



# Programmierung und Deskriptive Statistik

BSc Psychologie WiSe 2023/24

Belinda Fleischmann

Inhalte basieren auf Programmierung und Deskriptive Statistik von Dirk Ostwald, lizenziert unter CC BY-NC-SA 4.0

| Datum    | Einheit                         | Thema  |
|----------|---------------------------------|--|
| 11.10.23 | Einführung                      | (1) Einführung   |
| 18.10.23 | R Grundlagen                    | (2) R und Visual Studio Code   |
| 25.10.23 | R Grundlagen                    | (2) R und Visual Studio Code   |
| 01.11.23 | R Grundlagen                    | (3) Vektoren   |
| 08.11.23 | R Grundlagen                    | (4) Matrizen   |
| 15.11.23 | R Grundlagen                    | (5) Listen und Dataframes  |
| 22.11.23 | R Grundlagen                    | (6) Datenmanagement  |
| 29.11.23 | Deskriptive Statistik           | (7) Häufigkeitsverteilungen  |
| 06.12.23 | Deskriptive Statistik           | (8) Verteilungsfunktionen und Quantile                                   |
| 13.12.23 | Deskriptive Statistik           | (9) Maße der zentralen Tendenz   |
| 20.12.23 | <i>Leistungsnachweis Teil 1</i> |  |
| 20.12.23 | Deskriptive Statistik           | (10) Maße der Datenvariabilität  |
|          | Weihnachtspause                 |  |
| 10.01.24 | Deskriptive Statistik           | (11) Anwendungsbeispiel (Deskriptive Statistik)                          |
| 17.01.24 | <b>Inferenzstatistik</b>        | <b>(12) Anwendungsbeispiel (Parameterschätzung, Konfidenzintervalle)</b> |
| 24.01.24 | Inferenzstatistik               | (13) Anwendungsbeispiel (Hypothesentest)                                 |
| 25.01.24 | <i>Leistungsnachweis Teil 2</i> |  |

### Terminvorschläge:

- Donnerstag, 25.01.24, 11 Uhr
- Mittwoch, 31.01.24, 10 Uhr

## (11) Anwendungsbeispiel

Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

## **Beispieldatensatz**

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

## Evidenzbasierte Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression

Welche Therapieform ist bei Depression wirksamer?

### Online Psychotherapie



### Klassische Psychotherapie



## Beispiel: Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression

Experimentelle Bedingung  
(Gruppen von  $n = 50$ )

Psychotherapie

Klassisch

Pre-BDI



Post-BDI

Online

Pre-BDI



Post-BDI



# Mittel der Datenerhebung

## Becks Depressions-Inventar (BDI) zur Depressionsdiagnostik

| BDI-II Fragebogen  |       |             |        |
|--|-------|-------------|--------|
| Name   | Alter | Bemerkungen | Status |
| <p><b>Anleitung:</b> Dieser Fragebogen enthält 21 Gruppen von Aussagen. Bitte lesen Sie jede dieser Gruppen von Aussagen sorgfältig durch und wählen Sie sich dann in jeder Gruppe eine Aussage heraus, die am besten beschreibt, wie Sie sich in den letzten zwei Wochen, einschließlich heute, gefühlt haben. Kreuzen Sie die Zahl neben der Aussage an, die Sie sich am besten beschreiben (0, 1, 2 oder 3). Falls in einer Gruppe mehrere Aussagen gleichwohl auf Sie zutreffen, kreuzen Sie die Aussage mit der höchsten Zahl an. Achten Sie bitte darauf, dass Sie in jeder Gruppe nicht mehr als eine Aussage ankreuzen, dies gilt auch für Gruppe 16 (Veränderungen der Schlafgewohnheiten) oder Gruppe 18 (Veränderungen des Appetits).</p> |       |             |        |
| <p><b>1.) Traurigkeit</b></p> <p>0 Ich bin nicht traurig.<br/>1 Ich bin oft traurig.<br/>2 Ich bin ständig traurig.<br/>3 Ich bin so traurig oder unglücklich, dass ich es nicht aushalte.</p>   |       |             |        |
| <p><b>2.) Pessimismus</b></p> <p>0 Ich sehe nicht mutlos in die Zukunft.<br/>1 Ich sehe mutlos in die Zukunft als sonst.<br/>2 Ich bin müde und erwarte nicht, dass meine Situation besser wird.<br/>3 Ich glaube, dass meine Zukunft hoffnungslos ist und nur noch schlechter wird.</p>   |       |             |        |
| <p><b>3.) Versagensgefühle</b></p> <p>0 Ich fühle mich nicht als Versager.<br/>1 Ich habe häufiger Versagensgefühle.<br/>2 Wenn ich zurückblicke, sehe ich eine Menge Fehlschläge.<br/>3 Ich habe das Gefühl, als Mensch ein richtiges Versagen zu sein.</p>   |       |             |        |
| <p><b>4.) Verlust von Freude</b></p> <p>0 Ich kann die Dinge genauso gut genießen wie früher.<br/>1 Ich kann die Dinge nicht mehr so genießen wie früher.<br/>2 Dinge, die mir früher Freude gemacht haben, kann ich kaum mehr genießen.<br/>3 Dinge, die mir früher Freude gemacht haben, kann ich überhaupt nicht mehr genießen.</p>   |       |             |        |
| <p><b>5.) Schuldgefühle</b></p> <p>0 Ich habe keine besonderen Schuldgefühle.<br/>1 Ich habe ein Schuldgefühl wegen Dingen, die ich getan habe oder hätte tun sollen.<br/>2 Ich habe die meiste Zeit Schuldgefühle.<br/>3 Ich habe ständig Schuldgefühle.</p>  |       |             |        |
| <p><b>6.) Bestrafungsgefühle</b></p> <p>0 Ich habe nicht das Gefühl, für etwas bestraft zu sein.<br/>1 Ich habe das Gefühl, vielleicht bestraft zu werden.<br/>2 Ich erwarte, bestraft zu werden.<br/>3 Ich habe das Gefühl, bestraft zu sein.</p>   |       |             |        |
| <p><b>7.) Selbstablehnung</b></p> <p>0 Ich habe von mir genauso viel wie immer.<br/>1 Ich habe Vertrauen in mich verloren.<br/>2 Ich bin von mir enttäuscht.<br/>3 Ich lehne mich völlig ab.</p>   |       |             |        |
| <p><b>8.) Selbstvorwürfe</b></p> <p>0 Ich kritisiere oder tadle mich nicht mehr als sonst.<br/>1 Ich bin mir gegenüber kritischer als sonst.<br/>2 Ich kritisiere mich für all meine Mängel.<br/>3 Ich gebe mir die Schuld für alles Schlechte, was passiert.</p>  |       |             |        |
| <p><b>9.) Selbstmordgedanken</b></p> <p>0 Ich denke nicht daran, mir etwas anzutun.<br/>1 Ich denke manchmal an Selbstmord, aber ich würde es nicht tun.<br/>2 Ich würde mich am liebsten umbringen.<br/>3 Ich würde mich umbringen, wenn ich die Gelegenheit dazu hätte.</p>  |       |             |        |
| <p><b>10.) Werten</b></p> <p>0 Ich werte nicht oft als früher.<br/>1 Ich werte jetzt mehr als früher.<br/>2 Ich werte dem geringsten Anreiz.<br/>3 Ich möchte gern weinen, aber ich kann nicht.</p>  |       |             |        |

|   |  |  |   |
|---|--|--|---|
| <p><b>11.) Unruhe</b></p> <p>0 Ich bin nicht unruhiger als sonst.<br/>1 Ich bin unruhiger als sonst.<br/>2 Ich bin so unruhig, dass es mir schwerfällt, still zu sitzen.<br/>3 Ich bin so unruhig, dass ich mich ständig bewege oder etwas tun muss.</p>        | <p><b>12.) Interessenverlust</b></p> <p>0 Ich habe das Interesse an anderen Menschen oder an Tätigkeiten nicht verloren.<br/>1 Ich habe weniger Interesse an anderen Menschen oder an Dingen als sonst.<br/>2 Ich habe das Interesse an anderen Menschen oder Dingen zum größten Teil verloren.<br/>3 Es fällt mir schwer, mich überhaupt für irgend etwas zu interessieren.</p> | <p><b>13.) Entscheidungsfähigkeit</b></p> <p>0 Ich bin so entscheidungsfähig wie immer.<br/>1 Es fällt mir schwerer als sonst, Entscheidungen zu treffen.<br/>2 Es fällt mir sehr viel schwerer als sonst, Entscheidungen zu treffen.<br/>3 Ich habe Mühe, überhaupt Entscheidungen zu treffen.</p>            | <p><b>17.) Reizbarkeit</b></p> <p>0 Ich bin nicht reizbarer als sonst.<br/>1 Ich bin reizbarer als sonst.<br/>2 Ich bin viel reizbarer als sonst.<br/>3 Ich fühle mich dauernd gereizt.</p>   |
| <p><b>14.) Wertlosigkeit</b></p> <p>0 Ich fühle mich nicht wertlos.<br/>1 Ich habe mich für weniger wertvoll und nützlich als sonst.<br/>2 Vergleichen mit anderen Menschen fühle ich mich viel weniger wert.<br/>3 Ich fühle mich völlig wertlos.</p>          | <p><b>18.) Veränderung des Appetits</b></p> <p>0 Mein Appetit hat sich nicht verändert.<br/>1a Mein Appetit ist etwas schlechter als sonst.<br/>1b Mein Appetit ist viel schlechter als sonst.<br/>2a Mein Appetit ist etwas größer als sonst.<br/>2b Mein Appetit ist viel größer als sonst.<br/>3a Ich habe überhaupt keinen Appetit.<br/>3b Ich habe ständig Heißhunger.</p>  | <p><b>19.) Konzentrationsschwierigkeiten</b></p> <p>0 Ich kann mich so gut konzentrieren wie immer.<br/>1 Ich kann mich nicht mehr so gut konzentrieren wie sonst.<br/>2 Es fällt mir schwer, mich längere Zeit auf irgend etwas zu konzentrieren.<br/>3 Ich kann mich überhaupt nicht mehr konzentrieren.</p> | <p><b>20.) Ermüdung oder Erschöpfung</b></p> <p>0 Ich fühle mich nicht müder oder erschöpfter als sonst.<br/>1 Ich werde schneller müde oder erschöpft als sonst.<br/>2 Für viele Dinge, die ich üblicherweise tue, bin ich zu müde oder erschöpft.<br/>3 Ich bin zu müde oder erschöpft, dass ich fast nichts mehr tun kann.</p> |
| <p><b>15.) Energielverlust</b></p> <p>0 Ich habe so viel Energie wie immer.<br/>1 Ich habe weniger Energie als sonst.<br/>2 Ich habe so wenig Energie, dass ich kaum noch etwas schaffe.<br/>3 Ich habe keine Energie mehr, um überhaupt noch etwas zu tun.</p> | <p><b>21.) Verlust an sexuellem Interesse</b></p> <p>0 Mein Interesse an Sexualität hat sich in letzter Zeit nicht verändert.<br/>1 Ich interessiere mich weniger für Sexualität als früher.<br/>2 Ich interessiere mich jetzt viel weniger für Sexualität.<br/>3 Ich habe das Interesse an Sexualität völlig verloren.</p>  | <p><b>Summe Skala 1:</b></p> <p><b>Skizze Skala 1:</b></p> <p><b>Skizze Skala 1 (2):</b></p>   | <p><b>Skizze Skala 1 (2):</b></p>   |

0 - 8 keine Depression

9 - 13 minimale Depression

14 - 19 leichte Depression

20 - 28 mittelschwere Depression

29 - 63 schwere Depression

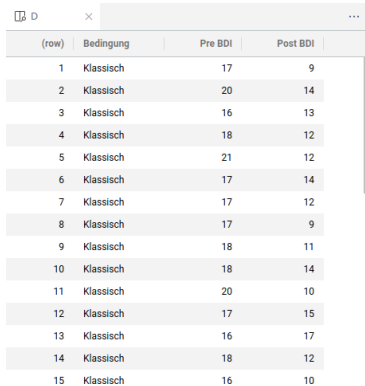
## Einlesen des Datensatzes mit `read.table()`

```
fname <- file.path(data_path, "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()



The screenshot shows a data viewer window with a table containing 15 rows of data. The columns are labeled (row), Bedingung, Pre BDI, and Post BDI. The data is as follows:

| (row) | 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        |
| 9     | Klassisch | 18      | 11       |
| 10    | Klassisch | 18      | 14       |
| 11    | Klassisch | 20      | 10       |
| 12    | Klassisch | 17      | 15       |
| 13    | Klassisch | 16      | 17       |
| 14    | Klassisch | 18      | 12       |
| 15    | Klassisch | 16      | 10       |

## Exkurs: Datensimulation

```
# Seed setzen
set.seed(5)                                     # Startwert für den Zufallsgenerator setzen

# Simulationsparameter
n      <- 50                                     # Proband:innen pro Gruppe
mu     <- c(                                     # Erwartungswertparameter
  18, 12,                                       # Pre und Post der Gruppe Klassisch
  19, 14)                                     # Pre und Post der Gruppe Online
sigsqr <- 3                                     # Varianzparameter (gleich für alle Gruppen)

# Datensimulation
D <- data.frame(
  "Bedingung" = c(
    rep("Klassisch", n), rep("Online", n)), # n-mal "Klassisch", n-mal "Online"
  "Pre BDI" = c(
    round(rnorm(n, mu[1], sqrt(sigsqr))), # n Zufallswerte aus Normalverteilung mit mu[1]
    round(rnorm(n, mu[3], sqrt(sigsqr))), # n Zufallswerte aus Normalverteilung mit mu[3]
  "Post BDI" = c(
    round(rnorm(n, mu[2], sqrt(sigsqr))), # n Zufallswerte aus Normalverteilung mit mu[2]
    round(rnorm(n, mu[4], sqrt(sigsqr)))  # n Zufallswerte aus Normalverteilung mit mu[4]
  )

# Datenspeicherung
fname <- file.path(data_path, "psychotherapie_datensatz.csv")
write.csv(D, file = fname)
```

Beispieldatensatz

## **Datenvorverarbeitung**

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

## Überlegungen für die Datenvorverarbeitung

- Studienfokus ist die **Veränderung** der Depressionsymptomatik durch Therapieformen.
- Für jede Proband:in ergibt sich diese Veränderung als **Differenz** zwischen Post.BDI und Pre.BDI.
- Eine Reduktion der Depressionssymptomatik ergibt dabei einen **negativen Wert**.
- Es ist intuitiver, Verbesserungen mit **positiven Zahlen** zu repräsentieren.
- Als Quantifizierung des Therapieeffekts bei Proband:in  $i$  bietet sich also folgendes Maß an

$$\Delta BDI[i] := -(Post.BDI[i] - Pre.BDI[i]) \quad (1)$$

- Wir betrachten in der Folge also das  $\Delta BDI$  Maß mit folgenden Interpretationen

|                  |   |                       |
|------------------|---|-----------------------|
| $\Delta BDI > 0$ | Verminderung der Depressionsymptomatik      | Wirksame Therapie     |
| $\Delta BDI = 0$ | Keine Veränderung der Depressionsymptomatik | Wirkungslose Therapie |
| $\Delta BDI < 0$ | Verstärkung der Depressionsymptomatik       | Schädigende Therapie  |

## Hinzufügen einer $\Delta$ BDI Spalte zum Dataframe

```
fname      <- file.path(data_path, "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         |

Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

**Deskriptive Statistiken**

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests



## Bedingungsunabhängige Auswertung

```
# Initialisierung eines Dataframes
data      <- D$Delta.BDI
descr_stat <- data.frame(
  n      = length(data),
  Max     = max(data),
  Min     = min(data),
  Median  = median(data),
  Mean    = mean(data),
  Var     = var(data),
  Std     = sd(data)
)

print(descr_stat)

# Datenvektor aus Dataframe kopieren
# Dataframeerzeugung
# Stichprobengröße
# Maximum
# Minimum
# Mediane
# Mittelwert
# Varianz
# Standardabweichung

# Ausgabe
```

|   | n   | Max | Min | Median | Mean | Var      | Std      |
|---|-----|-----|-----|--------|------|----------|----------|
| 1 | 100 | 12  | -1  | 6      | 5.54 | 5.826667 | 2.413849 |

# Exkurs: for-Schleifen (for-loops)

Mit for-loops können wir bestimmte Operationen mehrmals wiederholen.

Häufige Anwendungsfälle sind:

- Sequenzielle Iteration: Durchlaufen einer Sequenz von Werten

```
for (i in 1:3) {  
  print(i)  
}
```

```
[1] 1  
[1] 2  
[1] 3
```

- Listen/Vektoren-Iteration: Iteration über die Elemente einer Liste oder eines Vektors

```
fruits <- c("Orange", "Mango", "Kiwi")  
for (fruit in fruits) {  
  print(fruit)  
}
```

```
[1] "Orange"  
[1] "Mango"  
[1] "Kiwi"
```

- Wiederholung eines Codes für eine festgelegte Anzahl von Iterationen

```
for (wuerfelwurf in 1:3) {  
  print(sample(1:6, 1, replace = TRUE)) # Simulation eines Würfelwurfs  
}
```

```
[1] 4  
[1] 1  
[1] 3
```

## Bedingungsabhängige Auswertung

```
# Initialisierung eines Dataframes
th_bed      <- c("Klassisch", "Online")
n_th_bed    <- length(th_bed)
deskr_stat  <- data.frame(
  n      = rep(NaN, n_th_bed),
  Max    = rep(NaN, n_th_bed),
  Min    = rep(NaN, n_th_bed),
  Median = rep(NaN, n_th_bed),
  Mean   = rep(NaN, n_th_bed),
  Var    = rep(NaN, n_th_bed),
  Std    = rep(NaN, n_th_bed),
  row.names = th_bed)

# Therapiebedingungen
# Anzahl Therapiebedingungen
# Dataframeerzeugung
# Stichprobengrößen
# Maxima
# Minima
# Mediane
# Mittelwerte
# Varianzen
# Standardabweichungen
# Therapiebedingungen

# Iterationen über Therapiebedingungen
for (i in 1:n_th_bed){
  data      <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th_bed[i]] # Daten
  deskr_stat$n[i]      <- length(data)                # Stichprobengröße
  deskr_stat$Max[i]    <- max(data)                    # Maxima
  deskr_stat$Min[i]    <- min(data)                    # Minima
  deskr_stat$Median[i] <- median(data)                 # Mediane
  deskr_stat$Mean[i]   <- mean(data)                   # Mittelwerte
  deskr_stat$Var[i]    <- var(data)                    # Varianzen
  deskr_stat$Std[i]    <- sd(data)                     # Standardabweichungen
}
```

## Bedingungsabhängige Auswertung

```
# Ausgabe  
print(deskr_stat)
```

|           | n  | Max | Min | Median | Mean | Var      | Std      |
|-----------|----|-----|-----|--------|------|----------|----------|
| Klassisch | 50 | 12  | -1  | 6      | 6.16 | 7.075918 | 2.660060 |
| Online    | 50 | 9   | 1   | 5      | 4.92 | 3.911837 | 1.977836 |

- Die Anzahl der Proband:innen in beiden Therapiegruppen ist gleich.
- Die Spannweite der  $\Delta$ BDI Daten ist in der klassischen Therapieform leicht erhöht.
- Median und Mittelwert nehmen für die klassische Therapieform leicht höhere Werte an.
- Ein  $\Delta$ BDI Mittelwertsunterschied von 1 ist klinisch wohl eher vernachlässigbar.
- Median und Mittelwert sind in beiden Therapieformen ähnlich (unimodale Verteilung).
- Die Variabilitätsmaße zeigen eine etwas erhöhte Variabilität in der klassischen Therapieform.

## Bedingungsabhängige Visualisierung deskriptiver Statistiken

```
# Abbildungsparameter
par(
  mfcol      = c(1,2),
  family     = "sans",
  pty       = "m",
  bty       = "l",
  las       = 1,
  xaxs      = "i",
  yaxs      = "i",
  font.main  = 1,
  cex       = 1,
  cex.main   = 1.5
)

# für Details siehe ?par
# 1 x 2 Panelstruktur
# Serif-freier Fonttyp
# Maximale Abbildungsregion
# L-förmige Box
# Horizontale Achsenbeschriftung
# x-Achse bei y = 0
# y-Achse bei x = 0
# Non-Bold Titel
# Textvergrößerungsfaktor
# Titeltextrößerungsfaktor
```

## Bedingungsabhängige Visualisierung deskriptiver Statistiken

```
# Linkes Panel: Balkendiagramm mit Fehlerbalken
# -----

# Stichprobenmittelwert und Standardabweichung extrahieren
mw      <- desk_r_stat$Mean      # Gruppenmittelwert
sd      <- desk_r_stat$Std       # Gruppenstandardabweichung
names(mw) <- th_bed              # barplot braucht x-Werte als names

# Mit der Funktion barplot() ein Balkendiagramm plotten
x <- barplot(
  height = mw,                  # Speichern der der x-Ordinaten (?barplot für Details)
  col    = "gray90",           # Mittelwerte als Balkenhöhe
  ylim   = c(0,12),            # Balkenfarbe
  xlim   = c(0,3),             # y-Achsenbegrenzung
  xlab    = "Bedingung",        # x-Achsenbegrenzung
  main    = TeX("$\\Delta$ BDI$") # x-Achsenbeschriftung
)                                # Titel

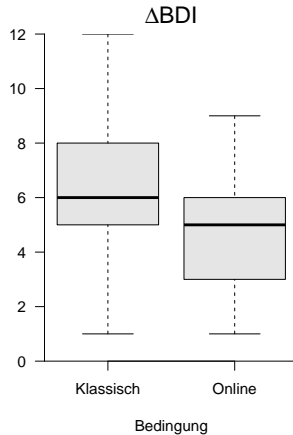
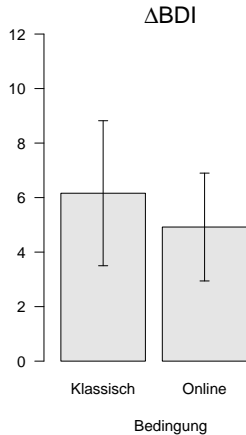
# Mit der Funktion arrows() Fehlerbalken zeichnen
arrows(
  x0      = x,                  # arrow start x-ordinate
  y0      = mw - sd,            # arrow start y-ordinate
  x1      = x,                  # arrow end x-ordinate
  y1      = mw + sd,            # arrow end y-ordinate
  code    = 3,                  # Pfeilspitzen beiderseits
  angle   = 90,                 # Pfeilspitzenwinkel -> Linie
  length  = 0.05                # Linielänge
)
```

## Bedingungsabhängige Visualisierung deskriptiver Statistiken

```
# Rechtes Panel: Boxplot
# -----

# Mit der Funktion boxplot() boxplots zeichnen
boxplot(
  D$Delta.BDI ~ D$Bedingung,          # Gruppierung der Delta.BDI Daten nach D$Bedingung mit "~"
  ylim = c(0, 12),                  # y-Achsenbegrenzung
  col = "gray90",                   # Boxfarbe
  ylab = "",                         # y-Achsenbeschriftung
  xlab = "Bedingung",               # x-Achsenbeschriftung
  main = TeX("$\\Delta$ BDI$")      # Titel
)
```

## Bedingungsabhängige Visualisierung deskriptiver Statistiken





Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

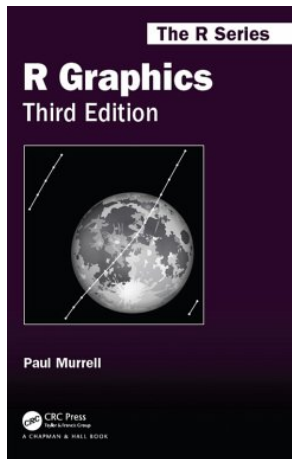
Deskriptive Statistiken

**Visualisierung**

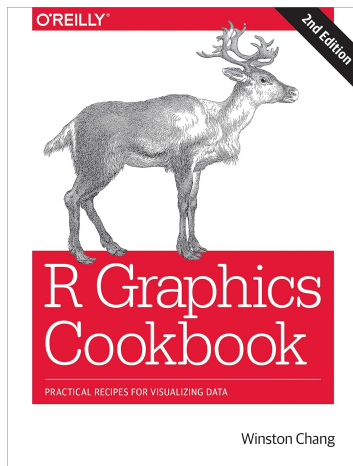
Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesentests



Murrell (2019)



Online-Buch, Chang (2013)

## 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

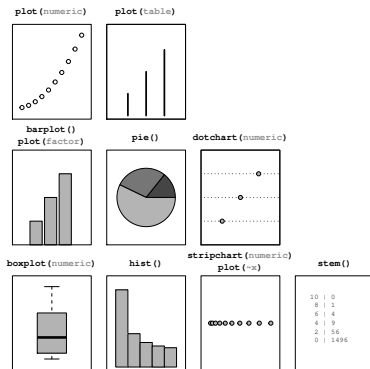
- **Erstellung und bedarfsgerechte Anpassung von Abbildungen**
- **Eher low-level, fine tuning orientiert**

### 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.

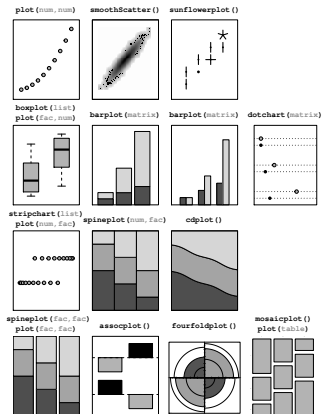
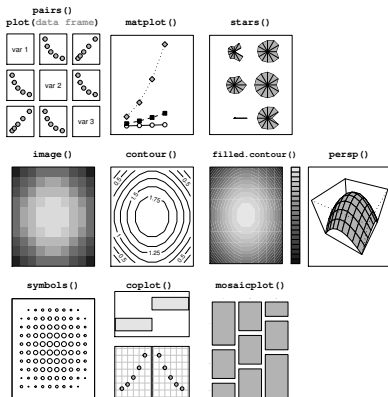


Figure 2.6

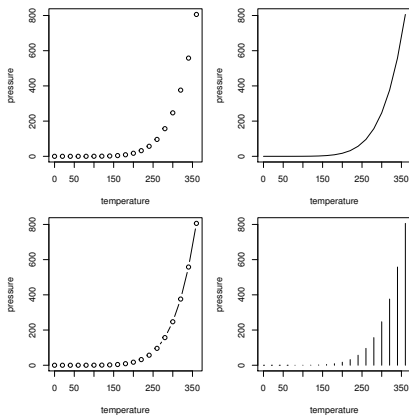
High-level base graphics plotting functions for producing plots of two variables. Where the function can be used to produce more than one type of plot, the relevant data type is shown (in gray). For example `plot(num, fac)` represents calling the `plot()` function with a numeric vector as the first argument 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).

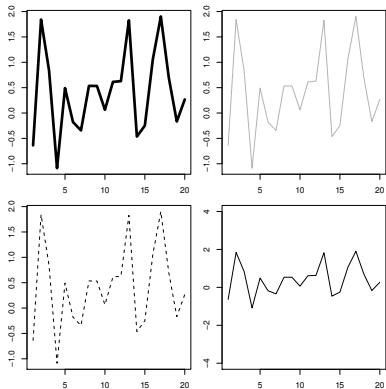
Murrell (2019)



**Figure 2.2**

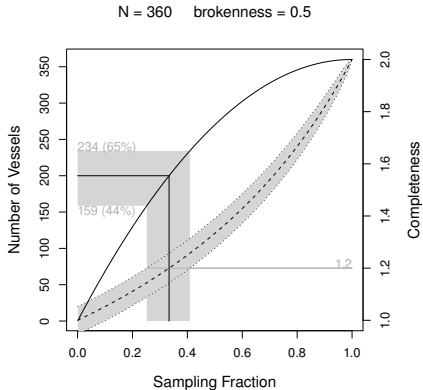
Four variations on a scatterplot. In each case, the plot is produced by a call to the `plot()` function with the same data; all that changes is the value of the `type` argument. At top-left, `type="p"` to give points (data symbols), at top-right, `type="l"` to give lines, at bottom-left, `type="b"` to give both, and at bottom-right, `type="h"` 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 `lwd` argument to control line thickness; the top-right plot uses the `col` argument to control line color; the bottom-left plot makes use of the `lty` argument to control line type; and the bottom-right plot uses the `ylim` argument to control the scale on the y-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.

Murrell (2019)

## 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.copy2pdf()
```

# Visualisierung

## Histogramme

```
# Histogrammparameter
h      <- 1
b_0    <- min(D$Delta.BDI)
b_k    <- max(D$Delta.BDI)
k      <- ceiling((b_k - b_0) / h)
b      <- seq(b_0, b_k, by = h)
ylimits <- c(0, .25)
xlimits <- c(-2, 14)
therapie <- c("Klassisch", "Online")
labs   <- c("Klassische Therapie", "Online Therapie")

# Abbildungsparameter
par(
  mfcol      = c(1, 2),
  family     = "sans",
  pty        = "m",
  bty        = "n",
  las        = 1,
  xaxs       = "i",
  yaxs       = "i",
  font.main  = 1,
  cex        = 1,
  cex.main   = 1
)

# Iteration über Therapiebedingungen
for(i in 1:2){
  hist(
    D$Delta.BDI[D$Bedingung == therapie[i]],
    breaks = b,
    freq   = F,
    xlim   = xlimits,
    ylim   = ylimits,
    xlab    = TeX("$\\Delta$ BDI"),
    ylab    = "",
    main    = labs[i]
  )
}

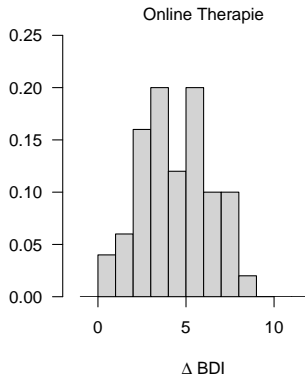
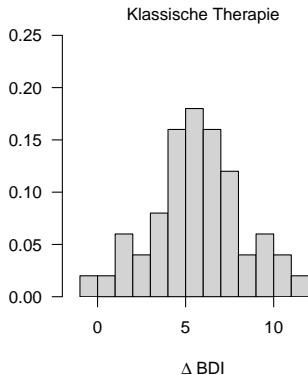
# PDF Speicherung
dev.copy2pdf(
  file      = file.path(abb_dir, "pds_11_histogramm.pdf"),
  width     = 8,
  height    = 4
)
```

```
# gewünschte Klassenbreite
# b_0
# b_0
# Anzahl der Klassen
# Klassen [b_{j-1}, b_j[
# y-Achsenlimits
# x-Achsenlimits
# Therapiebedingungen
# Abbildungslabel

# für Details siehe ?par
# 1 x 2 Panelstruktur
# Serif-freier Fonttyp
# Maximale Abbildungsregion
# L förmige Box
# Horizontale Achsenbeschriftung
# x-Achse bei y = 0
# y-Achse bei x = 0
# Non-Bold Titel
# Textvergrößerungsfaktor
# Titeltextrvergrößerungsfaktor

# Delta.BDI Werte von Therapiebedingung i
# Histogrammklassen
# normierte relative Häufigkeit
# x-Achsenlimits
# y-Achsenlimits
# x-Achsenbeschriftung
# y-Achsenbeschriftung
# Titelbeschriftung
```

## Histogramme



Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

**Parameterschätzung**

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

## Modellannahmen für Parameterschätzung und Konfidenzintervalle

Motiviert durch die therapieabhängige Visualisierung der  $\Delta$ BDI Daten und unseren wissenschaftssoziologischen Kontext legen wir nun das Normalverteilungsmodell zugrunde.

Wir nehmen also an, dass die  $\Delta$  BDI Werte Realisierungen von unabhängig verteilten Zufallsvariablen

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

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

Dies entspricht der Annahme, dass sich der  $\Delta$ BDI Wert einer Proband:in durch Addition einer normalverteilten Fehlervariable mit Erwartungswertparameter 0 und Varianzparameter  $\sigma_i^2$  zu den innerhalb einer Therapiebedingung identischen Wert  $\mu_i$  ergibt.

# Parameterschätzung

Zur Parameterschätzung im vorliegenden Modell nutzen wir

- den Maximum Likelihood Schätzer für  $\mu_i$
- den Varianzschätzer für  $\sigma_i^2$

```
# Initialisierung eines Dataframes
th_bed      <- c("Klassisch", "Online")
n_th_bed    <- length(th_bed)
theta_hats  <- data.frame(
  mu_ML      = rep(NA, n_th_bed),
  sigsqr_VAR = rep(NA, n_th_bed)
)

# Iterationen über Therapiebedingungen
for(i in 1:n_th_bed){
  data      <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th_bed[i]] # 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
}

# Ausgabe
print(theta_hats)
```

```
mu_ML sigsqr_VAR
1  6.16  7.075918
2  4.92  3.911837
```

Tipps für  $\mu_i$  und  $\sigma_i^2$  auf Grundlage dieser unverzerrten Schätzer sind also

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

Die mit diesen Tipps assoziierte Unsicherheit ist hier nicht angegeben.



Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

**Konfidenzintervalle**

Hypothesentests

# Konfidenzintervalle

## Konfidenzintervalle für die Erwartungswertparameterschätzer

```
# Analyseparameter
th_bed <- c("Klassisch", "Online")
n_th_bed <- length(th_bed)
n      <- 50

C <- data.frame(
  G_u      = rep(NaN, n_th_bed),
  mu_hat   = rep(NaN, n_th_bed),
  G_o      = rep(NaN, n_th_bed),
  row.names = th_bed
)

# Konfidenzintervallparameter
delta <- 0.95
psi_inv <- qt((1 + delta) / 2, n - 1)

# Konfidenzintervallevaluation
for(i in 1:n_th_bed){
  data <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th_bed[i]]
  X_bar <- mean(data)
  S <- sd(data)
  C$G_u[i] <- X_bar - (S / sqrt(n)) * psi_inv
  C$mu_hat[i] <- X_bar
  C$G_o[i] <- X_bar + (S / sqrt(n)) * psi_inv
}

# Ausgabe
print(C)
```

# Therapiebedingungen  
# Anzahl an Therapiebedingungen  
# Anzahl von Beobachtungen pro Therapiebedingung  
  
# Dataframeerzeugung  
# untere KI Grenze  
# Erwartungswertparameterschätzer  
# obere KI Grenze  
# Therapiebedingungen  
  
# Konfidenzlevel  
#  $\psi^{-1}((\delta + 1)/2, n-1)$

|           | G_u      | mu_hat | G_o      |
|-----------|----------|--------|----------|
| Klassisch | 5.404019 | 6.16   | 6.915981 |
| Online    | 4.357905 | 4.92   | 5.482095 |

# Konfidenzintervalle

## Konfidenzintervalle für die Varianzparameterschätzer

```
# Analyseparameter
th_bed <- c("Klassisch", "Online")
n_th_bed <- length(th_bed)
n <- 50

C <- data.frame(
  G_u      = rep(NA, n_th_bed),
  sigsq_r_hat = rep(NA, n_th_bed),
  G_o      = rep(NA, n_th_bed),
  row.names = th_bed
)

# Konfidenzintervallparameter
delta <- 0.95
xi_1 <- qchisq((1 - delta) / 2, n - 1)
xi_2 <- qchisq((1 + delta) / 2, n - 1)

# Konfidenzintervallevaluation
for(i in 1:n_th_bed){
  data <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th_bed[i]]
  S2 <- var(data)
  C$G_u[i] = (n - 1) * S2 / xi_2
  C$sigsqr_hat[i] = S2
  C$G_o[i] = (n-1) * S2 / xi_1
}

# Ausgabe
print(C)
```

|           | G_u      | sigsqr_hat | G_o       |
|-----------|----------|------------|-----------|
| Klassisch | 4.937455 | 7.075918   | 10.987828 |
| Online    | 2.729613 | 3.911837   | 6.074489  |

Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

**Hypothesentests**

## (1) Anwendungsszenario und (2) Statistisches Inferenzmodell

### Was ist das zugrundeliegende Statistische Modell?

Wir nehmen an, dass die  $\Delta$  BDI Werte, also der uns vorliegende Datensatz Realisierungen von unabhängig verteilten Zufallsvariablen

$$v_{ij} \sim N(\mu_i, \sigma^2), i = 1, 2, j = 1, \dots, 50 \quad (4)$$

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

### Motivation für Hypothesentests

Die Parameter  $\mu_1, \mu_2$ , und  $\sigma^2$  sind unbekannt. Basierend auf unserem Datensatz schätzen wir Werte für die Parameter. Da wir davon ausgehen, dass eine Realisierung von Zufallsvariablen *Zufälligkeit* enthält, können wir uns nicht *sicher* sein, dass diese Schätzungen die wahren Parameterwerte widerspiegeln. Deshalb möchten wir die mit unserer Schätzung verbundenen Unsicherheit beim inferentiellen Vergleich von  $\mu_1$  mit  $\mu_2$  quantifizieren.

### Geeigneter Hypothesentest für vorliegende Forschungsfrage

Dafür können wir einen Zweistichproben-T-Test bei unabhängigen Stichproben unter Annahme identischer Varianz durchführen.

Wir 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 und verwenden dafür einen **zweiseitigen Zweistichproben-T-Test**.

## (3) Testhypothesen

Was sind geeignete Null- und Alternativhypothesen? Was soll der Typ-I Fehler sein?

Wir betrachten die einfache Nullhypothese und die zusammengesetzte Alternativhypothese

$$H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0 \Leftrightarrow \mu_1 = \mu_2 \text{ und} \quad (5)$$

$$H_1 : \mu_1 - \mu_2 \neq 0 \Leftrightarrow \mu_1 \neq \mu_2 \quad (6)$$

## (4) Definition und (5) Verteilung der Teststatistik

Was ist der Testgegenstand"? Was ist die Kenngröße, die getestet wird?

Die T-Teststatistik für den Zweistichproben-T-Test ist gegeben durch

$$T = \sqrt{\frac{n_1 n_2}{n_1 + n_2}} \left( \frac{\bar{y}_1 - \bar{y}_2 - \mu_0}{s_{12}} \right) \quad (7)$$

und dessen Verteilung durch

$$T \sim t(d, n_1 + n_2 - 2) \text{ mit } d = \sqrt{\frac{n_1 n_2}{n_1 + n_2}} \left( \frac{\mu_1 - \mu_2 - \mu_0}{\sigma} \right). \quad (8)$$

wobei  $\bar{y}_1$  und  $\bar{y}_2$  die Stichprobenmittel der Gruppen Klassische und Online-Therapie, respektive sind,  $n_1$  und  $n_2$  die jeweiligen Stichprobengrößen und  $s_{12} = \sqrt{s_{12}^2}$  die *gepoolte Stichprobenstandardabweichung*. Die *gepoolte Stichprobenvarianz* ist gegeben durch

$$s_{12}^2 := \frac{\sum_{j=1}^{n_1} (y_{1j} - \bar{y}_1)^2 + \sum_{j=1}^{n_2} (y_{2j} - \bar{y}_2)^2}{n_1 + n_2 - 2} \quad (9)$$

## (6) Testdefinition

Wie funktioniert der Test?

$$\phi(y) := 1_{\{|T| \geq k\}} = \begin{cases} 1 & |T| \geq k \\ 0 & |T| < k \end{cases}. \quad (10)$$



## (7) Testgütefunktion

Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass der Test den Wert 1 ergibt unter verschiedenen möglichen wahren, aber unbekannten Parameterwerten?

### Theorem (Testgütefunktion des Zweistichproben-T-Tests)

Es sei  $\phi$  der im obigen Modell formulierte Zweistichproben-T-Test. Dann ist die Testgütefunktion von  $\phi$  gegeben durch

$$q_\phi : \mathbb{R}^2 \rightarrow [0, 1], (\mu_1, \mu_2) \mapsto q_\phi(\mu_1, \mu_2) \\ := 1 - \psi(k; \delta, n_1 + n_2 - 2) + \psi(-k; \delta, n_1 + n_2 - 2) \quad (11)$$

wobei  $\psi(\cdot; \delta, n_1 + n_2 - 2)$  die KVF der nichtzentralen  $t$ -Verteilung mit Nichtzentralitätsparameter

$$\delta := \sqrt{\frac{n_1 n_2}{n_1 + n_2}} \frac{\mu_1 - \mu_2}{\sigma} \quad (12)$$

und Freiheitsgradparameter  $n_1 + n_2 - 2$  bezeichnet.

## (8) Testumfangkontrolle

Wie kann ich die Wahrscheinlichkeit dafür, dass der Test den Wert 1 ergibt, obwohl der Nullhypothesenparameterwert "wahr" wäre (Typ-I Fehler) kontrollieren?

### Theorem (Testumfangkontrolle)

$\phi$  sei der im obigen Testszenario definierte Test. Dann ist  $\phi$  ein Level- $\alpha_0$ -Test mit Testumfang  $\alpha_0$ , wenn der kritische Wert definiert ist durch

$$k_{\alpha_0} := \psi^{-1}\left(1 - \frac{\alpha_0}{2}; n_1 + n_2 - 2\right), \quad (13)$$

wobei  $\psi^{-1}(\cdot; n_1 + n_2 - 2)$  die inverse KVF der  $t$ -Verteilung mit  $n_1 + n_2 - 2$  Freiheitsgraden ist.

## Manueller Zweistichproben-T-Test

```
# Datenauswahl
y_1      <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == "Klassisch"]
y_2      <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == "Online"]
n_1      <- length(y_1)
n_2      <- length(y_2)
alpha_0  <- 0.05
k_alpha_0 <- qt(1 - (alpha_0 / 2), n_1 + n_2 - 2)
y_bar_1  <- mean(y_1)
y_bar_2  <- mean(y_2)
s_12     <- sqrt(
  (sum((y_1 - y_bar_1)^2) + sum((y_2 - y_bar_2)^2)) /
  (n_1 + n_2 - 2)
)
t        <- (sqrt(
  (n_1 * n_2) / (n_1 + n_2))
  * ((y_bar_1 - y_bar_2 - 0) / s_12)
)
if (abs(t) >= k_alpha_0) {
  phi <- 1
} else {
  phi <- 0
}
pval <- 2 * (1 - pt(abs(t), n_1 + n_2 - 2))

# \Delta.BDI Daten Klassische Therapie
# \Delta.BDI Daten Online Therapie
# Stichprobengröße n_1
# Stichprobengröße n_2
# Signifikanzniveau
# kritischer Wert
# y_bar_1
# y_bar_2
# gepoolte Standardabweichung s_12
# Zweistichproben-T-Teststatistik
# Test 1_{|T| >= k_alpha_0}
# Ablehnen von H_0
# Nicht-Ablehnen von H_0
# p-Wert (pt() hat default ncp=0)
```

## Manueller Zweistichproben-T-Test

```
# Ausgabe
cat("\ny_bar_1          = ", y_bar_1,
    "\ny_bar_2          = ", y_bar_2,
    "\nFreiheitsgrade    = ", n_1 + n_2 - 2,
    "\nSignifikanzlevel   = ", alpha_0,
    "\nKritischer Wert    = ", k_alpha_0,
    "\nTeststatistik       = ", t,
    "\nTestwert           = ", phi,
    "\np-Wert             = ", pval)
```

```
y_bar_1      = 6.16
y_bar_2      = 4.92
Freiheitsgrade = 98
Signifikanzlevel = 0.05
Kritischer Wert = 1.984467
Teststatistik = 2.645162
Testwert     = 1
p-Wert       = 0.00951137
```

Folgendes können wir aus dieser Zusammenfassung ablesen:

- Die Stichprobenmittel der zwei Datensätze sind 6.16 und 4.92
- Die Anzahl der Freiheitsgrade ist 98
- Das Signifikanzniveau dieses Tests  $\alpha_0$  ist 0.05
- Der kritische Wert  $k_{\alpha_0}$  ist 1.98
- Der Wert der T-Teststatistik  $T$  ist 2.65
- Das Ergebnis des Tests  $\phi$  ist 1 (Wie zu erwarten, da hier  $T > k_{\alpha_0}$ )
- $\Rightarrow$  Wir lehnen die Nullhypothese  $H_0 : \mu_1 = \mu_2$  ab.
- Der p-Wert beträgt 0.00951

## R Implementation des Zweistichproben-T-Tests

```
# Automatischer Zweistichproben-T-Test
varphi = t.test(
  y_1,
  y_2,
  var.equal = TRUE,
  alternative = c("two.sided"),
  conf.level = 1 - alpha_0)

# ?t.test für Details
# Datensatz y_1
# Datensatz y_2
# \sigma_1^2 = \sigma_2^2
# H_1: \mu_1 \neq \mu_2
# \delta = 1 - \alpha_0 (sic!)

# Ausgabe
print(varphi)
```

### Two Sample t-test

```
data: y_1 and y_2
t = 2.6452, df = 98, p-value = 0.009511
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.3097205 2.1702795
sample estimates:
mean of x mean of y
   6.16    4.92
```

Folgendes können wir aus dieser Zusammenfassung ablesen:

- Es wurden die Daten verwendet, die in den Variablen  $x_1$  und  $x_2$  gespeichert sind.
- Der Wert der T-Teststatistik  $T$  ist 2.65
- Die Anzahl der Freiheitsgrade, engl.: degrees of freedom (df) ist 98
- Die Alternativhypothese ist, dass die "wahre" Differenz zwischen  $\mu_1$  und  $\mu_2$  gleich 0 ist.
- Das 95%-Konfidenzintervall der geschätzten Erwartungswertdifferenz ist  $[0.31, 2.17]$ .
- Die Stichprobenmittel der zwei Datensätze sind 6.16 und 4.92
- Der p-Wert beträgt (gerundet) 0.01.
- $\Rightarrow$  Da dieser Wert kleiner als das festgelegte Signifikanzniveau 0.05 ist, kann die Nullhypothese  $H_0 : \mu_1 = \mu_2$  abgelehnt werden.

## R Implementation des Zweistichproben-T-Tests

Die Werte, die in der automatischen Ausgabe angezeigt werden sind gerundet. Die exakten Werte sind jedoch im Objekt `varphi` gespeichert und wir können diese aufrufen.

```
# Genauere Ausgabe t  
paste(varphi[1])
```

```
[1] "c(t = 2.64516155336263)"
```

```
# Genauere Ausgabe p  
paste(varphi[3])
```

```
[1] "0.00951137026459394"
```

1. Simulieren Sie einen Beispieldatensatz mit Daten einer Evaluation von 3 verschiedenen Psychotherapieformen bei Depression mit 100 Versuchspersonen pro Gruppe und zwei Messzeitpunkten (vor Intervention und nach Intervention).
2. Variieren Sie die Parameter der Simulationen für zwei Szenarien, in denen jeweils in *nur einer* Gruppe im Mittel ein Unterschied zwischen Pre- und Post-BDI-Werten besteht.
3. Berechnen Sie die bedingungsabhängigen deskriptive Statistiken und visualisieren Sie diese.
4. Berechnen Sie die Parameterschätzer für Erwartungswert und Varianz und bestimmen Sie die deren Konfidenzintervalle.
5. Was sind die zugrundeliegenden Modellannahmen im Rahmen der Frequentistischen Inferenz?
6. Wählen Sie zwei Gruppen, und führen Sie einen Zweistichproben-T-Test durch, um die Hypothese testen, dass ein Unterschied in der BDI-Veränderung zwischen diesen Gruppen besteht. Wählen Sie dafür sinnvolle Null- und Alternativhypothesen. Welche Annahmen müssen Sie vor Durchführung des Tests treffen?

- Chang, Winston. 2013. *R Graphics Cookbook*. Beijing Cambridge Farnham Köln Sebastopol Tokyo: O'Reilly.
- Murrell, Paul. 2019. *R Graphics*. Third edition. The R Series. Boca Raton: CRC Press, Taylor & Francis Group.