Kurs Bio144:
Datenanalyse in der Biologie

Stefanie Muff (Vorlesung) & Owen L. Petchey (Praktikum)

Vorlesung 1: Einführung und Ausblick

23./24. Feburar 2017

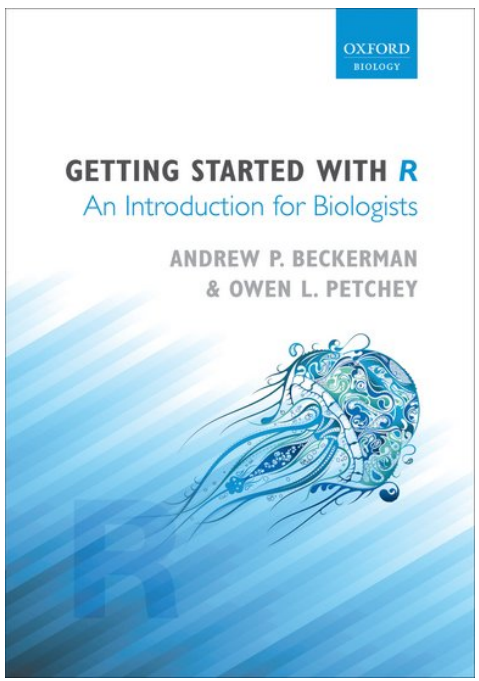
Organisatorisches

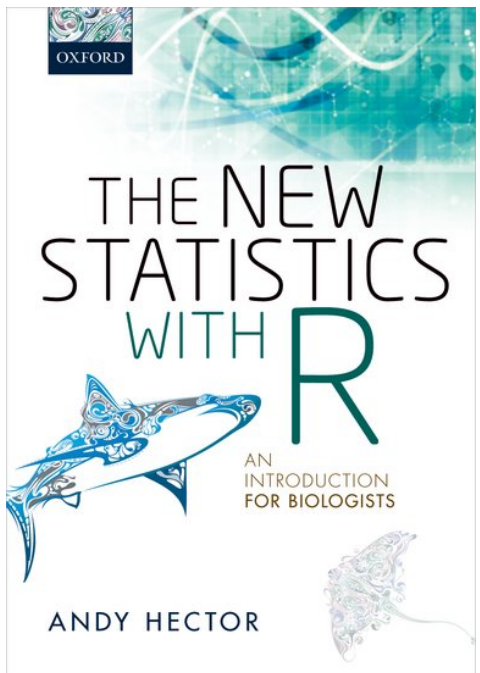
Gebe hier genaue Testatbedingungen, Prüfungsdaten (falls bekannt); OpenEdx Kursseite (Link). Studis müssen sich da anmelden.

Lehrmittel und Literatur

Obligatorische Lehrmittel:

1. *Lineare Regression* von W. Stahel (pdf auf Kurshomepage)
2. *Getting Started With R* von A.P. Beckerman und O.L. Petchey, Oxford University Press; ISBN 978-0-19-960162-2
3. *The New Statistics With R* von A. Hector, Oxford University Press; ISBN 978-0-19-872906-8





Ergänzende Literatur:

- *Statistics – An Introduction Using R* von M.J. Crawley (ähnlich wie 3.) oben)
- *The Analysis of Biological Data* von M.C. Whitlock und D. Schluter
- *Regression - Modelle, Methoden und Anwendungen* von Fahrmeier, Kneib, Lang

Ziele dieses Kurses

- Solides Fundement an statistischen Methoden erarbeiten, um biologische oder biomedizinische Fragen mit Daten quantitativ und objektiv zu beantworten.
- Fähigkeit vermitteln, Resultate in Forschungsartiken zu verstehen, zu interpretiern und evtl. kritisch zu hinterfragen.
- Die *Sprache* des Statistikers verstehen lernen.
- Wir möchten Euch eine herausforderne, spannende und freudvolle Lernerfahrung geben. **Etwas, was man wirklich brauchen kann und darum Spass macht.**

Meine Überzeugung: Fundierte Kenntnisse in Statistik machen Sie unabhängig!

Voraussetzungen für Bio144

- Mat183 Stochastik für die Naturwissenschaften

Kurs-Fahrplan (14 Wochen, 12 Vorlesungen)

1. L1 Einführung und Ausblick
2. L2 Einfache lineare Regression
3. L3 Residuenanalyse, Modellvalidierung
4. L4 Multiple lineare Regression
5. L5 ANOVA
6. L6 ANCOVA, Matrix Algebra
7. L7 Modellwahl
8. Selbststudium-Woche
9. L8 Interpretation von Resultaten, Kausalität
10. L9 Zähldaten (Poisson Regression)
11. L10 Binäre Daten (logistische Regression)
12. L11 Messfehler, zufällige Effekte
13. Selbststudium-Woche
14. L12 Ausgewählte Themen, Wiederholungen und Ausblick

Kurzfristige Anpassungen vorbehalten!

Warum ist Statistik für die Biologie und Medizin so wichtig?

Was denken Sie?

Warum ist Statistik für die Biologie und Medizin so wichtig?

Was denken Sie?

Erkenntnis, dass ohne Kenntnisse in statistischer Datenanalyse eigene Daten in Bachelor-, Master- oder Doktorarbeiten nicht ausgewertet werden können.

Beispiele:

- Medizin: Hat ein bestimmtes Medikament eine Wirkung? Welche Faktoren führen zu Krebs?
- Oekologie: Was für einen Lebensraum braucht ein Tier zum Leben? Was bevorzugt es?
- Evolutionsbiologie: Haben Tiere mit hohem Inzuchtgrad schlechtere Chancen zu überleben oder sich fortzupflanzen?

Achtung! "Learning by doing" ist in der Statistik praktisch unmöglich. Es braucht viel Erfahrung, es gibt sehr viele Fallstricke.

Wer ein gutes Grundlagenwissen in Statistik hat, kann unabhängiger arbeiten. Wer sich nicht auskennt, ist immer auf die Hilfe anderer Leute angewiesen...

Datenanalyse ist selber ein spannender Teil der Forschung!

Datenanalyse ist die Schnittstelle zwischen Mathematik und Biologie (oder anderen Forschungsfeldern, z.B. Medizin, Geographie etc.).

Was leistet die Datenanalyse?

- Auffinden und Quantifizierung von Zusammenhängen durch graphische Darstellung und Modellierung.
- Aus Daten gültige Schlussfolgerungen ziehen.
- Die Unsicherheit der Schlussfolgerung quantifizieren.

Eigene Beispiele

Fischotter (Weinberger et al., 2016)

Forschungsfrage: Welche Lebensräume werden von den Fischottern bevorzug?

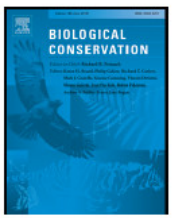
Methode: Studie in Österreich, 9 Otter mit Radiotelemetriesendern versehen und während 2-3 Jahren überwacht.

Biological Conservation 199 (2016) 88–95

Contents lists available at ScienceDirect

Biological Conservation

journal homepage: www.elsevier.com/locate/bioc



Flexible habitat selection paves the way for a recovery of otter populations in the European Alps

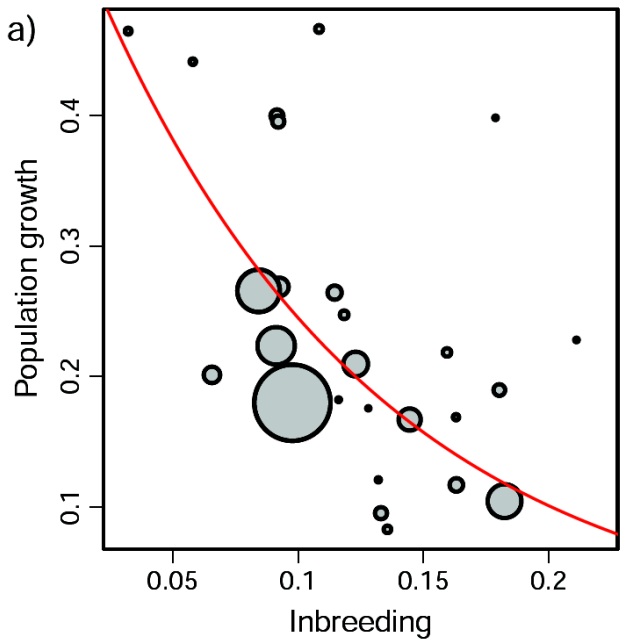
Irene C. Weinberger [a,*], Stefanie Muff [a,b], Addy de Jongh [c], Andreas Kranz [d], Fabio Bontadina [e,f]

[a] Institute of Ecology and Evolutionary Biology, University of Zurich, Winterthurerstr. 190, 8057 Zurich, Switzerland
[b] Epidemiology, Biostatistics and Prevention Institute, University of Zurich, Hirschengraben 84, 8001 Zurich, Switzerland
[c] Dutch Otterstation Foundation, Spanjaardslaan 136, 8917 AX Leeuwarden, Netherlands
[d] alka-kranz Ingenieurbüro für Wildökologie und Naturschutz, Am Waldgrund 25, 8044 Graz, Austria
[e] SWILD – Urban Ecology & Wildlife Research, Wuhrstr. 12, 8003 Zurich, Switzerland
[f] Swiss Federal Research Institute WSL, Biodiversity and Conservation Biology, 8903 Birmensdorf, Switzerland

Inzucht bei Steinböcken

Forschungsfrage: Hat Inzucht in Steinbockpopulationen eine negative Auswirkung auf das Langzeit-Populationswachstum? Inzuchtdepression!

Methoden: Genetische Information aus Blutproben gibt Aufschluss über Inzucht der Steinböcke.
Langzeit-Monitoring von Populationsgrössen und Abschussquoten.



Quecksilberbelastung im Boden

Wohnzone im Wallis von Quecksilber vergiftet

Vor über vierzig Jahren hatten 3,1 Tonnen Quecksilber einen Abflusskanal nahe der Walliser Gemeinde Visp verschmutzt. Noch heute müssen die Einwohner mit den Folgen leben.

Artikel zum Thema

Konvention gegen Quecksilber verabschiedet

Ein neues internationales Abkommen schränkt die Verwendung von Quecksilber in der Industrie ein. Massgeblich daran beteiligt war die Schweiz. Mehr...

19.01.2013

Forschungsfrage: Gibt es einen Zusammenhang zwischen Quecksilber(Hg)-Bodenwerten von Wohnhäusern und der Hg-Belastung im Körper (Urin, Haar) der Bewohner?

Methode: Bodenmessungen auf den Grundstücken, sowie Messungen und Befragungen von Kindern und deren Müttern.

Hoch brisante, politisch aufgeladene Fragestellung!

▶ Schweiz Aktuell, 20. Juni 2016

Bewegungsverhalten bei Kindern

Forschungsfrage: Welche Einflussfaktoren beeinflussen das Bewegungsverhalten von 3-5 jährigen Kindern?

Methode: Die Kinder werden während mehreren Tagen mit Bewegungsmessern ausgestattet. Die Eltern müssen mehrmals einen detaillierten Fragebogen ausfüllen.

Erfasste Variablen sind z.B. Medienkonsum, Verhalten der Eltern, Gewicht, Alter,...

▸ Link zur Splashy Studie

Statistik in der NZZ (April 2016)

Überschätzte Statistiken

Daten-Analysen entscheiden heute darüber, ob ein Medikament als wirksam gilt. Bloss verstehen viele Forscher die Bedeutung dieser Berechnungen gar nicht. **Von Patrick Imhasly**

GETTY IMAGES

Daten werden meist von Leuten analysiert, die nicht dafür ausgebildet sind.

Karriere machen können nicht nur Menschen, sondern auch statistische Grössen. Das gilt besonders für den sogenannten p-Wert, mit dem jeder Mittelschüler und jede Studentin in Kontakt kommt, vor allem aber jeder, der im weitesten Sinn etwas mit Statistik zu tun hat. Inzwischen ist der p-Wert indes auf die schiefe Bahn geraten. Denn was der Vater der modernen Statistik, der britische Genetiker Ronald Fisher, 1920 als eine Art informelles Sensorium für die Aussagekraft von Daten entwickelte, ist in der Praxis oftmals zu einem simplen Lackmustest verkommen.

Ergibt die statistische Analyse von Daten einen p-Wert < 0,05 (5 Prozent) oder noch besser < 0,01 (1 Prozent), gelten diese als *signifikant* – den Daten wird dann automatisch Beweiskraft zugestanden. Das entscheidet etwa darüber, ob ein neues Medikament als wirksam eingestuft wird oder ob ein Forscher seine Studie in einem angesehenen Fachblatt publizieren kann. «Der p-Wert war aber nie dazu gedacht, wissenschaftliches Denken ausser Kraft zu setzen», hat sich Ron Wasserstein, der Direktor der Amerikanischen Statistischen Vereinigung (ASA), jüngst öffentlich beklagt.

Wissenschafter verwenden den p-Wert immer häufiger, ohne zu verstehen, was er bedeutet – das fördert schlechte Forschung und untergräbt die Glaubwürdigkeit der Wissenschaft. Der Mediziner und Epidemiologe John Ioannidis von der Universität Stanford sprach in einem Kommentar von «Drogenabhängigen»: «Der falsche Gebrauch des p-Wertes ist dermassen einfach und erfolgt so automatisiert, dass manche süchtig werden danach – vor allem wenn sie mit Forschungsgeldern und Publikationen belohnt werden.» Angesichts der Missstände sah sich die ASA jetzt veranlasst, zum ersten Mal in ihrer fast 180-jährigen Geschichte Empfehlungen zu veröffentlichen, wie man mit einer statistischen Grösse vernünftig umgeht.

Wider die Null-Hypothese

«Der p-Wert sagt nicht das aus, was man gemeinhin von ihm erwartet», erklärt der Berner Epidemiologe Peter Jüni, der seit kurzem am Applied Health Research Centre der Universität Toronto tätig ist. Das bedeutet: Der p-Wert misst nicht die Wahrscheinlichkeit, ob eine bestimmte Hypothese zutrifft, und auch nicht, ob ein bestimmtes Resultat zufällig zustande gekommen ist, wie die ASA festhält. Vielmehr dienen p-Werte dazu, die sogenannte Null-Hypothese zu testen und möglichst zu verwerfen.

Die Hypothese in einer Patientenstudie könnte zum Beispiel lauten, dass ein Medikament A gegen Nierenprobleme besser wirkt als ein Medikament B. Die Null-Hypothese besagt dann genau das Gegenteil davon, nämlich dass das Medikament A nicht besser wirkt als das Medikament B. Beim Test berechnet der Forscher im Prinzip, wie gross die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten eines tatsächlich festgestellten oder noch grösseren Unterschieds zwischen den beiden untersuchten Medikamenten ist – unter der Annahme, dass die Null-Hypothese stimmt. Diese Wahrscheinlichkeit ist der p-Wert, und je geringer er ist, desto weniger spricht für die Null-Hypothese. Ein p-Wert von 0,05 bedeutet, dass das festgestellte (oder ein noch extremeres) Resultat unter den Bedingungen der Null-Hypothese mit einer Wahrscheinlichkeit von lediglich 5 Prozent zustande kommen kann – und nicht, dass eine bestimmte Hypothese mit einer Sicherheit von 95 Prozent wahr ist.

«Studien führen heute zu dermassen vielen Daten, dass man allen Unfug testen kann und so zu Hunderten von p-Werten kommt.»

Über die eigentlich untersuchte Hypothese kann der p-Wert nur indirekt etwas aussagen, weil er über zwei Ecken gedacht ist. Der ominöse Wert liefert also keine ultimativen Beweise für einen postulierten Unterschied oder Zusammenhang. «Der p-Wert ist eine bedingte und nicht eine absolute Wahrscheinlichkeit», erklärt Peter Jüni. «Doch genau das verstehen viele Forscher nicht, und es interessiert sie auch nicht.»

Hinzu kommt, dass die Signifikanzgrenzen von 5 Prozent bzw. 1 Prozent historisch entstanden und keineswegs klar definierte Werte sind. Ronald Fisher, der Erfinder des p-Werts, überliess es jedenfalls ausdrücklich der Interpretation des einzelnen Forschers, ab welcher Grösse ein p-Wert in einer Untersuchung Aussagekraft haben soll. «Trotzdem haben sich die willkürlich gewählten Signifikanzgrenzen ins Gehirn von Generationen von Forschern gebrannt», sagt Leonhard Held vom Institut für Epidemiologie, Biostatistik und Prävention der Universität Zürich.

Die britischen Statistiker Jonathan Sterne und George Davey Smith haben schon vor 15 Jahren im «British Medical Journal» dazu aufgerufen, die Resultate von medizinischen Studien nicht mehr als «signifikant» oder «nichtsignifikant» darzustellen, sondern im Kontext der gesamten Untersuchung und anhand anderer Ergebnisse zu interpretieren. Genützt hat das herzlich wenig, wie das Team von John Ioannidis in einer soeben erschienenen Studie festgestellt hat. Demnach sind in den vergangenen 25 Jahren in der biomedizinischen Forschung immer mehr Studien erschienen, die p-Werte angeben, die zudem immer klarer signifikant ausfallen. Gleichzeitig werden Zusatzinformationen zu den festgestellten Effekten immer seltener («JAMA», Bd. 315, S. 1141).

5%

Kleiner als dieser Wert muss der sogenannte p-Wert in einem statistischen Test sein, dann gelten die Daten aus einer Studie als aussagekräftig. Doch die Grenze ist willkürlich gewählt. (*pim.*)

Es gibt Alternativen

Das Problem ist dabei nicht nur, dass der p-Wert ein trügerisch einfaches statistisches Instrument ist. «Studien führen heute zu dermassen vielen Daten, dass man allen Unfug testen kann und so zu Hunderten von p-Werten kommt», erklärt Leonhard Held. «Der eine oder andere fällt dann bestimmt signifikant aus, auch wenn kein Effekt vorhanden ist.» Leonhard Held und Peter Jüni verlassen sich deshalb bei der Planung und Auswertung von Studien schon lange nicht mehr nur auf die p-Werte.

Jüni empfiehlt, die Resultate von Studien mindestens mit Vertrauensintervallen zu versehen, die spezifische Aussagen über die Unsicherheit einer Schätzung machen. Und Held erforscht alternative Masse für statistische Evidenz – zum Beispiel Bayes-Faktoren. Mit ihrer Hilfe lässt sich die Wahrscheinlichkeit einer Hypothese anhand der Daten anpassen, statt dass diese wie beim p-Wert nach einem Schwarz-Weiss-Schema angenommen oder abgelehnt wird.

Beispiel 1: Prognostische Faktoren für Körperfett

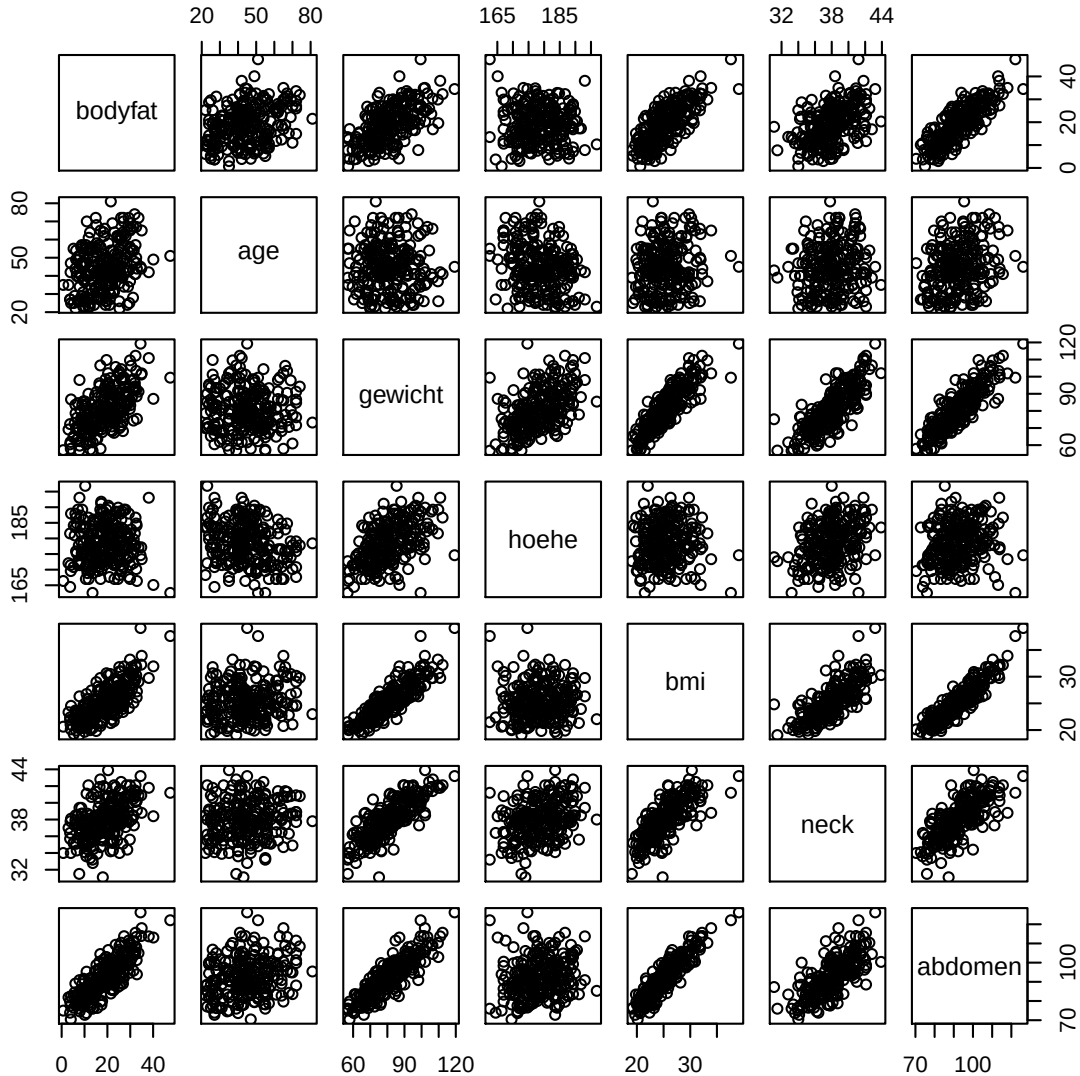
(Aus Theo Gasser & Burkhardt Seifert *Grundbegriffe der Biostatistik*)

Körperfett ist ein wichtiger Indikator für Übergewicht, aber schwer zu messen.
Frage: welche Faktoren erlauben eine gute Schätzung des Körperfetts?

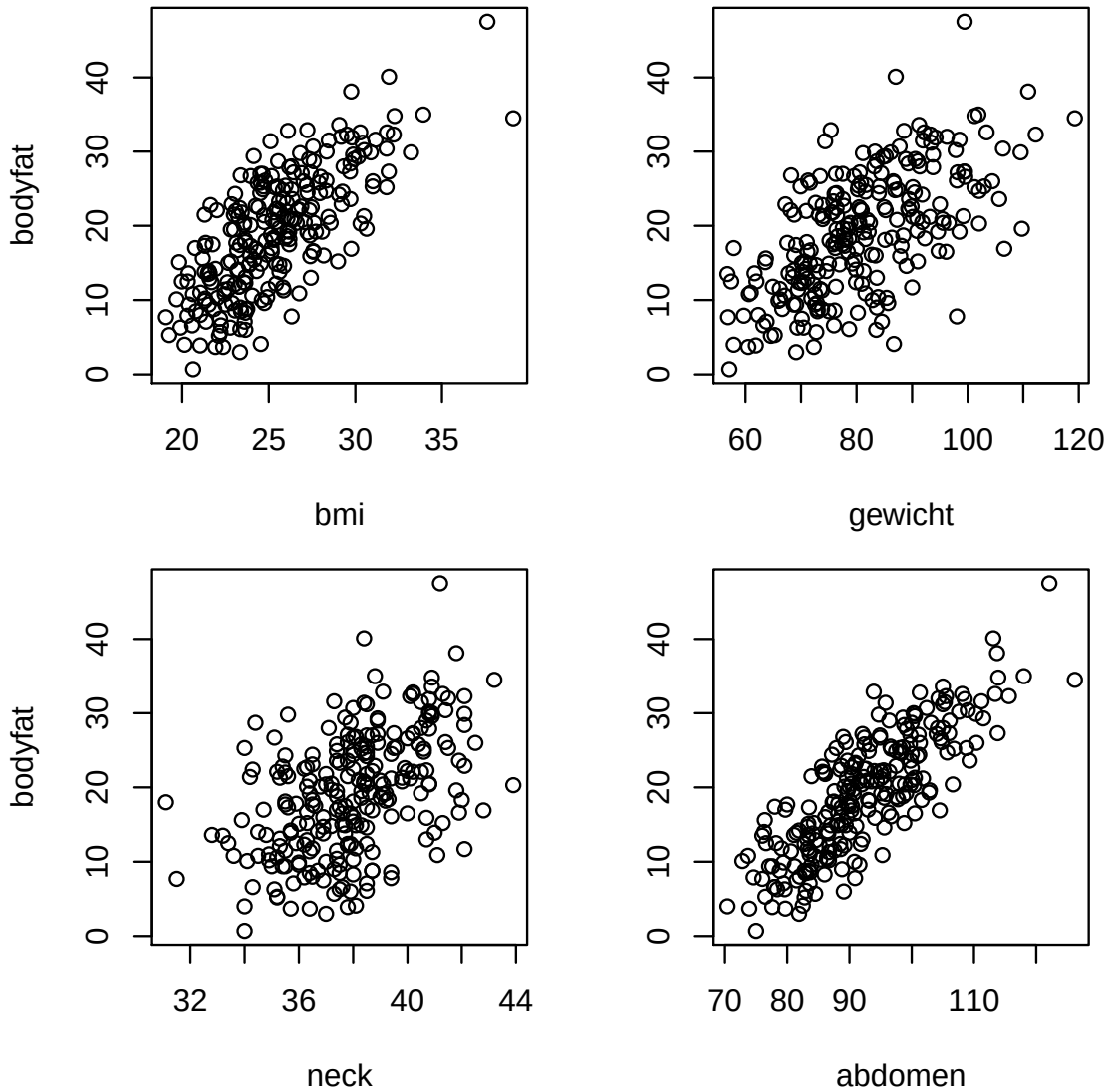
Studie mit 241 Männern, von welchen der Körperfett-Anteil (in %) und andere Variablen wie Alter, Gewicht, Körpergrösse, BMI, Nackenfett und Bauchumfang gemessen wurden.

```
> str(d.bodyfat)

'data.frame':        243 obs. of  7 variables:
 $ bodyfat: num  12.3 6.1 25.3 10.4 28.7 20.9 19.2 12.4 4.1 11.7 ...
 $ age    : int  23 22 22 26 24 24 26 25 25 23 ...
 $ gewicht: num  70 78.7 69.9 83.9 83.7 ...
 $ hoehe  : num  172 184 168 184 181 ...
 $ bmi    : num  23.6 23.4 24.7 24.9 25.5 ...
 $ neck   : num  36.2 38.5 34 37.4 34.4 39 36.4 37.8 38.1 42.1 ...
 $ abdomen: num  85.2 83 87.9 86.4 100 94.4 90.7 88.5 82.5 88.6 ...
```

```
> pairs(d.bodyfat)
```



`pairs()` liefert die Streudiagramme (scatterplots) von allen Variablen gegen alle.



Gesucht ist ein *Modell*, welches das Körperfett aus einfach zu messenden Grössen möglichst genau vorhersagen kann.

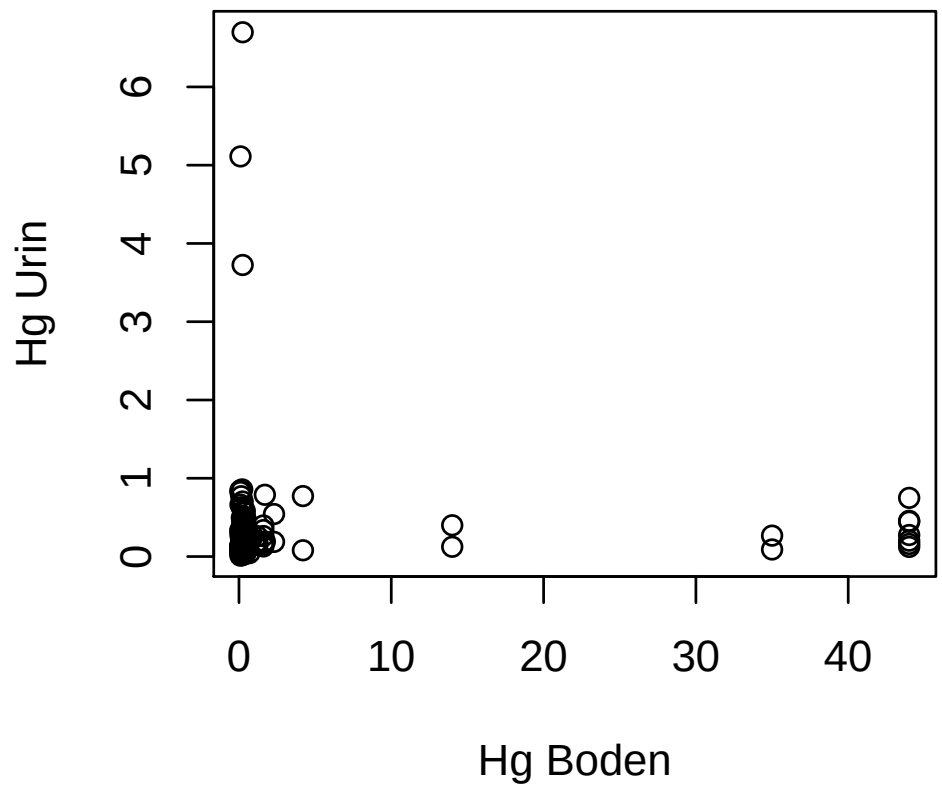
Beispiel 2: Quecksilber im Wallis

Frage: Zusammenhang zwischen Hg-Werten im Boden und Werten im Urin? Wir verwenden hier ein leicht modifiziertes Datenset.

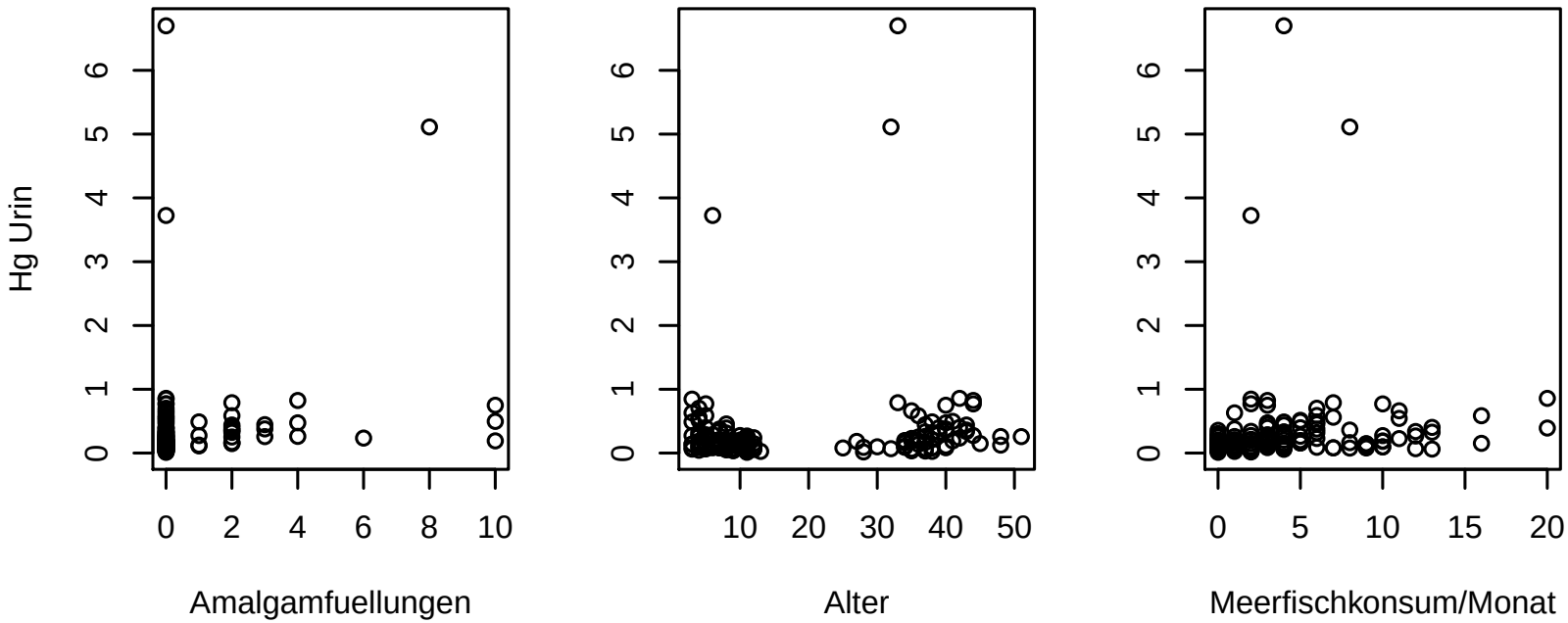
```
> str(d.hg)

'data.frame':        156 obs. of  10 variables:
 $ Hg_urin       : num  0.258 0.036 0.16 0.314 0.29 ...
 $ Hg_soil       : num  0.49 0.42 0.18 0.49 0.24 0.2 0.1 14 0.1 0.3 ...
 $ veg_garden    : int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ migration     : int  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
 $ smoking       : int  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
 $ amalgam       : int  3 0 2 0 0 0 0 1 0 0 ...
 $ age           : int  51 11 34 8 6 40 7 48 11 38 ...
 $ fish          : int  3 2 5 4 4 2 2 4 0 7 ...
 $ last_time_fish: int  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
 $ mother        : Factor w/ 2 levels "0","1": 2 1 2 1 1 2 1 2 1 2 ...
```

Erste visuelle Inspektion ist nicht sehr informativ. Es ist kein Zusammenhang von Auge ersichtlich:

```
> plot(Hg_urin ~ Hg_soil, data=d.hg, xlab="Hg Boden", ylab = "Hg Urin")
```



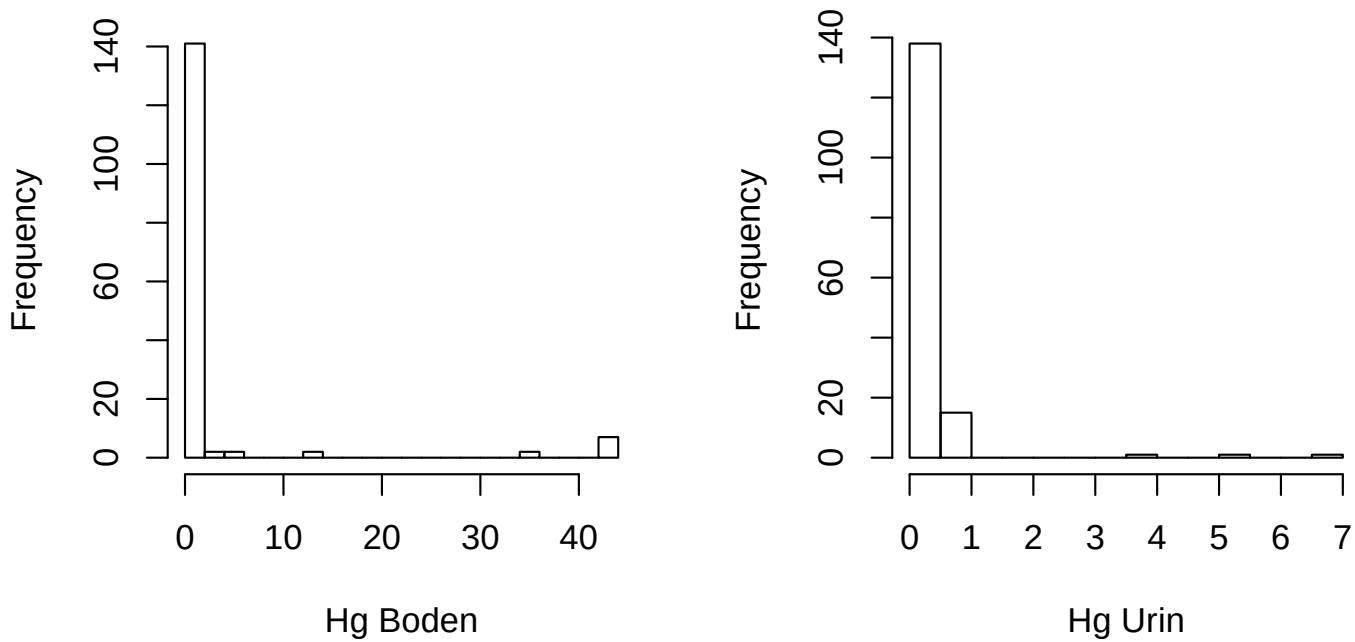
Haben andere Faktoren einen Einfluss auf Hg im Urin?



Aus diesen Grafiken is es sehr schwer zu sagen, welche Faktoren die Quecksilberbelastung im Menschen genau beeinflussen.

Es ist immer nützlich, die Verteilungen der Variablen im Modell anzuschauen. Zeichnen wir mal das Histogramm der Quecksilberwerte:

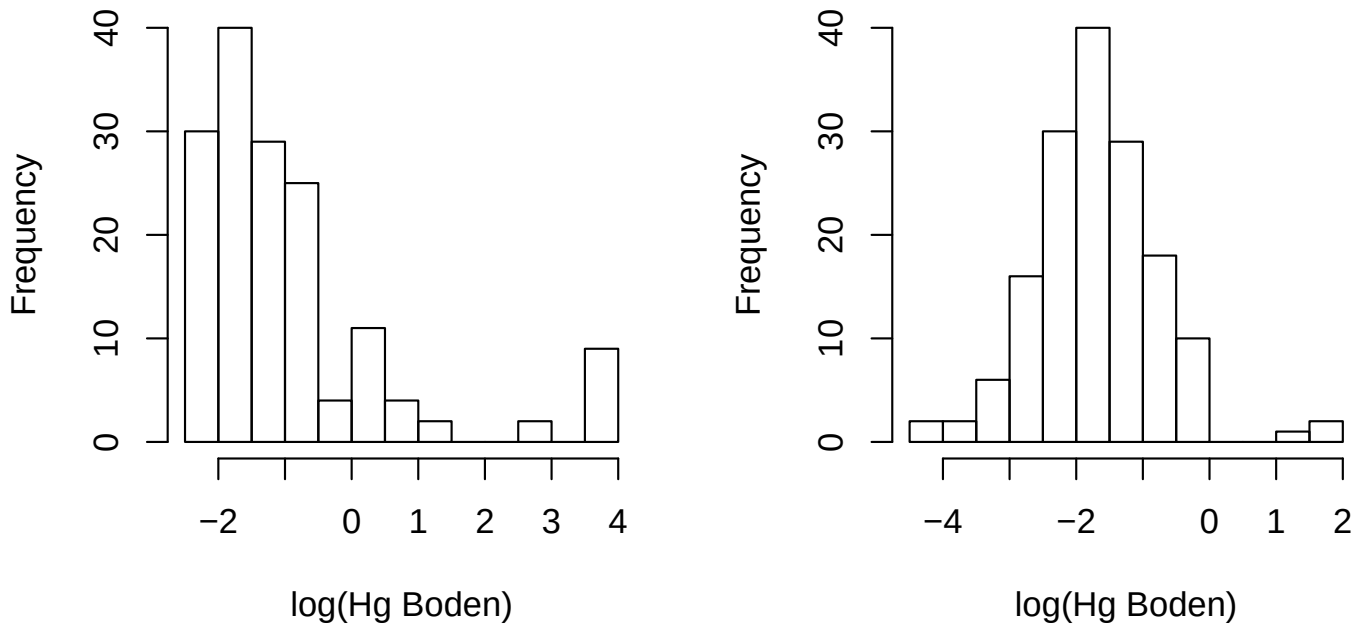
```
> par(mfrow=c(1,2))
> hist(d.hg$Hg_soil,xlab="Hg Boden",nclass=20,main="")
> hist(d.hg$Hg_urin,xlab="Hg Urin",nclass=20,main="")
```



Es zeigt sich: fast alle Hg-Werte "kleben" bei 0.

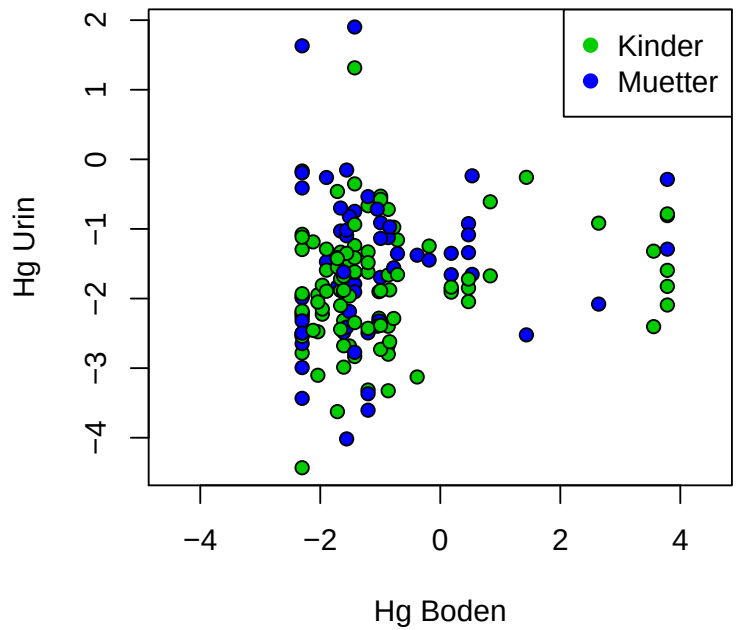
In solchen Fällen kann es helfen, die Variable zu *logarithmieren*.

```
> par(mfrow=c(1,2))
> hist(log(d.hg$Hg_soil),xlab="log(Hg Boden)",nclass=20,main="")
> hist(log(d.hg$Hg_urin),xlab="log(Hg Boden)",nclass=20,main="")
```



Mit logarithmierten Werten sieht auch das Streudiagramm etwas sinnvoller aus:

```
> plot(log(Hg_urin) ~ log(Hg_soil), data=d.hg, xlab="Hg Boden",
+      ylab = "Hg Urin",pch=21,bg=as.numeric(mother)+2,xlim=c(-4.5,4.5))
> legend("topright",legend=c("Kinder","Muetter"),col=c(3,4),pch=21,pt.bg=c(3,4))
```



Merke: Auf die Idee, die Variablen zu logarithmieren, sind wir nur dank visueller Inspektion gekommen.

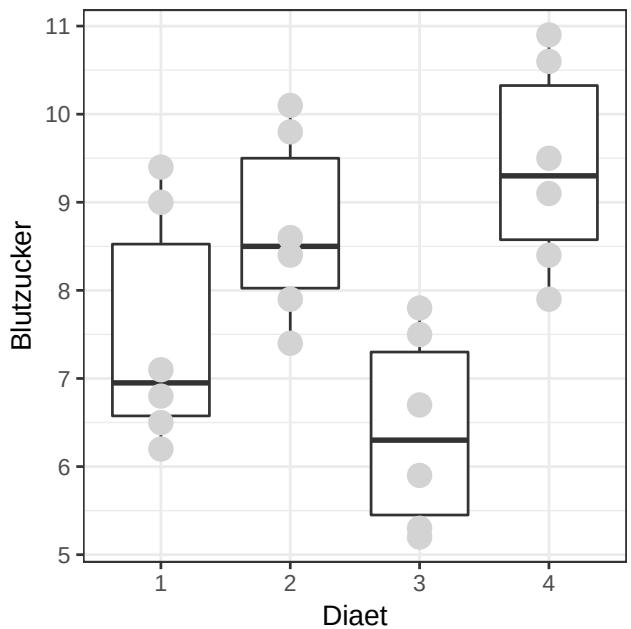
Beispiel 3: Ernährung und Blutzucker

(Elpelt and Hartung, 1987, p. 190)

24 Personen werden in 4 Gruppen unterteilt. Jede Gruppe erhält eine andere Diät (DIAET). Es werden zu Beginn und am Ende (nach 2 Wochen) die Blutzuckerwerte gemessen. Die Differenz wird gespeichert (BLUTZUCK).

Frage: Unterscheiden sich die Gruppen in der Veränderung der Blutzuckerwerte?

Schauen wir uns die Rohdaten an (Punkte und Boxplots):



Kommt Ihnen diese Fragestellung irgendwie bekannt vor?
Stichwort: 2 Gruppen.

Für mehrere Gruppen braucht man die *Varianzanalyse* oder *ANOVA* (=ANalysis Of VAriance).

Es wird sich herausstellen (Vorlesung 5), dass sich die Diäten tatsächlich voneinander unterscheiden.

Die nächste Frage ist dann, welche Diäten sich *paarweise* voneinander unterscheiden.

Beispiel 4: Blut-Screening

(Aus Hothorn and Everitt, 2014, Chapter 7.1)

Untersucht wird, ob eine hohe ESR (erythrocyte sedimentation rate) ein Indikator für gewisse Krankheiten (Rheuma, chronische Entzündungen etc) ist.

Konkret: Gibt es einen Zusammenhang zwischen einem ESR Level ESR$< 20 mm/hr$ und den Plasmaproteinen Fibrinogen und Globulin?

Lade die Daten aus dem Package, welches für Hothorn and Everitt (2014) geschrieben wurde:

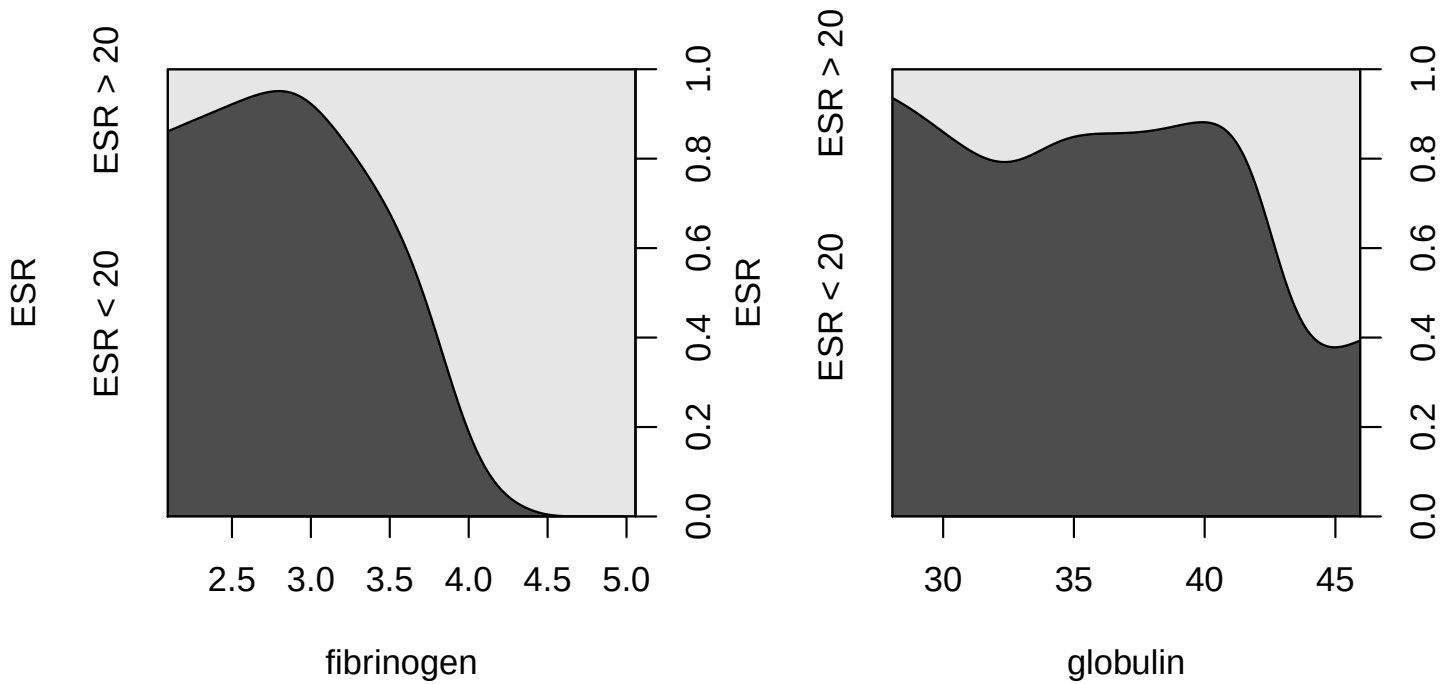
```
> library(HSAUR3)
> data("plasma",package="HSAUR3")
> plasma[c(1,5,9,10,15,29),]
```

	fibrinogen	globulin	ESR
1	2.52	38	ESR < 20
5	3.41	37	ESR < 20
9	3.15	39	ESR < 20
10	2.60	41	ESR < 20
19	2.60	38	ESR < 20
15	2.38	37	ESR > 20

Die Unterteilung ESR$< 20 mm/hr$ vs. ESR$\geq 20 mm/hr$ führt zu einer binären Variable.

Der Zusammenhang der einzelnen Plasmaprotein-Levels kann mit einer grafischen Darstellung, dem *conditional density plot*, gut erfasst werden:

```
> par(mfrow=c(1,2))
> cdplot(ESR ~ fibrinogen,plasma)
> cdplot(ESR ~ globulin,plasma)
```



Was ist ein Modell?

Ein Modell ist eine Annäherung an die Realität. Das Ziel der Statistik und Datenanalyse ist es immer, dank Vereinfachungen der wahren Welt gewisse Zusammenhänge zu erkennen.

David Hand schrieb 2014:

In general, when building statistical models, we must not forget that the aim is to understand something about the real world. Or predict, choose an action, make a decision, summarize evidence, and so on, but always about the real world, not an abstract mathematical world: our models are not the reality – a point well made by George Box in his oft-cited remark that "all models are wrong, but some are useful" (Box, 1979).

Vorgehen bei einem Modellierungsprozess

1. Präzise Fragestellung formulieren
2. Datenerhebung und -analyse planen, Daten sammeln (Experimente, Erhebungen)
3. Daten aufbereiten und bereinigen
4. Daten graphisch darstellen
5. Ein geeignetes *Modell* auswählen
6. Modellparameter und deren Unsicherheit schätzen
7. Modellannahmen überprüfen
8. Falls notwendig, Modell verbessern; zurück zu Schritt 7
9. Resultate interpretieren und mit Schritt 1 vergleichen
10. Resultate präzise und verständlich kommunizieren (Publikation, Zeitungsbericht...)

Fragestellungen der Datenanalyse

a) Vorhersage, Interpolation. Beispiel Körperfett: verwende Ersatzumessungen, um Körperfett einer Person vorherzusagen.

b) Schätzung von Parametern (Beispiel: ...)

c) Bestimmung von Einflussgrössen. Beispiel Aktivitätsstudie bei Kindern: Es werden Faktoren gesucht, welche das Bewegungsverhalten der Kinder (positiv oder negativ) beeinflussen.

d) Optimierung

e) Eichung

Hier befassen wir uns vor allem mit Fragestellungen a)-c).

Ziele des Kurses (Teil 2)

Am Ende des Kurses sind wir in der Lage, alle hier eingeführten Beispiele zu Analysieren und Schlussfolgerungen daraus zu ziehen.

Graphische Darstellung von Daten

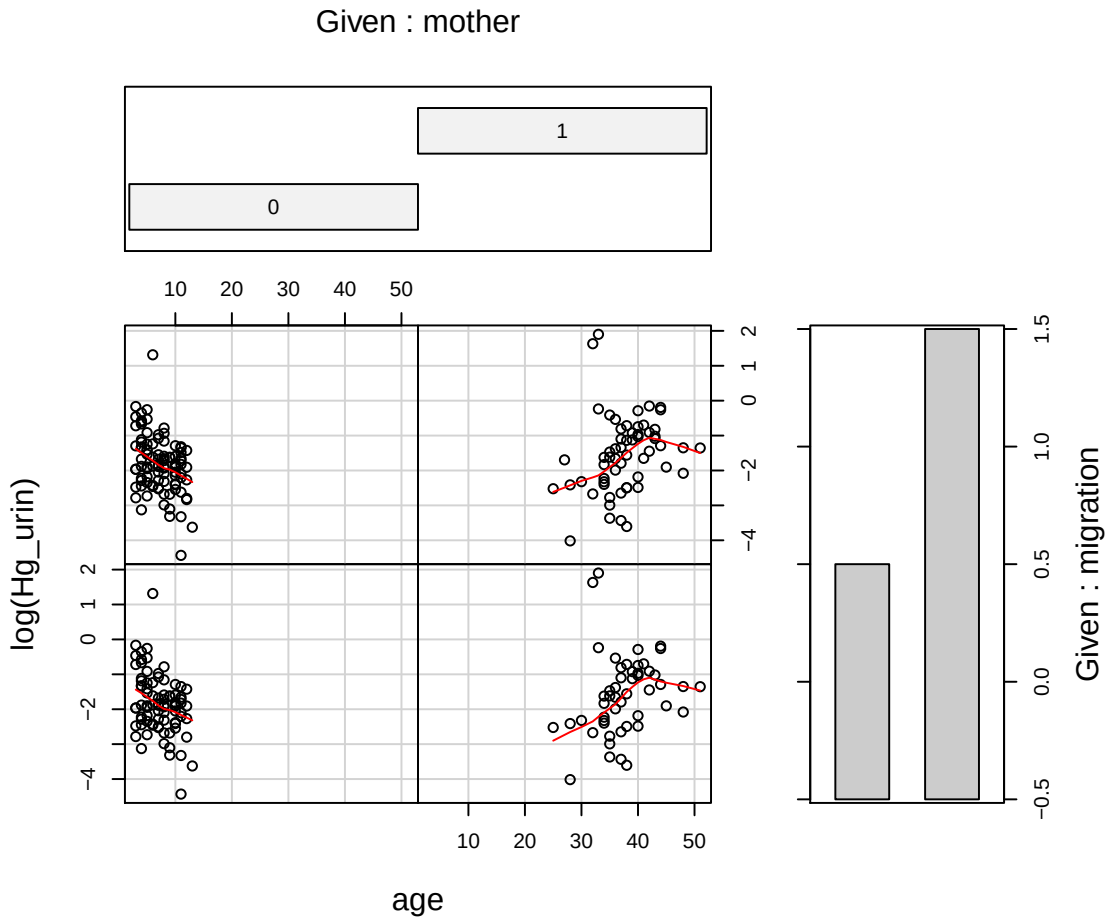
Die folgenden grapischen Möglichkeiten sollten Sie kennen. In den obigen Beispielen haben wir einige wichtige Darstellungsarten bereits kennengelernt.

Darstellung	Nützlich bei
Streudiagramme (Scatterplots)	Paarweiser Abhängigkeiten kontinuierlicher Variablen.
Histogramme	Verteilungen kontinuierlicher Variablen.
Boxplots	Verteilung kontinuierlicher Variablen, ev. in Abhängigkeit von Kategorien.
Conditional density plots	Abhängigkeit einer binären Variable von kontinuierlichen Variablen.
Coplots	Darstellung von Abhängigkeiten von mehreren Variablen.

Coplots

Ideal zur Darstellung von Abhängigkeiten, wenn mehrere Variablen involviert sind. Eignet sich sehr gut bei kategoriellen Variablen. Beispiel: Quecksilber im Wallis.

```
> coplot(log(Hg_urin) ~  age | mother * migration ,d.hg,panel=panel.smooth)
```



Es gibt viele "fancy" Arten, Daten graphisch darzustellen (**nice-to-know**):

- 3D-plots
- Räumliche Darstellungen (mit Geodaten)
- Interaktive Grafiken und Animationen

Dazu gibt es etlich R Pakete. Interaktive Darstellungen können beispielsweise mit Shiny Apps generiert werden (see census app).

Nächste Woche: Einfache lineare Regression

References:

Box, G. E. P. (1979). Robustness in the strategy of scientific model building. In R. L. Launer and G. N. Wilkinson (Eds.), *In Robustness in Statistics*, pp. 201–236. New York: Academic Press.

Elpelt, B. and J. Hartung (1987). *Grundkurs Statistik, Lehr- und Übungsbuchder angewandten Statistik*.

Hothorn, T. and B. S. Everitt (2014). *A Handbook of Statistical Analyses Using R* (3 ed.). Boca Raton: Chapman & Hall/CRC Press.

Weinberger, I. C., S. Muff, A. Kranz, and F. Bontadina (2016). Flexible habitat selection paves the way for a recovery of otter populations in the European Alps. *Biological Conservation 199*, 88–95.