

# 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

(11) Anwendungsbeispiel

Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesent ests

# Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

 ${\sf Parameters ch\"{a}tzung}$ 

Konfidenzintervalle

Hypothesentests

# Forschungsfrage

## Evidenzbasierte Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression

Welche Therapieform ist bei Depression wirksamer?

Online Psychotherapie



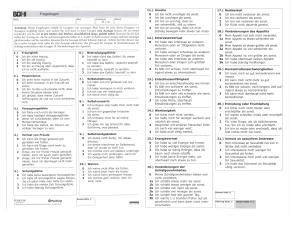
Klassische Psychotherapie



## Beispiel: Evaluation von Psychotherapieformen bei Depression



## Becks Depressions-Inventar (BDI) zur Depressionsdiagnostik



- 0 8 keine Depression
- 9 13 minimale Depression
- 14 19 leichte Depression
- 20 28 mittelschwere Depression
- 29 63 schwere 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 = TRUE)</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

#### Bonus: Datensimulation

```
# Seed setzen
set.seed(5)
                                                  # Startwert für den Zufallsgenerator setzen
# Simulationsparameter
      <- 50
                                                  # Proband:innnen 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 BDT" = c(
         round(rnorm(n, mu[1], sqrt(sigsqr))), # n Zufallswerte aus Normalveritung mit mu[1]
         round(rnorm(n, mu[3], sgrt(sigsgr)))), # n Zufallswerte aus Normalveritung mit mu[3]
        "Post BDT" = c(
         round(rnorm(n, mu[2], sqrt(sigsqr))), # n Zufallswerte aus Normalveritung mit mu[2]
         round(rnorm(n, mu[4], sqrt(sigsqr))))
                                                # n Zufallswerte aus Normalveritung mit mu[4]
# Datenspeicherung
fname <- file.path(data_path, "psychotherapie_datensatz.csv")</pre>
write.csv(D, file = fname)
```

Beispieldatensatz

# **Datenvorverarbeitung**

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesent ests

## Datenvorverarbeitung

## 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

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

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

$\Delta \mathrm{BDI} > 0$	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 $\Delta \mathrm{BDI}$ 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</pre>
```

#### 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

Hypothesent ests

## Deskriptive Statistiken

## Bedingungsunabhängige Auswertung

```
# Initialisierung eines Dataframes
data
            <- D$Delta.BDT
                                                             # Datenvektor aus Dataframe kopieren
deskr_stat
            <- data.frame(
                                                             # Dataframeerzeugung
                  n
                          = length(data),
                                                             # Stichprobengröße
                          = max(data).
                 Max
                                                             # Maximum
                 Min = min(data),
                                                             # Minimum
                 Median = median(data),
                                                             # Mediane
                 Mean = mean(data),
                                                             # Mittelwert
                 Var = var(data),
                                                             # Varianz
                          = sd(data)
                  Std
                                                             # Standardabweichung
print(deskr_stat)
                                                             # Ausgabe
```

```
n Max Min Median Mean Var Std
```

#### Bedingungsabhängige Auswertung

```
# Initialisierung eines Dataframes
             <- c("Klassisch", "Online")
                                                                # Therapiebedingungen
th_bed
n_th_bed
             <- length(th_bed)
                                                                # Anzahl Therapiebedingungen
deskr_stat
            <- data.frame(
                                                                # Dataframeerzeugung
                            = rep(NaN, n th bed),
                                                                # Stichprobengrößen
                   May
                            = rep(NaN, n th bed),
                                                                # Maxima
                            = rep(NaN, n_th_bed),
                   Min
                                                                # Minima
                   Median
                            = rep(NaN, n th bed),
                                                                # Mediane
                            = rep(NaN, n_th_bed),
                   Mean
                                                                # Mittelwerte
                            = rep(NaN, n th bed),
                   Var
                                                                # Varianzen
                            = rep(NaN, n th bed).
                   Std
                                                                # Standardabweichungen
                   row.names = th bed
                                                                # Zeilenbenennung
# Iterationen über Therapiebedingungen
for (i in seq_along(th_bed)){
  data
                       <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th bed[i]]
                                                                # Daten filtern
 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]
                                                                # Standardabweichungen
                      <- sd(data)
```

## Deskriptive Statistiken

## 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.
- ullet Die Spannbreite 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 Varabilität in der klassischen Therapieform.

Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

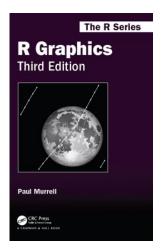
Deskriptive Statistiken

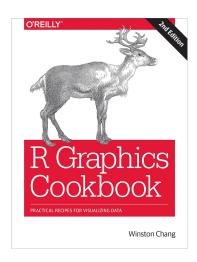
# Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesent ests





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

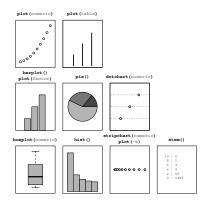


Figure 2.5 High-level base graphics plotting functions for producing plots of a single variable. Where the function can be used to produce more than one type of plot, the relevant data type is shown (in gray). For example, plot(mumeric) means that this is what the plot() produces when it is given a single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

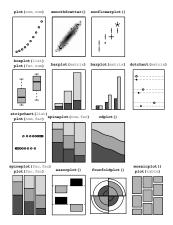


Figure 2.6. High-level base graphics plotting functions for producing plots of two variables. Where the function can be used to produce more than one type of plot, the relevant data type is shown (in gray). For example plot(c<sub>m,m</sub>, x<sub>c</sub>) represents calling the plot() function with a numeric vector as the first argument and a factor as the second argument.

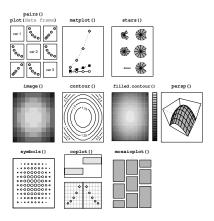


Figure 2.7 High-level base graphics plotting functions for producing plots of many variables. Where the function can be used to produce more than one type of plot, the relevant data type is shown (in gray).

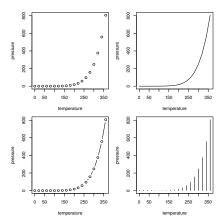


Figure 2.2
Four variations on a scatterplot. In each case, the plot is produced by a call to the plot() function with the same data, all that changes is the value of the type argument. At top-left, type="p" to give points (data symbols), at top-right, type="1" to give lines, at bottom-left, type="b"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

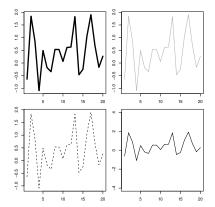


Figure 2.9
Standard arguments for high-level functions. All four plots are produced by calls to the plot() function with the same data, but with different standard plot function arguments specified: the top-left plot makes use of the lud argument to control line thickness; the top-right plot uses the col argument to control line top-color; the bottom-left plot makes use of the luy argument to control line type; and the bottom-right plot uses the vilu argument to control the scale on the v-axis.

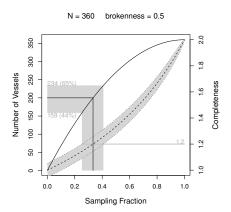


Figure 1.3
A customized scatterplot produced using R. This is created by starting with a simple scatterplot and augmenting it by adding an additional y-axis and several additional sets of lines, polygons, and text labels.

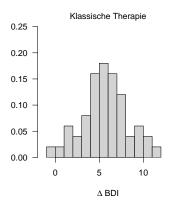
#### Code Outline

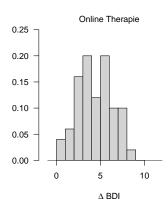
```
# Initialisierung einer neuen Abbildung
dev.new()
# Abbildungsparameter
par(
 z.B. Arrangement von Panels, Begrenzungsstile, Schriftfonts, etc
# Higher-level Abbildungsfunktion wie plot(), hist(), barplot(), ...
plot(
 z.B. x- und v-Daten, Achsenlimits, Achsenbeschriftungen, Titel, Farben, etc.
 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 der bedingungsabhängigen Histogramme

```
# Histogrammparameter
         <- 1
                                                                  # gewünschte Klassenbreite
h
b 0
         <- min(D$Delta.BDI)
                                                                  # b 0
         <- max(D$Delta.BDI)
                                                                  # b 0
b k
         \leftarrow ceiling((b_k - b_0) / h)
                                                                  # Anzahl der Klassen
         \leftarrow seq(b_0, b_k, by = h)
                                                                  # Klassen [b_{j-1}, b_j[
vlimits \leftarrow c(0, .25)
                                                                  # v-Achsenlimits
xlimits \leftarrow c(-2, 14)
                                                                  # x-Achsenlimits
th bed <- c("Klassisch" , "Online")
                                                                  # Therapiebedingungen
labs
         <- c("Klassische Therapie", "Online Therapie")
                                                                  # Abbildungslabel
# Abbildungsparameter
                                                                  # für Details siehe ?par
par(
  mfcol
            = c(1, 2),
                                                                  # 1 x 2 Panelstruktur
                                                                  # Serif-freier Fonttyp
  family
            = "sans".
  pty
            = "m",
                                                                  # Maximale Abbildungsregion
            = "1",
                                                                  # L förmige Box
  btv
  las
                                                                  # Horizontale Achsenbeschriftung
  xaxs
            = "i",
                                                                  # x-Achse bei y = 0
            = "i".
                                                                  # v-Achse bei x = 0
  vaxs
  font.main = 1,
                                                                  # Non-Bold Titel
  cex
          = 1,
                                                                  # Textvergrößerungsfaktor
  cex.main = 1
                                                                  # Titeltextvergrößerungsfaktor
# Iteration über Therapiebedingungen
for(i in seq_along(th_bed)){
  hist(
    D$Delta.BDI[D$Bedingung == th_bed[i]],
                                                                  # Delta.BDI Werte von Therapiebedingung i
    breaks = b.
                                                                  # Histogrammklassen
                                                                  # normierte relative Häufigkeit
    frea = F.
    xlim = xlimits,
                                                                  # x-Achsenlimits
                                                                  # v-Achsenlimits
    vlim = vlimits.
    xlab = TeX("$\\Delta$ BDI"),
                                                                  # x-Achsenbeschriftung
    ylab = "",
                                                                  # y-Achsenbeschriftung
    main = labs[i]
                                                                  # Titelbeschriftung
# PDF Speicherung
dev.copv2pdf(
  file
              = file.path(abb_dir, "pds_11_histogramm.pdf"),
  width
              = 8,
              = 4
  height
```

## Visualisierung der bedingungsabhängigen Histogramme





```
# Abbildungsparameter
                                                # für Details siehe ?par
par(
 mfcol
           = c(1,2),
                                                # 1 x 2 Panelstruktur
 family
           = "sans",
                                                # Serif-freier Fonttyp
           = "m",
                                                # Maximale Abbildungsregion
 pty
           = "1",
                                                # L-förmige Box
 bty
            = 1,
                                                # Horizontale Achsenbeschriftung
 las
 xaxs
           = "i",
                                                # x-Achse bei y = 0
                                                # y-Achse bei x = 0
 vaxs
           = "i".
 font.main = 1.
                                                # Non-Bold Titel
                                                # Textvergrößerungsfaktor
           = 1.
 cex
                                                # Titeltextvergrößerungsfaktor
 cex.main = 1.5
```

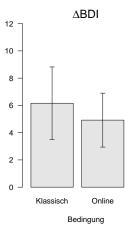
```
# Linkes Panel: Balkendiagramm mit Fehlerbalken
# Stichprobenmittelwert und Standardabweichung extrahieren
         <- deskr stat$Mean
                                                  # Gruppenmittelwert
         <- deskr stat$Std
                                                  # Gruppenstandardabweichung
names(mw) <- th_bed
                                                  # barplot braucht x-Werte als names
# Mit der Funktion barplot() ein Balkendiagramm plotten
x <- barplot(
                                                   # Speichern der der x-Ordinaten (?barplot für Details)
 height = mw,
                                                   # Mittelwerte als Balkenhöhe
 col
      = "gray90",
                                                   # Balkenfarbe
 vlim = c(0,12),
                                                  # y-Achsenbegrenzung
 xlim = c(0.3).
                                                  # x-Achsenbegrenzung
 xlab = "Bedingung",
                                                   # x-Achsenbeschriftung
 main = TeX("$\\Delta BDT$")
                                                  # Titel
# Mit der Funktion arrows() Fehlerbalken zeichnen
arrows(
 ×Ω
       = x,
                                                   # arrow start x-ordinate
 v0
       = mw - sd.
                                                   # arrow start y-ordinate
 x1 = x.
                                                   # arrow end v-ordinate
 v1
      = mw + sd.
                                                   # arrow end v-ordinate
 code = 3,
                                                  # Pfeilspitzen beiderseits
 angle = 90,
                                                  # Pfeilspitzenwinkel -> Linie
 length = 0.05
                                                  # Linielänge
```

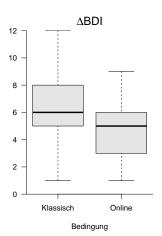
```
# Rechtes Panel: Boxplot

# 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

}
```





Beispieldatensatz

Datenvorverarbeitung

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

Konfidenzintervalle

Hypothesent ests

## Standardannahmen in der Frequenstistischen Inferenz

## Modellannahmen für Parameterschätzung und Konfidenzintervalle

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

Für die  $\Delta$ BDI-Reduktion  $y_{ij}$  der jten Proband:in in der iten Therapiebedingung nehmen wir an:

$$y_{ij} = \mu_i + \epsilon_{ij}, \quad \epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_i^2), \quad i = 1, 2, j = 1, ..., 50.$$
 (2)

Die Reduktion  $y_{ij}$  wird also durch eine innerhalb der iten Therapiebedingung identische mittlere Reduktion  $\mu_i \in \mathbb{R}$  und eine Proband:innen-spezifische normalverteilte Abweichung  $\epsilon_{ij}$  erklärt.

Dieses Modell ist äquivalent zur Aussage:

$$y_{i1}, ..., y_{i50} \sim N(\mu_i, \sigma_i^2)$$
. (3)

Innerhalb jeder Therapiebedingung werden die  $\Delta BDI$ -Werte somit als unabhängig und identisch verteilte Zufallsvariablen modelliert.

# Standardannahmen in der Frequenstistischen Inferenz

Die Standardproblemstellungen der Frequentistischen Inferenz führen zu folgenden Fragen:

- 1. Was sind sinnvolle Schätzwerte für die wahren, aber unbekannten Parameter  $\mu_1,\mu_2$  und  $\sigma_1^2,\sigma_2^2$ ?
- 2. Wie gelingt im Sinne einer Intervallschätzung eine möglichst sichere Schätzung dieser Parameter?
- 3. Entscheiden wir uns sinnvollerweise für die Hypothese, dass gilt  $\mu_1=\mu_2$ ?

## Parameterschätzung

mu\_ML sigsqr\_VAR 1 6.16 7.075918 2 4.92 3.911837

Zur Parameterschätzung im vorliegenden Modell nutzen wir

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

```
# Initialisierung eines Dataframes
th bed <- c("Klassisch", "Online")
                                                                    # Therapiebedingungen
n th bed <- length(th bed)
                                                                   # Anzahl Therapiebedingungen
theta hats <- data.frame(
                                                                   # Dataframeerzeugung
 mu ML = rep(NaN, n th bed).
                                                                   # ML Schätzer für \mu i
 sigsqr_VAR = rep(NaN, n_th_bed)
                                                                   # Varianzschätzer für \sigma^2 i
# Iterationen über Therapiebedingungen
for(i in 1:n_th_bed){
                          <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th bed[i]] # Daten
 data
 theta_hats$mu_ML[i]
                                                                   # ML Schätzer für \mu_i
                     <- mean(data)
 theta_hats$sigsqr_VAR[i] <- var(data)
                                                                   # Varianzschätzer für \sigma_2^_i
# Ausgabe
print(theta_hats)
```

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

$$\hat{\mu}_1 = 6.16, \quad \hat{\mu}_2 = 4.92, \quad \hat{\sigma}_1^2 = 7.08, \quad \hat{\sigma}_2^2 = 3.91.$$
 (4)

Die mit diesen Tipps assoziierte Unsicherheit ist hier nicht angegeben.

Beispieldatensatz

 ${\sf Datenvor verar beitung}$ 

Deskriptive Statistiken

Visualisierung

Parameterschätzung

# Konfidenzintervalle

Hypothesent ests

#### Konfidenzintervalle

## Konfidenzintervalle für die Erwartungswertparameterschätzer

```
# Analyseparameter
th_bed <- c("Klassisch", "Online")
                                                       # Therapiebedingungen
n_th_bed <- length(th_bed)
                                                       # Anzahl an Therapiebedingungen
        <- 50
                                                       # Anzahl von Beobachtungen pro Therapiebedingung
kappa <- data.frame(
                                                       # Dataframeerzeugung
 G u = rep(NaN, n th bed).
                                                       # untere KT Grenze
                                                       # Erwartungswertparameterschätzer
 mu_hat = rep(NaN, n_th_bed),
 G o = rep(NaN, n th bed).
                                                        # obere KI Grenze
 row.names = th bed
                                                        # Therapiebedingungen
# Konfidenzintervallparameter
delta <- 0.95
                                                       # Konfidenzlevel
t_delta \leftarrow qt((1 + delta) / 2, n - 1)
                                                       # \Psi^-1((\delta + 1)/2, n-1)
# Konfidenzintervallevaluation
for(i in 1:n th bed){
  data
             <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th_bed[i]] # Stichprobenrealisierung
 y_bar
             <- mean(data)
                                                       # Stichprobenmittel
             <- sd(data)
                                                       # Stichprobenstandardabweichung
 kappa$G u[i] <- v bar - (S / sgrt(n)) * t delta
                                                       # untere KI Grenze
 kappa$mu hat[i] <- v bar
                                                       # Erwartungswertparameterschätzer
 kappa$G_o[i] <- y_bar + (S / sqrt(n)) * t_delta
                                                     # obere KT Grenze
# Ausgabe
print(kappa)
```

#### Konfidenzintervalle

## Konfidenzintervalle für die Varianzparameterschätzer

```
# Analyseparameter
th bed <- c("Klassisch", "Online")
                                                           # Therapiebedingungen
                                                           # Anzahl an Therapiebedingungen
n th bed <- length(th bed)
       <- 50
                                                           # Anzahl von Beobachtungen pro Therapiebedingung
kappa <- data.frame(
                                                           # Dataframeerzeugung
 Gu
            = rep(NaN, n th bed),
                                                           # untere KT Grenze
 sigsqr_hat = rep(NaN, n_th_bed),
                                                           # Varianzparameterschätzer
          = rep(NaN, n th bed).
                                                           # obere KI Grenze
 row.names = th bed
                                                           # Therapiebedingungen
# Konfidenzintervallparameter
delta
        <- 0.95
                                                           # Konfidenzlevel
u_delta <- qchisq((1 - delta) / 2, n - 1)
                                                           # \Xi^2((1-\delta)/2; n - 1)
u delta p <- gchisg((1 + delta) / 2, n - 1)
                                                           # \Xi^2((1+\delta)/2: n - 1)
# Konfidenzintervallevaluation
for(i in 1:n_th_bed){
                 <- D$Delta.BDI[D$Bedingung == th bed[i]]
                                                           # Stichprobenrealisierung
 data
 S2
                 = var(data)
                                                           # Stichprobenvarianz
 kappa$G_u[i]
                     = (n - 1) * S2 / u_delta_p
                                                           # untere KT Grenze
 kappa$sigsqr_hat[i] = S2
                                                           # Varianzparameterschätzer
 kappa$G_o[i] = (n - 1) * S2 / u_delta
                                                           # obere KT Grenze
# Ausgabe
print(kappa)
```

G\_u sigsqr\_hat G\_o Klassisch 4.937455 7.075918 10.987828 Online 2.729613 3.911837 6.074489

## Programmierübungen und Selbstkontrollfragen

- Führe alle in dieser Einheit gezeigten Datenanalysen selbstständig durch und halte sie in einem strukturierten R-Skript fest.
- Simuliere 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).
- Variiere 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.
- 4. Berechne die bedingungsabhängigen deskriptiven Statistiken und visualisiere diese.
- 5. Berechne die Parameterschätzer für Erwartungswert und Varianz und bestimme deren Konfidenzintervalle.
- 6. Erläutere die zugrundeliegenden Modellannahmen im Rahmen der Frequentistischen Inferenz.
- 7. Wählen Sie zwei Gruppen, und führen Sie einen Zweistichproben-T-Test durch, um die Hypothese testen, dass ein Unterschied in der BDI-Veänderung zwischen diesen Gruppen besteht. Wählen Sie dafür sinnvolle Null- und Alternativhypothesen. Welche Annahmen müssen Sie vor Durchführung des Tests treffen?
- 8. Erläutere die zugrundeliegenden Modellannahmen im Rahmen der Frequentistischen Inferenz.

# Literatur

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.