Alpha ein, sondern nur die Punktzahlen für die Items. Deswegen entferne ich die Spalte `score` wie folgt wieder:

```
test_data$score <- NULL

## Prüfe, dass die Spalte wirklich weg ist:
names(test_data)
```

```
[1] "Item_1" "Item_2" "Item_3" "Item_4" "Item_5"
```

Wir haben gelernt, dass wir Variablen mit der Funktion `rm()` löschen können. Wir können sie aber nicht nutzen, wenn wir Spalten aus `data.frames` entfernen wollen. Das liegt daran, dass die Spalte selber keine Variable ist, sondern zu einem `data.frame` gehört. Deswegen muss man Spalten mit dem Befehl `data.frame$spalte <- NULL` entfernen. `NULL` ist in R ein Wert, der für „Nicht-Existenz“ steht.

Nachdem wir das Paket `psychometric` geladen und die Spalte `score` entfernt haben, können wir Cronbachs Alpha mit der Funktion `alpha()` bestimmen:

---

<sup>27</sup>Das wäre sogar eine gute Übung. Die Formel findet sich unter [https://de.wikipedia.org/wiki/Cronbachs\\_Alpha](https://de.wikipedia.org/wiki/Cronbachs_Alpha)

```
alpha(test_data) # erfordert Laden des Pakets psychometric
```

```
[1] 0.7596154
```

## 4.6 Split-Half-Reliabilität

Cronbachs Alpha ist ein Schätzer für die Reliabilität eines Tests. Andere mögliche Schätzer sind die Retest-Reliabilität und die Split-Half-Reliabilität. Diese basieren auf der Berechnung einer Korrelation zwischen zwei Punktwerten. Für die Bestimmung der Retest-Reliabilität lassen wir Testteilnehmer zweimal denselben Test bearbeiten und korrelieren die Punktwerte, die sich zu den zwei Testzeitpunkten ergeben.

Noch leichter ist die Bestimmung der Split-Half-Reliabilität, welche nicht das mehrmalige Bearbeiten desselben Tests erfordert. Dabei teilen wir die Items des Tests in zwei Gruppen ein und bilden Summenwerte für die beiden Testhälften, welche wir dann miteinander korrelieren. Wir müssen dabei berücksichtigen, dass wir nur die Hälfte des Tests zur Schätzung der Reliabilität verwenden. Dies kann mithilfe der *Spearman-Brown-Formel* korrigiert werden.

Die Spearman-Brown-Formel schätzt die Reliabilität eines Tests für den hypothetischen Fall, dass man diesen um einen bestimmten Faktor verlängern würde (d.h. man würde die bestehenden Items replizieren). Man kann sie verwenden, um den Reliabilitätsschätzer einer Split-Half-Korrelation zu korrigieren, da in diesen nur die Hälfte der Items eingehen. Die Spearman-Brown Formel ist diese:

$$r' = \frac{r n}{1 + (n - 1)r}$$

Hierbei ist  $r'$  die um die Testlänge korrigierte Reliabilität.  $r$  ist der derzeitige Reliabilitätsschätzer, also beispielsweise die Korrelation von zwei Testhälften.  $n$  ist der Faktor, um den der Test hypothetisch verlängert wird. Für die Schätzung der Split-Half-Reliabilität muss man einen Verlängerungsfaktor von 2 annehmen, da man die Reliabilität nur mit einem halbierten Test schätzt (im Vergleich dazu geht bei der Bestimmung der Retest-Reliabilität zweimal der gesamte Test in die Korrelation ein).

Um die spearman-brown-korrigierte Split-Half-Reliabilität zu schätzen, teilen wir zunächst die Items in zwei Mengen auf; hier ist es nicht möglich gleich große Teile zu generieren, also wählen wir die ersten drei und die letzten zwei Items aus:

```
first_half <- test_data[, paste0("Item_", 1:3)]  
second_half <- test_data[, paste0("Item_", 4:5)]
```

Als nächstes berechnen wir die Korrelation zwischen den beiden Testhälften:

```
cor_halfs <- cor(rowSums(first_half), rowSums(second_half))  
cor_halfs
```

```
[1] 0.6049383
```

Nun wollen wir diese Korrelation mit der Spearman-Brown-Formel korrigieren. Zu diesem Zweck definieren wir eine eigene Funktion, die die Spearman-Brown-Formel umsetzt. An dieser Stelle reicht es aus, das Konzept einer eigenen Funktion zur Kenntnis zu nehmen – es wird in Kapitel 6 wieder aufgegriffen:

```
## Definiere eine SPEARMAN-BROWN Funktion. Sie nimmt zwei Argumente an:  
## (a) einen Reliabilitäts-Schätzer  
## (b) einen Verlängerungsfaktor  
  
spearman_brown <- function(reliability, factor) {  
  numerator <- reliability * factor  
  denominator <- 1 + (factor-1) * reliability  
  corrected_reliability <- numerator / denominator  
  return(corrected_reliability)  
}
```

Wenn wir die Funktion definiert haben – das heißt: den Funktions-Code in der Konsole ausgeführt haben –, können wir sie wie andere bekannte Funktionen aufrufen. Wir müssen zwei Argumente angeben: (1) Unseren initialen Schätzer der Reliabilität, also die Korrelation zwischen den zwei Testhälften; (2) den Verlängerungsfaktor, hier 2, da wir die Reliabilität für die doppelte Testlänge schätzen wollen:

```
split_half <- spearman_brown(cor_halfs, 2)  
split_half
```

```
[1] 0.7538462
```

```
## Vergleiche mit Cronbachs Alpha:  
alpha(test_data)
```

```
[1] 0.7596154
```

Wie wir sehen, liegt die Spearman-Brown-korrigierte Split-Half-Reliabilität näher an Cronbachs Alpha als die unkorrigierte Korrelation der zwei Testhälften. Das liegt daran, dass die Korrelation der zwei Testhälften die Reliabilität systematisch unterschätzt, da dieser Schätzer nur auf der Hälfte der Items beruht. Es ist sogar so, dass Cronbachs Alpha genau der Mittelwert aller möglichen Spearman-Brown korrigierten Split-Half-Koeffizienten ist.

Alternativ hätten wir auch die Odd-Even-Reliabilität berechnen können, die die Testitems in gerade und ungerade Items einteilt, also hier zwei Testscores einerseits für die Items 1, 3 und 5, und andererseits für die Items 2 und 4 berechnet. Diese lässt sich mit nur wenig Änderungen am Code oben umsetzen – ich schlage vor, dies als Übung zu machen.

## 4.7 In der Praxis: Nutzung von Zusatzpaketen

In der praktischen psychometrischen Auswertung werden wir oftmals auf externe Pakete zurückgreifen, um Berechnungen durchzuführen. Insbesondere die selbst programmierte Berechnung der korrigierten Trennschärfe war, wie oben vorgestellt, recht mühsam und

fehleranfällig. Außerdem ergab sie erst einmal nur eine einzige Trennschärfe. Idealerweise hätten wir aber durch nur einen Funktionsaufruf direkt die Trennschärfen aller Items eines Tests bestimmt. Zu diesem Zweck ist die Funktion `item.exam()` nützlich, die durch das Paket `psychometric` zur Verfügung gestellt wird, das wir auch zur Bestimmung von Cronbachs Alpha genutzt haben.

Die Funktion `item.exam()` nimmt einen `data.frame` im psychometrischen Standardformat an: Zeilen sind Testteilnehmer, Spalten sind Items. Für dieses Datenformat gibt `item.exam()` nicht nur die korrigierte Trennschärfen aller Items, sondern auch andere Kennwerte wie die Item-Schwierigkeiten aus. Wir nutzen die Funktion wie folgt:

```
library("psychometric")
kennwerte <- item.exam(test_data)
```

Die Variable `kennwerte` enthält nun einen `data.frame`, der für jedes Item verschiedene psychometrische Kennwerte abbildet; jede Zeile ist ein Item und jede Spalte ist ein Kennwert.

```
kennwerte
```

	Sample.SD	Item.total	Item.Tot.woi	Difficulty	Discrimination
Item_1	0.5163978	0.5063697	0.2286648	0.6	NA
Item_2	0.3162278	0.6201737	0.4842001	0.1	NA
Item_3	0.5163978	0.7595545	0.5738190	0.6	NA
Item_4	0.5163978	0.8861469	0.7824759	0.4	NA
Item_5	0.4830459	0.8119979	0.6707212	0.3	NA

	Item.Criterion	Item.Reliab	Item.Rel.woi	Item.Validity
Item_1	NA	0.2480695	0.1120224	NA
Item_2	NA	0.1860521	0.1452600	NA
Item_3	NA	0.3721042	0.2811128	NA
Item_4	NA	0.4341216	0.3833333	NA
Item_5	NA	0.3721042	0.3073631	NA

Die Item-Schwierigkeit befindet sich in der Spalte `Difficulty`; die unkorrigierte Trennschärfe befindet sich in der Spalte `Item.total`; die korrigierte Trennschärfe befindet sich in der Spalte `Item.Tot.woi`; für die Bedeutung der anderen Kennwerte sei auf die Dokumentation der Funktion verwiesen, auf die wir mit der R-Hilfe in der R-Konsole zugreifen können:

```
?item.exam
```

Für Item 2 wird dieselbe korrigierte Trennschärfe ausgegeben, die wir oben [im Abschnitt zu Item-Trennschärfen](#) per Hand berechnet haben.

Neben `psychometric` ist auch das Paket `psych` ein wichtiges R-Zusatzpaket für psychometrische Auswertungen. Der Autor des `psych`-Pakets (William Revelle) stellt außerdem auf seiner Website (<https://personality-project.org/r/psych/>) hilfreiche Materialien für die psychometrische Auswertung in R zur Verfügung. Dazu gehört auch ein ganzes Buch zur psychometrischen Datenauswertung (<http://www.personality-project.org/r/book/>).



## 5 Aufarbeitung von Fragebogendaten

Unser Ziel ist die Auswertung echter Daten aus Fragebögen wie den BIG-5 und dem Narcissistic Personality Inventory. Allerdings liegen echte Daten oftmals nicht in der Form vor, die wir benötigen. Echte Daten haben fehlende Werte, und meistens müssen wichtige Informationen erst aus den bestehenden Variablen abgeleitet werden. Aus diesem Grund beschäftigen wir uns im vorliegenden Kapitel mit den folgenden Themen:

1. Umkodierung von Antworten
2. Invertierung von Antworten
3. Umgang mit fehlenden Werten

### 5.1 Umkodierung von Antworten

Eine wichtige Voraussetzung für eine psychometrische Analyse war im Beispiel in Kapitel 4 bereits gegeben: Jeder Wert kodierte genau die Information, die wir brauchten – nämlich ob Schüler/innen eine Aufgabe korrekt gelöst hatten oder nicht (dargestellt durch 1 und 0). Bei echten Datenerhebungen wird im Normalfall aber nicht direkt Korrektheit kodiert, sondern diese wird aus der eigentlichen Antwort abgeleitet. Die Antwort könnte beispielsweise ein Kreuz in einem Multiple-Choice-Item sein:

Aus wie vielen Bundesländern besteht die Bundesrepublik Deutschland?

- (1) 14
- (2) 16
- (3) 19
- (4) 21

Bei der Dateneingabe des Tests kann zwischen 1 und 4 kodiert werden, welche der vier Antwortoptionen ausgewählt wurde. Ob ein Kreuz bei (1), (2), (3) oder (4) gesetzt wird, ist für die Datenauswertung aber nicht unbedingt von Belang. Es ist vor allem relevant, ob die Frage richtig beantwortet wurde – wir benötigen also die folgende Umkodierung der Daten:

- $1 \rightarrow 0$
- $2 \rightarrow 1$
- $3 \rightarrow 0$
- $4 \rightarrow 0$

In psychometrischem Jargon: Der Wert 2 ist der *Schlüssel* (engl.: *key*) dieser Aufgabe. Ein Schlüssel kodiert den Eingabewert der richtigen Antwort.<sup>28</sup> Wir lernen jetzt, wie wir solche Umkodierungen in R umsetzen. Die Stärke einer Programmiersprache wie R: Wenn wir einmal gelernt haben, wie wir für eine Item-Schlüssel-Kombination Daten als richtig und falsch umkodieren, können wir mit nur ein wenig mehr Aufwand diesen Prozess für beliebig viele Items wiederholen. Das *Narcissistic Personality Inventory* etwa hat 40 Items und wir haben keine Lust, 40 Mal eine Umkodierung händisch neu durchzuführen.

---

<sup>28</sup>Im Allgemeinen muss ein Schlüssel nicht Korrektheit anzeigen, sondern kann auch Merkmalsausprägung in einem Persönlichkeitsinventar kodieren. Wir werden das im Narcissistic Personality Inventory kennenlernen.

### 5.1.1 Die Funktion `ifelse()`

Mit der Funktion `ifelse()` lassen sich Transformationen, die anhand eines Schlüssels Korrektheit kodieren, bequem durchführen. Das folgende Beispiel basiert auf dem obigen Multiple-Choice-Item:

```
# Hypothetische Antworten auf das Bundesland Multiple-Choice-Item:
bundesland_answers <- c(1, 2, 1, 3, 2, 4, 2)
bundesland_key     <- 2
bundesland_score   <- ifelse(
  test = bundesland_answers == bundesland_key,
  yes  = 1,
  no   = 0
)
bundesland_score
```

```
[1] 0 1 0 0 1 0 1
```

Was ist hier passiert? Ich habe im Vektor `bundesland_answers` hypothetische Antworten generiert; die Variable `bundesland_key` enthält den Schlüssel, d.h. die korrekte Antwort. Mithilfe der Funktion `ifelse()` gleiche ich die Antworten mit dem Schlüssel ab. Sie nimmt drei Argumente entgegen: `test`, `yes`, und `no`.

- `test`: Ein logischer Vektor – hier der Vergleich jeder Antwort mit dem Schlüssel
- `yes`: Die Ausgabe an den Positionen, an denen der `test` `TRUE` ergibt
- `no`: Die Ausgabe an den Positionen, an denen der `test` `FALSE` ergibt

In diesem Fall wird dem Argument `test` der folgende logische Vektor übergeben:

```
bundesland_answers == bundesland_key
```

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

An allen Positionen, an denen dieser Vergleich `TRUE` ergibt, gibt die Funktion `ifelse()` den Wert 1 aus – also den Wert, der dem Argument `yes` übergeben wurde. An allen anderen Positionen steht 0 – also der Wert, der dem Argument `no` übergeben wurde. Praktisch: Ich muss nicht angeben, welche falschen Werte alle möglich sind; es reicht aus, im `test` mit dem richtigen Wert zu vergleichen. Alle anderen Werten werden dann automatisch als falsch interpretiert.

Nach der Umkodierung können wir mit der Funktion `mean()` die Schwierigkeit des Items berechnen:

```
mean(bundesland_score)
```

```
[1] 0.4285714
```

In diesem Fall hätten 43% der Testteilnehmer das Bundesland-Item korrekt beantwortet. Diese Information konnten wir aus den ursprünglichen Antwortkategorien 1, 2, 3 und 4 nicht herleiten. Auch um Item-Trennschärfen, Cronbachs Alpha oder andere Kennwerte zu

bestimmen, ist die Umkodierung eine notwendige Voraussetzung.

### 5.1.2 Vektorisierung der Funktion `ifelse()`

Die Argumente `yes` und `no` der Funktion `ifelse()` sind im allgemeinen Fall „vektorisert“, d.h. sie können dieselbe Länge haben wie das Argument `test`. Dann wird positionsweise entschieden, welche Elemente in der Ausgabe enthalten sind. Wenn beispielsweise `test` an der ersten Position `TRUE` ergibt, ist das erste Element Ausgabe das erste Element des Arguments `yes`. Wenn `test` an der zweiten Position `FALSE` ergibt, ist das zweite Element Ausgabe das zweite Element des Arguments `no`. Ein kurzes Beispiel ist durch den folgenden Code gegeben:

```
ifelse(c(TRUE, FALSE), c(1, 2), c(11, 12))
```

```
[1] 1 12
```

Diese Funktionalität ist vor allem dann wichtig, wenn wir in einem Vektor nur manche Elemente umkodieren wollen, während andere Elemente unverändert bleiben sollen. Etwa:

```
mein_vektor <- 1:10
```

```
ifelse(mein_vektor <= 5, mein_vektor * (-1), mein_vektor)
```

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

Ein weiteres Beispiel:

```
ifelse(mein_vektor <= 5, -100, mein_vektor)
```

```
[1] -100 -100 -100 -100 -100 6 7 8 9 10
```

Frage: Was ist in diesem Fall der Unterschied zum folgenden Befehl:

```
mein_vektor[mein_vektor <= 5] <- -100
```

Die Vektorisierung von `ifelse()` ist oftmals der Grund, warum man die Funktion überhaupt verwendet, für uns aber erst einmal nicht von Interesse. Wir nutzen `ifelse()` zunächst nur zur dichotomen Bepunktung von Items (durch Abgleich von Antworten mit einem Schlüssel).

## 5.2 Invertierung von Antworten

Eine mögliche Umkodierung von Antworten ist das Abgleichen mit einem Schlüssel, etwa zur Feststellung der Korrektheit von Antworten. Eine weitere häufig auftretende Variante ist die *Invertierung* von Antworten. Betrachten wir folgende zwei Items, die in einer Big-5 Kurzsкала den Aspekt Extraversion messen:

1. Ich bin eher zurückhaltend, reserviert.
2. Ich gehe aus mir heraus, bin gesellig.

Beide Items werden auf einer Likertsкала mit fünf Abstufungen gemessen, das heißt es werden Punktzahlen von 1 bis 5 vergeben. Das Problem ist, dass in Item 1 ein hoher Punktwert für wenig Extraversion steht, in Item 2 ein hoher Punktwert hingegen für eine hohe Ausprägung

in Extraversion. Generell wollen wir einen *Summenwert* berechnen, also einen Wert, der die Extraversion eines jeden Testteilnehmers kodiert – und zwar über beide Items hinweg. Im vorliegenden Fall macht es aber keinen Sinn, die Punktzahlen beider Items zu addieren. Die höchste Ausprägung in Extraversion würde sich dann ergeben, wenn ein Item extravertiert beantwortet wird, aber das andere introvertiert. Damit die Punktzahlen in beiden Items „in dieselbe Richtung“ zu verstehen sind, wollen wir die Antworten auf Item 1 *invertieren*, sodass auch hier eine hohe Punktzahl für eine hohe Merkmalsausprägung in Extraversion steht. Das heißt, wir wollen die folgende Abbildung durchführen:

- 1 → 5
- 2 → 4
- 3 → 3
- 4 → 2
- 5 → 1

Wir könnten dies mit mehrfacher Anwendung von `ifelse()` hinbekommen, was jedoch mühsam wäre. Glücklicherweise gibt es zur Invertierung eine mathematische Umformung, die wir auch mit nur wenig Code umsetzen können:

$$\text{Invertierter Wert} = \text{Ursprungswert} * (-1) + \text{Höchster Skalenwert} + 1$$

Diese funktioniert, wenn unsere Punktzahlen zwischen 1 und dem höchstmöglichen Skalenwert liegen. Probieren wir es mit ein paar hypothetischen Antworten aus:

```
big5 <- data.frame(
  item1 = c(2, 3, 2, 1, 4, 2, 1, 5),
  item2 = c(5, 3, 3, 4, 3, 5, 3, 2)
)
```

Wir können uns mit der `cor()` Funktion die Korrelation zwischen den zwei Items ausgeben lassen:

```
round(cor(big5), 2)
```

```
      item1 item2
item1  1.00 -0.57
item2 -0.57  1.00
```

Ich habe die Antwortwerte absichtlich so gewählt, dass sich hier ein typisches Muster ergibt: Antworten auf unterschiedlich gepolte Items – die zur selbem Skala gehören – korrelieren typischerweise negativ miteinander. Das heißt: Hohe Antwortwerte im einen Item gehen tendenziell mit niedrigen Werten im anderen Item einher – wenn die unterschiedlich gepolten Items dasselbe Konstrukt erfassen. Durch die Invertierung erhalten wir Daten, die positiv miteinander korrelieren. Folgender Code führt die Invertierung durch:

```
# 5 ist der höchst-mögliche Skalenwert
big5$item1_inv <- big5$item1 * (-1) + 6
```

Schauen wir uns die Daten an, um zu prüfen, ob die Transformation funktioniert hat:

```
big5[, c("item1", "item1_inv")]
```

	item1	item1_inv
1	2	4
2	3	3
3	2	4
4	1	5
5	4	2
6	2	4
7	1	5
8	5	1

Das hat geklappt! Schauen wir uns nun auch noch einmal die Inter-Itemkorrelationen an:

```
round(cor(big5), 2)
```

	item1	item2	item1_inv
item1	1.00	-0.57	-1.00
item2	-0.57	1.00	0.57
item1_inv	-1.00	0.57	1.00

Wie wir sehen, korrelieren die Spalten `item2` und `item1_inv` genau wie `item2` und `item1` – nur mit positivem Vorzeichen. Ebenfalls interessant: `item1` und `item1_inv` korrelieren perfekt negativ – und das ist genau das, was wir mit der Invertierung erreichen wollten: Einen Punktwert errechnen, der genau in die entgegengesetzte Richtung zu interpretieren ist wie der ursprüngliche Wert.

### 5.2.1 Invertierung mit `ifelse()`

Wie oben erwähnt, können wir auch durch mehrfachen Aufruf von `ifelse()` eine Item-Invertierung umsetzen. In dem Fall wird jede der nötigen Umformungen ( $1 \rightarrow 5$ ;  $2 \rightarrow 4$ ;  $3 \rightarrow 3$ ;  $4 \rightarrow 2$ ;  $5 \rightarrow 1$ ) durch einen separaten Aufruf von `ifelse()` umgesetzt. Anstatt einmal die Invertierungsformel aufzurufen müssen wir also fünfmal `ifelse()` benutzen. Folgender Code zeigt, wie das funktionieren würde:

```
item1i <- ifelse(big5$item1 == 1, 5, NA)
item1i <- ifelse(big5$item1 == 2, 4, item1i)
item1i <- ifelse(big5$item1 == 3, 3, item1i)
item1i <- ifelse(big5$item1 == 4, 2, item1i)
item1i <- ifelse(big5$item1 == 5, 1, item1i)
```

Auch hier können wir durch Korrelation zwischen dem ursprünglichen Item und dem invertiertem Item feststellen, ob die Invertierung erfolgreich war:

```
cor(item1i, big5$item1)
```

```
[1] -1
```

Bei mehrfacher Verwendung von `ifelse()` zur Umkodierung verschiedener Werte eines Vektors nutzen wir die Vektorisierung des Arguments `no` (wie **oben** erklärt). `NA` dient dabei als Platzhalter für die Elemente, die bislang noch nicht umkodiert wurden. Wenn keine mathematische Formulierung für eine Umkodierung existiert, ist es durchaus gängig, dass Umkodierungen genau in dieser Form per mehrfacher Verwendung von `ifelse()` umgesetzt werden.

## 5.3 Umgang mit fehlenden Werten

Real data have missing values. Missing values are an integral part of the R language. Many functions have arguments that control how missing values are to be handled. – Patrick Burns<sup>29</sup>

Wir lernen nun den rudimentären Umgang mit fehlenden Werten in R kennen. Dabei könnte man vermutlich beliebig sophisticated vorgehen, jedoch werden wir nur einen basalen und wichtigen Spezialfall kennenlernen:

1. Wir wandeln alle Werte in `NA` um, die als fehlend zu klassifizieren sind
2. Danach schließen wir alle Fälle mit fehlenden Werten aus

Für dieses Beispiel laden wir Daten des Narcissistic Personality Inventory [NPI; Raskin & Terry (1988)] ein. Die Daten von mehr als 11,000 Bearbeitungen des NPI sind erfreulicherweise über das „Open Source Psychometrics Project“ unter [https://openpsychometrics.org/\\_rawdata](https://openpsychometrics.org/_rawdata) abrufbar. Wenn wir die Daten heruntergeladen haben und die Datei „data.csv“ in unserem RStudio-Projektordner liegt (siehe **Anhang**), können wir den Datensatz wie folgt einlesen:

```
npi <- read.csv("data.csv")
```

Wie folgt verschaffen wir uns einen Überblick über die Daten:

```
nrow(npi) # Wie viele Fälle
```

```
[1] 11243
```

```
ncol(npi) # Wie viele Spalten
```

```
[1] 44
```

```
head(npi, n = 3) # Wie sehen die Daten aus
```

	score	Q1	Q2	Q3	Q4	Q5	Q6	Q7	Q8	Q9	Q10	Q11	Q12	Q13	Q14	Q15	Q16	Q17	Q18	Q19	Q20
1	18	2	2	2	2	1	2	1	2	2	2	1	1	2	1	1	1	2	1	1	1
2	6	2	2	2	1	2	2	1	2	1	1	2	2	2	1	2	2	1	1	2	1
3	27	1	2	2	1	2	1	2	1	2	2	2	1	1	1	1	1	2	2	1	1
	Q21	Q22	Q23	Q24	Q25	Q26	Q27	Q28	Q29	Q30	Q31	Q32	Q33	Q34	Q35	Q36	Q37	Q38	Q39		
1	1	1	1	2	2	2	1	2	2	2	1	2	1	1	1	2	2	2	2	1	
2	2	2	1	2	2	2	2	1	2	2	2	2	1	2	2	1	2	2	2	2	
3	2	2	2	2	1	2	1	1	2	1	2	2	2	1	1	2	1	1	2	1	

<sup>29</sup><http://www.burns-stat.com/documents/tutorials/why-use-the-r-language/>

	Q40	elapse	gender	age
1	2	211	1	50
2	1	149	1	40
3	2	168	1	28

Wir bemerken, dass keine Variable als “Fallnummer” fungiert. Generell ist es **immer** wichtig, dass jeder Datensatz durch eine eindeutige Fallnummer zu identifizieren ist. Da eine solche in den eingelesenen Daten jedoch nicht enthalten ist, fügen wir selber eine Fallnummer hinzu:

```
npi$casenum <- 1:nrow(npi)
```

### 5.3.1 Identifikation von fehlenden Werten

Das NPI besteht aus 40 Items. Aus dem *Codebuch* des NPI Datensatzes<sup>30</sup> erfahren wir, dass Antworten auf die NPI Items die Werte 1 und 2 annehmen können. Die Antwort auf jedes Item des NPI besteht aus einer „forced choice“ zwischen zwei Aussagen; eine davon wird als Indikator für Narzissmus interpretiert. Item 1 besteht beispielsweise aus den folgenden beiden Aussagen:

1. Ich habe eine natürliche Begabung, auf Menschen Einfluss zu nehmen.
2. Ich kann nicht besonders gut Einfluss auf jemanden ausüben.

Die Wahl von Aussage 1 wird mit 1 kodiert, die Wahl von Aussage 2 mit 2. Nachgeschaltet wird folgende Umkodierung vorgenommen, die die Item-Scores berechnet: Wird die „narzisstische Aussage“ ausgewählt (hier Aussage 1: „Ich habe eine natürliche Begabung, auf Menschen Einfluss zu nehmen.“), wird das Item mit 1 bepunktet. Wird die Aussage gewählt, die nicht für Narzissmus steht (hier Aussage 2: „Ich kann nicht besonders gut Einfluss auf jemanden ausüben.“), wird eine 0 vergeben. Wie wir zu Beginn dieses Kapitels gelernt haben, können wir Item 1 wie folgt bepunkten:

```
npi$Q1_score <- ifelse(npi$Q1 == 1, 1, 0)
```

**Aber Vorsicht: so würden wir einen Fehler machen!** Die Spalte `npi$Q1` enthält nicht nur die Werte 1 und 2, sondern auch den Wert 0, wie wir mit dem Befehl `table(npi$Q1)` prüfen können:

```
table(npi$Q1)
```

0	1	2
17	6872	4354

Wie wir sehen, wurden die Antwortkategorien 0, 1 und 2 vergeben. Es kommt sogar 17 Mal die Antwortkategorie 0 vor – **obwohl Antworten nur die Werte 1 und 2 annehmen dürfen**. Wie kommt das? Die Antwort ist: Bei der Bearbeitung des NPI-Fragebogens – die im Rahmen einer Online-Studie stattfand – konnten Teilnehmer/innen Items unbeantwortet

<sup>30</sup>Dieses wird gemeinsam mit den Daten des „Open Source Psychometrics Project“ [https://openpsychometrics.org/\\_rawdata](https://openpsychometrics.org/_rawdata) runtergeladen.

lassen. Fehlende Werte wurden mit einer 0 kodiert. Mit diesen fehlenden Werten müssen wir umgehen, bevor wir mit der psychometrischen Auswertung starten können.

Dafür wenden wir ein recht radikales Vorgehen an: Wir schließen einfach alle Personen aus, bei denen mindestens eine Antwort fehlt. Folgende Funktionen können uns dabei helfen:

- `complete.cases()`: Gibt für einen `data.frame` aus, welche Zeilen **keine** fehlenden Werte enthalten (als logischen Vektor)
- `na.omit()`: Gibt von einem `data.frame` nur die Zeilen ohne fehlende Werte aus

Der erste Schritt ist, alle fehlenden Werte – die derzeit mit 0 kodiert sind – in `NA` umzuwandeln. Nur `NA` wird von R tatsächlich als fehlend interpretiert; Konventionen, die Werte wie -99 oder 0 als fehlend klassifizieren, kennt R nicht.

Am liebsten würden wir im NPI-Datensatz alle Werte auf `NA` setzen, die per 0 als fehlend klassifiziert wurden. Dafür könnten wir ein Vorgehen verwenden, das wir in [Kapitel 2](#) für Vektoren kennengelernt haben. Dieses Vorgehen funktioniert bei `data.frames` tatsächlich gleichermaßen.<sup>31</sup>

```
npi[npi == 0] <- NA
```

Dabei ergibt sich jedoch ein Problem: Fehlende Werte wurden im Datensatz zwar mit 0 kodiert, jedoch existiert eine Spalte (`score`), die den Wert 0 aus zwei Gründen enthalten kann:

1. Der Wert fehlt.
2. Eine Person hat in keinem der 40 Items der narzisstischen Aussage zugestimmt.

Der Gesamt-Testscore (`npi$score`) kann also wirklich den Wert 0 annehmen, wenn Teilnehmer/innen kein einziges Mal der narzisstischen Aussage zugestimmt haben – und dies kam tatsächlich 73 Mal vor. Würden wir alle Personen ausschließen, die in irgendeiner Spalte den Wert 0 haben, würden wir zu viele Personen ausschließen. Wir würden sogar eine Verzerrung in den Datensatz einfügen, da wir gezielt die Personen ausschließen, die besonders wenig narzisstisch sind. Hier war es also kein gutes Vorgehen, 0 als Kodierung für fehlende Werte zu verwenden. Stattdessen wird oftmals ein Wert verwendet, der selbst nicht Teil des legalen Wertebereichs ist – idealerweise sollte der Wert in gar keiner Spalte einer Datentabelle vorkommen können. Eine Konvention ist es, die Zahl -99 zu verwenden, die dieses Kriterium oftmals erfüllt.

Um Personen mit fehlenden Werten zu identifizieren, erstellen wir zunächst einen `data.frame`, der die Spalte `score` nicht enthält. Da wir die Spalte aber nicht gänzlich verlieren wollen, speichern wir den `data.frame` in einer neuen Variablen ab.

---

<sup>31</sup>Beachtet, dass hier ein Zugriff auf `data.frames` mit eckigen Klammern stattfindet (siehe [Kapitel 3.5](#)). Der Befehl sieht recht harmlos aus, aber tatsächlich steckt hier etwas mehr dahinter, als wir bislang behandelt haben. Wir nehmen zunächst einmal einfach hin, dass die Umkodierung von Werten in `data.frames` ebenso funktioniert wie bei Vektoren. Wie wir schon bei Vektoren kennengelernt haben, sind viele Operationen in R so allgemein, dass sie auf allen Daten eines Objekts stattfinden.



```
# temp = temporäre Variable
temp <- subset(npi, select = -score)
```

Nun setzen wir in diesem temporären `data.frame` alle Nullen auf NA:

```
temp[temp == 0] <- NA
```

Als Nächstes nutzen wir die Funktion `complete.cases()`, um herauszufinden, in welchen Zeilen von `temp` fehlende Werte vorliegen:

```
is_complete <- complete.cases(temp)
head(is_complete, n = 10)
```

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

Die Funktion `complete.cases()` gibt einen logischen Vektor der Länge `nrow(temp)` zurück, der pro Zeile kodiert, ob irgendwo ein fehlender Wert vorliegt. Also können wir wie folgt überprüfen, wie viele Fälle mit fehlenden Werten es insgesamt gibt:

```
sum(!is_complete)
```

```
[1] 825
```

Ebenfalls können wir nun aus dem ursprünglichen Datensatz `npi` nur die vollständigen Fällen auswählen:

```
npi_clean <- npi[is_complete, ]

nrow(npi_clean)
```

```
[1] 10418
```

Mit dem Datensatz `npi_clean` können wir nun psychometrische Berechnungen durchführen, da wir nur vollständige Datensätze ausgewählt haben. Dabei ist unser nächstes Ziel, für alle 40 Items eine dichotome Bepunktung durchzuführen. Wir wissen bereits, wie das funktioniert, nämlich indem wir mit `ifelse()` die Antworten auf jedes Item mit dem Schlüssel abgleichen. Der Schlüssel für das NPI kodiert für jedes der 40 Items den Wert, der für Narzissmus steht. Dies wäre wie folgt möglich:

```
# Hier kein legaler R-Code, nur exemplarisch:
npi_key <- c(1, 1, ..., 2) # 40 Schlüsselemente

npi$Q1_score <- ifelse(npi$Q1 == npi_key[1], 1, 0)

# ...

npi$Q40_score <- ifelse(npi$Q40 == npi_key[40], 1, 0)
```

Da wir nicht denselben Code – mit leichten Abwandlungen – 40 Mal wiederholen wollen, werden wir in Kapitel 7 lernen, diese Umkodierungen effizient durchzuführen, also auf einmal

für alle 40 Spalten.

## 5.4 Fragen zum vertiefenden Verständnis

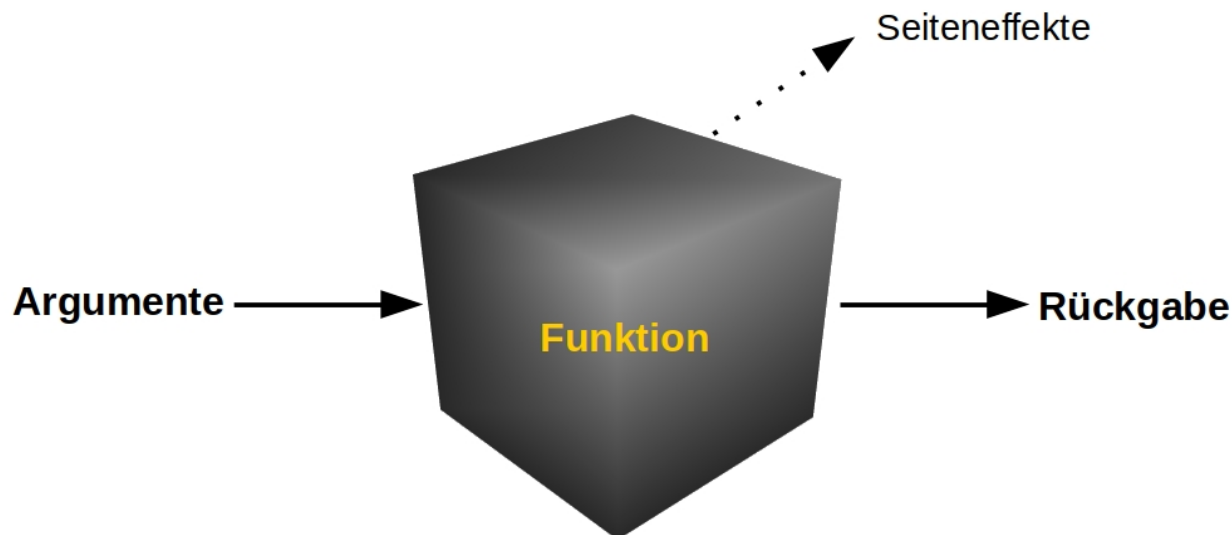
1. Gegeben ist der Antwortvektor `c(1, 2, 2, 1, 4, 5, 2, 2, 2, 3)` und der Schlüssel  
2. Wie kann ich die Item-Schwierigkeit ohne Anwendung der Funktion `ifelse()` bestimmen? Was ist die Item-Schwierigkeit?
2. Gegeben ist der Antwortvektor `c(2, 3, 2, 4, 5, 6, 2, 3)`, der die Antworten auf das Item eines Persönlichkeitsinventars enthält. Die Antworten wurden auf einer Likertskala gegeben, die zwischen 1 und 6 kodiert war. Da das Item negativ gepolt ist, müssen die Antworten vor der Analyse invertiert werden. Was ist der Mittelwert der umgepolten Antworten (d.h. die Item-Schwierigkeit)?

## 6 Funktionen

Funktionen sind das Herz der R-Maschinerie. Jegliche Befehle, die wir in R durchführen, sind als Funktionen umgesetzt.<sup>32</sup> Wir haben bereits ausgiebig von Funktionen Gebrauch gemacht. Wir haben beispielsweise mit `subset()` Daten ausgewählt, mit `table()` und `tapply()` deskriptive Statistiken angefordert, und mit `cor()`, `colMeans()` und `psychometric::alpha()` psychometrische Berechnungen durchgeführt. Dabei haben wir bereits einige Eigenschaften von Funktionen zur Kenntnis genommen, etwa dass sie Namen haben,<sup>33</sup> Argumente annehmen und ihre Rückgabewerte in Variablen gespeichert werden können. In diesem Kapitel soll nun ein tiefgründigerer Blick auf Funktionen in R gelegt werden. Am Ende des Kapitels lernen wir, unsere eigenen Funktionen zu schreiben.

### 6.1 Das Black-Box-Modell

Diese Grafik zeigt schematisch die Arbeitsweise von R-Funktionen:



Funktionen nehmen Argumente an, die ihr Verhalten steuern. Sie geben genau ein R-Objekt zurück, das Rückgabewert genannt wird. Wenn der Aufruf einer Funktion außer dieser Rückgabe weitere Auswirkung auf die „Umgebung“ hat, nennt man das einen Seiteneffekt. Als R-Neuling ist es manchmal wichtig zu verstehen, was der Unterschied zwischen den Seiteneffekten und der Rückgabe einer Funktion ist.

Die innere Arbeitsweise von Funktionen wird als „Black Box“ betrachtet. Wir wissen nicht unbedingt, wie eine Funktion intern funktioniert, was uns aber auch nicht interessiert. So lange uns `mean()` den korrekten Mittelwert ausgibt, ist uns egal, wie `mean()` den Mittelwert

---

<sup>32</sup>Technisch gesehen sind sogar einfache Berechnungen wie die Addition oder die Auswahl von Elementen per `[·]` Funktionen. Wir betrachten hier jedoch Funktionen, die dem Schema `Funktionsname(Argument1, Argument2, ...)` folgen.

<sup>33</sup>Interessanterweise können Funktionen sogar anonym sein, also keinen Namen haben. Aber dieser Spezialfall ist für uns erst einmal nicht von Interesse.

berechnet.<sup>34</sup> Bei Funktionen interessiert uns in erster Linie, welche Daten wir einer Funktion als Argumente übergeben müssen und was sie uns dafür in Austausch zurückgeben. Die folgenden Abschnitte befassen sich mit den einzelnen Bestandteilen des „Black-Box-Modells“.

## 6.2 Argumente

Argumente determinieren das Verhalten von Funktionen. Im einfachsten Fall bedeutet das, dass die Elemente eines Vektors, den wir `mean()` übergeben, den ausgegebenen Mittelwert determinieren. Wenn wir gar keinen Vektor übergeben, erhalten wir kein Ergebnis, sondern eine Fehlermeldung:

```
mean()
Fehler in mean.default() : Argument "x" fehlt (ohne Standardwert)
```

Um zu verstehen, wie man mit Argumenten das Verhalten von Funktionen beeinflusst, ist ein Verständnis der folgenden Punkte wichtig:<sup>35</sup>

1. Manche Argumente haben Standardwerte (Englisch: „default values“), die angenommen werden, wenn wir diese Argumente beim Aufrufen der Funktion nicht explizit angeben. Diese Argumente heißen *optionale Argumente*.
2. Wenn Argumente keinen Standardwert haben, **müssen** wir dem Argument einen Wert übergeben, da die Funktion sonst eine Fehlermeldung und kein Ergebnis ausgibt.<sup>36</sup>
3. Argumente haben Namen, die wir verwenden können, um sie in der Form **Argumentname = Wert** zu adressieren.
4. Wenn wir für ein Argument nicht explizit den Namen angeben, wird das Argument nach seiner Position in der Liste aller angegebenen Argumente identifiziert.
5. Mit der R-Hilfe können wir herausfinden, welche Argumente Funktionen annehmen, wie diese heißen, und welche davon optional oder verpflichtend sind.

Wir werden diese Punkte nun exemplarisch anhand der Funktion `mean()` nachvollziehen. Wir wissen bereits, dass `mean()` mindestens zwei Argumente annimmt. Beide Argumente haben Namen:

- **x**: der numerische oder logische Vektor, für den der Mittelwert bestimmt werden soll. Oftmals wird in R das „Datenargument“ (das zumeist das erste Argument ist) generisch mit **x** benannt.
- **na.rm**: ein ein-elementiger logischer Vektor, der angibt, ob NA-Werte von der Berechnung ausgeschlossen werden sollen

Da der Aufruf `mean()` ohne Angabe eines numerischen oder logischen Vektors einen Fehler ergibt, ist uns klar, dass **x** kein optionales Argument ist. Wir **müssen** einen Vektor übergeben,

---

<sup>34</sup>Das ist natürlich zunächst einmal anders, wenn wir selbst neue Funktionen schreiben. Aber auch dann gilt: Wenn ich die Funktion geschrieben habe und der Berechnung vertraue, kann ich später auf sie zugreifen, ohne mir jedes Mal über die interne Funktionsweise Gedanken zu machen. Das kann eine enorme Arbeitserleichterung sein.

<sup>35</sup>Teilweise wurden diese Punkte schon in **Kapitel 3 im Abschnitt zur Funktion `subset`** angesprochen.

<sup>36</sup>Das ist streng genommen auch wieder eine Vereinfachung. Aber für uns reicht dieses Konzept: Hat ein Argument einen Standardwert, ist es optional; hat ein Argument keinen Standardwert, ist es verpflichtend.

für den wir einen Mittelwert bestimmen können. Wieso `mean()` auch sonst aufrufen?

Auf der anderen Seite wissen wir auch, dass wir das Argument `na.rm` nicht unbedingt angeben müssen – das würden wir normalerweise nur dann machen, wenn wir wissen, dass unsere Daten fehlende Werte enthalten. Folgender Aufruf funktioniert nämlich, ohne dass wir dem Argument `na.rm` einen Wert übergeben:

```
mean(1:10)
```

```
[1] 5.5
```

Doch was passiert mit `na.rm`, wenn wir es nicht explizit angeben? Hierbei nehmen wir folgende Regel zur Kenntnis: **Optionale Argumente sind deswegen optional, da ihnen von der Funktion ein Wert zugewiesen wird, wenn wir das Argument nicht selbst übergeben.** Das Argument `na.rm` hat den Standardwert `FALSE`, weswegen `NA`-Werte im Normalfall nicht von der Berechnung ausgeschlossen werden. Stattdessen wird uns `NA` zurückgegeben, wenn `x` mindestens einen fehlenden Wert enthält. Folgende Aufrufe sind demnach äquivalent:

```
mean(1:10)
mean(1:10, na.rm = FALSE)
```

Da wir nicht immer alle optionalen Argumente von Funktionen angeben wollen – stattdessen „vertrauen“ wir auf die Standardwerte –, ist es sehr hilfreich, dass wir Funktionsargumente per Namen ansprechen können. So können wir nur genau die optionalen Argumente auswählen, die wir anpassen wollen; für die anderen belassen wir den Standardwert.

Interessanterweise wissen wir bislang gar nicht, ob wir das Argument `na.rm` tatsächlich mit Namen ansteuern müssen. In Funktionen können wir Argumente ja anhand ihres Namens *oder* ihrer Position ansprechen. Wenn `na.rm` das zweite Argument wäre, könnten wir auch folgenden Aufruf verwenden:

```
mean(c(1, 2, 3, NA), TRUE)
Fehler in mean.default(c(1, 2, 3, NA), TRUE) :
  'trim' must be numeric of length one
```

Das hat aber nicht funktioniert. Diese Fehlermeldung informiert uns darüber, dass `mean` an der zweiten Position ein Argument mit dem Namen „`trim`“ erwartet. Offensichtlich hat `mean` mit `trim` noch ein weiteres optionales Argument, das wir bislang gar nicht kannten. Das heißt für uns: Solange wir für `trim` – was auch immer das ist – keinen Wert angeben, müssen wir `na.rm` per Namen ansprechen.

Wenn wir Argumente mit Namen ansteuern, brauchen wir uns über die Reihenfolge der Argumente keine Gedanken machen. Das ist oftmals sehr hilfreich. Deswegen funktioniert folgender Aufruf:

```
mean(na.rm = FALSE, x = 1:10)
```

```
[1] 5.5
```

Wir erweitern nun das Beispiel von oben unter Berücksichtigung unseres Wissens über die Vergabe von Namen bei Funktionsargumenten. Folgende Aufrufe sind alle äquivalent:

```
mean(1:10)
mean(1:10, na.rm = FALSE)
mean(x = 1:10)
mean(x = 1:10, na.rm = FALSE)
mean(na.rm = FALSE, x = 1:10)
```

Nicht äquivalent zu den obigen Aufrufen sind jedoch folgende Befehle, die zu Fehlermeldungen führen, da `na.rm` nicht das zweite Argument von `mean()` ist:

```
mean(1:10, FALSE)
mean(x = 1:10, FALSE)
```

Wir haben nun gelernt, wie wir Argumente an Funktionen übergeben können. Dieses Wissen hilft uns jedoch nur, wenn wir folgende Frage beantworten können:

**Wie finden wir heraus, welche Argumente eine Funktion annimmt?**

### 6.2.1 Die R-Hilfe

In R sind bereits sehr viele statistische und testtheoretische Analysen als Funktionen verfügbar. Wenn diese Funktionen noch nicht in der Basisversion von R enthalten sind, sind sie stattdessen häufig in externen Paketen verfügbar. So können wir beispielsweise ANOVAs, explorative oder konfirmatorische Faktorenanalysen und viele andere Auswertungen durchführen – wenn wir denn wollen. Wir benötigen dabei nur das folgende Wissen:

1. Welche Funktion führt die gewünschte Berechnung aus?
2. Wie können wir diese Funktionen bedienen?

Wir beschäftigen uns im Folgenden mit dem zweiten Punkt.<sup>37</sup> Wir lernen, wie wir uns mit der R-Hilfe einen Überblick über die Arbeitsweise von Funktionen verschaffen können. Probieren wir es exemplarisch für die Funktion `mean()` aus:

```
?mean
```

Interessant ist für uns erst einmal der obere Abschnitt „Usage“:

```
Usage:

mean(x, ...)

## Default S3 method:
mean(x, trim = 0, na.rm = FALSE, ...)
```

Wir ignorieren an dieser Stelle, dass uns zwei Varianten angeboten werden, die Funktion

---

<sup>37</sup> Auch wenn es häufig erst einmal der Knackpunkt ist zu wissen, ob es schon eine Funktion gibt, die das eigene Problem löst, wie diese heißt und in welchem Paket ich sie finde.

`mean()` zu nutzen.<sup>38</sup> Wenn in der Hilfe eine „Default S3 method“ angeboten wird, interessiert uns oftmals diese; so ist es auch hier der Fall. An dieser Stelle finden wir die Informationen, die wir benötigen, um die Funktion zu nutzen. Wir sehen

- die Namen der Argumente
- die Reihenfolge der Argumente
- welche Argumente optional sind
- was die Standardwerte der optionalen Argumente sind

Die Standardwerte der optionalen Argumente lassen sich dadurch ablesen, dass in der Argumentliste in der Form **Argumentname = Wert** schon ein Wert angegeben ist. Das Argument `trim` etwa hat den Standardwert 0. Wie wir bereits wissen, hat das Argument `na.rm` den Standardwert `FALSE`. Bei nicht-optionalen Argumenten ist kein Standardwert, sondern nur der Name des Arguments angegeben.

Wenn wir mehr über die Argumente erfahren wollen, müssen wir den Abschnitt „Arguments“ der R-Hilfe konsultieren. Folgende Punkte interessieren uns bei der Beschreibung:

1. Was ist die inhaltliche Bedeutung eines Arguments?
2. Was für ein R-Objekt muss ich übergeben, um ein Argument anzusteuern? (Z.B. einen Vektor, einen `data.frame`, eine `matrix`, eine `list` oder sogar eine Funktion – siehe [Kapitel 3: Funktion `tapply`](#))

Die Beschreibung der Argumente achtet sehr auf Prägnanz und technische Korrektheit, wie wir am Beispiel der Beschreibung der Argumente der Funktion `mean` erkennen können:

Arguments:

`x`: An R object. Currently there are methods `for` numeric/logical vectors and date, date-time and time interval objects. Complex vectors are allowed `for` ‘trim = 0’, only.

`trim`: the fraction (0 to 0.5) of observations to be trimmed from each end of ‘x’ before the mean is computed. Values of trim outside that range are taken as the nearest endpoint.

`na.rm`: a logical value indicating whether ‘NA’ values should be stripped before the computation proceeds.

Die R-Hilfe ist also hilfreich, aber nicht immer ganz leicht zu nutzen. Oftmals ist eine weitere Google-Recherche oder das Nachfragen bei einer Freundin oder einem Freund sinnvoll, wenn man die Nutzung einer Funktion meistern will.

Mehr Hilfe zur Nutzung einer Funktion finden wir im Abschnitt „Examples“ der R-Hilfe. Hier

---

<sup>38</sup>Viele Funktionen können auf verschiedene Arten aufgerufen werden. Das heißt: Sie können mit unterschiedlichen R-Objekten als Eingabe genutzt werden.

können wir am konkreten Beispiel betrachten, wie die Funktion angewendet werden kann. Wenn wir Glück haben, ist genau das dabei, was wir brauchen. Der Code ist dabei so gewählt, dass man ihn per Copy & Paste einfach selbst in der Konsole ausführen kann. Bei `mean()` finden wir etwa den folgenden Beispiel-Code:

Examples:

```
x <- c(0:10, 50)
xm <- mean(x)
c(xm, mean(x, trim = 0.10))
```

**Hinweis:** Wenn die R-Hilfe nicht so hilfreich ist, schaut euch die Beispiele an.

### 6.2.2 Namenlose Argumente

In der Einführung in die Arbeitsweise von Funktionsargumenten habe ich behauptet, dass Argumente Namen haben. Wie fast jede allgemeine Regel hat auch diese Regel Ausnahmen – Argumente haben nämlich gar nicht immer einen Namen. Das ist für uns zwar nicht ganz so wichtig, aber wir können es hier zur Kenntnis nehmen. Wir haben sogar schon mit Funktionen gearbeitet, die namenlose Argumente annehmen können. Das ist beispielsweise immer dann notwendig, wenn Funktionen eine beliebige Anzahl von Argumenten annehmen. Die Funktion `c` nimmt beliebig viele Vektoren entgegen, die dann zu einem Vektor zusammengefügt werden. Auch andere Funktionen wie `table()` – die beliebig viele Vektoren zur Erstellung von Kreuztabellen annimmt – und `dplyr::arrange()` – die beliebig viele Kriterien zur Sortierung eines `data.frames` annimmt – haben unbenannte Argumente. In der R-Hilfe ist dies oftmals an dem Platzhalterargument „...“ (lies: *ellipsis*) zu erkennen, siehe:<sup>39</sup>

?c

Usage:

```
## S3 Generic function
c(...)

## Default S3 method:
c(..., recursive = FALSE, use.names = TRUE)
```

Arguments:

```
...: objects to be concatenated.
```

---

<sup>39</sup>Wir nehmen interessiert zur Kenntnis, dass `c()` zwei Argumente mit Standardwerten hat: `recursive` und `use.names`. Mit diesen Argumenten haben wir uns bislang nicht beschäftigt und das werden wir auch weiterhin nicht tun. Oftmals „vertraut“ man den Standardwerten, wobei man damit früher oder später auch mal auf die Nase fallen wird.



## 6.3 Rückgabewerte

Der Rückgabewert einer Funktion ist das R-Objekt, das die Funktion ausgibt. Jede Funktion hat einen Rückgabewert. Die Funktion `mean()` gibt beispielsweise einen ein-elementigen Vektor aus, der das arithmetische Mittel des Eingabevektors repräsentiert. Die Funktion `subset()` gibt immer einen `data.frame` aus – wie der aussieht, bestimmen die Argumente, die wir der Funktion übergeben.

Das Verständnis von Rückgabewerten führt uns etwas tiefer in die Innereien der R-Programmiersprache. Betrachten wir im folgenden Beispiel die Funktion `t.test()`, die einen *t*-Test durchführt und dabei die Mittelwerte zweier Vektoren vergleicht. Ich verwende den NPI-Datensatz aus Kapitel 5 und vergleiche den mittleren Narzissmus-Gesamtwert (Spalte `score`) zwischen weiblichen und männlichen Testnehmenden (Spalte `gender`; Kodierung: männlich = 1, weiblich = 2).<sup>40</sup>

```
t.test(
  npis$score[npis$gender == 1],
  npis$score[npis$gender == 2]
)
```

Wir erhalten folgende Ausgabe in der Konsole:

```
Welch Two Sample t-test

data:  npis$score[npis$gender == 1] and npis$score[npis$gender == 2]
t = 13.249, df = 10681, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 1.801341 2.426906
sample estimates:
mean of x mean of y
 14.19595  12.08183
```

Hier werden uns alle relevanten Aspekte der *t*-Test-Berechnung ausgegeben. Ein erster interessanter Hinweis ist, dass kein klassischer *t*-Test, sondern ein „Welch Two Sample t-test“ gerechnet wurde.<sup>41</sup> Weiterhin werden uns *t*-Wert, Freiheitsgrade, *p*-Wert („*p-value* < 2.2e-16“ bedeutet, dass der *p*-Wert so klein ist, dass vor dem ersten Wert hinter dem Komma, der **nicht** Null ist, mindestens 16 Nullen stehen), das 95%-Konfidenzintervall der Differenz der mittleren Werte, sowie die Mittelwerte selbst ausgegeben. Insgesamt kann man interpretieren, dass Männer im Mittel signifikant höhere Narzissmuswerte aufweisen als Frauen. Aber dieser Befund ist für uns in diesem Fall uninteressant – wir wollen uns ja mit dem Rückgabewert befassen. Was für ein R-Objekt wurde uns denn ausgegeben?

<sup>40</sup>An dieser Stelle ist es sinnvoll, noch einmal zu rekapitulieren, wie hier die Narzissmuswerte der Männer und Frauen ausgewählt werden.

<sup>41</sup>Setzt man das Argument `var.equal` auf `TRUE`, wird ein klassischer *t*-Test gerechnet (Standardwert: `FALSE`). Es ist etwas ironisch, dass die Funktion `t.test()` keinen klassischen *t*-Test rechnet. Wenn man das erwartet, könnte man an dieser Stelle auf die Nase fallen, wenn man einfach auf die Standardwerte der Funktion vertraut. Mehr Informationen zum Welch-*t*-Test finden sich hier: [https://en.wikipedia.org/wiki/Welch%27s\\_t-test](https://en.wikipedia.org/wiki/Welch%27s_t-test).

Was in der Konsole angezeigt wird, stellt nicht direkt das R-Objekt dar, das die Funktion `t.test()` ausgibt. Es handelt sich hierbei um eine etwas lesefreundlichere Zusammenfassung des Tests. Um das tatsächlich ausgegebene Objekt zu inspizieren, kann ich die Funktion `str()` verwenden. Dazu speichere ich die Ausgabe des t-Tests zunächst in einer Variablen ab:

```
test <- t.test(
  np1$score[np1$gender == 1],
  np1$score[np1$gender == 2]
)
str(test)
```

```
List of 10
 $ statistic   : Named num 13.2
  ..- attr(*, "names")= chr "t"
 $ parameter   : Named num 10681
  ..- attr(*, "names")= chr "df"
 $ p.value     : num 9.4e-40
 $ conf.int    : num [1:2] 1.8 2.43
  ..- attr(*, "conf.level")= num 0.95
 $ estimate    : Named num [1:2] 14.2 12.1
  ..- attr(*, "names")= chr [1:2] "mean of x" "mean of y"
 $ null.value  : Named num 0
  ..- attr(*, "names")= chr "difference in means"
 $ stderr      : num 0.16
 $ alternative: chr "two.sided"
 $ method      : chr "Welch Two Sample t-test"
 $ data.name   : chr "np1$score[np1$gender == 1] and np1$score[np1$gender == 2]"
 - attr(*, "class")= chr "htest"
```

Das von `t.test()` ausgegebene Objekt ist eine „List of 9“, also eine Liste mit 9 Einträgen. Listen sind sehr allgemeine Datencontainer, die Elemente von beliebigem Typ und beliebiger Anzahl beinhalten können.<sup>42</sup> Listen stellen eine wichtige Datenstruktur in R dar – vielleicht ist es sogar die wichtigste Datenstruktur, da `data.frames` spezielle Listen sind, in denen jeder Eintrag (d.h., jede Spalte) ein Vektor gleicher Länge ist. Die Elemente der Liste können benannt sein, wie es bei der Rückgabe von `t.test()` der Fall ist. In diesem Fall kann ich, wie wir es von der Spaltenauswahl in `data.frames` kennen, mit der `$`-Notation auf einzelne Elemente zugreifen:

```
test$statistic # t-Wert als ein-elementiger Vektor
```

```
      t
13.24906
```

```
test$alternative # ein- oder zweiseitiger Test?
```

```
[1] "two.sided"
```

---

<sup>42</sup>Ein Eintrag einer Liste könnte beispielsweise eine andere Liste sein.

```
test$parameter # Freiheitsgrade
```

```
df  
10681.4
```

Es ist nicht unüblich, dass komplexere statistische Berechnungen eine Liste als Ausgabeobjekt ergeben. Listen sind dann sinnvoll, wenn während der Berechnung mehrere Werte anfallen und es nützlich ist, diese an den Nutzer zurückzugeben. Im Falle des t-Tests interessieren uns etwa die Freiheitsgrade, der t-Wert und der p-Wert.

## 6.4 Seiteneffekte

Jede Funktion hat genau einen Rückgabewert, also genau ein R-Objekt, das von der Funktion zurückgegeben wird. Jegliche Auswirkungen, die eine Funktion darüber hinaus hat – außerhalb der inneren Arbeitsweise –, werden Seiteneffekte genannt. Beispielsweise war die Konsolen-Ausgabe der Funktion `t.test()` im oberen Fall ein Seiteneffekt. Wenn ich die Funktion `t.test()` aufrufe, wird mir eine Zusammenfassung des Tests in der Konsole ausgegeben, die als Mensch etwas einfacher zu verarbeiten ist von Abbildungen ist auch als Seiteneffekt zu verstehen. Wenn wir beispielsweise `hist(npi$score)` aufrufen, wird uns ein Histogramm der Narzissmuswerte des NPI angezeigt. Dieses Histogramm ist ein Seiteneffekt und nicht die Ausgabe der Funktion `hist()`. Interessierte sind aufgefordert herausfinden, was deren tatsächliche Rückgabe ist.

Ich werde die Diskussion von Seiteneffekten bei dieser kurzen und oberflächlichen Einführung belassen. Manchmal ist die Unterscheidung in Seiteneffekte und Rückgabe sinnvoll; wenn wir etwa die Ergebnisse einer Funktion weiter verwenden möchten, ist es wichtig zu wissen, welche Datenstruktur die Funktion ausgibt und wie wir auf die ausgegebenen Werte zugreifen können. Um Power-Analysen für t-Tests zu simulieren, ist es beispielsweise nötig, die exakten p-Werte aus der Ausgabe der Funktion `t.test()` auszulesen. In dem Fall werden wir die Funktion `t.test()` gegebenenfalls 10,000 Mal aufrufen und können es uns nicht leisten, den p-Wert jedes Mal aus der Konsolen-Ausgabe abzulesen. Stattdessen wollen wir den Prozess der p-Wert-Extraktion automatisieren; und genau für solche Automatisierungen lernen wir das Programmieren.

## 6.5 Selbst geschriebene Funktionen

Das Schreiben eigener Funktionen sollte früher oder später zum Repertoire eines R-Nutzers gehören. Mit selbst geschriebenen Funktionen können wir häufig durchgeführte Berechnungen abstrahieren und beliebig oft durchführen. Betrachten wir den folgenden Code:

```
(0.23 * 2) / (1 + (2 - 1) * 0.23)  
(0.47 * 3) / (1 + (3 - 1) * 0.23) # copy-paste Fehler  
(0.68 * 4) / (1 + (4 - 1) * 0.68)
```

Erkennt ihr, was berechnet wird? Falls nicht, betrachtet diesen Code:

```
spearman_brown(0.23, 2)
spearman_brown(0.37, 3)
spearman_brown(0.68, 4)
```

In der ersten Variante sind nur ein paar Zahlen und arithmetische Operationen zu sehen, die Semantik der Berechnung ist jedoch vollkommen unklar. Durch das Copy-Pasten des Codes ist mir sogar ein Fehler unterlaufen, denn ich habe in der zweiten Zeile einmal vergessen den Wert 0.23 durch 0.47 auszutauschen – solche Fehler passieren häufig und sind sehr schwierig zu entdecken (siehe Li, Lu, Myagmar, & Zhou, 2006). Durch die Nutzung der Funktion, die ich in Kapitel 5 definiert habe, ist der Code lesbarer geworden und einfach interpretierbar: Ich möchte drei Reliabilitätsschätzer um die Faktoren 2, 3 bzw. 4 korrigieren. Sofern ich bei der Definition meiner Funktion keinen Fehler gemacht habe, sind diese Aufrufe auch robuster gegenüber Copy-Paste-Fehlern.

Mit eigenen Funktionen folgen wir dem Programmierer-Credo „*do not repeat yourself*“. Wenn wir einmal Code zur Lösung eines Problems geschrieben haben, möchten wir denselben Code nicht noch einmal schreiben, um ein gleiches bzw. ähnliches Problem zu lösen. Eigene Funktionen helfen uns effizienter – man könnte sogar sagen: fauler – zu arbeiten. Außerdem führen sie zu besser lesbarem Code, denn Funktionsnamen<sup>43</sup> kommunizieren die Intention von Code deutlich besser als das reine Aneinanderreihen von Zahlen, Operatoren und Variablen.

### 6.5.1 Definition der eigenen Funktion

Erinnern wir uns an die Spearman-Brown-Funktion, die ich in Kapitel 5 definiert habe:

```
1 spearman_brown <- function(reliability, factor) {
2   numerator <- reliability * factor
3   denominator <- 1 + (factor-1) * reliability
4   corrected_reliability <- numerator / denominator
5   return(corrected_reliability)
6 }
```

Um die Funktion zu definieren, führe ich diese sechs Zeilen Code einfach in der R-Konsole aus. In RStudio reicht es sogar, STRG-Enter zu drücken, wenn sich mein Cursor in Zeile 1 befindet. In dieser Zeile beginnt die Definition der Funktion: Ich erstelle eine Variable, der ich mit „<-“ eine Funktion zuweise. Die Funktion `spearman_brown()` wird also mit der Funktion `function()` erstellt (kein Witz). Die Funktion `function()` nimmt die Argumente entgegen, die auch meine neu definierte Funktion `spearman_brown()` annehmen soll. Die Parameter, die bei der Spearman-Brown-Korrektur eine Rolle spielen, sind der Reliabilitätsschätzer und der Korrekturfaktor. Aus diesem Grund werden die zwei Argumente `reliability` und `factor` definiert.

Auf die Definition der Argumente folgt der „Körper“ (engl.: *body*) der Funktion. Der Körper führt die gewünschte Berechnung durch und verwendet dabei die Funktionsargumente als Variablen. Funktionsargumente sind also nichts anderes als Variablen, die im Innern einer

---

<sup>43</sup>Wie bei Variablen ist auch bei Funktionen eine sinnvolle Benennung unerlässlich.

Funktion leben. Der Körper der Funktion wird in geschwungenen Klammern `{·}` eingeschlossen. Solche Klammern bilden einen abgeschlossenen Block von R-Code; sie werden uns auch im nächsten Kapitel bei der Verwendung von Schleifen wieder begegnen.

In Zeile 5 wird mit der Funktion `return()` angegeben, dass die Variable `corrected_reliability` von der Funktion zurückgegeben werden soll. Das heißt: das R-Objekt, das innerhalb der Funktion in die Variable `corrected_reliability` geschrieben wird, ist der Rückgabewert der Funktion.

### 6.5.2 Lokale Variablen

Werfen wir noch einmal einen Blick auf den Körper der Funktion `spearman_brown()`. Wir sehen hier bereits gewohnten R-Code – nichts Besonderes: Variablen werden geschrieben und Berechnungen werden durchgeführt. Ein wichtiger Punkt an diesen Berechnungen ist jedoch, dass sie nur innerhalb der Funktion stattfinden und keine Wirkungen „nach außen“ haben. Was heißt das konkret? Beispielsweise sind alle Variablen, die innerhalb der Funktion definiert werden, sogenannte *lokale* Variablen. Im Gegensatz zu den lokalen Variablen stehen globale Variablen. Global waren alle Variablen, die wir bislang per `<-` definiert haben. Solche globalen Variablen werden uns in RStudio im Panel oben rechts unter „Global Environment“ angezeigt.

Lokale Variablen sind außerhalb der Funktion nicht sichtbar und verschwinden nach Aufruf der Funktion wieder.<sup>44</sup> Es ist also nicht so, dass die Variablen `numerator`, `denominator` und `corrected_reliability` in die globale R-Umgebung geschrieben werden, wenn ich die Funktion `spearman_brown()` aufrufe. Das ist extrem nützlich: Ich habe die Variablen `numerator` und `denominator` nur definiert, damit mein Code gut lesbar ist und die einzelnen Code-Zeilen nicht zu lang werden.<sup>45</sup> Am Ende interessiert mich aber nur der Spearman-Brown-Schätzer als Ergebnis der Berechnung; Variablen, die ich als Zwischenergebnisse abspeichere, interessieren mich hingegen nicht. Wenn ich eine Funktion schreibe, bleiben solche Hilfsvariablen verborgen und nur der Rückgabewert dringt nach außen. Ich kann den Rückgabewert abfangen, indem ich ihn in einer Variablen abspeichere:

```
split_half_correct <- spearman_brown(0.63, 2)
```

Durch diesen Befehl wird eine korrigierte Reliabilität in eine Variable mit dem Namen `split_half_correct` geschrieben; dass der Rückgabewert der Funktion innerhalb der Funktion in einer Variablen mit dem Namen `corrected_reliability` abgespeichert ist, ist für das ausgegebene Objekt nicht von Bedeutung.

Argumente sind ebenfalls lokale Variablen in der Funktion. Wenn wir einer Funktion also ein Argument übergeben, definieren wir damit eine lokale Variable mit dem Namen des

---

<sup>44</sup>Umgekehrt gilt hingegen: Innerhalb einer Funktion kann man auf Variablen der globalen R-Umgebung zugreifen. Ignoriert das jedoch bitte. Werte, mit denen eine Funktion arbeitet, sollten der Funktion per Argument übergeben werden.

<sup>45</sup>Es ist guter Stil, die Menge von Code pro Zeile zu begrenzen. Eine Daumenregel ist die Verwendung von nicht mehr als 80 Zeichen Code pro Zeile. Dafür kann es beispielsweise helfen, Zwischenberechnungen in Variablen abzuspeichern. Eigene Funktionen helfen ebenfalls dabei, Code lesbar zu gestalten.

Arguments innerhalb der Funktion. Daraus können wir beispielsweise schließen, dass im Code der Funktion `mean()` irgendwo eine Variable mit dem Namen `na.rm` verwendet wird.

### 6.5.3 Optionale Argumente

Bei der Definition einer Funktion können wir Standardwerte vergeben und somit optionale Argumente definieren. Wenn wir beispielsweise davon ausgehen, dass wir die Spearman-Brown-Korrektur meistens verwenden, um eine Split-Half-Korrelation zu korrigieren, könnten wir das Argument `factor` per default auf 2 setzen. Das funktioniert wie folgt:

```
spearman_brown <- function(reliability, factor = 2) {  
  ...  
}
```

Diese Schreibweise kennen wir schon vom Aufruf von Funktionen, wenn wir die Argumente mit Namen ansprechen. In diesem Fall können wir die Funktion `spearman_brown()` auch wie folgt äquivalent verwenden:

```
split_half_correct <- spearman_brown(0.63)  
split_half_correct <- spearman_brown(0.63, 2)
```

### 6.5.4 Wann schreibe ich meine eigene Funktion

Wie wir in den letzten Abschnitten gesehen haben, ist die technische Definition einer Funktion keine schwierige Sache. Schwieriger ist häufiger die Antwort auf die Frage, wann ich tatsächlich eine Funktion schreiben will. Darauf gibt es keine einzige richtige Antwort, und am Ende muss jeder für sich selbst entscheiden. Generell ist eine sinnvolle Daumenregel, dann eine Funktion zu schreiben, wenn man denselben Code mehrfach geschrieben hat. Häufiges Copy & Paste kann da ein guter Indikator sein. In dem Fall solltet ihr identifizieren, welche Details sich jeweils bei den verschiedenen Varianten des Codes geändert haben, und diese in Argumente umwandeln.

Um zu erkennen, wann Funktionen nützlich sind und welche Variablen man als Argumente umsetzen will, bedarf es sicherlich einiger Erfahrung mit R. Mein Tipp für Anfänger ist deswegen vor allem: Erst mal einfach „coden“ – später Funktionen schreiben. Mit mehr Erfahrung kann sich diese Vorgehensweise ändern. Ich überlege oftmals schon in der Planungsphase eines Projekts, welche Funktionen sich sinnvollerweise anbieten und wie diese zusammen arbeiten sollten. Aber das Vorgehen hängt auch stark von der Art des Projekts ab. Wenn ich bloß Daten einlese und einen t-Test oder eine ANOVA rechne, muss ich dafür keine Funktion schreiben. Wenn ich hingegen viel mit Daten an sich arbeite – also oft Daten auswähle, transformiere und aus bestehenden Werten neue Werte ableite – ergeben eigene Funktionen oftmals mehr Sinn.

## 6.6 Fragen zum vertiefenden Verständnis

1. Was ist der Rückgabewert der Funktion `str()`?
2. Was ist der Rückgabewert der Funktion `hist()`?

3. Kann ich mit der Funktion `spearman_brown()` gleichzeitig mehrere Reliabilitätsschätzer korrigieren? (Code inspizieren → überlegen → ausprobieren)

## 7 Schleifen

Ein Hinweis zu Beginn: Dieses Kapitel nutzt den `[[·]]`-Zugriff auf Spalten in `data.frames`. Wer damit noch nicht vertraut ist, sollte sich vor dem Weiterlesen zunächst den [kurzen Abschnitt zum `\[\[·\]\]`-Zugriff](#) in Kapitel 3 ansehen.

Schleifen spielen in allen Programmiersprachen eine wichtige Rolle. Sie erlauben uns, eine Aufgabe mehrfach durchzuführen, ohne dass wir den Code für die Aufgabe mehrfach schreiben müssen. Beispielsweise müssen wir Umkodierungen von Items (vgl. [Kapitel 5](#)) nicht für jedes einzelne Item neu eingeben – d.h. fehleranfällig copy-pasten –, sondern können sie mithilfe einer Schleife für alle Items auf einmal durchführen. Wie auch eigene Funktionen helfen uns Schleifen bei der Automatisierung unserer Arbeit. Sie helfen uns, R als Programmiersprache zu nutzen.

Im Allgemeinen und in R im Speziellen gibt es mehrere schleifenartige Gebilde; in diesem Kapitel lernen wir die wichtige `for`-Schleife kennen.<sup>46</sup> Das logische Prinzip einer `for`-Schleife ist recht simpel: Sie führt einen Code-Block mehrfach durch. In der Regel wird in den verschiedenen Durchläufen der Schleife variiert, auf welche Daten – also etwa auf welche Items eines Tests – zugegriffen wird, damit nicht in jedem Durchgang einfach dasselbe passiert. Dies ist die Syntax einer `for`-Schleife:

```
for (Schleifenvariable in vector) {  
  # hier steht beliebiger R-Code  
}
```

Das sieht erst einmal etwas beunruhigend aus. Gehen wir die einzelnen Bestandteile der Schleife einmal durch und schauen uns danach eine `for`-Schleife in Aktion an.

Den Anfang der Schleife definieren wir mit dem Schlagwort `for`. Die eigentliche Musik spielt in der darauf folgenden Klammer (`Schleifenvariable in vector`). Dabei ist `vector` ein beliebiger R-Vektor. Von der Länge dieses Vektors hängt ab, wie oft der Code im Körper der Schleife – eingeschlossen in den geschwungenen Klammern `{·}` – ausgeführt wird. Wir könnten der `for`-Schleife beispielsweise einen der folgenden Vektoren übergeben:

```
c(83, 45, 12, -99) # Die Schleife würde 4x laufen  
c("Cronbach", "Spearman", "Brown") # 3x  
1:10 # 10x  
paste0("item", 1:50) # 50x
```

Wäre `vector` einer dieser vier Vektoren, würde die Schleife viermal, dreimal, zehnmal, oder 50 Mal durchgeführt werden. Um zu verstehen, warum es überhaupt Sinn macht, denselben Code-Block mehrfach durchzuführen, betrachten wir zusätzlich den Ausdruck `Schleifenvariable`, der die Magie der `for`-Schleife offenbart: **Der `Schleifenvariable` wird in jedem Schleifendurchlauf schrittweise das nächste Element von `vector` zugeordnet.** Auf die `Schleifenvariable` können wir also im Körper der Schleife zugreifen

---

<sup>46</sup>Wer nach dem Durcharbeiten des Kapitels noch nicht genug von Schleifen hat, kann sich mithilfe einer Google-Suche mit der `while`-Schleife vertraut machen.



und ihr Inhalt ändert sich in jedem Durchlauf der Schleife. Betrachten wir folgendes Spielzeug-Beispiel, das das Konzept der `for`-Schleife verdeutlicht:

```
for (name in c('Cronbach', 'Spearman', 'Brown')) {  
  print(name)  
}
```

```
[1] "Cronbach"  
[1] "Spearman"  
[1] "Brown"
```

Die Funktion `print()` ist die explizite Anweisung, ein R-Objekt in der Konsole auszugeben. Wir sehen, dass uns die Schleife in ihren drei Durchläufen drei verschiedene Texte ausgibt, nämlich nacheinander den Inhalt des Vektors `c('Cronbach', 'Spearman', 'Brown')`. Da `print()` auf die Variable `name` angewendet wurde, sehen wir, dass `name` ihren Inhalt in jedem Durchlauf der Schleife geändert hat.

Wir stellen fest, dass `for`-Schleifen folgende Eigenschaften haben:

- Sie führen einen Code-Block genauso oft aus, wie ein übergebener Vektor lang ist.
- Eine Schleifenvariable nimmt in jedem Durchlauf den nächsten Wert des übergebenen Vektors an.
- Im Körper der Schleife können wir auf die Schleifenvariable zugreifen, um in jedem Durchlauf andere Berechnungen durchzuführen.

Das ist tatsächlich schon alles! Im Folgenden lernen wir zwei konkrete Anwendungen von `for`-Schleifen kennen.

## 7.1 Sequentielle Bepunktung von Testitems

In [Kapitel 5](#) haben wir gelernt, wie wir mithilfe eines Schlüssels Testfragen aus einem psychologischen Test bepunktet können. Im NPI hatten wir den Fall, dass jedes Item aus einer narzisstischen und einer nicht-narzisstischen Aussage bestand; wir haben für ein Item genau dann einen Punkt vergeben, wenn die narzisstische Aussage gewählt wurde.

Wir wollen im Folgenden diese Bepunktung mithilfe einer `for`-Schleife automatisieren, das heißt auf einmal für alle 40 Items des NPI durchführen. Dafür benötige ich für jedes Item des NPI den Schlüssel, den ich dem Codebuch entnehmen kann. Wir übertragen die 40 Schlüssel zunächst manuell in einen Vektor:

```
## Schlüssel aller 40 Items in einen Vektor  
keys <- c(1, 1, 1, 2, 2, 1, 2, 1, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 2, 1, 2, 2, 2, 2,  
          1, 2, 2, 1, 1, 2, 1, 2, 1, 1, 1, 2, 1, 1, 2, 1, 1, 1, 2)
```

Als Nächstes führe ich mit einer `for`-Schleife die Bepunktung aller Items durch. In diesem Code nehme ich an, dass die NPI-Antwortdaten schon eingelesen wurden und die Datenbereinigung aus Kapitel 5 durchgeführt wurde, mir also ein `data.frame` mit Namen `npi_clean` vorliegt, der alle Fälle ohne fehlende Antworten enthält.

```
## Die Variable `npi_clean` enthält die Antworten für das NPI, siehe  
## Kapitel 6
```

```
# for-Schleife für die Kodierung:  
for (i in 1:40) {  
  # 1. Wähle Spaltenname des i-ten Items aus:  
  colname <- paste0("Q", i)  
  # 2. Wähle aus Spalte die Antworten aus:  
  ith_item <- npi_clean[[colname]]  
  # 3. Führe Umkodierung durch:  
  narcissistic_response <- ifelse(ith_item == keys[i], 1, 0)  
  # 4. Erstelle Namen für neue Spalte:  
  new_colname <- paste0("coded", colname)  
  # 5. Hänge kodierte Werte an data.frame an:  
  npi_clean[[new_colname]] <- narcissistic_response  
}
```

Der erste Befehl im Körper der Schleife generiert mit der Funktion `paste0()` den Namen der Spalte, der adressiert werden soll. Im ersten Durchgang der `for`-Schleife wird also die Spalte Q1 adressiert, da die Schleifenvariable `i` den ersten Wert des Vektors `1:40` angenommen hat. Dann folgen Q2, Q3 und so weiter. Als Namen von Schleifenvariablen werden häufig kurze Namen wie `i` oder `j` verwendet, insbesondere wenn es sich um *Indexvariablen* handelt, sie also eine numerische Sequenz der Form `1:n` durchlaufen.

Der zweite Befehl wählt die zuvor definierte Spalte von `npi_clean` als Vektor aus. Ich benutze dabei die `[[·]]`-Notation, da sie mir erlaubt, eine Variable vom Typ `character` in den Klammern zu übergeben. Der folgende Aufruf mit der `$`-Notation würde nicht funktionieren: `npi_clean$colname` – hierbei würde R nach einer Spalte mit dem Namen `colname` suchen, aber wir wollen hier ja stattdessen eigentlich den in der Variable `colname` enthaltenen Spaltennamen (etwa Q23) verwenden.

Der dritte Befehl führt mit einem Aufruf der Funktion `ifelse()` die eigentliche Umkodierung durch. Es wird kodiert, ob Probanden beim `i`-ten Item die narzisstische Aussage ausgewählt haben. Eine 1 wird vergeben, wenn das der Fall war, andernfalls eine Null. Ich speichere diesen numerischen Vektor aus Einsen und Nullen in der Variablen `narcissistic_response` zwischen. Beachtet, dass diese Variable in jedem Durchlauf der Schleife überschrieben wird (dasselbe gilt für die Variablen `colname`, `ith_item` und `new_colname`).

Der vierte Befehl generiert mit einem Aufruf der Funktion `paste0()` in jedem Durchlauf einen neuen Spaltennamen. Die neuen Spalten haben Namen der Form `codedQ1`, `codedQ2` und so weiter.

Der fünfte Befehl fügt mit der `[[·]]`-Notation die umkodierte Narzissmus-Werte als Spalte an `npi_clean` hinzu. So stelle ich sicher, dass ich auch später darauf zugreifen kann, etwa um Summenwerte über alle Items oder Item-Trennschärfen zu bestimmen.

Beachtet, dass ich die `for`-Schleife auch mit weniger Zwischenschritten hätte umsetzen können;

folgender Code würde in weniger Zeilen dasselbe Ergebnis erzielen:

```
for (i in 1:40) {  
  colname <- paste0("Q", i)  
  np_i_clean[[paste0("coded", colname)]] <-  
    ifelse(np_i_clean[[colname]] == keys[i], 1, 0)  
}
```

Im ersten Beispiel habe ich jedoch jeden Zwischenschritt in einer eigenen Variablen abgespeichert, um den Code besser verständlich zu machen und alle Schritte zu erklären. Aus meiner Sicht ist das Zwischenspeichern in Variablen gut geeignet, um zu kommunizieren, was Code macht – insbesondere, wenn die Variablen gut benannt sind.

## 7.2 Berechnung von part-whole korrigierten Trennschärfen

Nachdem ich mit der letzten `for`-Schleife die rohen Antwortdaten in die angemessene Form umkodiert habe, kann ich mit meiner Analyse starten. Ein wichtiger Teil einer Item-Analyse ist die Berechnung von **Item-Trennschärfen**. Dieser Abschnitt behandelt die Frage, wie wir mithilfe einer `for`-Schleife korrigierte Item-Trennschärfen für alle 40 Items des NPI berechnen können. Wir nutzen diesen Code:

```
## Wir nutzen die umkodierten NPI-Werte: speichere diese  
## zunächst in einem separaten data.frame ab:  
columns <- paste0("codedQ", 1:40)  
items <- np_i_clean[, columns]  
  
## Berechne die Trennschärfen in Schleife  
for (column in columns) {  
  # 1. Summenwert unter Ausschluss eines Items  
  scores <- rowSums(items[, column != colnames(items)])  
  # 2. Korreliere damit den Item-Score  
  part_whole <- cor(items[[column]], scores)  
  # 3. Gib die Trennschärfe aus  
  print(part_whole)  
}
```

```
[1] 0.3558674  
[1] 0.4201535  
[1] 0.3321716  
...
```

Mithilfe der Funktion `print()` gebe ich nacheinander die 40 Trennschärfen aus, die ich in den Durchläufen der Schleife berechne; um die Seite nicht mit einer ausufernden Liste an Trennschärfen zu fluten, habe ich hier aber nur drei davon angezeigt. Um ein Objekt während des Laufs einer Schleife in der Konsole auszugeben, muss man `print()` explizit auf das auszugebende Objekt aufrufen; das Objekt ohne `print()` anzusteuern würde in keiner Reaktion resultieren.

Nun aber zur Logik des Codes: Vor dem Durchlauf der Schleife wähle ich genau die Spalten aus `npi_clean` aus, die die zuvor erstellten Item-Scores enthalten, und speichere sie in der Variable `items` ab. Danach startet die Schleife. In diesem Beispiel habe ich die Schleifenvariable `column` genannt. Das war recht willkürlich – ich kann der Schleifenvariable jeden Namen geben, den ich möchte. Hier habe ich mich anders als im vorherigen Beispiel nicht für den Namen `i` entschieden, da die Schleifenvariable keine Indexvariable ist und keine Sequenz von ganzen Zahlen der Form `1:n` durchläuft. Stattdessen durchläuft sie einen Vektor, der die Spaltennamen enthält, auf die ich zugreifen möchte. Deswegen erschien mir der Variablenname `column` passend.

Der erste Befehl im Schleifenkörper berechnet einen Summenwert über 39 Items. Dabei wird jeweils das Item nicht berücksichtigt, das in der Spalte `name` des von `items` abgespeichert ist. Betrachtet den Code genau: Mithilfe der `[·, ·]`-Notation werden genau die 39 anderen Spalten ausgewählt. Dafür wird hinter dem Komma der `[·, ·]`-Notation ein logischer Vektor der Länge 40 übergeben, der nur an einer Stelle `FALSE` enthält und sonst `TRUE`. Dieser logische Vektor wurde mit dem Befehl `column != colnames(items)` erstellt.

Der zweite Befehl im Schleifenkörper berechnet die korrigierte Trennschärfe. Hier wird der Summenscore über 39 Items mit dem verbleibenden Item korreliert und der resultierende Korrelationskoeffizient wird in der Variablen `part_whole` abgespeichert. Der dritte Befehl gibt lediglich die Trennschärfe in der Konsole aus.

## 7.3 Datenspeicherung in einer Schleife

Im vorherigen Beispiel habe ich Item-Trennschärfen berechnet und dann mit dem `print()`-Befehl in der Konsole ausgegeben. Oftmals möchte ich die Ergebnisse von Berechnungen, die während einer Schleife anfallen, aber nicht nur ausgeben, sondern auch abspeichern. Im ersten Anwendungsbeispiel einer `for`-Schleife – Umkodierung von Items – hatten wir uns zunutze gemacht, dass man mit der `[[·]]`-Notation neue Spalten an ein `data.frame` anhängen kann. Es macht jedoch keinen Sinn, die 40 Trennschärfen an den `data.frame` mit 10418 anzuhängen. Stattdessen könnte ich einen Vektor mit 40 Elementen zu erstellen, in dem ich die Trennschärfen speichere; ich berechne ja in jedem Durchlauf der Schleife genau einen Wert. Im Folgenden sehen wir uns an, wie wir das machen können. Dabei betrachten wir zwei Fälle: Einmal adressieren wir die Elemente des Vektors, der die Trennschärfen beinhaltet per Name und einmal per Index (siehe [Kapitel 3.5](#)).

### 7.3.1 Adressierung per Name

Zunächst erstelle ich wie folgt einen leeren<sup>47</sup> Vektor der Länge 40:

```
discriminations <- vector(length = 40)
```

Mithilfe der Funktion `vector()`<sup>48</sup> erstelle ich einen Vektor; das Argument `length` bestimmt

<sup>47</sup>Tatsächlich ist der Vektor nicht wirklich leer. Schaut ihn euch einmal nach der Erstellung an (d.h., gebt ihn in der Konsole aus).

<sup>48</sup>Es ist allgemein so, dass Funktionen mit dem Namen einer Datenstruktur besagte Datenstruktur erstellen. Erinnern wir uns an die Funktion `data.frame()`. Ebenso gibt es die Funktion `list()`, die eine Liste

dabei die Länge des Vektors. Darin möchte ich im Verlauf der 40 Durchläufe der Schleife die Trennschärfen der 40 Items abspeichern. Um eine Adressierung per Name zu ermöglichen, gebe ich den Elementen des Vektors wie folgt Namen:

```
names(discriminations) <- paste0("codedQ", 1:40)
## Teste:
discriminations[1:3]
```

```
codedQ1 codedQ2 codedQ3
FALSE   FALSE   FALSE
```

So haben die Elemente meines leeren Vektors dieselben Namen wie die Spalten des `data.frames` `items`, den ich zur Berechnung der Trennschärfen verwendet habe. Dass ich ausgerechnet diese Namen vergeben habe, hat zur Folge, dass ich recht einfach den obigen Code zur Berechnung der Trennschärfen umwandeln kann, um die Trennschärfen auch noch abzuspeichern. Dies ist der leicht angepasste Code:

```
## Wähle Items aus:
columns <- paste0("codedQ", 1:40)
items <- np_i_clean[, columns]

## Erstelle leeren Vektor-Container und benenne ihn:
discriminations <- vector(length = 40)
names(discriminations) <- columns

for (column in columns) {
  # 1. Summenwert unter Ausschluss eines Items
  scores <- rowSums(items[, column != colnames(items)])
  # 2. Korreliere damit den Item-Score
  part_whole <- cor(items[[column]], scores)
  # 3. Speichere Trennschärfe ab
  discriminations[column] <- part_whole
}
## Voilà:
head(discriminations)
```

```
      codedQ1      codedQ2      codedQ3      codedQ4      codedQ5      codedQ6
0.3561849 0.4202523 0.3322548 0.5014695 0.4411108 0.4795097
```

### 7.3.2 Vektorspeicherung – Adressierung per Index

Oftmals wird die Schleifenvariable als *Indexvariable* verwendet, d.h., sie durchläuft einen ganzzahligen numerischen Vektor, zumeist der Form `1:n`. So war es beispielsweise der Fall, als ich die 40 Items des NPI umkodiert habe. Diese Verwendung der Schleifenvariable ist oft dann nützlich, wenn ich in jedem Durchlauf der Schleife auf verschiedene Datenstrukturen

---

erstellt, oder die Funktion `matrix()`, die eine Matrix erstellt. Diese Funktionen sind oft nützlich, um leere Datencontainer zu erstellen, die im Verlaufe einer `for`-Schleife gefüllt werden.

zugreifen möchte – etwa auf einen `data.frame`, der Antworten enthält, und einen Vektor, der Schlüssel enthält. Da dieser Spezialfall wichtig ist, zeige ich auch für die Berechnung der Item-Trennschärfen, wie man die `for`-Schleife mit einer Index-Schleifenvariablen umsetzen kann:

```
## Wähle Items aus:
columns <- paste0("codedQ", 1:40)
items <- np_i_clean[, columns]

## Erstelle leeren Vektor-Container:
discriminations <- vector(length = 40)

## Erstelle Index-Vektor:
indices <- 1:40
## Berechne Trennschärfen in Schleife
for (i in indices) {
  # 1. Summenwert unter Ausschluss eines Items
  scores <- rowSums(items[, indices[-i]])
  # 2. Korreliere damit den Item-Score
  part_whole <- cor(items[[i]], scores)
  # 3. Speichere Trennschärfe ab
  discriminations[i] <- part_whole
}
## Voilà:
head(discriminations)
```

```
[1] 0.3561849 0.4202523 0.3322548 0.5014695 0.4411108 0.4795097
```

Hier wird die Index-Variable `i` gleich mehrfach verwendet: (1) zur Auswahl der Spalten, die den jeweiligen Testwert berechnen; (2) zur Auswahl der Spalte des Items, für das die Trennschärfe bestimmt wird; (3) zum Abspeichern der Trennschärfe im Vektor `discriminations`.

## 8 Anhang

Dieser Abschnitt arbeitet einige Schwierigkeiten auf, die sich in den praktischen Übungen des Seminars ergeben haben.

### 8.1 Daten einlesen

Das Einlesen von Daten in R stellt uns vor verschiedene Probleme. Ich gehe an dieser Stelle auf ein grundlegendes Problem ein, das sich bei dem Einlesen jeglicher Daten stellt (egal ob man SPSS, Excel, csv, oder sonstige Dateien einliest): Woher weiß R, wo sich die Daten befinden, die ich einlesen möchte? Die Festplatte ist groß – R kann nur wissen, in welchem Ordner Daten liegen, wenn wir es R verraten.

Unsere Strategie: Wir verwenden RStudio-Projekte. Beachtet, dass dies nur eine von verschiedenen Möglichkeiten ist, mit dem “Dateisuchproblem” umzugehen. Aber es ist eben die, die wir nutzen. **Beachtet ebenfalls, dass das das Einzige ist, wofür wir RStudio Projekte nutzen: Wir legen RStudio Projekte an, um R mitzuteilen, wo es nach Daten suchen soll.** Bevor wir ein RStudio Projekt anlegen, müssen wir wissen, wo auf unserem Computer der Datensatz liegt. Wenn wir das wissen, legen wir in dem entsprechenden Ordner wie folgt ein Projekt an:

→ File → New project → Associate a project with an existing working directory → Browse  
→ *Zum Ordner navigieren* → Open → Create Project

Nach dem Anlegen startet sich RStudio neu und unten rechts im Panel wird der Inhalt des Projekt-Ordners angezeigt. Wenn wir das Projekt gestartet haben, können wir Daten einlesen, die in diesem Ordner liegen. Dafür werden wir Funktionen aufrufen, die den Datensatz mit Dateinamen ansteuern. Folgender Aufruf etwa könnte eine csv-Datei einlesen und die Tabelle als `data.frame` in der Variablen `tp` speichern.

```
tp <- read.csv("technophobie.csv")
```

Falls das nicht funktioniert, führt folgenden Befehl aus:

```
getwd()
```

Dieser Befehl gibt euch euer „Working Directory“ aus; das ist der Ausgangspunkt, von dem aus R nach Dateien sucht. Die Ausgabe des Befehls sollte der Ordner sein, in dem ihr die Daten abgelegt habt, mit denen ihr arbeiten wollt.<sup>49</sup>

Wenn wir schon einmal ein Projekt im Ordner mit unseren Daten angelegt haben, können wir das Projekt beim nächsten Mal wieder aufrufen. Dafür gehen wir über

---

<sup>49</sup>Zumindest gilt das, wenn ihr im Befehl, der die Daten einliest (oben etwa `read.csv()`) nur den Dateinamen annimmt und keine weiteren Angaben zum Ordner, in dem die Daten liegen.

→ Open Project → *Zum Ordner navigieren* → *Projektdatei auswählen* (hat die Endung .Rproj) → *Öffnen*

## 8.2 Das Environment sauber halten

Wenn wir in R arbeiten, ist es wichtig, dass wir einen Überblick über die Variablen haben, die gerade existieren. Im Folgenden beschreibe ich ein paar grundlegende Strategien, um unsere R-Arbeitsumgebung einigermaßen sauber zu halten.

### 8.2.1 Variablen löschen

RStudio gibt uns in einem Panel oben rechts darüber Auskunft, welche Variablen sich in unserem sogenannten *Environment* befinden. Darin kommen alle Variablen vor, die wir irgendwann mit einer Zuweisung (“<-”) erstellt haben. Um ein bisschen Ordnung zu halten, ist es nützlich zu wissen, wie man einzelne oder alle Variablen wieder entfernen kann. Es kann schnell passieren, dass man sehr viele Variablen erstellt, über die man sonst die Übersicht verliert.

Mit der Funktion `rm` kann man Variablen löschen, etwa:

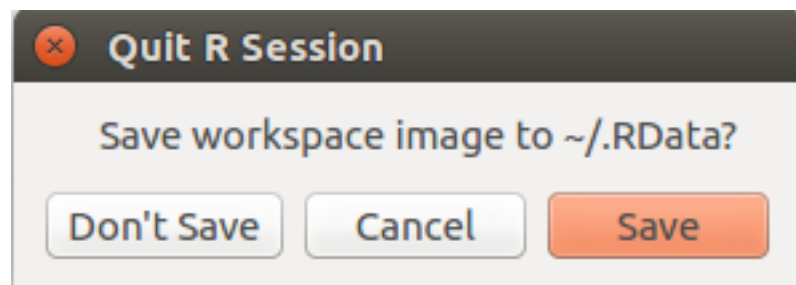
```
foo <- 1:10  
rm(foo)
```

Möchte man alle Variablen aus dem Environment löschen, kann man den Befehl `rm(list = ls())` verwenden, etwa:

```
foo <- 1:10  
bar <- 1:100  
gaz <- mean(bar)  
rm(list = ls()) # löscht alles, nur mit Vorsicht verwenden
```

### 8.2.2 Mit einem sauberen Environment starten

Wenn man RStudio beendet, wird einem von RStudio die Frage gestellt, ob man seinen “workspace” abspeichern will. Das kann etwa so aussehen, bei euch sieht es gegebenenfalls ein wenig anders aus:





Wenn man in diesem Fall zustimmt, wird im derzeitigen “working directory” – für uns heißt das: der Ordner unseres RStudio Projekts – eine Datei mit dem Namen “.RData” abgelegt. Diese Datei enthält alle Variablen, die sich derzeit in unserem Environment befinden. Also alle Variablen, die uns oben rechts im Panel auch angezeigt werden. Wenn wir zustimmen und das Projekt aus dem Ordner neu laden, werden beim nächsten Mal alle Variablen unserer Session neu geladen. Ich rate stark davon ab, so zu arbeiten. Ich würde bevorzugen, **immer**<sup>50</sup> mit einem leeren Environment zu starten. Der einfachste Weg, um dies zu bewerkstelligen, ist immer “Don’t save” auszuwählen, wenn man gefragt wird. Wenn man aus Versehen mal auf “Save” geklickt hat, kann man das Environment beim nächsten Start des Projekts mit dem Befehl `rm(list = ls())` wieder leeren. Auf Dauer hilft dann aber nur, die angelegte Datei im RStudio Projektordner zu löschen (diese wird vermutlich “.RData” heißen).

---

<sup>50</sup>Natürlich gibt es auch hier Ausnahmen. Wenn ihr selber einen Grund findet, aus dem es für euch doch gut ist, die Variablen abzuspeichern – etwa weil das Dateneinlesen sonst sehr lange dauert –, dann macht bitte das, was für euch sinnvoll ist.

## 9 Referenzen

- Allaire, J., Xie, Y., McPherson, J., Luraschi, J., Ushey, K., Atkins, A., . . . Chang, W. (2017). *rmarkdown: Dynamic Documents for R*. Abgerufen von <https://CRAN.R-project.org/package=rmarkdown>
- Fletcher, T. D. (2010). *psychometric: Applied Psychometric Theory*. Abgerufen von <https://CRAN.R-project.org/package=psychometric>
- Harrell, F. E. (2020). *Hmisc: Harrell Miscellaneous*. Abgerufen von <https://CRAN.R-project.org/package=Hmisc>
- Li, Z., Lu, S., Myagmar, S., & Zhou, Y. (2006). CP-Miner: Finding copy-paste and related bugs in large-scale software code. *IEEE Transactions on software Engineering*, 32(3), 176–192.
- R Core Team. (2018). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. Abgerufen von <https://www.R-project.org/>
- Raskin, R., & Terry, H. (1988). A principal-components analysis of the Narcissistic Personality Inventory and further evidence of its construct validity. *Journal of personality and social psychology*, 54(5), 8–902.
- Revelle, W. (2019). *psych: Procedures for Psychological, Psychometric, and Personality Research*. Evanston, Illinois: Northwestern University. Abgerufen von <https://CRAN.R-project.org/package=psych>
- Waring, E., Quinn, M., McNamara, A., Arino de la Rubia, E., Zhu, H., & Ellis, S. (2020). *skimr: Compact and Flexible Summaries of Data*. Abgerufen von <https://CRAN.R-project.org/package=skimr>
- Wickham, H. (2014). *Advanced R* (1st Aufl.). Chapman; Hall/CRC.
- Wickham, H., Averick, M., Bryan, J., Chang, W., McGowan, L. D., François, R., . . . Yutani, H. (2019). Welcome to the tidyverse. *Journal of Open Source Software*, 4(43), 1686. <http://doi.org/10.21105/joss.01686>
- Wickham, H., François, R., Henry, L., & Müller, K. (2018). *dplyr: A Grammar of Data Manipulation*. Abgerufen von <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>
- Xie, Y. (2015). *Dynamic Documents with R and knitr* (2nd Aufl.). Boca Raton, Florida: Chapman; Hall/CRC. Abgerufen von <https://yihui.name/knitr/>
- Xie, Y. (2016). *bookdown: Authoring Books and Technical Documents with R Markdown*. Boca Raton, Florida: Chapman; Hall/CRC. Abgerufen von <https://github.com/rstudio/bookdown>