

Programmierung und Deskriptive Statistik

BSc Psychologie WiSe 2024/25

Belinda Fleischmann

Datum	Einheit	Thema	Form
15.10.24	R Grundlagen	(1) Einführung	Seminar
22.10.24	R Grundlagen	(2) R und Visual Studio Code	Seminar
29.10.24	R Grundlagen	(2) R und Visual Studio Code	Übung
05.11.24	R Grundlagen	(3) Vektoren, (4) Matrizen	Seminar
12.11.24	R Grundlagen	(5) Listen und Dataframes	Seminar
	Leistungsnachweis 1		
19.11.24	R Grundlagen	(6) Datenmanagement	Seminar
26.11.24	R Grundlagen	(2)-(6) R Grundlagen	Übung
03.12.24	Deskriptive Statistik	(7) Häufigkeitsverteilungen	Seminar
10.12.24	Deskriptive Statistik	(8) Verteilungsfunktionen und Quantile	Seminar
	Leistungsnachweis 2		
17.12.24	Deskriptive Statistik	(9) Maße der zentralen Tendenz und Datenvariabilität	Seminar
	Weihnachtspause		
07.01.25	R Grundlagen	(10) Strukturiertes Programmieren: Kontrollfluss, Debugging	Seminar
14.01.25	Deskriptive Statistik	(11) Anwendungsbeispiel	Übung
	Leistungsnachweis 3		
21.01.25	Deskriptive Statistik	(11) Anwendungsbeispiel	Seminar
28.01.25	Deskriptive Statistik	(11) Anwendungsbeispiel, Q&A	Seminar

(7) Häufigkeitsverteilungen

Beispieldatensatz

Häufigkeitsverteilungen

Histogramme

Programmierübungen und Selbstkontrollfragen

Beispieldatensatz

Häufigkeitsverteilungen

Histogramme

Programmierübungen und Selbstkontrollfragen

Definition und Ziele der Deskriptive Statistik

- Die Deskriptive Statistik ist die beschreibende Statistik.
- Ziel der Deskriptiven Statistik ist es, Daten übersichtlich darzustellen.
- Deskriptive Statistik ist inbesondere bei großen Datensätzen sinnvoll.
- Die Deskriptive Statistik berechnet zusammenfassende Maße aus Daten.

Typische Methoden der Deskriptiven Statistik

- Häufigkeitsverteilungen und Histogramme
- Verteilungsfunktionen und Quantile
- Maße der zentralen Tendenz und der Datenvariabilität
- Zusammenhangsmaße

Die Deskriptive Statistik benutzt keine probabilistischen Modelle, aber die Methoden der Deskriptiven Statistik ergeben nur vor dem Hintergrund probabilistischer Modelle Sinn.

Beispieldatensatz

Häufigkeitsverteilungen

Histogramme

Programmierübungen und Selbstkontrollfragen

Beispieldatensatz

Evidenzbasierte Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression

Welche Therapieform ist bei Depression wirksamer?

Online Psychotherapie



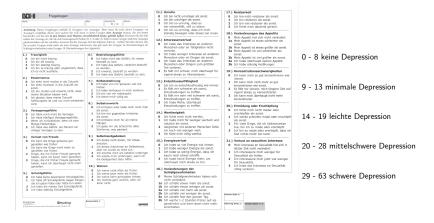
Klassische Psychotherapie



Beispieldatensatz

Evidenzbasierte Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression

Becks Depressions-Inventar (BDI) zur Depressionsdiagnostik



Beispiel: Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression



Beispieldatensatz

Einlesen des Datensatzes mit read.table()

```
file_path <- file.path(data_dir_path, "psychotherapie_datensatz.csv")
# file_path könnte beispielsweise so aussehen:
# "/home/username/uni/progr-und-deskr-stat-24/Daten/psychotherapie_datensatz.csv"

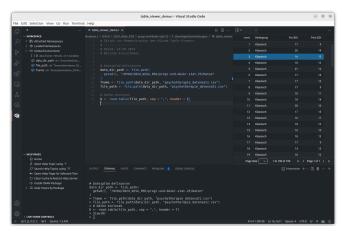
D <- read.table(file_path, sep = ",", header = T)</pre>
```

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

VSCode Interactive Viewers

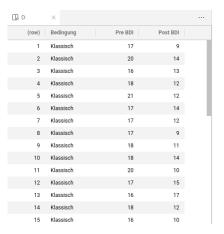
Table Viewer



VS Code Wiki - Interactive viewers

Beispieldatensatz

Datensatzübersicht mit View()



Beispieldatensatz

Häufigkeitsverteilungen

Histogramme

Programmierübungen und Selbstkontrollfragen

Absolute und relative Häufigkeitsverteilungen

Definition (Absolute und relative Häufigkeitsverteilungen)

 $x:=(x_1,...,x_n)$ mit $x_i\in\mathbb{R}$ sei ein Datensatz (manchmal auch "Urliste" genannt) und $A:=\{a_1,...,a_k\}$ mit $k\leq n$ seien die im Datensatz vorkommenden verschiedenen Zahlenwerte (manchmal auch "Merkmalsausprägunge" genannt). Dann heißt die Funktion

$$h: A \to \mathbb{N}, a \mapsto h(a) := \mathsf{Anzahl} \ \mathsf{der} \ x_i \ \mathsf{aus} \ x \ \mathsf{mit} \ x_i = a$$
 (1)

die absolute Häufigkeitsverteilung der Zahlenwerte von \boldsymbol{x} und die Funktion

$$r: A \to [0,1], a \mapsto r(a) := \frac{h(a)}{n} \tag{2}$$

die relative Häufigkeitsverteilung der Zahlenwerte von x.

Bemerkungen

- Absolute und relative Häufigkeitsverteilungen fassen Datensätze zusammen
- Absolute und relative Häufigkeitsverteilungen können einen ersten Datenüberblick geben

Berechnung der Häufigkeitsverteilungen

Die absoluten Häufigkeiten einer kategorialen Variable können in R mit der Funktion table() bestimmt werden.

Die relativen Häufigkeiten erhält man, indem man die absoluten Häufigkeiten durch die Stichprobengröße n teilt.

```
a h r
1 14 1 0.01
2 15 3 0.03
3 16 6 0.06
4 17 17 0.17
5 18 21 0.21
6 19 20 0.20
7 20 17 0.17
8 21 12 0.12
9 22 2 0.02
10 23 1 0.01
```

Visualisierung Häufigkeitsverteilungen

Visualisierung der absoluten Häufigkeitsverteilung mit barplot()

```
<- H$h
                            # Kopie der absoluten Häufigkeiten in einen Vektor
names(h) <- H$a
                            # Den Häufigkeitswerten die entsprechenden Kategorien zuweisen
barplot(
                            # Balkendiagramm
 h.
                            # absolute Haeufigkeiten
 col = "gray90",
                          # Balkenfarbe
 xlab = "a",
                          # x Achsenbeschriftung
 vlab = "h(a)",
                        # y Achsenbeschriftung
 ylim = c(0, 25),
                   # y Achsengrenzen
 las = 2,
                       # x Tick Orientierung (2: perpendicular to the axis)
 main = "Pre BDI"
                           # Titel
```

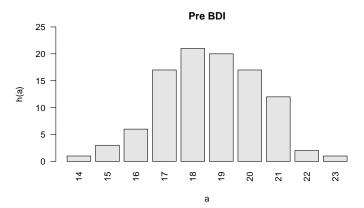
Anmerkungen

 Allgemeine R Graphics Plot Parameter können mit ?par und Plotspezifische Parameter auf der jeweiligen Plot Help Page (z.B. ?barplot) nachgeschlagen werden

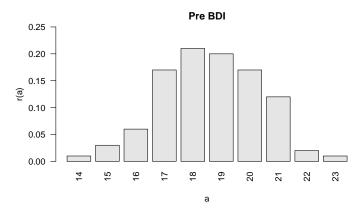
Speichern von VL_Abbildungen mit dev.copy2pdf()

```
# Variante 1: Dateinamen im selben Verzeichnis wie das Skript erstellen
skript_dir_path <- sys.frame(1) % ofile # Verzeichnis des aktuellen Skripts ermitteln
               <- file.path(
                                     # Absoluter Pfad zur Zieldatei im Skriptverzeichnis
abb fname
  skript_verzeichnis,
  "pds_7_ha_prebdi.pdf"
# Variante 2: Dateinamen in einem Unterverzeichnis "Abbildungen" erstellen
abb_dir_path
               <- file.path(
                                      # Absoluter Pfad zum Unterverzeichnis "Abbildungen"
 getwd().
                                      # Im Beispiel hier: im aktuellen working directory
  "Abbildungen"
               <- file.path(
abb_fname
                                      # Absoluter Pfad zur Zieldatei im Abbildungsverzeichnis
 abb_verzeichnis,
  "pds 7 ha prebdi.pdf"
# Speichern der Abbildung als PDF
dev.copv2pdf(
                                      # PDF Kopierfunktion
 file = abb fname.
                                     # Dateiname
 width = 7,
                                     # Breite (inch)
 height = 4
                                      # Höhe (inch)
```

Absolute Häufigkeitsverteilung aller Pre-BDI Werte



Relative Häufigkeitsverteilung aller Pre-BDI Werte



Grafikfenster und Plot Viewer in VS Code

Der base VSCode-R plot viewer (png device)

Wenn Visualisierungen in R erstellt werden, öffnet sich standardmäßig ein Grafikfenster (graphical device). Dieses Fenster wird verwendet, um die Plots anzuzeigen.



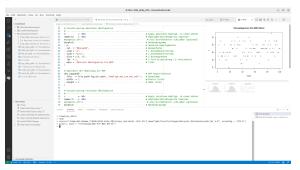
In Theorie können Grafikfenster mit dev.new() neu geöffnet und mit dev.off() geschlossen werden. Allerdings ist dieses Verhalten in VS Code nicht immer konsistent. Mit graphics.off() können jedoch alle noch offenen Grafikfenster geschlossen werden, bevor eine neue erstellt werden soll.

Für eine optimierte Anzeige von Grafiken innerhalb der VS Code-Umgebung ist es empfehlenswert, den httpgd-based Plot Viewer zu verwenden.

Grafikfenster und Plot Viewer in VS Code

httpgd-based Plot Viewer

Das R-Paket httpgd vereinfacht die Arbeit mit Grafiken über den VS Code Plot viewer.



- Nach der Installation des Pakets kann dieser Plot Viewer in den VS Code-Einstellungen über die Option r.plot.useHttpgd aktiviert werden.
- · Nach dem Ausführen eines Plot-Befehls öffnen sich die Grafiken automatisch im Plot Viewer.
- Nacheinander erstellte Grafiken werden nicht überschrieben, sondern als separate Ansichten hintereinander angezeigt und können durchgescrollt werden.

VS Code Wiki - Interactive viewers

Beispieldatensatz

Häufigkeitsverteilungen

Histogramme

Programmierübungen und Selbstkontrollfragen

Definition (Histogramm)

Ein $\emph{Histogramm}$ ist ein Diagramm, in dem zu einem Datensatz $x=(x_1,...,x_n)$ mit verschiedenen Zahlenwerten $A:=\{a_1,...,a_m\}, m\leq n$ über benachbarten Intervallen $[b_{j-1},b_j[$, welche $\emph{Klassen}$ oder \emph{Bins} genannt werden, für j=1,...,k Rechtecke mit

$$\label{eq:beta} \begin{array}{ll} \text{Breite} & d_j = b_j - b_{j-1} \\ \text{H\"{o}he} & h(a) \text{ oder } r(a) \text{ mit } a \in [b_{j-1}, b_j[$$

abgebildet sind, wobei $b_0 := \min A$ und $b_k := \max A$ angenommen werden soll.

Bemerkungen

- ullet Das Aussehen eines Histogramms ist stark von der Anzahl k der Klassen abhängig.
- Im Folgenden sind einige konventionelle Methoden zur Bestimmung von k aufgeführt ($\lceil \cdot \rceil$ ist die Aufrundungsfunktion).

$$k \coloneqq \lceil \frac{b_k - b_0}{h} \rceil \qquad \qquad \text{Bestimmung der Anzahl der Klassen aus gewünschter Klassenbreite } h$$

$$k := \lceil \sqrt{n} \rceil$$
 Klassenanzahl in Excel

$$k := \lceil \log_2 n + 1 \rceil$$
 Implizite Normalverteilungsannahme (Sturges, 1926)

$$h:=3.49\cdot rac{S_n}{3\sqrt{n}}$$
 Berechnung h nach Scott (1979): Min. MSE Dichteschätzung bei Normalverteilung

Berechnung und Visualisierung von Histogrammen

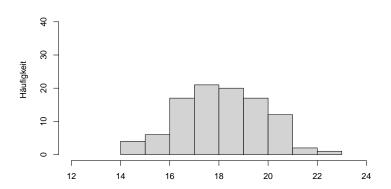
Berechnung und Visualisierung von Histogrammen mit hist()

- ullet Die Klassen $[b_{j-1},b_{j}[,j=1,...,k$ werden als Argument breaks festgelegt
- ullet breaks ist der atomic vector $\mathbf{c}(b_0,b_1,...,b_k)$ mit Länge k+1
- Per default benutzt hist() eine Modifikation der Sturges Empfehlung $k = \lceil \log_2 n + 1 \rceil$
- hist() bietet eine Vielzahl weiterer Spezifikationsmöglichkeiten

```
# Default Histogramm
     <- D$Pre.BDI
                            # Datensatz
                           # x Achsengrenze (links)
x_min <- 12
x max <- 25
                            # x Achsengrenze (rechts)
v min <- 0
                           # v Achsengrenze (unten)
y_max <- 45
                            # y Achsengrenze (oben)
hist(
                            # Histogramm
                            # Datensatz
 х,
 xlim = c(x_min, x_max), # x Achsengrenzen
 ylim = c(y_min, y_max),  # y Achsengrenzen
 vlab = "Häufigkeit", # y-Achsenbezeichnung
 xlab = "",
             # x-Achsenbezeichnung
 main = "Pre-BDI, R Default" # Titel
```

Visualisierung

Pre-BDI, R Default



Histogramm mit hist() und default breaks - Beispiel

Ausgabe der Ergebnisse

```
# Histogrammdaten berechnen, ohne Plot auszugeben
histogram data <- hist(  # Speichert die Ergebnisse von hist()
                              # Datensatz
 х,
 plot = FALSE
                              # Verhindert die direkte Darstellung des Plots
print(histogram_data)
                              # Ausgabe der Ergebnisse
$breaks
[1] 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23
$counts
[1] 4 6 17 21 20 17 12 2 1
$density
[1] 0.04 0.06 0.17 0.21 0.20 0.17 0.12 0.02 0.01
$mids
[1] 14.5 15.5 16.5 17.5 18.5 19.5 20.5 21.5 22.5
$xname
[1] "x"
$equidist
[1] TRUE
attr(,"class")
[1] "histogram"
```

Histogramme mit alternativen Klassengrößen

Berechnung von Klassenanzahlen und breaks Argument

```
# Histogramm mit gewuenschter Klassenbreite
h <- 1
                         # gewuenschte Klassenbreite
b_0 \leftarrow min(x)
b_k < - max(x)
                       # b_k
# Excelstandard
                      # Anzahl Datenwerte
n <- length(x)
k <- ceiling(sqrt(n)) # Anzahl der Klassen
 \leftarrow seq(b_0, b_k, len = k + 1) # Klassen [b_{j-1}, b_{j}]
 \leftarrow b[2] - b[1]
                        # Klassenbreite
# Sturges
n <- length(x)
              # Anzahl Datenwerte
h < -b[2] - b[1]
                        # Klassenbreite
# Scott
n <- length(x)
                 # Anzahl Datenwerte
S < - sd(x)
                   # Stichprobenstandardabweichung
h <- ceiling(3.49*S/(n^(1/3))) # Klassenbreite
```

Berechnung und Visualisierung - alternative Klassengrößen

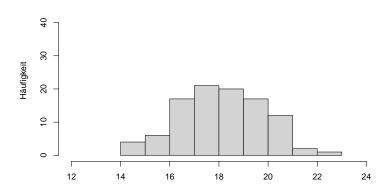
Berechnung und Visualisierung von Histogrammen mit hist()

- Die Klassen $[b_{j-1},b_j[,j=1,...,k,$ die in der Variable ${\tt b}$ gespeichert sind, werden als Argument mit breaks festgelegt
- breaks ist der atomic vector $c(b_0,b_1,...,b_k)$ mit Länge k+1

```
# Default Histogramm
     <- D$Pre.BDT
                                                        # Datensatz
x_min <- 12
                                                         # x Achsengrenze (unten)
x_max <- 25
                                                        # x Achsengrenze (oben)
v_min <- 0</pre>
                                                         # y Achsengrenze (oben)
y_max <- 30
                                                        # v Achsengrenze (unten)
hist(
                                                        # Histogramm
 х.
                                                        # Datensatz
 breaks = b.
                                                        # breaks
 xlim = c(x min, x max).
                                                        # x Achsengrenzen
 ylim = c(y_min, y_max),
                                                        # y Achsengrenzen
 vlab = "Häufigkeit",
                                                        # y-Achsenbezeichnung
 xlab = "".
                                                        # x-Achsenbezeichnung
        = sprintf("Pre-BDI, k = %.0f, h = %.2f", k, h) # Titel
 main
```

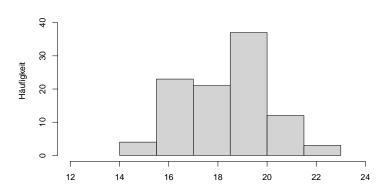
Gewünschte Klassenbreite h := 1

Pre-BDI, k = 9, h = 1.00



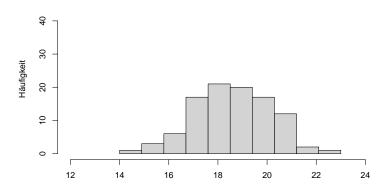
Gewünschte Klassenbreite h := 1.5

Pre-BDI, k = 6, h = 1.50



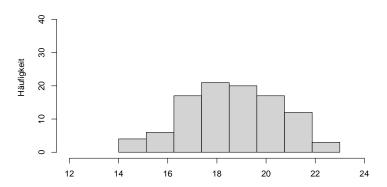
Excelstandard $k := \lceil \sqrt{n} \rceil$

Pre-BDI, k = 10, h = 0.90

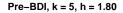


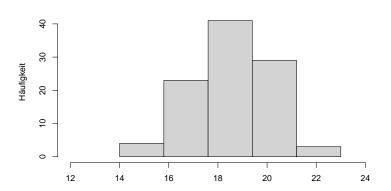
nach Sturges (1926) , $k := \lceil \log_2 n + 1 \rceil$

Pre-BDI, k = 8, h = 1.12



nach Scott (1979) , $h:=3.49S_n/\sqrt[3]{n}$





Be is piel daten satz

Häufigkeitsverteilungen

Histogramme

Programmierübungen und Selbstkontrollfragen

Programmierübungen

- 1. Visualisiere die absoluten und relativen Häufigkeitsverteilungen der Post-BDI-Daten des Beispieldatensatzes psychotherapie_datensatz.csv. Speichere die erstellten Diagramme als PDF-Dateien im gleichen Verzeichnis, in dem das Skript für diese Aufgabe liegt. Stelle sicher, dass sowohl die Achsentitel als auch die Legenden klar und beschreibend sind.
- Visualisiere die Häufigkeitsverteilungen der Differenzen zwischen Post- und Pre-BDI-Daten.
 Speichere die Diagramme in einem Abbildungsverzeichnis und achte darauf, dass die Darstellung für spätere Vergleiche konsistent ist.
- 3. Visualisiere die Häufigkeitsverteilungen der Differenzen zwischen Post- und Pre-BDI-Daten getrennt nach den experimentellen Bedingungen ("Klassisch" und "Online"). Nutze dein Wissen zu Indizierung in R, um die Daten korrekt zu filtern, und beschrifte die Diagramme und PDF-Dateien entsprechend.
- Beschreibe die in den vorherigen Aufgaben erstellten Häufigkeitsverteilungen. Gehe dabei auf Unterschiede in Form, Lage und Streuung ein.

Programmierübungen

- Erstelle Histogramme der Differenzen zwischen Post- und Pre-BDI-Daten mithilfe verschiedener Methoden zur Bestimmung der Klassengröße. Beschrifte alle Diagramme klar und lege sie im Abbildungsverzeichnis ab.
- 6. Vergleiche und beschreibe die Unterschiede zwischen den in Aufgabe 5 erstellten Histogrammen. Diskutiere insbesondere, wie die Wahl der Klassengrößen und -anzahlen die Form und die Interpretation der Verteilungen beeinflusst.

Selbstkontrollfragen

- 1. Definiere die Begriffe der absoluten und relativen Häufigkeitsverteilungen.
- 2. Definiere den Begriff des Histogramms.
- 3. Erläutere die Bedeutung der Klassenanzahl für das Erscheinungsbild eines Histogramms.

References

Scott, David W. 1979. "On Optimal and Data-Based Histograms," 6.

Sturges, Herbert A. 1926. "The Choice of a Class Interval." Journal of the American Statistical Association 21 (153): 65–66. https://doi.org/10.1080/01621459.1926.10502161.