



# Heterogener Behandlungseffekt

---

Digital Causality Lab Projekt von Marlon, Robin und Joel

# Inhaltsverzeichnis

---

|                                    |    |
|------------------------------------|----|
| Heterogener Behandlungseffekt      |    |
| Einführung                         | 1  |
| Simple Difference in Outcomes      | 2  |
| Heterogener Behandlungseffekt Bias | 3  |
| Propensity Score Matching          |    |
| Einführung                         | 4  |
| Annahmen                           | 5  |
| Methodik                           | 6  |
| Code                               | 7  |
| Literatur                          | 12 |

# Heterogener Behandlungseffekt

---

Einführung | Simple Difference in Outcomes | Heterogener Behandlungseffekt Bias

# Einführung

---

## Homogener Behandlungseffekt:

- Der Behandlungseffekt ist für alle Individuen gleich - unabhängig von individuellen Merkmalen.

## Heterogener Behandlungseffekt:

- Der Behandlungseffekt ist für verschiedene Individuen unterschiedlich - abhängig von individuellen Merkmalen.

# Simple Difference in (observed) Outcomes

$$\underbrace{\frac{1}{N_T} \sum_{i=1}^N y_i d_i - \frac{1}{N_C} \sum_{i=1}^N y_i (1 - d_i)}_{\text{Simple Difference in Outcomes}} = \underbrace{E[Y^1] - E[Y^0]}_{\text{Average Treatment Effect}}$$

$$+ \underbrace{E[Y^0 \mid D = 1] - E[Y^0 \mid D = 0]}_{\text{Selection bias}}$$

$$+ \underbrace{(1 - \pi)(ATT - ATU)}_{\text{Heterogeneous treatment effect bias}}$$

# Heterogener Behandlungseffekt Bias

---

$$\begin{aligned} \text{ATT} &= E[Y_i^1 - Y_i^0 \mid D_i = 1] \\ &= E[Y_i^1 \mid D_i = 1] - E[Y_i^0 \mid D_i = 1] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{ATU} &= E[Y_i^1 - Y_i^0 \mid D_i = 0] \\ &= E[Y_i^1 \mid D_i = 0] - E[Y_i^0 \mid D_i = 0] \end{aligned}$$

# Propensity Score Matching

---

Einführung | Methodik

# Einführung

---

## Problem:

- Wenn keine **Randomisierung** möglich ist, sind Behandlungsgruppe und Kontrollgruppe möglicherweise unterschiedlich  
→ Selection Bias und Heterogene Behandlungseffekte

## Ansatz:

- Matching von Personen aus Behandlungs- und Kontrollgruppe mit **vergleichbaren beobachtbaren Eigenschaften** (z.B. Alter, Einkommen etc.). Dadurch sollte der durchschnittliche Behandlungseffekt allein auf die Behandlung zurückzuführen sein

## Propensity Score:

- Gibt **Wahrscheinlichkeit** an, dass eine Person zur Behandlungsgruppe gehört, abhängig von dem Vorhandensein der beobachtbaren Eigenschaften. Matching von ähnlichen Propensity Scores
- Propensity Score basiert auf **Koeffizienten des Regressionsmodells** der Behandlungsgruppe ( $T = 1$ ) mit den beobachtbaren Eigenschaften



# Annahmen

---

## Conditional Independence Assumption (CIA):

$$(Y_i^T, Y_i^C) \perp T_i \mid X_i$$

$Y_i^T, Y_i^C$  : Ergebnisvariablen der Behandlungs- und Kontrollgruppe,

$T_i$  : Zuordnung zur Behandlungs- oder Kontrollgruppe und

$X_i$  : Beobachtbare Eigenschaften

→ Zuordnung zur Behandlungsgruppe erfolgt ausschließlich anhand **beobachtbarer Eigenschaften**

## Common Support Assumption:

$$0 < P(T_i = 1 \mid X_i) < 1$$

→ Beobachtungen der **Behandlungs- und Kontrollgruppe** müssen **vergleichbar** sein

# Methodik

---

## Regressionsmodell aufstellen:

$$T_i = \beta_0 + \beta_1 * X_i + \varepsilon_i$$

$$P(T_i = 1|X_i) = \hat{T} = \widehat{\beta}_0 + \widehat{\beta}_1 X_i$$

## Nearest Neighbor Matching:

- Beobachtungen der Behandlungs- und Kontrollgruppe mit dem **ähnlichsten Propensity Score** werden gematcht
- Beobachtungen beider Gruppen, die **nicht zugeordnet** werden konnten, werden aus dem Datensatz entfernt
- Je nach Ausführung können dieselben Beobachtungen der Kontrollgruppe **mehrmals** mit Beobachtungen der Behandlungsgruppe gematcht werden

## Berechnung des durchschnittlichen Behandlungseffekts

# Code

---

# Code

---

- Beispiel:
  - **Fragestellung:**
    - Welchen Effekt hat ein Weiterbildungsprogramm auf das Einkommen?
  - Variablen und Daten:

```
set.seed(123)
n <- 1000
age <- rnorm(n, 30, 10)
education <- rnorm(n, 12, 2)
income <- 5000 + 500 * age + 1000 * education + rnorm(n, 0, 1000)

# Treatment-Indikator (Teilnahme am Programm)
treatment <- rbinom(n, 1, plogis(0.3 * age - 0.5 * education))

# Einkommen nach Behandlung
income_post <- income + treatment * (500 + (100 * age)) + rnorm(n, 0, 1000)
```

# Code

---

- Daten strukturieren:

```
# Dataframe erstellen  
data <- data.frame(age, education, treatment, income_post)  
print(data)
```

- Theoretisches Vorgehen beim Propensity score
  - Wird jedoch nicht benötigt

```
ps_model <- glm(treatment ~ age + education, family = binomial, data = data)
```

# Code

---

- PS-Matching:

- Benötigtes Paket:

```
library(MatchIt)
```

- Durchführung:

```
match_it <- matchit(treatment ~ age + education, method = "nearest", data = data, caliper = 0.1)
```

```
matched_data <- match.data(match_it)
```

# Code

- Bereinigte Daten:

Call:

```
matchit(formula = treatment ~ age + education, data = data, method = "nearest",
        caliper = 0.1)
```

Summary of Balance for All Data:

|           | Means Treated | Means Control | Std. Mean Diff. | Var. Ratio | eCDF Mean | eCDF Max |
|-----------|---------------|---------------|-----------------|------------|-----------|----------|
| distance  | 0.9063        | 0.3869        | 3.1782          | 0.3003     | 0.4320    | 0.7163   |
| age       | 32.9607       | 18.6048       | 1.6979          | 1.6467     | 0.4140    | 0.6822   |
| education | 11.9552       | 12.6203       | -0.3352         | 0.9106     | 0.0869    | 0.1407   |

Summary of Balance for Matched Data:

|           | Means Treated | Means Control | Std. Mean Diff. | Var. Ratio | eCDF Mean | eCDF Max | Std. Pair Dist. |
|-----------|---------------|---------------|-----------------|------------|-----------|----------|-----------------|
| distance  | 0.6104        | 0.5947        | 0.0958          | 1.0773     | 0.0378    | 0.07     | 0.0986          |
| age       | 24.4119       | 22.3733       | 0.2411          | 3.0428     | 0.0544    | 0.11     | 0.5438          |
| education | 12.4633       | 12.3546       | 0.0548          | 0.9319     | 0.0281    | 0.08     | 1.0853          |

Sample Sizes:

|           | Control | Treated |
|-----------|---------|---------|
| All       | 195     | 805     |
| Matched   | 100     | 100     |
| Unmatched | 95      | 705     |
| Discarded | 0       | 0       |

# Code

- ATE Schätzung:
  - Lineares Modell mit der erklärenden Variable treatment
  - ATE = Koeffizient von Treatment

call:

```
lm(formula = income_post ~ treatment, data = matched_data)
```

Residuals:

| Min      | 1Q      | Median | 3Q     | Max     |
|----------|---------|--------|--------|---------|
| -13335.2 | -3180.6 | -293.4 | 3351.1 | 22094.6 |

Coefficients:

|             | Estimate | Std. Error | t value | Pr(> t ) |     |
|-------------|----------|------------|---------|----------|-----|
| (Intercept) | 28552.1  | 545.5      | 52.343  | < 2e-16  | *** |
| treatment   | 4210.3   | 771.4      | 5.458   | 1.43e-07 | *** |



# Literatur

---

# Literatur

---

Khandker, S., G. Koolwal und H. Samad, 2010, *Handbook on Impact Evaluation*, The World Bank, Washington, DC.

Vorlesung Causal Inference and Digital Causality Lab, Prof. Dr. Spindler.

Xie, Y. (2011). Causal inference and heterogeneity bias in social science. *Information, knowledge, systems management*, 10(1–4), 279–289. <https://doi.org/10.3233/iks-2012-0197>