

8. Übung „Angewandte Bioinformatik mit Perl und R“

1. Was liefert folgender Code:

```
x <- 1:10
x[c(2,2,2,2)]
x[1:6] <- 1:2
x[1:5] <- 1:2
```

```
x <- 1:10
y <- 3:1
x+y
c(x,1,-3)*y
```

2. Erzeugen Sie folgende Vektoren

- (a) Folge von 113 bis -12
- (b) dasselbe aber in 3er-Schritten
- (c) abwechselnd die Werte TRUE und FALSE, insgesamt 112 Werte
- (d) 1 1 1 2 2 2 3 3 3 4 4 4 5 5 5 6 6 6 7 7 7

3. Erzeugen Sie durch geeignete Selektion aus dem Vektor `letters` einen neuen Vektor,

- (a) der die Zeichen in umgekehrter Reihenfolge
- (b) die Zeichen

"a" "c" "e" "w" "y" "z" "x" "v" "d" "b"

enthält.

4. Erzeugen Sie eine Vektor der Länge 100, wobei jedes Element nach einer Binomialverteilung mit $n = 10, p = 0.3$ gezogen wird. Selektieren Sie aus diesem Vektor (in drei neue Vektoren) die Experimente, die genau den Erwartungswert ergaben, unter bzw. über dem Erwartungswert liegen. Wieviele Experimente sind das jeweils?

Schreiben Sie Ihren Code so, oder schreiben Sie ihn so um, dass die Anzahl und Parameter der Simulationen leicht variiert werden können.

5. Erzeugen Sie einen Vektor der Länge 20 und füllen Sie ihn nach Belieben. Bezeichnen Sie die Elemente mit den Zeichen a bis t und selektieren Sie die Elemente, die mit Vokalen indiziert sind.

6. Erzeugen Sie folgenden Vektor:

```
"aa.txt" "ab.txt" "ba.txt" "bb.txt"  
"ca.txt" "cb.txt" "da.txt" "db.txt"  
"ea.txt" "eb.txt" "fa.txt" "fb.txt"  
"ga.txt" "gb.txt" "ha.txt" "hb.txt"  
"ia.txt" "ib.txt" "ja.txt" "jb.txt"
```

mit R Code der

- (a) möglichst wenige Zeichen benötigt
- (b) möglichst gut lesbar ist.