

Programmierung und Deskriptive Statistik

BSc Psychologie WiSe 2022/23

Belinda Fleischmann

(11) Anwendungsbeispiel

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

Evidenzbasierte Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression

Welche Therapieform ist bei Depression wirksamer?

Online Psychotherapie

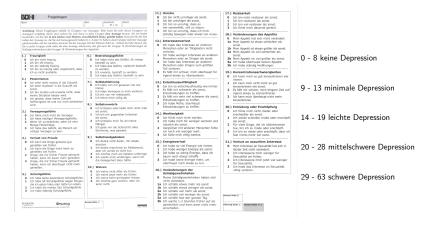


Klassische Psychotherapie



Evidenzbasierte Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression

Becks Depressions-Inventar (BDI) zur Depressionsdiagnostik



Beispiel: Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression



Einlesen des Datensatzes mit read.table()

```
fname = file.path(data_dir, "psychotherapie_datensatz.csv")
D = read.table(fname, sep = ",", header = TRUE)
```

Daten der ersten acht Proband:innen jeder Gruppe

	Bedingung	Pre.BDI	Post.BDI
1	Klassisch	17	9
2	Klassisch	20	14
3	Klassisch	16	13
4	Klassisch	18	12
5	Klassisch	21	12
6	Klassisch	17	14
7	Klassisch	17	12
8	Klassisch	17	9
51	Online	22	16
52	Online	19	15
53	Online	21	13
54	Online	18	15
55	Online	19	13
56	Online	17	16
57	Online	20	13
58	Online	19	16

Datensatzübersicht mit View()



Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

Datenvorverarbeitung

Datenvorverarbeitung

- Studienfokus ist die Veränderung der Depressionsymptomatik durch Therapieformen.
- Für jede Proband:in der ergibt sich diese Veränderung als Differenz von Post.BDI Pre.BDI.
- Eine Reduktion der Depressionssymptomatik ergibt dabei eine negative Zahl.
- Es ist sinnvoller, Verbesserungen mit positiven Zahlen zu repräsentieren.
- Als Maß des Therapieeffekts bei Proband:in i bietet sich also an

$$\Delta \mathsf{BDI}[\mathsf{i}] := -(\mathsf{Post}.\mathsf{BDI}[\mathsf{i}] - \mathsf{Pre}.\mathsf{BDI}[\mathsf{i}]) \tag{1}$$

ullet Wir betrachten in der Folge also das Δ BDI Maß mit folgender Interpretation

$\Delta \mathrm{BDI} > 0$	Verminderung der Depressionsymptomatik	Wirksame Therapie
$\Delta \mathrm{BDI} = 0$	Keine Veränderung der Depressionsymptomatik	Wirkungslose Therapie
$\Delta \mathrm{BDI} < 0$	Verstärkung der Depressionsymptomatik	Schädigende Therapie

Datenvorverarbeitung

Hinzufügen einer ΔBDI Spalte zum Dataframe

```
fname = file.path(data_dir, "psychotherapie_datensatz.csv")  # Einlesen

D = read.table(fname, sep = ",", header = TRUE)  # Rohdaten

D$Delta.BDI = -(D$Post.BDI - D$Pre.BDI)  # \Delta BDI Maß
```

Daten der ersten acht Proband:innen jeder Gruppe

	Bedingung	Pre.BDI	Post.BDI	Delta.BDI
1	Klassisch	17	9	8
2	Klassisch	20	14	6
3	Klassisch	16	13	3
4	Klassisch	18	12	6
5	Klassisch	21	12	9
6	Klassisch	17	14	3
7	Klassisch	17	12	5
8	Klassisch	17	9	8
51	Online	22	16	6
52	Online	19	15	4
53	Online	21	13	8
54	Online	18	15	3
55	Online	19	13	6
56	Online	17	16	1
57	Online	20	13	7
58	Online	19	16	3

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

Bedingungsabhängige Auswertung deskriptiver Statistiken

```
# Initialisierung eines Dataframes
             = c("Klassisch", "Online")
                                                   # Therapiebedingungen
tp
             = length(tp)
                                                   # Anzahl Therapiebedingungen
ntp
              = data.frame(
                                                   # Dataframeerzeugung
                         = rep(NaN,ntp),
                                                   # Stichprobengrößen
                Max
                         = rep(NaN,ntp),
                                                   # Maxima
                         = rep(NaN,ntp),
                                                   # Minima
                Median
                         = rep(NaN,ntp),
                                                   # Mediane
                         = rep(NaN,ntp),
                                                   # Mittelwerte
               Var
                         = rep(NaN,ntp),
                                                   # Varianzen
                         = rep(NaN.ntp).
                Std
                                                   # Standardabweichungen
                row.names = tp)
                                                   # Therapiebedingungen
# Iterationen über Therapiebedingungen
for(i in 1:ntp){
             = D$Delta.BDI[D$Bedingung == tp[i]]
 data
                                                    # Daten
 S$n[i]
             = length(data)
                                                   # Stichprobengröße
 S$Max[i]
             = max(data)
                                                    # Maxima
 S$Min[i]
            = min(data)
                                                    # Minima
 S$Median[i] = median(data)
                                                   # Mediane
 S$Mean[i] = mean(data)
                                                   # Mittelmerte
 S$Var[i]
            = var(data)
                                                   # Varianzen
 S$Std[i]
            = sd(data)
                                                   # Standardabweichungen
```

Deskriptive Statistiken

> Klassisch 50 > Online

50

Bedingungsabhängige Auswertung deskriptiver Statistiken

```
# Ausqabe
print.AsIs(S)
            n Max Min Median Mean Var Std
```

• Die Anzahl der Proband:innen in beiden Therapiegruppen ist gleich.

6 6.16 7.08 2.66

5 4.92 3.91 1.98

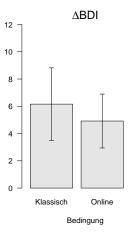
- Die Spannbreite der ΔBDI Daten ist in der klassischen Therapieform leicht erhöht.
- Median und Mittelwert nehmen für die klassische Therapieform leicht höhere Werte an.
- Ein ΔBDI Mittelwertsunterschied von 1 ist klinisch wohl eher vernachlässigbar.
- Median und Mittelwert sind in beiden Therapieformen ähnlich (unimodale Verteilung).
- Die Variabilitätsmaße zeigen eine etwas erhöhte Varabilität in der klassischen Therapieform.

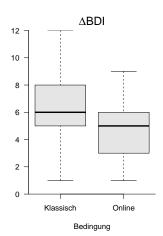
Deskriptive Statistiken

Bedingungsabhängige Visualisierung deskriptiver Statistiken

```
# Abbildungsparameter
par(
                                                  # für Details siehe ?par
  mfcol
              = c(1,2).
                                                  # 1 x 2 Panelstruktur
  family
              = "sans",
                                                  # Serif-freier Fonttyp
              = "m",
                                                  # Maximale Abbildungsregion
              = "1",
                                                  # L förmige Box
  las
                                                  # Horizontale Achsenbeschriftung
              = 1,
                                                  \# x-Achse bei y = 0
              = "i".
                                                  # y-Achse bei x = 0
                                                  # Non-Bold Titel
  font.main
              = 1.
              = 1.
                                                  # Textvergrößerungsfaktor
  cex.main
              = 1.5)
                                                  # Titeltextvergrößerungsfaktor
# Linkes Panel: Balkendiagramm mit Fehlerbalken
            = S$Mean
mu
                                                  # Gruppenmittelwert
sd
            = S$St.d
                                                  # Gruppenstandardabweichung
names(mw)
                                                  # barplot braucht x-Werte als names
            = tp
x = barplot(
                                                  # Ausgabe der x-Ordinaten (?barplot für Details)
                                                  # Mittelwerte = Balkenhöhe
  mw.
              = "gray90",
                                                  # Balkenfarbe
              = c(0.12).
                                                  # u-Achsenbearenzuna
              = c(0,3),
                                                  # x-Achsenbegrenzung
              = "Bedingung",
                                                  # x-Achsenbeschriftung
              = TeX("$\\Delta BDI$"))
                                                  # Titel
arrows(
                                                  # arrows() für Fehlerbalken (siehe ?arrows)
                                                  # arrow start x-ordinate
  x0
              - x.
  v0
              = mw - sd.
                                                  # arrow start u-ordinate
              = x,
                                                  # arrow end x-ordinate
              = mw + sd,
                                                  # arrow end y-ordinate
  code
              = 3,
                                                  # Pfeilspitzen beiderseits
  angle
              = 90.
                                                  # Pfeilspitzenwinkel -> Linie
              = 0.05)
                                                  # Linielänge
# Rechtes Panel: Boxplot
boxplot(
  D$Delta.BDI ~ D$Bedingung,
                                                  # Gruppierung der Delta.BDI Daten nach D$Bedingung
              = c(0.12).
                                                  # u-Achsenbearenzuna
                                                  # Boxfarbe
              = "grav90".
                                                  # u-Achsenbeschriftung
  xlab
              = "Bedingung",
                                                  # x-Achsenbeschriftung
              = TeX("$\\Delta BDI$"))
  main
                                                  # Titel
```

Bedingungsabhängige Visualisierung deskriptiver Statistiken





Be is piel daten satz

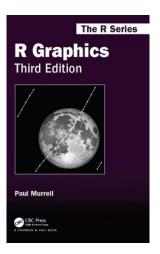
Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests



R Funktionalitäten für Abbildungen

Base Graphics

- Erstellung und bedarfsgerechte Anpassung von Abbildungen
- Eher low-level, fine tuning orientiert

Lattice und ggplot2

- Erstellung und bedarfsgerechte Anpassung von Abbildungen
- Eher high level, an der eigenen Philosophie orientiert

Base Graphics, lattice und ggplot2 können ähnliche Abbildungen generieren

LaTeX Typesetting ist in allen Paketen unterentwickelt

R Funktionalitäten für Abbildungen

Base Graphics

- Erstellung und bedarfsgerechte Anpassung von Abbildungen
- Eher low-level, fine tuning orientiert

Lattice und ggplot2

- Erstellung und bedarfsgerechte Anpassung von Abbildungen
- Eher high level, an der eigenen Philosophie orientiert

Base Graphics, lattice und ggplot2 können ähnliche Abbildungen generieren

LaTeX Typesetting ist in allen Paketen unterentwickelt

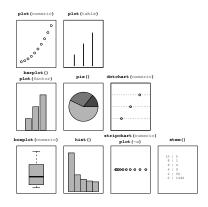


Figure 2.5 High-level base graphics plotting functions for producing plots of a single variable. Where the function can be used to produce more than one type of plot, the relevant data type is shown (in gray). For example, plot(numeric) means that this is what the plot() produces when it is given a single numeric argument.

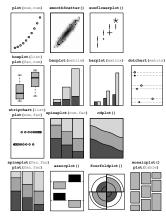


Figure 2.6

High-level base graphics plotting functions for producing plots of two variables.

Where the function can be used to produce more than one type of plot, the relevant data type is shown (in gray). For example plot (num, fac) represents calling the plot () function with a numeric vector as the first argument and a factor as the second argument.

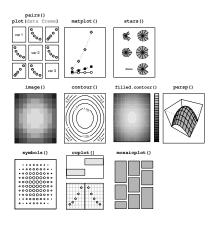


Figure 2.7 High-level base graphics plotting functions for producing plots of many variables. Where the function can be used to produce more than one type of plot, the relevant data type is shown (in gray).

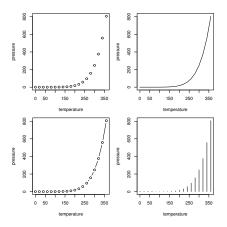


Figure 2.2
Four variations on a scatterplot. In each case, the plot is produced by a call to the plot() function with the same data, all that changes is the value of the type argument. At top-left, type="p" to give points (data symbols), at top-right, type="1" to give lines, at bottom-left, type="b" to give both, and at bottom-right, type="n" to give histogram-like vertical lines.

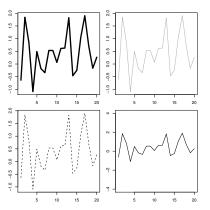


Figure 2.9

Standard arguments for high-level functions. All four plots are produced by calls to
the plot() function with the same data, but with different standard plot function
arguments specified: the top-left plot makes use of the lud argument to control line
thickness; the top-right plot uses the col argument to control line tope; the ottomleft plot makes use of the 1vy argument to control line type; and the bottom-right
plot uses the vibra argument to control the scale on the v-axis.

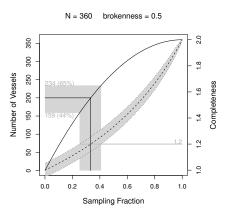


Figure 1.3
A customized scatterplot produced using R. This is created by starting with a simple scatterplot and augmenting it by adding an additional y-axis and several additional sets of lines, polygons, and text labels.

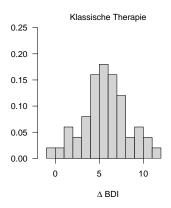
Code Outline

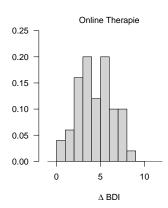
```
# Initialisierung einer neuen Abbildung
dev.new()
# Abbildungsparameter
par(
z.B. Arrangement von Panels, Begrenzungsstile, Schriftfonts, etc
# Higher-level Abbildungsfunktion wie plot(), hist(), barplot(), ...
plot(
z.B. x- und y-Daten, Achsenlimits, Achsenbeschriftungen, Titel, Farben, etc.
Jeder Aufruf einer higher-level Graphikfunktion belegt ein neues Subpanel!
# Hinzufügen weiterer Daten mit lower-level Abbildungsfunktionen zum aktuellen Panel
z.B. points(), lines(), abline()
# Weitere Graphikannotation zu aktuellem Panel
z.B. legend(), text()
# Speichern der Abbildung (Größenverhältnisse erst hier final festgelegt)
z.B. dev.copv2pdf()
```

Histogramme

```
# Histogrammparameter
h
            = 1
                                               # geuminschte Klassenbreite
b 0
            = min(D$Delta.BDI)
                                               # b 0
b_k
            = max(D$Delta.BDI)
                                               # b 0
k
            = ceiling((b k - b 0)/h)
                                               # Anzahl der Klassen
            = seq(b_0, b_k, by = h)
                                               # Klassen [b {j-1}, b j[
ylimits
            = c(0, .25)
                                               # y-Achsenlimits
xlimits
            = c(-2.14)
                                               # x-Achsenlimits
            = c("Klassisch", "Online")
                                               # Therapiebedingungen
therapie
labs
            = c("Klassische Therapie".
                                               # Abbildungslabel
                "Online Therapie")
# Abbildungsparameter
                                               # für Details siehe ?par
par(
            = c(1,2),
                                               # 1 x 2 Panelstruktur
                                               # Serif-freier Fonttyp
family
            = "sans",
            = "m".
                                               # Maximale Abbildungsregion
                                               # L förmige Box
                                               # Horizontale Achsenbeschriftung
                                               \# x-Achse bei y = 0
            = "i".
                                               # y-Achse bei x = 0
            = 1.
                                               # Non-Bold Titel
cex
            = 1.
                                               # Textvergrößerungsfaktor
cex.main
                                               # Titeltextvergrößerungsfaktor
# Iteration über Therapiebedingungen
for(i in 1:2){
  hist(
  D$Delta.BDI[D$Bedingung == therapie[i]],
                                               # Delta.BDI Werte von Therapiebedingung i
  breaks
                                               # Histogrammklassen
           = b.
  freq
                                               # normierte relative Häufigkeit
            = xlimits,
                                               # x-Achsenlimits
  vlim
            vlimits.
                                               # u-Achsenlimits
            = TeX("$\\Delta$ BDI"),
                                               # x-Achsenbeschriftung
           - "".
  vlab
                                               # u-Achsenbeschriftung
            = labs[i])
                                               # Titelbeschriftung
# PDF Speicherung
dev.copy2pdf(
            = file.path(abb dir. "pds 11 histogramm.pdf").
            = 8,
            = 4)
```

Histogramme





Be is piel daten satz

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

Parameterschätzung

Modellannahmen für Parameterschätzung und Konfidenzintervalle

Motiviert durch die therapieabhängige Visualisierung der ΔBDI Daten und unseren wissenschaftssoziologischen Kontext legen wir nun das Normalverteilungsmodell zugrunde.

Wir nehmen also an, dass die Δ BDI Werte Realisierungen von unabhängig verteilten Zufallsvariablen

$$v_{ij} \sim N(\mu_i, \sigma_i^2), i = 1, 2, j = 1, ..., 50$$
 (2)

sind, wobei i die Therapiebedingung (1 = Klassisch, 2 = Online) und j den Proband:innen Index in der iten experimentellen Bedingung bezeichnen. Innerhalb einer Bedingung sind diese Zufallsvariablen also unabhängig und identisch verteilt.

Dies entspricht der Annahme, dass sich der Δ BDI Wert einer Proband:in durch Addition einer normalverteilten Fehlervariable mit Erwartungswertparameter 0 und Varianzparameter σ_i^2 zu den innerhalb einer Therapiebedingung identischen Wert μ_i ergibt.

Parameterschätzung

> mu_ML sigsqr_VAR > 1 6.16

> 2 4.92

7.08

3.91

Zur Parameterschätzung im vorliegenden Modell nutzen wir

- den Maximum Likelihood Schätzer für μ_s
- den Varianzschätzer für σ²_i

```
# Initialisierung eines Dataframes
                 = c("Klassisch", "Online")
                                                              # Therapiebedingungen
tp
                = length(tp)
                                                              # Anzahl Therapiebedingungen
ntp
theta hats
                 = data.frame(
                                                              # Dataframeerzeugung
                    mu ML
                               = rep(NaN.ntp).
                                                              # ML Schätzer für \mu i
                   sigsgr VAR = rep(NaN.ntp))
                                                              # Varianzschätzer für \siama 2 i
# Iterationen über Therapiebedingungen
for(i in 1:ntp){
                           = D$Delta.BDI[D$Bedingung == tp[i]]
 data
                                                                  # Daten
 theta_hats$mu_ML[i]
                           = mean(data)
                                                                  # ML Schätzer für \mu i
 theta_hats$sigsqr_VAR[i] = var(data)
                                                                  # Varianzschätzer für \sigma 2° i
# Ausqabe
print(theta_hats)
```

Tipps für μ_i und σ_i^2 auf Grundlage dieser unverzerrten Schätzer sind also

$$\hat{\mu}_1 = 6.16, \quad \hat{\mu}_2 = 4.92, \quad \hat{\sigma}_1^2 = 7.08, \quad \hat{\sigma}_2^2 = 3.91.$$
 (3)

Die mit diesen Tipps assoziierte Unsicherheit ist hier nicht angegeben.

Visualisierung

Deskriptive Statistiken

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentest

> Klassisch 5.40 6.16 6.92 > Online 4.36 4.92 5.48

Konfidenzintervalle für die Erwartungswertparameterschätzer

```
# Analyseparameter
       = c("Klassisch", "Online")
                                                  # Therapiebedingungen
       = length(tp)
                                                  # Anzahl an Therapiebedingungen
ntp
       = 50
                                                  # Anzahl von Beobachtungen pro Therapiebedingung
n
       = data.frame(
                                                  # Dataframeerzeugung
         G_u
                 = rep(NaN,ntp),
                                                  # untere KI Grenze
         mu_hat = rep(NaN,ntp),
                                                  # Erwartungswertparameterschätzer
                  = rep(NaN,ntp),
                                                  # obere KI Grenze
         row.names = tp)
                                                  # Therapiebedingungen
# Konfidenzintervallparameter
delta = 0.95
                                                  # Konfidenzlevel
                                                  # \psi^-1((\delta + 1)/2, n-1)
psi inv = qt((1+delta)/2,n-1)
# Konfidenzintervallevaluation
for(i in 1:ntp){
   data
              = D$Delta.BDI[D$Bedingung == t[i]]
                                                  # Stichprobenrealisierung
   X bar
              = mean(data)
                                                  # Stichprobenmittel
                                                  # Stichprobenstandardabweichung
              = sd(data)
              = X_bar - (S/sqrt(n))*psi_inv
  C$G u[i]
                                                  # untere KT Grenze
  C$mu hat[i] = X bar
                                                  # Erwartungswertparameterschätzer
   C$G o[i]
            = X bar + (S/sgrt(n))*psi inv
                                                  # ohere KT Grenze
# Ausgabe
print.AsIs(C)
            G_u mu_hat G_o
```

> Klassisch 4.94

> Online 2.73

7.08 10.99

3.91 6.07

Konfidenzintervalle für die Varianzparameterschätzer

```
# Analyseparameter
       = c("Klassisch", "Online")
                                                     # Therapiebedingungen
       = length(tp)
                                                     # Anzahl an Therapiebedingungen
ntp
       = 50
                                                     # Anzahl von Beobachtungen pro Therapiebedingung
n
       = data.frame(
                                                     # Dataframeerzeugung
                  = rep(NaN,ntp),
                                                     # untere KI Grenze
         sigsqr_hat = rep(NaN,ntp),
                                                     # Varianzparameterschätzer
                    = rep(NaN,ntp),
                                                     # obere KT Grenze
         row.names = tp)
                                                     # Therapiebedingungen
# Konfidenzintervallparameter
delta = 0.95
                                                     # Konfidenzlevel
       = qchisq((1-delta)/2, n - 1)
                                                     # \Xi^2((1-\delta)/2; n - 1)
xi 1
       = qchisq((1+delta)/2, n - 1)
                                                     # Xi^2((1+|delta)/2: n - 1)
xi 2
# Konfidenzintervallevaluation
for(i in 1:ntp){
                  = D$Delta.BDI[D$Bedingung == t[i]] # Stichprobenrealisierung
  data
                                                     # Stichprobenvarianz
   S2
                   = var(data)
  C$G u[i]
                  = (n-1)*S2/xi 2
                                                     # untere KT Grenze
  C$sigsqr_hat[i] = S2
                                                     # Varianzparameterschätzer
  C$G o[i]
                  = (n-1)*S2/xi 1
                                                     # ohere KT Grenze
# Ausgabe
print.AsIs(C)
            G_u sigsqr_hat G_o
```

Be is piel daten satz

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

Hypothesentest

Anwendungsszenario, Modellannahmen und Hypothese

Es liegen zwei Stichproben experimenteller Einheiten (Klassische Bedingung, Online Bedingung) vor. Wir nehmen unabhängige identische Normalverteilungen $N(\mu_1,\sigma^2)$ und $N(\mu_2,\sigma^2)$ an, wobei die Parameter μ_1,μ_2,σ^2 unbekannt sind. Wir beabsichtigen das Quantifizieren der Unsicherheit beim inferentiellen Vergleich von μ_1 mit μ_2 .

Wir führen also einen Zweistichproben-T-Test bei unabhängigen Stichproben unter Annahme identischer Varianz durch und wollen die Hypothesen $H_0:\mu_1=\mu_2$ und $H_1:\mu_1\neq\mu_2$ mit einem Signifikanzniveau von $\alpha_0=0.05$ testen.

Manueller Zweistichproben-T-Test

```
# Datenauswahl
         = D$Delta.BDI[D$Bedingung == "Klassisch"]
                                                                # \Delta.BDI Daten Klassische Therapie
x 1
x_2
         = D$Delta.BDI[D$Bedingung == "Online"]
                                                                # \Delta.BDI Daten Klassische Therapie
      = length(x_1)
                                                                # Stichprobengröße n_1
n 1
n_2
        = length(x_2)
                                                                # Stichprobengröße n 2
alpha_0 = 0.05
                                                                # Signifikanzniveau
k_alpha_0 = qt(1 - (alpha_0/2), n_1+n_2-2)
                                                                # kritischer Wert
x bar 1 = mean(x 1)
                                                                \# x_bar_1
x bar 2 = mean(x 2)
                                                                # x bar 2
s_12
        = sqrt((sum((x_1-x_bar_1)^2)+sum((x_2-x_bar_2)^2))/
                                                                # gepoolte Standardabweichung s 12
                 (n 1+n 2-2))
       = sqrt((n_1*n_2)/(n_1+n_2))*((x_bar_1-x_bar_2)/s_12)
                                                                # Zweistichproben-T-Teststatistik
if(abs(t) >= k_alpha_0){
                                                                # Test 1_{\{|T(X)| > = k_alpha_0|\}}
   phi = 1
                                                                # Ablehnen von H O
} else {
                                                                # Nicht Ablehnen von H O
   phi = 0
         = 2*(1 - pt(abs(t), n_1+n_2-2))
pval
                                                                # p-Wert
```

Manueller Zweistichproben-T-Test

```
# Ausqabe
= ", n_1 + n_2 - 2,
   "\nfg
   "\nSignifikanzlevel = ", alpha_0,
   "\nKritischer Wert = ", k_alpha_0,
   "\nTeststatistik = ", t,
   "\nTestwert = ", phi,
   "\np-Wert = ", pval)
> x bar 1
               = 6.16
> x_bar_2
               = 4.92
> fg
                 98
> Signifikanzlevel = 0.05
> Kritischer Wert
               = 1.98
> Teststatistik
               = 2.65
> Testwert
             = 1
> p-Wert
               = 0.00951
```

 \Rightarrow Wir lehnen die Nullhypothese $H_0: \mu_1 = \mu_2$ ab.

R Implementation des Zweistichproben-T-Tests

```
# Automatischer Zweistichproben-T-Test
varphi
         = t.test(
                                              # ?t.test für Details
           x_1,
                                              # Datensatz x 1
                                             # Datensatz x 2
           x_2,
           var.equal = TRUE,
                                             # \sigma 1^2 = \sigma 2^2
           alternative = c("two.sided"), # H 1: \mu 1 \neq \mu 2
                                            # \delta = 1 - \alpha 0 (sic!)
           conf.level = 1-alpha_0)
# Ausqabe
print(varphi)
   Two Sample t-test
> data: x 1 and x 2
> t = 3, df = 98, p-value = 0.01
> alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
> 95 percent confidence interval:
> 0.31.2.17
> sample estimates:
> mean of x mean of v
       6.16
                4.92
# Genauere Ausqabe t
paste(varphi[1])
> [1] "c(t = 2.64516155336263)"
# Genauere Ausgabe p
paste(varphi[3])
```

