

```

# Beispiel 1: Vergleich von Abi-,Mathe- und Bachelornoten

# Datensatz aus clipboard laden inklusive Kopfzeile
x <- read.table("clipboard",header=TRUE)
# Datensatz ansehen
View(x)
# Datensatz modifizieren
fix(x)

# plot des vollen Datensatzes
plot(x)
# plot von Bachelornote vs. Abinote
plot(x$Abi,x$Bachelor)
# alternativ geht auch plot(x[[1]],x[[3]]) oder plot(Abi,Bachelor,data=x)

# boxplots aller Merkmale erstellen
boxplot(x)
# Standardabweichung der Abinoten
sd(x$Abi)

# Normal-QQ-Plot der Abinoten
qqnorm(x$Abi)

# Beispiel 2: Gewicht von Hühnern in Abhängigkeit vom Futter

# Liste der in R intern verfügbaren Datensätze
data()

# Datensatz chickwts unter y speichern
y <- chickwts
# Datensatz ansehen
View(y)

# Plot ausprobieren (bringt hier nicht viel)
plot(y)
# (box)plots des Gewichts in Abhängigkeit vom Futter erstellen
plot(weight~feed,data=y)
# (ist äquivalent zu plot(y$weight~y$feed) )

# Normal-QQ-Plot des Gewichts
qqnorm(y$weight)
# Teildatensatz mit Futter linseed
z <- subset(y,y$feed=="linseed")
# Teildatensatz ausgeben
z
# Normal-QQ-Plot für Teildatensatz
qqnorm(z$weight)

# Weitere R-Befehle

```

```
# Datensatz von Hand eingeben:
u <- data.frame() #erstellt leeren Datensatz
fix(u) # Datensatz von Hand bearbeiten

# Datensatz aus Internet einlesen:
h <- read.table("http://www.simecol.de/data/hall.dat",head=TRUE)

# Datensätze zu einzelnen Merkmalen:
v <- h[[1]]
w <- h[[2]]

# Lageparameter
mean(v)
median(v)
mean(v,trim=0.1)

# Skalenparameter
sd(v)
mad(v)
range(v)
IQR(v)
```