

Grundlagen der Datenanalyse mit R, 6. Auflage, 2026 – Errata

Stand: 27. Mai 2026

Inhaltlich relevante Korrekturen

- Abschn. 1.2, S. 13:
“Befehle in die Datei `Rprofile.site` im `etc/` Ordner”
- Abschn. 1.2.5, S. 18, Fußnote 20:
“So ist `"\"/\"` (1, 10) äquivalent zu ...”
- Abschn. 1.4.4, S. 30, Fußnote 32:
“(`ä\"b`“, vgl. `?Quotes`)”
- Abschn. 1.4.6, S. 32:
“`# FALSE`, da 4L ganzzahlig, 4 aber als Gleitkommazahl repräsentiert `ist identical(4L, 4)`.”
- Abschn. 2.5.4.1, S. 360:
“`\noindent` Warning message.”
- Abschn. 2.7.1, S. 79, Fußnote 21:
“Für natürliche Zahlen gilt `n! = Γ(n + 1)`”
- Abschn. 2.14.1, S. 139:
“`flag="-`”
- Abschn. 2.14.2.1, S. 141, Fußnote 60:
“ohne voranstehenden Backslash `\\"`”
- Abschn. 4.2.1, S. 234:
“`tief~gestellt\end{enumerate}~`”
- Abschn. 4.2.1, S. 239:
“`Text[Fußnotentext] ... [[^<ID>]] ... [[^<ID>]] :`”
- Abschn. 4.2.1, S. 240:
“`{#sec-<ID>}`”
- Abschn. 4.2.1, S. 244:
“`$$`
`\bUnALTC\text{OR} = \frac{a \cdot d}{b \cdot c}\eUnALTC`
`$$`”
Vor unter hinter den `$$` muss jeweils eine Leerzeile im Quarto-Dokument stehen.
- Abschn. 7.4.5, S. 314:
“Eine Varianzanalyse setzt u. a. voraus, dass `indexVarianzanalyse!Voraussetzungen` die Fehler unabhängige, ...”
- Abschn. 7.6.4, S. 341:
“`Mjk <- tapply(dfCRFpq$DV, dfCRFpq$IVcomb, mean)`”
- Abschn. 7.9.3, S. 370:
“`library(emmeans) # für emmeans()`
`aovAncova <- aov(DVpost ~ IV + DVpre, data=dfAncova)`
`emmeans(aovAncova, ~IV)`”

- Abschn. 7.9.4, S. 371:
`"N <- nrow(dfAncova)`
`dfSSEfull <- N-P-1 # Freiheitsgrade Residuen`
`dfSSgrp <- P-1 # Freiheitsgrade Treatment-QS`
`Fstats <- sumRes$test$stat^2`
`(pVals <- pf(Fstats/dfSSgrp, dfSSgrp, dfSSEfull, lower.tail=FALSE))"`
- Abschn. 7.10.1.3, S. 378:
`"vignette("comparisons", package="emmeans)"`
- Abschn. 8.1.4, S. 402:
`anova(glm0, glmFit, test="Chisq")`
`anova(glmPre, glmFit, test="Chisq")`
`anova(glm0, glmPre, test="Chisq")"`
- Abschn. 8.1.6, S. 406:
`"gaussian(link="identity)"`
- Abschn. 9.2.2.2, S. 444:
`"In der Zählprozess-Darstellung zeitabhängige Prädiktoren ist es möglich, ..."`
- Abschn. 9.5.3, S. 464:
`"weibull" oder "exponential"`
- Abschn. 12.1.1, S. 553, Fußnote 3:
`"<Matrix> %~% <Zahl>"`
- Abschn. 12.9.8, S. 625:

```
# Test Prädiktor 1: eingeschränktes Modell (= Gesamt-Nullmodell)
Xr1 <- X0 # Designmatrix
Pr1 <- P0 # Projektion

# Test Prädiktor 1: umfassenderes Modell
Xu1 <- X[ , c(1, 2)] # Designmatrix
Pu1 <- Xu1 %*% solve(t(Xu1) %*% Xu1) %*% t(Xu1) # Projektion
B1 <- t(Y) %*% (Pu1 - Pr1) %*% Y # Matrix B1

# Test Prädiktor 2: eingeschränktes Modell (= umfass. Modell Präd. 1)
Xr2 <- Xu1 # Designmatrix
Pr2 <- Pu1 # Projektion

# Test Prädiktor 2: umfassenderes Modell
Xu2 <- X[ , c(1, 2, 3)] # Designmatrix
Pu2 <- Xu2 %*% solve(t(Xu2) %*% Xu2) %*% t(Xu2) # Projektion
B2 <- t(Y) %*% (Pu2 - Pr2) %*% Y # Matrix B2

# Test Prädiktor 3: eingeschränktes Modell (= umfass. Modell Präd. 2)
Xr3 <- Xu2 # Designmatrix
Pr3 <- Pu2 # Projektion

# Test Prädiktor 3: umfassenderes Modell (hier = vollst. Modell)
Xu3 <- X # Designmatrix
```

```
Pu3 <- Pf # Projektion
B3 <- t(Y) %*% (Pu3 - Pr3) %*% Y # Matrix B3
```

- Abschn. 14.5.4, S. 670:

```
yC <- sin(pi * xA) / (pi * xA) # normierte Sinc-Funktion
lines(xA, yC, col="blue", type="l", lwd=1.6)
```

- Abschn. 14.5.6, S. 677:

```
mu <- 0 # Normalverteilung Erwartungswert
sigma <- 2 # theoretische Streuung
curve(dnorm(x, mean=1, sd=1), from=-7, to=7, col="blue", lwd=2)
curve((1/(sigma*sqrt(2*pi))) * exp(-0.5*((x-mu)/sigma)^2)),
      add=TRUE, lwd=2, lty=2)
```

- Abschn. 14.17.1, S. 705:

```
“symbols(age, sport, circles=wScale, inch=0.6, fg=NULL, bg=rainbow(N),
s main="Gewicht vs. Alter und Sport)”
```

- Abschn. 15.7, S. 744 hinter `title_xpr <- expression(paste(...))`:

```
ggplot(myDf_lm, aes(x=height, y=mood)) +
  geom_vline(aes(xintercept=180), linetype=2) +
  geom_point(size=3) +
  geom_smooth(method=lm, se=TRUE, linewidth=1.2, fullrange=TRUE) +
  facet_grid(sex ~ .) +
  labs(title=title_xpr) +
  geom_text(aes(x=200, y=155, label=R2_label),
            size=7, hjust="right", show.legend=FALSE) +
  annotate("text", x=150, y=35, size=7, label="Annotation")
```

- Abschn. 15.8.3, S. 750:

```
“legend.position=i"inside"”
```

- Abschn. 16.1.3, S. 763:

```
plot3d(xTwo, yTwo, zTwo, type="s", size=0.75, lit=FALSE, col="red")
points3d(xTwo, yTwo, zTwo, size=5, col="red")
surface3d(x_grid, y_grid, d_loess_pred[[1]],
          alpha=0.4, front="lines", back="lines")
```

- Abschn. 16.3.2, S. 768:

```
# Spaltenvektor der Maximum-Likelihood-Schätzer der Parameter
(bML <- cbind(coef(glmFit)))
```

- Abschn. 16.3.2, S. 769:

```
“sei an die Beziehung  $n! = \Gamma(n + 1)$  ...”
```

- Abschn. 17.4.1, S. 793:

```
get("fligner.test.default") # Fehler: unsichtbare Methode
```

- S. 801:

```
“Speicherinhalte und  $\frac{\partial}{\partial x}$  diesepartielleAbleitungvia Ressourcen wie der”
```

Weitere Hinweise

- Abschn. 2.5.6, S. 64:
“`case_match()` aus dem Paket `dplyr`:”
Ab `dplyr` Version 1.2 wird empfohlen, die Funktion `recode_values()` zu verwenden, die in der Vignette `vignette("recoding-replacing")` erläutert wird. Ihr Aufruf ist fast identisch zu dem von `case_match()`, etwa:
`recode_values(myColors, c("red", "blue") ~ "basic", default="complex")`

Tipp- und Druckfehler

- Vorwort, S. VIII:
“Abschn. 1.1 bis 1.2.3”
- Abschn. 2.12.3, S. 125:
“Absolute und (bedingte) relative Häufigkeiten in Kreuztabellen”
- Abschn. 3.4.8, S. 214:
“# `\{a}` äquivalent”
- Abschn. 3.4.8, S. 215:
“# `(*\{a}*)` äquivalent
- Abschn. 6.1, S. 262:
“Für Fishers Z -Transformation kann mit `atanh()`, die Rücktransformation entsprechend mit `tanh()` umgesetzt werden.”
- Abschn. 8.1.4, S. 403:
“`predict(glmFit, type="response")` # äquivalent ...
relative Trefferhäufigkeit”
- Abschn. 8.2.1, S. 411:
“# für `vglm()`, `model=TRUE` notwendig für später R^2 ”
- Abschn. 9.2.1, S. 441, Fußnote 4:
“Das Paket `simsurv` (Brilleman, 2021) ...”
- Abschn. 12.9.2, S. 606, Fußnote 57:
“stellt das Paket `wec` (Nieuwenhuis et al., 2017) die Funktion `contr.wec()` bereit.”