Multivariate Statistische Methoden

Dr. Leonard Pleschberger

Teil I: Messtheorie

Teil 2: Multivariate Statistische Methoden

II.1. Multivariate Statistik

II.2. Abhängigkeitsmodelle

- II.2.1. Multiple Regression
- II.2.2. Mehrebenenanalyse (HLM)
- II.2.3. Multivariate Varianzanalyse (MANOVA)

II.3. Interdependenzmodelle

- II.3.1. Exploratorische Faktorenanalyse (EFA)
- II.3.2. Konfirmatorische Faktorenanalyse (CFA)
- II.3.3. Clusteranalyse
  - II.3.3.1. Hierarchisch: Agglomerativ mit Ward's Methode
  - II.3.3.2. Hierarchisch: Divisiv mit Single Linkage
  - II.3.3.3. Partitionierend: k-Means mit k-Means++
  - II.3.3.4. Modellbasiert: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

II.4. Strukturgleichungsmodelle (SEM)

I.1. Messtheorie

- Die **Statistik** wertet Daten mit mathematischen Modellen aus. Damit wir die Modelle rechnen können, müssen die Daten in Form von Zahlen vorliegen.
- Die **Messtheorie** befasst sich mit der korrekten Zuordnung von Zahlen zu Objekten der Realität, sodass deren interessanten empirischen Relationen durch die zugewiesenen numerischen Daten in ihrer Struktur erhalten bleiben. Ist das der Fall, sprechen wir von einem Homomorphismus.

$$\text{Realität} \xrightarrow{\text{Messtheorie}} \text{Daten} \xrightarrow{\text{Statistik}} \text{Inferenz}$$

Beispiel: Valenz von Emotionen

Folgende empirischen Relationen sind **unmittelbar einsichtig**:
„$\prec$“ : „weniger angenehm“, „$\asymp$“ : „genauso angenehm“

Wir ordnen den Valenzen folgende Daten von -5 bis $+5$ zu:

-5	$<$	**0**	$<$	**+1**	$=$	**+1**	$<$	**+4**	✔
-2	$>$	**-3**	$<$	**+1**	$<$	**+2**	$<$	**+4**	✘

1. Zeile: Homomorphismus.
2. Zeile: Kein Homomorphismus: Die numerischen Relationen stimmen nicht mit den empirischen Relationen überein.

Psychologische Merkmale

- Eine beobachtbare Verhaltensweise, i.e. ein **manifestes Merkmal** oder **Indikator**, kann direkt gemessen, also operationalisiert, werden.
- Im Gegensatz dazu sind psychologische Merkmale wie Eigenschaften nicht unmittelbar und sinnlich wahrnehmbar, i.e. nicht phänomenal gegeben. Diese **latenten Merkmale** müssen vielmehr aus manifesten Merkmalen konstruiert werden.
- Problematisch sind daher sowohl die theoretische Rechtfertigung der Operationalisierung als auch die Festlegung der Gewichtung der einzelnen Indikatoren.

Manifeste Merkmale (beobachtbar)

Latente Merkmale (Konstrukte)

Beispiel Konstrukte: Stressbelastung

Manifeste Merkmale

(direkt beobachtbare Indikatoren)

- **Erhöhter Blutdruck**
- **Erhöhter Cortisolspiegel** (Laborwert)
- **Muskelverspannungen** (z.B. Nacken)
- **Magen-Darm-Beschwerden**
- **Häufige Arztbesuche oder Krankschreibungen**

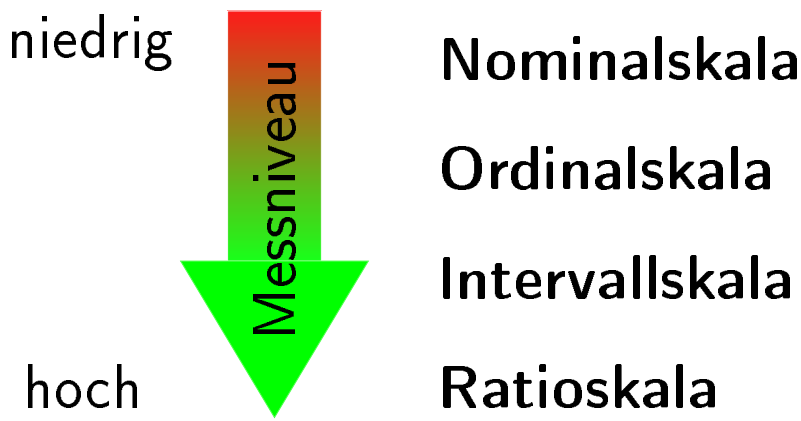
Latentes Merkmal

(nicht direkt beobachtbar)

- **Stressbelastung**
- psychologisches Konstrukt
- nicht direkt messbar
- muss über Indikatoren erschlossen werden

I.2. Messniveaus und Skalentypen

- Eine **Skala** ist eine Regel für die Zuordnung von Zahlen zu Beobachtungen. Auf diese Weise werden Daten generiert.
- Die Skalen bestimmen, welche mathematischen Operationen und statistischen Verfahren auf den erzeugten Daten zulässig sind.
- Je nach Merkmal können Messungen unterschiedlich exakt vorgenommen werden. Es werden meist vier **Messniveaus** unterschieden, die die folgenden Skalen ergeben.



Nominalskala: Beispiel Blutgruppen

- **Merkmal**: Blutgruppe.
- **Ausprägungen**: 0, A, B, AB.
- **Warum Nominalskala?**
  - Blutgruppen sind Kategorien ohne Rangordnung.
  - Zwei Datenpunkte sind entweder „gleich“ oder „verschieden“.
- **Statistische Verfahren**: Häufigkeiten zählen, Modus bestimmen.

Blutgruppe	**n=200**	**Anteil in %**
0	82	41%
A	86	43%
B	22	11%
AB	10	5%

$\Rightarrow$ **Modus = A**

(häufigste Ausprägung)

Nominalskala: Analyse mit R

Exportiere ein Balkendiagramm mit gekennzeichneten Modus als .png:

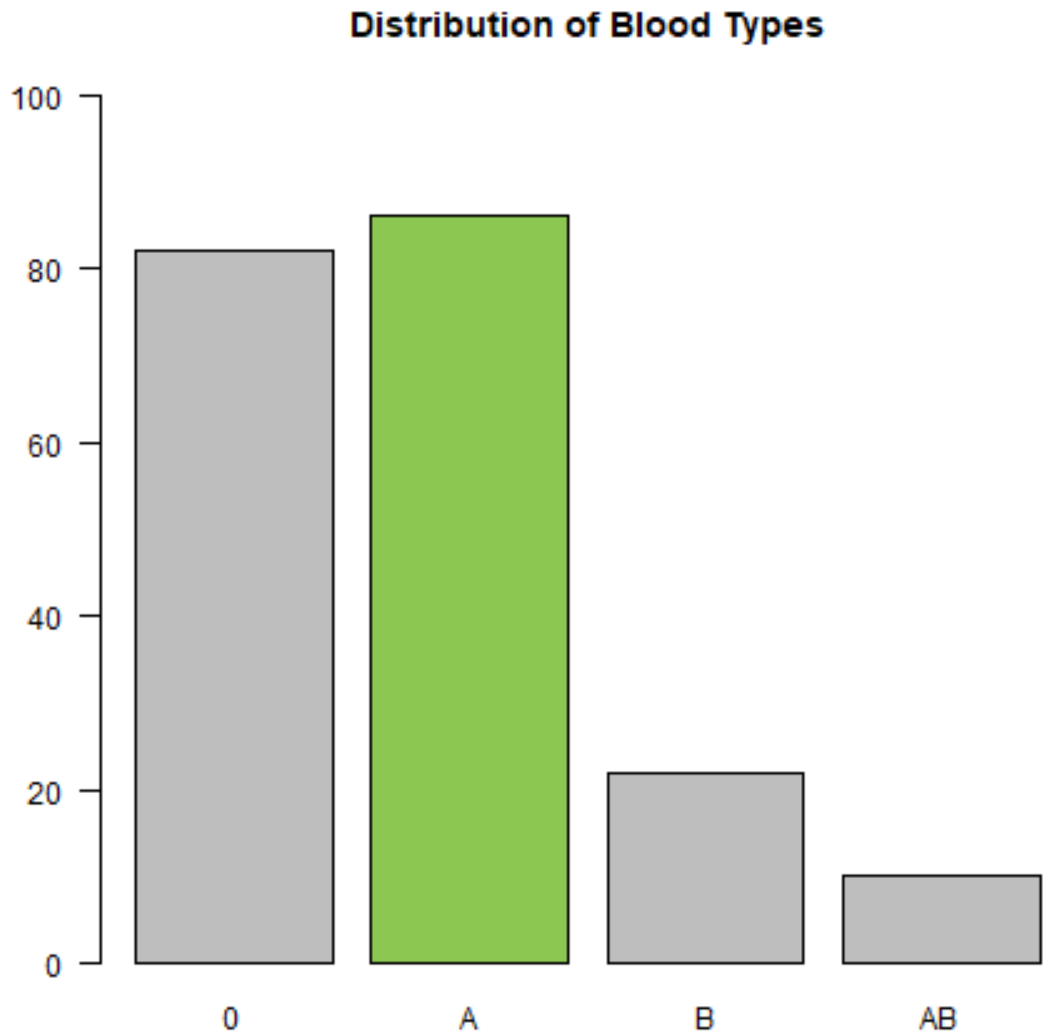
```
# Create a virtual graphic device
png("Bloodtypes.png")

# Enter the data and color the mode bar
blood_types <- c("0", "A", "B", "AB")
counts <- c(82, 86, 22, 10)
colors <- rep("#cccccc", length(counts))
colors[which.max(counts)] <- "#8cc751" # highlight
    the mode

# Draw the bar chart; las: orientation of labels
barplot(counts, names.arg = blood_types,
main = "Distribution of Blood Types",
ylim=c(0,100), las=1, col=colors)

# Close the device and write to the file
dev.off()
```

Nominalskala: Fertiges Balkendiagramm



Ordinalskala: Beispiel Subjektive Schmerzintensität & Stress

- **Merkmal**: Subjektive Schmerzintensität & Stressbelastung.
- **Ausprägungen**:
  0 : Kein Schmerz / Stress.
  1 : Leichter Schmerz / Stress.
  2 : Mäßiger Schmerz / Stress.
  3 : Starker Schmerz / Stress.
  4 : Unerträglicher Schmerz / Stress.
- **Warum Ordinalskala?**
  - Es gibt eine klare Rangfolge: $0 < 1 < 2 < 3 < 4$.
  - Die Abstände sind nicht eindeutig interpretierbar:
    Der Unterschied von $1 \to 2$ könnte kleiner sein als der von $3 \to 4$.
- **Statistische Verfahren**: Deskriptive Statistik ohne Mittelwert und Varianz, Abhängigkeitsmaße.

Ordinalskala: Deskriptive Statistik (Modus)

Wir betrachten die folgenden Daten:

Schmerzintensität (n=10)	2	1	3	2	4	2	1	3	2	1

Zunächst ermitteln wir die Anzahl der einzelnen Ausprägungen. Daraus ergibt sich der Modus.

Skalenwert	0	1	**2**	3	4
Häufigkeit	0	3	**4**	2	1

$\Rightarrow$ **Modus** $=$ **2**

(häufigste Ausprägung)

Dies lässt sich wie bei den Blutgruppen gut als Balkendiagramm visualisieren. (Übung!)

Ordinalskala: Deskriptive Statistik (Median, Perzentile)

Wir können zwei
die Daten zusätzlich noch der Größe nach sortieren. Die Position der Werte heißt **Rang**.

Rang	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Daten (sortiert)	1	1	1	2	2	2	2	3	3	4

Wir können das 25., 50. & 75. **Perzentil** - oder: Q1, Q2 & Q3 - wie folgt berechnen:

$$25.\text{ Perzentil: } Q1 = 0.25 \cdot (n+1) = 2.75.$$

Der Wert 2.75 liegt zwischen Rang 2 und Rang 3. Daher gilt Q1 = 1.
Analog folgen: Q2 = **Median** = 2 und Q3 = 3. (Übung!)

Ordinalskala: Abhängigkeitsmaße mit R

Wir können den monotonen Zusammenhang zweier ordinalskalierter Merkmale mit einem Wert in $[-1, 1]$ bestimmen.

Schmerzintensität	1	1	1	2	2	2	2	3	3	4
Stressbelastung	3	2	3	2	4	3	1	3	1	1

Übliche Kennzahlen sind **Spearman's** ϱ und **Kendall's** τ. Wir erhalten:

```
pain <- c(2, 1, 3, 2, 4, 2, 1, 3, 2, 1)
stress <- c(3, 2, 3, 2, 4, 3, 1, 3, 1, 1)

# Spearman's rank correlation
spearman <- cor(pain, stress, method = "spearman")

# Kendall's Tau
kendall <- cor(pain, stress, method = "kendall")
```

Ordinalskala: Abhängigkeitsmaße interpretiert

Diese Rangkorrelationskoeffizienten bewerten den Zusammenhang zwischen Schmerzintensität und Stressbelastung wie folgt:

Maß	**Wert**	**Interpretation**
Spearman's ρ	0.84	Starke positive monotone Beziehung.
Kendall's τ	0.63	Moderat positive monotone Beziehung.

Spearman's ϱ arbeitet mit der Differenz der Ränge; Kendall's τ hingegen lediglich mit sich unterscheidenden Rängen. Bei kleinen Stichproben ($n < 30$) und vielen Bindungen, i.e. eine Merkmalsausprägung kommt öfter vor, ist Kendall's τ präziser und zu bevorzugen.

τ	0.00 - 0.09	0.10 - 0.49	0.50 - 0.69	0.70 - 1.00
Monotonie	Keine	(Sehr) schwach	Moderat	(Sehr) stark

Intervallskala: Beispiel Depressionsschwere

Viele psychologische Konstrukte wie *Intelligenz*, *Depression* oder *Stress* sind latente Merkmale. Man erhebt sie indirekt über ordinalskalierte Items, e.g. Tests mit Likert-Skalen. Oft werden diese Ordinaldaten addiert oder gemittelt. Damit behandelt man sie wie (quasi-)intervallskalierte Werte. Zudem setzt man oft theoretisch begründete Annahmen über kausale oder korrelative Beziehungen zu anderen Konstrukten voraus.

- **Merkmal**: Depressionsschwere (via Beck-Depressions-Inventar II).
- **Ausprägungen**: 0–63 Punkte.
- **Warum Intervallskala?**
  - Die Abstände sind interpretierbar:
    Unterschied von 10 $\rightarrow$ 15 Punkten ist genauso groß wie 25 $\rightarrow$ 30.
  - Es gibt keinen echten Nullpunkt: 0 Punkte bedeutet „keine Symptome“, aber nicht „Depression existiert nicht“.
- **Statistische Verfahren**: Sämtliche statistische Verfahren außer Verhältnisse zwischen Datenpunkten wie „doppelt so groß“.

Ratioskala: Beispiel Cortisolspiegel

Das höchste Messniveau weisen ratioskalierte Merkmale auf. Sie sind meist physiologischer Natur und besitzen einen eindeutigen Nullpunkt.

- **Merkmal**: Cortisolspiegel im Blut ($\mu g/dl$).
- **Ausprägungen**: I.d.R. 0-25 $\mu g/dl$.
- **Warum Ratioskala?**
  - Die Abstände sind interpretierbar:
    Unterschied von 5 $\rightarrow$ 10 $\mu g/dl$ ist genauso groß wie 20 $\rightarrow$ 25 $\mu g/dl$.
  - Es gibt einen echten Nullpunkt: 0 $\mu g/dl$ bedeutet wirklich „kein Cortisol im Blut“.
- **Statistische Verfahren**: Sämtliche statistische Verfahren und Verhältnisaussagen wie „doppelt so hoch“.

I.3. Messmodelle: Klassische Testtheorie (KTT)

Theoretische Annahme: Das beobachtete Merkmal setzt sich zusammen aus einem „echten“ Merkmal T (*true score*) und einem zufälligen Messfehler ε (*error*) zusammen. Addition liefert den Testwert

$$X = T + \varepsilon.$$

Über den Fehlerterm ε werden starke Annahmen gemacht:

- $\mathbb{E}[\varepsilon] = 0$. Fehler gleichen sich im Schnitt aus.
- $\mathrm{Cov}(T, \varepsilon) = 0$. Fehler und wahre Werte sind unkorreliert.
- Die Fehler ε sind paarweise unabhängig.

Messmodelle: Item-Response-Theorie (IRT)

- **Theoretische Annahme**: Die Wahrscheinlichkeit, dass eine Person ein Item X mit „Ja“ beantwortet (1), hängt von der latenten Fähigkeit ϑ und der Itemschwierigkeit σ ab.
- Die bedingte Wahrscheinlichkeit für eine positive Antwort lautet

$$\mathbb{P}(X = 1 \mid \vartheta) = \frac{e^{\vartheta - \sigma}}{1 + e^{\vartheta - \sigma}}.$$

- Diese Gleichung beschreibt den Zusammenhang der beiden Parameter: Je größer ϑ im Verhältnis zu σ, desto höher ist die Lösungswahrscheinlichkeit.
- Wir möchten $\hat{\theta}$ schätzen und als Testwert annehmen — vermöge Maximum-Likelihood Estimation (MLE) oder Bayesscher Statistik.

Messmodelle: Gütekriterien psychologischer Tests

Ein psychologischer Test sollte sowohl in der KTT, als auch in der IRT mindestens den folgenden Kriterien genügen:

- **Objektivität**: Ein Test ist objektiv, wenn das Ergebnis unabhängig von der Person ist, die den Test durchführt, auswertet oder interpretiert. In der KTT ist **Cohen's** κ ein geeignetes Maß, welches Zufallstreffer berücksichtigt.
- **Reliabilität**: Ein Test ist reliabel, wenn er das zu messende Merkmal zuverlässig und frei von Zufallsfehlern misst. In der KTT ist **Cronbach's** α eine geeignete Kennzahl für interne Konsistenz.
- **Validität**: Ein Test ist valide, wenn er tatsächlich das misst, was er messen soll.

I.4. Fallstudie Depressionsschwere: Studiendesign

Fragestellung: Hilft eine kognitive Verhaltenstherapie (KVT), die Depressionsschwere zu reduzieren?

- **Instrument:** Beck-Depressions-Inventar II, Intervallskala 0–63.
- **Stichprobe:** Gruppe A (Therapie) vs. Gruppe B (Kontrolle), je $n = 6$.
- **Messzeitpunkte:** Prä (vor Therapie) und post (nach Therapie).
- **Bemerkung**: Um Berechnungen zur Korrelation durchführen zu können, betrachten wir weiterhin das Merkmal *Stresslevel*. Die Ausprägung wird durch die Summation von 10 ordinalen Items à 0-4 Punkten bestimmt und gilt damit praktisch als (quasi-)intervallskaliert.

Fallstudie Depressionsschwere: Daten

In dem Selbstbeurteilungsbogen BDI-II werden 21 Items mit je 0-3 Punkten aufsummiert, um die Schwere einer Depression einzustufen.

Gruppe A (Therapie), prä	28	24	26	20	22	23
Gruppe A (Therapie), post	18	17	15	20	14	15
Gruppe B (Kontrolle), prä	15	11	14	12	10	14
Gruppe B (Kontrolle), post	13	11	15	13	12	13

Das Stresslevel aller Teilnehmer wird prä-therapeutisch durch Summation von Items bestimmt.

Stresslevel	32	28	30	26	25	27	20	18	22	21	19	23

Fallstudie Depressionsschwere: Deskriptive Statistik mit R

Wir laden die Daten in R und verschaffen uns mittels der Funktion `describe()` einen Überblick über die Daten.

```
# Daten eingeben
A_pre  <- c(28, 24, 26, 20, 22, 23)
A_post <- c(18, 17, 15, 20, 14, 15)

B_pre  <- c(15, 11, 14, 12, 10, 14)
B_post <- c(13, 11, 15, 13, 12, 13)

# Deskriptive Statistik
library(psych)
describe(data.frame(A_pre, A_post, B_pre, B_post))
```

Fallstudie Depressionsschwere: Deskriptive Statistik mit R

Wichtig sind der **Mittelwert** $\bar{x}$, die **empirische Standardabweichung** s, bzw. **empirische Varianz** s^2, gegeben durch

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^{n} x_i}{n}, \qquad s^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n} (x_i - \bar{x})^2}{n-1}.$$

	$\bar{x}$	s	s^2
Gruppe A (Therapie), prä	23.83	2.72	7.40
Gruppe A (Therapie), post	16.50	2.15	4.62
Gruppe B (Kontrolle), prä	12.67	1.87	3.50
Gruppe B (Kontrolle), post	12.83	1.27	1.61

Interpretation: Gruppe A startet mit höherer Depressionsschwere und zeigt bereits im Schnitt einen Rückgang (-7,3 Punkte).

Fallstudie Depressionsschwere: Unabhängiger t-Test in R

Fragestellung: Waren die beiden prä-Gruppen gleich stark betroffen?

In R kann man mit einer Zeile Code einen unabhängigen *t*-Test durchführen:

```
# Independent t-Test: A_pre vs. B_pre
t_indep <- t.test(A_pre, B_pre, var.equal = TRUE)
```

Dieser führt zu folgendem Ergebnis (Beispielausgabe in R):

```
Two Sample t-test

data:  A_pre and B_pre
t = 7.8851, df = 10, p-value = 1.336e-05
alternative hypothesis: true difference in means is
   not equal to 0
```

Fallstudie Depressionsschwere: Unabhängiger t-Test

Wir testen also, ob die Erwartungswerte μ_A und μ_B der beiden Gruppen signifikant zum Niveau $\alpha = 0.05$ voneinander abweichen. Es ergeben sich die Nullhypothese H_0 und Alternative H_1 wie folgt:

$$H_0 : \mu_A = \mu_B \quad \text{vs.} \quad H_1 : \mu_A \neq \mu_B.$$

Wir gehen davon aus, dass die beiden Gruppen jeweils normalverteilt sowie unabhängig voneinander sind und die gleichen Varianzen besitzen. Um die Hypothesen zu testen eignet sich also ein zweiseitiger unabhängiger t-Test. Es gilt die Testvorschrift

$$\varphi(x_1, ..., x_n, y_1, ..., y_m) = \begin{cases} 0, & |t| < t_{1-\alpha/2, n+m-2}, \\ 1, & |t| > t_{1-\alpha/2, n+m-2}. \end{cases}$$

Fallstudie Depressionsschwere: Unabhängiger t-Test

Wir müssen die Teststatistik t aus den Beobachtungen berechnen. Aus der **gepoolten Standardabweichung**

$$s_p = \sqrt{\frac{(n_A - 1)s_A^2 + (n_B - 1)s_B^2}{n_A + n_B - 2}}$$

und den **Standardfehler**

$$SE = s_p \cdot \sqrt{\frac{1}{n_A} + \frac{1}{n_B}}$$

berechnen wir die **empirische t-Statistik**

$$t = \frac{\bar{x}_A - \bar{x}_B}{SE}.$$

Diese ergibt gerade $t \approx 7.89$, wie zuvor von R berechnet.

Fallstudie Depressionsschwere: Unabhängiger t-Test

Zuletzt bestimmen wir noch numerisch das 0.975-Quantil der t-Verteilung mit $n+m-2=10$ Freiheitsgraden (`df`). Das ergibt $t_{0.975,10} \approx 2.2$. In die Testvorschrift eingesetzt erhalten wir

$$\varphi = 1,$$

da $|t| = 7.9 > t_{0.975,10} = 2.2$. Demnach können wir die Nullhypothese signifikant zum Niveau $\alpha = 5\%$ verwerfen. Also ist eine der beiden Gruppen signifikant stärker betroffen als die andere. Unsere deskriptive Statistik ergibt, dass dies die Gruppe A ist. Wie signifikant die Testaussage wirklich ist, berichtet uns der p-**Wert**

$$p = 2 \cdot \mathbb{P}(T > |t|) = 2 \cdot (1 - F(7.9)) \approx 0.00001 \ll 0.001$$

mit der Zufallsvariablen $T \sim t(df = 10)$ und der Verteilungsfunktion F der $t(df = 10)$-Verteilung $\Rightarrow$ Die Nullhypothese wird sehr klar verworfen.

Fallstudie Depressionsschwere: Gepaarter t-Test in R

Fragestellung: Wirkt die Therapie in Gruppe A?

R liefert in einer Zeile Code den folgenden *t*-Test:

```
# Right-tailed paired t-test: A_pre vs. A_post
t_paired <- t.test(A_pre, A_post, paired = TRUE,
    alternative = "greater")
```

Dieser führt zu folgendem Ergebnis (Beispielausgabe):

```
Paired t-test

data:  A_pre and A_post
t = 4.6277, df = 5, p-value = 0.002848
alternative hypothesis: true mean difference is
    greater than 0
```

Fallstudie Depressionsschwere: Gepaarter t-Test

Wir überprüfen also, ob sich der Erwartungswert μ_{post} der post-Therapiegruppe signifikant zum Niveau $\alpha = 0.05$ geringer ist, als der Erwartungswert $\mu_{\text{prä}}$ der prä-Therapiegruppe. Es ergeben sich die Nullhypothese H_0 und Alternative H_1 wie folgt:

$$H_0 : \mu_{\text{prä}} \leq \mu_{\text{post}} \quad \text{vs.} \quad \mu_{\text{prä}} > \mu_{\text{post}}.$$

Klarerweise bilden die prä- und post-Therapiegruppe eine paarweise verbundene Stichprobe. Wir nehmen an, dass die Grundgesamtheit normalverteilt ist. Wegen des kleinen Stichprobenumfangs setzen wir weiter voraus, dass die Differenzen in der Grundgesamtheit normalverteilt sind.

Fallstudie Depressionsschwere: Gepaarter t-Test

Um die Hypothesen zu testen eignet sich also einen rechtsseitiger gepaarter t-Test. Es gilt die Testvorschrift

$$\varphi(x_1, ..., x_n, y_1, ..., y_n) = \begin{cases} 0, & t < t_{1-\alpha,n-1}, \\ 1, & t \geq t_{1-\alpha,n-1}. \end{cases}$$

Wir müssen die Teststatistik t aus den Beobachtungen berechnen. Betrachte das **arithmetische Mittel der Differenzen**

$$\bar{D} = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - y_i)}{n}$$

und die **Standardabweichung der Differenzen**

$$s_D = \sqrt{\frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}((x_i - y_i) - \bar{d})^2}.$$

Fallstudie Depressionsschwere: Gepaarter t-Test

Wir berechnen die **empirische t-Statistik**

$$t = \sqrt{n}\frac{\bar{D}}{s_D}.$$

Diese ergibt sich zu $t \approx 4.63$ - der erste Ausgabewert von R. Zuletzt bestimmen wir noch das 0.95-Quantil der t-Verteilung mit $n - 1 = 5$ Freiheitsgraden. Das ergibt $t_{0.95,5} \approx 2.0$. In die Testvorschrift eingesetzt folgt

$$\varphi = 1,$$

da $t = 4.63 \geq t_{0.95,5} = 2.0$. Demnach können wir die Nullhypothese signifikant zum Niveau $\alpha = 5\%$ verwerfen. Also hat sich die Therapiegruppe nach der Behandlung signifikant verbessert.

Fallstudie Depressionsschwere: Gepaarter t-Test

Wie signifikant die Testaussage wirklich ist, berichtet uns der p-**Wert**

$$p = \mathbb{P}(T \geq t) = 1 - F(t), \;\; T \sim t(df = 5)$$

mit der Verteilungsfunktion F der t-Verteilung mit 5 Freiheitsgraden. Die Verteilungsfunktion erhalten wir über Integration der Dichtefunktion, für allgemeine ν Freiheitsgrade gegeben durch

$$f(x) = \frac{\Gamma\left(\frac{\nu+1}{2}\right)}{\sqrt{\nu\pi} \cdot \Gamma\left(\frac{\nu}{2}\right)} \left(1 + \frac{x^2}{\nu}\right)^{-\frac{\nu+1}{2}},$$

ergibt sich für $\nu = 5$ und $t = 4.63$ gerade

$$p = \frac{8}{3\sqrt{5}\pi} \int_{4.63}^{\infty} \left(1 + \frac{x^2}{5}\right)^{-3} \mathrm{d}x.$$

Fallstudie Depressionsschwere: Gepaarter t-Test

Luckily we can compute the integral numerically in R:

```r
# Funktion definieren
f <- function(x) (1 + (x^2)/5)^(-3)

# Integral von 4.63 bis Inf
integral <- integrate(f, lower = 4.63, upper = Inf)

# p-Wert berechnen
p <- 8 / (3 * sqrt(5) * pi) * integral$value
p
```

Dies ergibt gerade $p \approx 0.0028 < 0.01$. Also wird die Nullhypothese klar verworfen.

Interpretation: Stark signifikanter Rückgang der Depressionswerte in der Therapiegruppe A nach der Behandlung.

Fallstudie Depressionsschwere: ANOVA in R

Fragestellung: Gibt es einen generellen Unterschied von prä zu post über beide Gruppen hinweg (Haupteffekt Zeit)? Verläuft die Veränderung über die Zeit in beiden Gruppen gleich (Interaktion)? In R:

```
# 2x2-ANOVA (group x time): Factor all 24 data points
    in long format (one row = one observation)
score <- c(A_pre, A_post, B_pre, B_post)
group <- factor(rep(c("A","B"), each=12))
time  <- factor(rep(rep(c("pre","post"), each=6), 2))

anova_data <- data.frame(score, group, time)

# Calculate the model
model <- aov(score ~ group * time, data = anova_data)
summary(model)
```

Fallstudie Depressionsschwere: ANOVA

Hypothesen: Es sollen also folgende Hypothesen über die Faktoren Gruppe (Therapie & Kontrolle) x Zeit (prä & post Therapie) und deren Interaktion mit einem F-Test bestätigt oder widerlegt werden.

Haupteffekt	**Nullhypothese H_0**	**Alternative H_1**
Gruppe	$\mu_{\text{A,prä}} = \mu_{\text{B,prä}}$ und $\mu_{\text{A,post}} = \mu_{\text{B,post}}$	$\mu_{\text{A,prä}} \neq \mu_{\text{B,prä}}$ oder $\mu_{\text{A,post}} \neq \mu_{\text{B,post}}$
Zeit	$\mu_{\text{prä}} = \mu_{\text{post}}$	$\mu_{\text{prä}} \neq \mu_{\text{post}}$
Interaktion	$(\mu_{\text{A,prä}} - \mu_{\text{A,post}}) = (\mu_{\text{B,prä}} - \mu_{\text{B,post}})$	$(\mu_{\text{A,prä}} - \mu_{\text{A,post}}) \neq (\mu_{\text{B,prä}} - \mu_{\text{B,post}})$

Fallstudie Depressionsschwere: ANOVA

Ergebnisse: Die folgenden F-Werte sind allesamt als F(1,20)-Werte mit Effekt-Freiheitsgrad 1 und Fehler-Freiheitsgraden 20 aufzufassen.

```
Df  Sum Sq  Mean Sq  F value    Pr(>F)
group          1   330.0    330.0    69.85 5.89e-08
time           1    77.0     77.0    16.30 0.000644
group:time     1    84.4     84.4    17.86 0.000415
Residuals     20    94.5      4.7
```

Im Folgenden werden die Sum of Squares je Effekt bezeichnet durch

$$SS_{\text{Effekt}}.$$

Fallstudie Depressionsschwere: ANOVA

Interpretation: Mit einem p-Wert von je < 0.001 sind alle nachfolgenden Hypothesen hochsignifikant nachgewiesen.

Haupteffekt	**Interpretation**
Gruppe	Die Therapiegruppe A hat insgesamt höhere Depressionswerte als die Kontrollgruppe B.
Zeit	Über beide Gruppen hinweg sinken die Depressionswerte von prä zu post.
Interaktion	Der Rückgang tritt fast ausschließlich in der Therapiegruppe A auf; in der Kontrollgruppe B bleiben die Werte praktisch stabil.

Fazit: Nur in der Therapiegruppe A sinkt der BDI-Wert signifikant – die Interaktion macht den Therapieeffekt deutlich.

Fallstudie Depressionsschwere: Effektstärke

Wir haben folgende Hypothesen statistisch signifikant nachgewiesen:

Verfahren	**Hypothese**
Unabhängiger t-Test	Prä-Gruppen nicht gleich stark betroffen.
Gepaarter t-Test	Die Therapiegruppe A hat sich verbessert.
ANOVA (Gruppe)	Gruppe A hat höhere Depressionswerte als Gruppe B.
ANOVA (Zeit)	In beiden Gruppen niedrigere Werte von prä zu post.
ANOVA (Interaktion)	Rückgang nur in Gruppe A; stabile Werte in Gruppe B.

Fallstudie Depressionsschwere: Effektstärke

Die Hypothesen besagen aber nur, *dass* Abweichungen vorliegen, jedoch nicht, *wie stark* diese Abweichungseffekte ausgeprägt sind. Maße für die Effektstärke sind **Cohen's d** für die t-Tests, bzw. η^2 für die ANOVA.

Mit den arithmetischen Mitteln der Stichproben $\bar{x}_A, \bar{x}_B$ und der gepoolten Standardabweichung s_p berechnen wir **Cohen's d für unabhängige Stichproben** mittels

$$d = \frac{\bar{x}_A - \bar{x}_B}{s_p}.$$

Das arithmetische Mittel der Differenzen $\bar{D}$ und die Standardabweichung der Differenzen s_D ergeben **Cohen's d für abhängige Stichproben** durch

$$d_z = \frac{\bar{D}}{s_D}.$$

Fallstudie Depressionsschwere: Effektstärke

Mit den Sum of Squares (SS) von Effekten und Fehler lässt sich das **partielle η^2** berechnen durch

$$\eta_p^2 = \frac{SS_{\text{Effekt}}}{SS_{\text{Effekt}} + SS_{\text{Fehler}}}.$$

Verfahren	**Effektmaß**	**Interpretation**
Unabhängiger t-Test	$d = 4.55$	Extrem großer Effekt.
Gepaarter t-Test	$d_z = 1.89$	Sehr großer Effekt.
ANOVA (Gruppe)	$\eta_p^2 = 0.78$	Sehr großer Unterschied.
ANOVA (Zeit)	$\eta_p^2 = 0.45$	Starker Rückgang.
ANOVA (Interaktion)	$\eta_p^2 = 0.47$	Starker Effekt.

Fallstudie Depressionsschwere: z-Transformation

Möchte man wissen, wie stark die Ausprägung X eines gemessenen Merkmals bei einer Person im Vergleich zum Durchschnitt der Gruppe ausfällt, wendet man die lineare z-Transformation an.

Dabei gilt mit dem arithmetischen Mittel $\bar{x}$ und der empirischen Standardabweichung s:

$$z = \frac{x - \bar{x}}{s}.$$

Beispiel: In unserer prä-Therapiegruppe ergibt ein BDI-Wert von 30 gerade

$$z = \frac{30 - 23.83}{2.72} \approx 2.27.$$

Interpretation: Der Wert liegt 2.27 Standardabweichungen über dem Mittelwert – die Person ist also deutlich stärker betroffen als der Durchschnitt der Gruppe.

Fallstudie Depressionsschwere: Korrelation & Regression

Wir vergleichen die erhobenen Stresslevel x_i mit den Depressionswerten y_i beider prä-Gruppen, also für $i = 1, ..., 12$, die folgenden Daten:

x	32	28	30	26	25	27	20	18	22	21	19	23
y	28	24	26	20	22	23	15	11	14	12	10	14

Als Maß für den linearen Zusammenhang berechnen wir aus der empirischen Kovarianz s_{xy} und den empirischen Standardabweichungen S_x und s_y die **Pearson-Korrelation**

$$r = \frac{s_{xy}}{s_x \cdot s_y} \approx 0.96.$$

Interpretation: Es besteht ein fast perfekt positiv linear Zusammenhang zwischen Stresslevel und Depressionswerten.

Fallstudie Depressionsschwere: Korrelation & Regression

Es ergibt sich direkt das **Bestimmtheitsmaß**

$$R^2 = r^2 \approx 0.92.$$

Interpretation: 92% der Varianz der Depressionswerte wird durch das Stresslevel erklärt.

Für Prognosen modellieren wir den linearen Zusammenhang der beiden Merkmale mit der **Regressionsgeraden**

$$\hat{y} = a \cdot x + b = \frac{s_{xy}}{s_x^2} \cdot x + \left(\bar{y} - \frac{s_{xy}}{s_x^2} \cdot \bar{x} \right) \quad \Leftrightarrow \quad \hat{y} \approx 1.35x - 14.59.$$

Interpretation: Pro 1 Stresspunkt steigen die Depressionswerte im Mittel um circa 1.35 Punkte – Stressabbau könnte Depression deutlich senken.

Fallstudie Depressionsschwere: Gesamtinterpretation

Unsere bisherigen statistischen Analysen ergeben die folgenden Resultate:

- Die KVT zeigt hochsignifikant (p-Werte) eine starke Wirkung (Effektstärke).
- Die Depressionswerte sinken im Falle einer Therapie im Mittel um über 7 Punkte (deskriptive Statistik).
- Die Intervallskala ermöglichte den Einsatz parametrischer Verfahren (t-Tests, ANOVA, Korrelation, Regression).
- Pro Stresspunkt steigt der Depressionswert linear um 1.35 Punkte (Regression).

II.1. Multivariate Statistik

- Bisher haben wir uns **univariat** mit einzelnen Merkmalen oder höchstens **bivariat** mit der Beziehung zweier Variablen beschäftigt.
- In der **multivariaten Statistik** betrachten wir nun die Beziehungen *mehrerer* Variablen gleichzeitig.
- Damit werden unsere statistischen Modelle größer und komplexer – aber auch **realitätsnäher**, denn psychologische Konstrukte hängen selten nur von einer einzigen Einflussgröße ab.

II.2. Abhängigkeitsmodelle

content...

II.2.1. Multiple Regression

Fragestellung: Wie kann der lineare Einfluss gleich mehrerer Prädiktoren $X_1, \ldots, X_p$ auf eine Zielvariable Y erklärt werden?

Das Modell der multiplen (linearen) Regression lautet also

$$Y = b_0 + b_1 X_1 + \cdots + b_p X_p + \varepsilon.$$

Hier bezeichnen

- b_0 den Achsenabschnitt (Intercept).
- $b_1, \ldots, b_p$ die Koeffizienten – sie bestimmen den individuellen Einfluss von $X_1, \ldots, X_p$.
- ε einen zufälligen Fehlerterm.

Ziel: Wir möchten die Koeffizienten $b_0, \ldots, b_p$ mit Hilfe von R so schätzen, dass sie unsere Daten am besten fitten.

Multiple Regression: Statistik

Bei n Messungen mit 1 Zielvariable und p Prädikatoren ergibt sich

$$\begin{pmatrix} Y_1 \\ \vdots \\ Y_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & X_{11} & \dots & X_{1p} \\ \vdots & \ddots & \ddots & \vdots \\ 1 & X_{n1} & \dots & X_{np} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_0 \\ b_1 \\ \vdots \\ b_p \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \varepsilon_1 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{pmatrix}$$

was wir in fetter Vektorschreibweise noch kompakter schreiben können als

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \varepsilon.$$

Hier wird $\mathbf{X}$ als *Designmatrix* bezeichnet. Nun kommen in jeder Zeile immer genau die gleichen Koeffizienten $\mathbf{b}$ vor und der Rest besteht ausschließlich aus Messungen und Residuen.

Multiple Regression: Statistik

Wir wollen einen Schätzer $\hat{\mathbf{b}}$ bestimmen, sodass die vorhergesagten Werte $\hat{\mathbf{Y}} = \mathbf{X}\hat{\mathbf{b}}$ möglichst nahe bei den gemessenen Werten $\mathbf{Y}$ liegen. Dazu rechnen wir das Minimum der Summe der quadrierten Vorhersagefehler Q mittels Kurvendiskussion aus:

$$Q\left(\hat{\mathbf{b}}\right) = \left|\mathbf{Y} - \hat{\mathbf{Y}}\right|^2 = \left|\mathbf{Y} - \mathbf{X}\hat{\mathbf{b}}\right|^2 = \left(\mathbf{Y} - \mathbf{X}\hat{\mathbf{b}}\right)^\top \left(\mathbf{Y} - \mathbf{X}\hat{\mathbf{b}}\right)$$

Wie leiten nach dem Schätzer ab und setzen die Ableitung gleich null:

$$\frac{\mathrm{d}Q}{\mathrm{d}\hat{\mathbf{b}}} = -2\mathbf{X}^\top\mathbf{Y} + 2\mathbf{X}^\top\mathbf{X}\hat{\mathbf{b}} = 0 \quad \Leftrightarrow \quad \mathbf{X}^\top\mathbf{X}\hat{\mathbf{b}} = \mathbf{X}^\top\mathbf{Y}.$$

Die rechte Gleichung heißt *Normalengleichung*. Wir invertieren noch Matrix auf der linken Seite und erhalten den Schätzer

$$\hat{\mathbf{b}} = \left(\mathbf{X}^\top\mathbf{X}\right)^{-1}\mathbf{X}^\top\mathbf{Y}.$$

Beispiel Multiple Regression: Depressionsschwere

Fragestellung: Wie beeinflussen die Prädiktoren *Stresslevel* (X_1), *Schlafqualität* (X_2) und *Soziale Unterstützung* (X_3) die Zielvariable *Depressionsschwere* (Y) linear?

Wir stellen das folgende multiple lineare Regressionsmodel auf:

$$\text{Depression} = b_0 + b_1 \cdot \text{Stress} + b_2 \cdot \text{Schlaf} + b_3 \cdot \text{Soziales} + \varepsilon$$

Dies schreiben wir als

$$\mathbf{Y} = \mathbf{Xb} + \varepsilon.$$

- $\mathbf{Y}$ $(n \times 1)$: Vektor der Zielvariablen *Depression*.
- $\mathbf{X}$ $(n \times 4)$: Designmatrix für *Intercept*, *Stress*, *Schlaf* und *Soziales*.
- $\mathbf{b}$ (4×1): Koeffizienten.
- ε $(n \times 1)$: Residuen.

Beispiel Multiple Regression: Daten

Bei $n = 8$ Personen wurden die folgenden Daten erhoben:

ID	Stress	Schlaf	Soziales	Depression
1	80	4	2	30
2	65	6	3	22
3	40	8	5	15
4	90	3	1	35
5	55	7	4	18
6	70	5	2	25
7	85	4	2	29
8	60	6	3	21

Beispiel Multiple Regression: Modell in R

Wir laden die Daten in R und verwenden das *lm*()-Modell wie folgt:

```r
# Import the data
data <- data.frame(
stress     = c(80, 65, 40, 90, 55, 70, 85, 60),
sleep      = c(4, 6, 8, 3, 7, 5, 4, 6),
social     = c(2, 3, 5, 1, 4, 2, 2, 3),
depression = c(30, 22, 15, 35, 18, 25, 29, 21)
)

# Multiple lineare Regression
modell <- lm(depression ~ stress + sleep + social,
    data = data)

# Results
summary(modell)
```

Beispiel Multiple Regression: Ergebnisse in R

R liefert die folgende Ausgabe:

```
Residuals:
1      2      3      4      5      6      7      8
-0.30   0.65   0.30   1.15   0.20 -0.35 -0.85 -0.80

Coefficients:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  58.1000     16.8919    3.440    0.0263 *
stress       -0.0900      0.1378   -0.653    0.5492
sleep        -5.8500      1.7250   -3.391    0.0275 *
social        1.4000      1.2546    1.116    0.3270
---
Signif. codes:
0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Beispiel Multiple Regression: Interpretation

Des Weiteren:

```
Residual standard error: 0.9287 on 4 degrees of
freedom
Multiple R-squared:  0.9889, Adjusted R-squared:
0.9806
F-statistic: 119.2 on 3 and 4 DF, p-value: 0.0002286
```

- **Koeffizienten**: Die Schätzungen ergeben die Regressionsgleichung

$$\text{Depression} = 58.10 - 0.1 \cdot \text{Stress} - 5.9 \cdot \text{Schlaf} + 1.4 \cdot \text{Soziales}.$$

Lediglich zwei Merkmale stehen signifikant zum Niveau $\alpha = 5\%$ im Zusammenhang mit Depression (gekennzeichnet mit *): Das Intercept mit $p = 0.03 < 0.05$ und der Schlaf mit $p = 0.03 < 0.05$. Stress und soziale Unterstützung haben keinen signifikanten Einfluss in diesem Modell.

Multiple Regression: Interpretation

- **Residuen**: Die Werte geben die Abweichung zwischen den prognostizierten und den tatsächlichen Werten an. Die Vorzeichen sind so zu deuten: Bei -0.30 überschätzt das Modell den Wert, i.e. man muss vom Prognosewert 0.30 abziehen, um auf den tatsächlichen Messwert zu kommen. Analog deutet man ein positives Vorzeichen. Deren Durchschnitt ergibt den *Residuen-Standardfehler* 0.93 mit

$$\begin{aligned} \text{df} &= \#\{\text{Beobachtungen}\} - \#\{\text{Prädikatoren}\} - \#\{\text{Intercept}\} \\ &= 8 - 3 - 1 = 4 \end{aligned}$$

  Freiheitsgraden. Die Residuen sind relativ klein $\Rightarrow$ das Model fittet die Daten gut.

Beispiel Multiple Regression: Interpretation

- **Bestimmtheitsmaße**: Mit Pearson's Korrelationskoeffizienten r ergibt sich

$$R^2 = r^2 = 0.99.$$

Das sagt aus, dass das Modell extrem gut fittet. Unter Beachtung der Anzahl der Prädikatoren ergibt sich

$$R^2_{\text{adjusted}} = 0.98,$$

woraus ein sehr geringes Overfitting resultiert.

- **Statistiken**: Mit t-Tests wird die Signifikanz für jeden einzelnen Prädiktor getestet und ein F-Test klärt die Signifikanz des gesamten Regressionsmodells. Deshalb sind die empirischen t- und F-Statistikenaufgeführt. Der Wert $F = 119.2$ zusammen mit $p = 0.0002$ sagt aus, dass das Modell insgesamt hochsignifikant ist.

II.2.2. Mehrebenenanalyse (HLM)

- Die **Mehrebenenanalyse** (engl. *Multilevel Modeling* oder *Hierarchical Linear Modeling*, HLM) ist eine statistische Methode, die verwendet wird, wenn Daten hierarchisch oder geschachtelt organisiert sind – etwa Personen innerhalb von Gruppen, Patient:innen innerhalb von Kliniken, Messzeitpunkte innerhalb von Individuen, etc.
- Die Mehrebenenanalyse ist eine Erweiterung der multiplen Regression, die die Abhängigkeit von Beobachtungen innerhalb übergeordneter Gruppen berücksichtigt. Dabei werden gruppenspezifische Intercepts modelliert, um Unterschiede zwischen Gruppen zu erfassen. Das Residuum eines Patienten setzen sich aus dem individuellen Residuum und einem Gruppenresiduum zusammen.

Beispiel Mehrebenenanalyse: Depression in Kliniken

Fragestellung: Wie erstelle ich eine multiple Regression mit der Zusatzinformation, dass die Patienten in Untergruppen (wie Kliniken) aufgeteilt sind?

Level 1: Personenebene

- **Zielvariable:** Depressionswert via BDI-II (0-63)
- **Prädiktoren**: Stress im Alltag (0–100), Schlafqualität (1–10)

Level 2: Klinikebene (Untergruppen)

- Patienten stammen aus verschiedenen Kliniken (e.g. 5 Kliniken in Deutschland).
- Jede Klinik hat eigene Strukturen (Therapiephilosophie, Personal, Ressourcen).
- **Prädiktor**: Durchschnittliche Anzahl an Psychotherapeut:innen pro 10 Patienten (als Indikator für Therapieintensität).

Beispiel Mehrebenenanalyse: Depression in Kliniken

Gemeinsamkeit zur multiplen Regression: Der Depressionswert des i-ten Patienten aus der j-ten Klinik wird u.a. durch eine Linearkombination von durchschnittlichem Intercept, sowie den Prädikatoren Stress, Schlaf und Therapieintensität (gleich für Patienten der Klinik j) ermittelt:

$$\textbf{Depression}_{ij} = b_0 + b_1 \cdot \textbf{Stress}_{ij} + b_2 \cdot \textbf{Schlaf}_{ij} + b_3 \cdot \textbf{Intensität}_j + \textbf{Fehlerterm}$$

Unterschied zur multiplen Regression: Durch die verfeinerte Struktur wird es möglich den Fehlerterm durch Residuen auf Personenebene ε_{ij} (Level 1) und Residuen auf Klinikebene κ_j (Level 2) zu modellieren.

$\Rightarrow$ In Vektorschreibweise ergibt sich für alle Patienten der Klinik j gerade

$$\boldsymbol{Y}_j = \boldsymbol{X}_j \boldsymbol{b} + \boldsymbol{\varepsilon} + \boldsymbol{\kappa}_j.$$

Beispiel Mehrebenenanalyse: Daten erzeugen

Erzeuge `n` normalverteilte Zufallszahlen mit Mittelwert `mu` und Standardabweichung `s`:

```r
rnorm(n, mean = mu, sd = s) # Default: rnorm(n, 0, 1)
```

```r
set.seed(12)  # Reproducibility

n_clinics  <- 5          # Number of clinics (level 2)
n_patients <- 10         # Patients per clinic
N <- n_clinics * n_patients

# Clinic IDs
clinic <- factor(rep(1:n_clinics, each = n_patients))

# Level-2 predictor: Therapy intensity per clinic
therapy_intensity <- rep(c(1.5, 2.0, 2.5, 3.0, 3.5),
each = n_patients)
```

Beispiel Mehrebenenanalyse: Daten erzeugen

```
# Level-1 predictors (patient characteristics)
stress <- round(rnorm(N, mean = 60, sd = 15), 1)
          # Daily stress (0-100)
sleep  <- round(rnorm(N, mean = 6.5, sd = 1.2), 1)
          # Sleep quality (1-10)

# True effects for simulation
b0  <- 30       # Baseline depression score
b1  <- 0.25     # Effect of stress (per stress point)
b2  <- -1.5     # Effect of sleep (per hour)
g01 <- -2.0     # Effect of th. intensity (level 2)

# Random intercepts for clinics (level 2)
u0 <- rnorm(n_clinics, 0, 2)   # each clinic has a
# different baseline
rand_intercepts <- rep(u0, each = n_patients)
```

Beispiel Mehrebenenanalyse: Daten erzeugen

```
# Simulate depression
depression <- b0 + b1 * stress + b2 * sleep + g01 *
therapy_intensity + rand_intercepts + rnorm(N, 0 ,3)
# Clinical and individual error

# Build final dataset
data <- data.frame(clinic, therapy_intensity, stress,
    sleep, depression)

head(data, 3)
```

Ausgabe:

```
clinic therapy_intensity stress sleep depression
1      1                 1.5    80.6   6.9      36.800
2      1                 1.5    51.5   5.6      31.475
3      1                 1.5    65.4   8.4      30.750
```

Beispiel Mehrebenenanalyse: Daten auswerten

Zunächst installieren wir **einmal** das Package für die Mehrebenenanalyse:

```
> install.packages("lme4")
```

```
# Load package
library(lme4)

# Random intercept model with a Level-2 predictor
model <- lmer(depression ~ stress + sleep +
therapy_intensity + (1 | clinic), data = data)

summary(model)
```

- Zielvariable: `depression`.
- Prädikatoren: `stress`, `sleep`, `therapy_intensity`.
- `(1 | clinic)` → Füfälliger Interceopt für jedes `clinic`.

Beispiel Mehrebenenanalyse: Output und Interpretation

```
Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula:
depression ~ stress + sleep + therapy_intensity +
(1 | clinic)
Data: data

REML criterion at convergence: 255.3

Scaled residuals:
Min        1Q    Median        3Q       Max
-1.86553 -0.66244  0.03221  0.68334  1.93486
```

- Die Residuen sollten idealerweise gleichmäßig um 0 verteilt sein.
- Median $\approx 0 \Rightarrow$ Die Modellfehler mitteln sich nahezu aus.
- Fazit: Das Modell passt die Daten gut an.

Beispiel Mehrebenenanalyse: Output und Interpretation

Abweichungen zwischen den Kliniken (Level 2) und auf Patientenebene (Level 1):

```
Random effects:
Groups   Name        Variance Std.Dev.
clinic   (Intercept) 3.999    2.000
Residual             8.722    2.953
Number of obs: 50, groups:  clinic, 5
```

- `clinic (Intercept)`: Die Kliniken (Level 2) unterscheiden sich leicht im Grundniveau der Depression (zwischen-Gruppen-Varianz).
- `Residual`: Die gruppenunspezifische Reststreuung auf Patientenebene (Level 1); das, was durch die Prädikatoren nicht erklärt wird.

Beispiel Mehrebenenanalyse: Output und Interpretation

Nun die Schätzungen der Koeffizienten und deren Signifikanz (Daumenregel: $|\text{t-Wert}| > 2 \Rightarrow$ Merkmal ist signifikant):

```
Fixed effects:
Estimate Std. Error t value
(Intercept)          38.1546     5.1406   7.422
stress                0.2768     0.0335   8.263
sleep                -1.9853     0.4335  -4.580
therapy_intensity    -4.0916     1.4002  -2.922
```

- Pro 1 Stresspunkt: Zunahme von 0.3 Depressionspunkten.
- Pro 1 Stunde Schlaf: Abnahme von 2 Depressionspunkten.
- Pro 1 Therapeut: Abnahme von 4 Depressionspunkten.

Beispiel Mehrebenenanalyse: Output und Interpretation

Zuletzt betrachten wir noch die Korrelationen zwischen den geschätzten Prädiktoren:

```
Correlation of Fixed Effects:
(Intr) stress sleep
stress              -0.376
sleep               -0.618  0.049
therapy_intensity -0.701 -0.041  0.065
```

Eine geringe Korrelation bedeutet eine gute Trennbarkeit der Prädiktoren.

II.2.3. Multivariate Varianzanalyse (MANOVA)

Fragestellung: Wie beeinflussen Stress und Schlaf die gleichzeitigen Ausprägungen mehrerer psychologischer Zielgrößen wie z.B. Depressivität, Ängstlichkeit und Erschöpfung?

content...

II.3. Interdependenzmodelle

Interdependenzmodelle decken Zusammenhänge zwischen Items oder Fällen auf, ohne zwischen unabhängigen und abhängigen Variablen zu unterscheiden. Wir betrachten Faktoren- und Clusteranalysen.

Es gibt zwei Arten von Faktorenanalysen:

- **Exploratorische Faktorenanalyse (EFA)**: Man möchte die Dimensionsstruktur von gegebenen Items aufdecken und darüber Hypothesen generieren (Modellgewinnung).
- **Konfirmatorische Faktorenanalyse (CFA)**: Es werden vorab konkrete Hypothesen über die Dimensionsstruktur der Items formuliert und diese werden dann getestet (Modellprüfung).

Die **Clusteranalyse** hat das Ziel, Fälle (v.a. Personen) anhand von Ähnlichkeiten zu gruppieren – *ohne* vorherige Annahmen.

II.3.1. Exploratorische Faktorenanalyse (EFA)

Fragestellung: Welche übergeordneten, latenten Konstrukte (Faktoren) liegen den beobachteten Merkmalen (Items) zu Grunde? *Oder*: Welche Items laden auf denselben Faktor und messen somit dasselbe latente Merkmal?

Ziele:

- **Skalenbildung**: Welche Items messen tatsächlich denselben Faktor und können somit sinnvoll zu einer Skala zusammengefasst werden?
- **Theoriegewinn**: Die EFA generiert Hypothesen; durch die mathematische Reduktion können sich neue, strukturelle Zusammenhänge ergeben.
- **Konstruktvalidierung**: Messen die Items tatsächlich das, was sie messen sollen? Welche Dimensionsstruktur ergibt sich für die Faktoren?

Exploratorische Faktorenanalyse (EFA): Statistik

Die EFA geht davon aus, dass n beobachtete Items $X_1, \ldots, X_n$ durch eine Linearkombination aus p gemeinsamen Faktoren $F_1, \ldots, F_p$ und einem spezifischen Fehlerterm $\varepsilon_1, \ldots, \varepsilon_n$ erklärt werden. In Zeichen:

$$X_i = \lambda_{i1} F_1 + \cdots + \lambda_{ip} F_p + \varepsilon_i,$$

was gerade

$$\begin{pmatrix} X_1 \\ \vdots \\ X_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \lambda_{11} & \cdots & \lambda_{1p} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \lambda_{n1} & \cdots & \lambda_{np} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} F_1 \\ \vdots \\ F_p \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \varepsilon_1 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{pmatrix}$$

ergibt. In fetter Vektorschreibweise mit der **Ladungsmatrix $\mathbf{\Lambda}$** können wir das noch kompakter schreiben als

$$\mathbf{X} = \mathbf{\Lambda F} + \varepsilon.$$

Exploratorische Faktorenanalyse (EFA): Statistik

Wir interessieren dafür, wie stark die Items miteinander zusammenhängen. Wir berechnen also Ihre **empirischen Kovarianzen**. Diese werden in der Kovarianzmatrix

$$\text{Cov}(\mathbf{X}) = \Sigma = \begin{pmatrix} \text{Var}(X_1) & \text{Cov}(X_1, X_2) & \cdots \\ \text{Cov}(X_1, X_2) & \text{Var}(X_1) & \cdots \\ \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix}$$

zusammengefasst. Wir setzen nun $\mathbf{X} = \mathbf{\Lambda F} + \varepsilon$ oben ein. Man erhält

$$\Sigma = \text{Cov}(\mathbf{X}) = \text{Cov}(\mathbf{\Lambda F} + \varepsilon) = \mathbf{\Lambda}\text{Cov}(\mathbf{F})\mathbf{\Lambda}^\top + \text{Cov}(\varepsilon) = \mathbf{\Lambda \Phi \Lambda}^\top + \mathbf{\Psi}$$

mit

- $\mathbf{\Phi}$: Kovarianzmatrix der Faktoren.
- $\mathbf{\Psi}$: Diagonalmatrix der Fehlervarianzen der Items.

Exploratorische Faktorenanalyse (EFA): Statistik

Nimmt man an, dass die Faktoren unabhängig voneinander sind, so ergibt sich die Einheitsmatrix $\mathbf{\Phi} = \mathrm{I}_n$. In diesem Fall gilt:

$$\mathbf{\Sigma} = \mathbf{\Lambda}\mathbf{\Lambda}^\top + \mathbf{\Psi}$$

Das bedeutet: Die beobachtete Gesamtvarianz lässt sich zerlegen in

- eine *gemeinsame Varianz* (erklärt durch Faktoren),
- eine *spezifische Varianz* (nicht erklärbar, z.B. Messfehler).

Das wäre der Idealfall: Wir könnten die Gesamtvarianz durch möglichst wenige Ursachen (Faktoren und Residuen) erklären. Also versuchen wir in der EFA mathematisch $\hat{\mathbf{\Lambda}}$ und $\hat{\mathbf{\Psi}}$ so zu schätzen, dass sich gerade

$$\mathbf{\Sigma} \approx \hat{\mathbf{\Lambda}}\hat{\mathbf{\Lambda}}^\top + \hat{\mathbf{\Psi}}$$

ergibt.

Exploratorische Faktorenanalyse (EFA): Statistik

„Ein Vergleich mit der Multiplen Regression macht die unterschiedlichen Denkweisen bei Abhängigkeits- und Interdependenzmodell deutlich: Bei der Multiplen Regression ist die Zielvariable (latentes Merkmal) *zusammengesetzt aus* gewichteten Prädikatoren (manifeste Merkmale); bei der EFA hingegen *lädt* das Item (manifestes Merkmal) *auf* die Faktoren (latenten Merkmale) – eine inverse Logik!“

II.3.2. Konfirmatorische Faktorenanalyse (CFA)

Notation nach Jöreskog (1960er).

Es werden vorab konkrete Hypothesen über die Dimensionsstruktur der Items formuliert und diese werden dann getestet (Modellprüfung).

content...

Konfirmatorische Faktorenanalyse (CFA): Statistik

II.3.3. Clusteranalyse

Die **Clusteranalyse** hat das Ziel, Items oder Personen anhand von statistischen Ähnlichkeiten zu gruppieren – *ohne* sonstige vorherige Annahmen.

Wir wollen anhand von standardisierten Beobachtungen u.a.

- Items zu Symptomkomplexen gruppieren,
- Persönlichkeitsprofile per Big-Five-Dimensionen extrahieren,
- Antwortmuster auf Skalen entdecken,
- klinische Subtypen mit unterschiedlichen Therapieansprachen finden.

content...

Clusteranalyse: Statistik (Datenaufbereitung)

Allgemein: Wir tragen pro Person (Zeilen) die p gemessenen Variablen in eine Matrix $\boldsymbol{X}$ ein.

$$\boldsymbol{X} = \begin{pmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1p} \\ x_{21} & x_{22} & \cdots & x_{2p} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{np} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{x}_1 \\ \mathbf{x}_2 \\ \vdots \\ \mathbf{x}_n \end{pmatrix} \Bigg\} \; n \text{ Personen}$$

Oft führt man spaltenweise eine Standardisierung

$$z_{ij} = \frac{x_{ij} - \bar{x}_j}{s_j}$$

durch, damit Personen gleich gewichtet werden.

Clusteranalyse: Statistik (Datenaufbereitung)

Es ergeben sich die standardisierten Daten

$$\boldsymbol{Z} = \begin{pmatrix} z_{11} & z_{12} & \cdots & z_{1p} \\ z_{21} & z_{22} & \cdots & z_{2p} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ z_{n1} & z_{n2} & \cdots & z_{np} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \boldsymbol{z}_1 \\ \boldsymbol{z}_2 \\ \vdots \\ \boldsymbol{z}_n \end{pmatrix}$$

Nun müssen wir definieren, wie wir die Distanz (Metrik) zwischen zwei standardisierten Personen $\boldsymbol{z_a}, \boldsymbol{z_b}$ messen. Wir nehmen die zwei betreffenden Zeilen und bilden spaltenweise die Differenz beider Items, i.e. $z_{a1} - z_{b1}, \ldots, z_{ap} - z_{bp}$. Diese Differenzen wollen wir nun auf gewisse Arten summieren. Möglichkeiten hierfür sind:

Clusteranalyse: Statistik (Distanzen zwischen Personen)

Euklidische Metrik:

$$d\left(\boldsymbol{z_a}, \boldsymbol{z_b}\right) = \sqrt{\sum_{i=1}^{p} \left(z_{ai} - z_{bi}\right)^2} = \left\|\boldsymbol{z_a} - \boldsymbol{z_b}\right\|_2$$

Konkret an unserer Matrix $\mathbf{Z}$:

$$d\left(\boldsymbol{z}_1, \boldsymbol{z}_2\right) = \sqrt{\left(z_{11} - z_{21}\right)^2 + \left(z_{12} - z_{22}\right)^2 + \cdots + \left(z_{1p} - z_{2p}\right)^2}$$

Die Differenzen werden hier durch Quadrieren stets positiv gemacht und wir summieren diese Quadrate zu einer Gesamtdistanz auf. Das Quadrieren machen wir anschließend noch durch eine Wurzel wett. Die Notation auf der rechten Seite wird als **Euklidische Norm** des Distanzvektors bezeichnet und misst lediglich dessen Größe.

Clusteranalyse: Statistik (Distanzen zwischen Personen)

Manhattan-Metrik:

$$d\left(\boldsymbol{z_a}, \boldsymbol{z_b}\right) = \sum_{i=1}^{p} |z_{ai} - z_{bi}| = \|\boldsymbol{z_a} - \boldsymbol{z_b}\|_1$$

Konkret an unserer Matrix $\mathbf{Z}$:

$$d\left(\boldsymbol{z}_1, \boldsymbol{z}_2\right) = |z_{11} - z_{21}| + |z_{12} - z_{22}| + \cdots + |z_{1p} - z_{2p}|$$

Die Differenzen werden hier durch den Betrag stets positiv gemacht und wir summieren diese Beträge zu einer Gesamtdistanz auf. Die Notation auf der rechten Seite wird als **Manhattan-Norm** des Distanzvektors bezeichnet und misst ebenfalls dessen Größe.

Clusteranalyse: Statistik (Distanzen zwischen Personen)

Korrelationsbasierte Distanz:

$$d\left(\boldsymbol{z_a}, \boldsymbol{z_b}\right) = 1 - r_{\boldsymbol{z_a z_b}}$$

Wird verwendet, um Personen zu gruppieren, deren Profilform ähnlich ist – unabhängig von der Höhe der Werte. Mit **Pearson's Korrelationskoeffizienten** $r \in [-1, 1]$ gilt gerade $0 \leq d \leq 2$ mit

Distanz	Korrelation r	Interpretation
$d = 0$	$r = 1$	perfekte positive Korrelation
$d = 1$	$r = 0$	keine Korrelation
$d = 2$	$r = -1$	perfekte negative Korrelation

Clusteranalyse: Statistik (Distanzen zwischen Personen)

Auf diese Weise bestimmen wir sämtliche paarweisen Distanzen von Personen. Es ergibt sich die Distanzmatrix

$$\mathbf{D} = \begin{pmatrix} d(\boldsymbol{z}_1, \boldsymbol{z}_1) = 0 & d(\boldsymbol{z}_1, \boldsymbol{z}_2) & \cdots & d(\boldsymbol{z}_1, \boldsymbol{z}_p) \\ d(\boldsymbol{z}_2, \boldsymbol{z}_1) & d(\boldsymbol{z}_2, \boldsymbol{z}_2) = 0 & \cdots & d(\boldsymbol{z}_2, \boldsymbol{z}_p) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ d(\boldsymbol{z}_n, \boldsymbol{z}_1) & d(\boldsymbol{z}_n, \boldsymbol{z}_2) & \cdots & d(\boldsymbol{z}_n, \boldsymbol{z}_n) = 0 \end{pmatrix}$$

Wir können jetzt Daten systematisch in Personen speichern und deren Distanzen bestimmen. Da wir clustern, also mehrere Personen gruppieren wollen, benötigen wir zusätzlich noch einen Distanzbegriff für Mengen von Personen.

Clusteranalyse: Statistik (Distanzen zwischen Mengen)

Ward-Distanz
Complete-Linkage
Average-Linkage
Centroid-Methode: Profilanalysen

Clusteranalyse: Statistik (Algorithmen)

Nun benötigen wir nur noch geeignete Algorithmen, um die Daten sukzessive zu clustern. Wir unterscheiden:

Hierarchische Verfahren
Es wird eine Baumstruktur (Dendrogramm) erstellt, die alle Objekte und ihre Fusionsschritte zeigt.

- **Agglomerativ:** Jedes Merkmal bildet zunächst ein einzelnes Cluster. Schrittweise erweitern wir die Cluster, bis alle Merkmale in einem einzigen großen Cluster sind. Pro Schritt werden jeweils die zwei ähnlichsten Cluster zusammengefasst.
- **Divisiv:** Man beginnt mit einem einzigen großen Cluster und teilt es schrittweise in kleinere Cluster auf.

Clusteranalyse: Statistik (Algorithmen)

Partitionierende Verfahren (e.g. k-Means)

- Wähle k Startzentren. Weise Punkte dem nächsten Zentrum zu. Berechne neue Zentren. Wiederholen bis Konvergenz.

Clusteranalyse: Beispiel Depressionsschwere

Wir betrachten fünf Patienten: *Alice*, *Bob* und *Chris*, *Daniel* und *Elias*. Wir möchten sie entsprechend einer Erhebung via BDI-II entsprechend Ihrer Depressionsschwere in zwei Cluster aufteilen. Wir erheben die kognitiv-affektiven Items *Traurigkeit* (Item 1) und *Schuldgefühle* (Item 5) sowie die somatisch-affektiven Items *Müdigkeit / Energieverlust* (Item 15) und *Schlafprobleme* (Item 16), je (0-3). Wir erhalten die folgenden Rohdaten.

Items =	(Traurigkeit,	Schuldgefühle,	Müdigkeit,	Schlafprobleme)
Alice	3	3	2	3
Bob	1	0	1	1
Chris	0	0	0	1
Daniel	2	1	3	2
Elias	2	2	3	3

Clusteranalyse: Beispiel Depressionsschwere

Wir geben die Werte in R ein und standardisieren:

```
X <- matrix(c(3, 3, 2, 3, 1, 0, 1, 1, 0, 0, 0, 1,
2, 1, 3, 2, 2, 2, 3, 3),
nrow = 5, byrow = TRUE)

Z <- scale(X)
```

Wir erhalten die folgenden Werte als Datenmatrix, deren Zeilen wir als Personen schreiben:

$$\mathbf{Z} = \begin{pmatrix} 1.2279 & 1.3805 & 0.1534 & 1.0000 \\ -0.5262 & -0.9204 & -0.6136 & -1.0000 \\ -1.4033 & -0.9204 & -1.3805 & -1.0000 \\ 0.3508 & -0.1534 & 0.9204 & 0.0000 \\ 0.3508 & 0.6136 & 0.9204 & 1.0000 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \textbf{Alice} \\ \textbf{Bob} \\ \textbf{Chris} \\ \textbf{Daniel} \\ \textbf{Elias} \end{pmatrix}$$

Clusteranalyse: Hierarchisch agglomerativ mit Ward

Wir führen eine **hierarchisch agglomerative Clusteranalyse** durch, speziell: **Ward's Methode**. Wir starten mit je genau einer Person als eigenes Cluster. Pro Schritt fusionieren wir immer je zwei Cluster so, dass der Anstieg der Varianz innerhalb der Cluster minimal ist.

Schritt 1: Nur Singletons. Wir clustern in R komplett wie folgt:

```
# 1) Euklidische Distanzmatrix berechnen
D <- dist(Z, method = "euclidean")

# 2) Ward's Delta berechnen (optional, nicht nötig)
Delta <- 1/2 * D^2
Delta

# 3) Hierarchisch agglomerativ nach Ward clustern
#    ("ward.D2" ist wichtig!)
fit <- hclust(D, method = "ward.D2")
```

Clusteranalyse: Hierarchisch agglomerativ mit Ward

Aus didaktischen Gründen messen wir den Varianzanstieg mit Ward's Δ.
Wir erhalten die Matrix

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
Alice	0				
Bob	6.4796	0			
Chris	9.2851	**0.6787**	0		
Daniel	2.3552	2.3553	4.9796	0	
Elias	0.9729	4.7377	7.3621	0.7941	0

Clusteranalyse: Hierarchisch agglomerativ mit Ward

Schritt 2: Wegen des minimalen Varianzzuwachses ergibt sich das erste Cluster zu $\{\textbf{Bob}, \textbf{Chris}\}$. Wir erhalten die neue Δ-Matrix

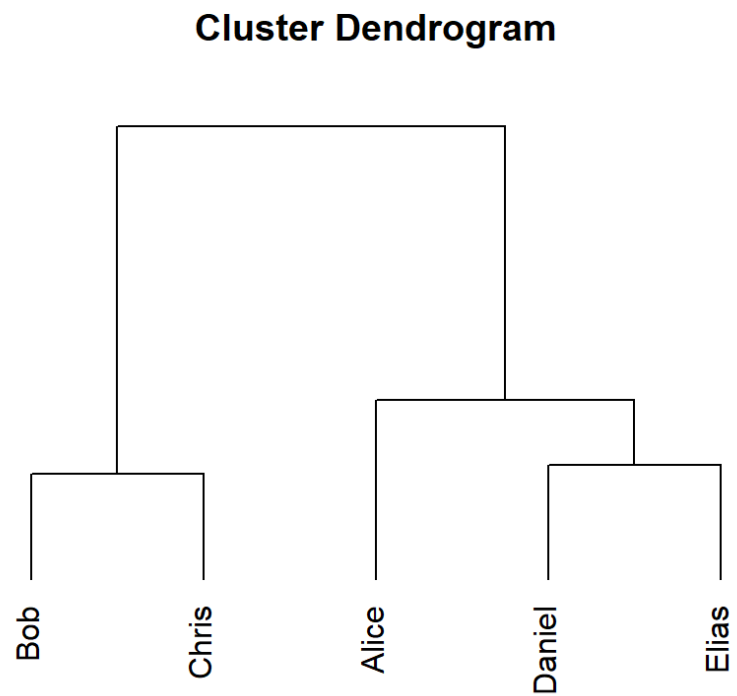
	Alice	$\{\textbf{Bob}, \textbf{Chris}\}$	**Daniel**	**Elias**
Alice	0			
$\{\textbf{Bob}, \textbf{Chris}\}$	10.2836	0		
Daniel	2.3552	4.6637	0	
Elias	**0.9729**	7.8403	**0.7941**	0

Schritt 3: Da die minimalen Distanzen bei zwei Singletons auftauchen, können wir diese direkt zu $\{\textbf{Alice, Daniel, Elias}\}$ clustern. Jetzt kann nur noch das Gesamtcluster gebildet werden und der Algorithmus hält. Wir könnnen nun einfach unsere $k = 2$ Cluster auswählen.

Clusteranalyse: Hierarchisch agglomerativ mit Ward

Das Ergebnis lässt sich in R als **Dendrogramm** visualisieren.

```
# 4) Dendrogramm ohne Untertitel, Labels, y-Achse
plot(fit, hang = -1, sub = "", xlab = "", ylab = "",
yaxt = "n")
```



Clusteranalyse: Hierarchisch agglomerativ mit Ward

Wir können uns auch eine **Cluster-Zuordnung** anzeigen lassen.

```
# 5) Cluster-Zuordnung für k Cluster
cutree(fit, k = 2)
```

Die Ausgabe ergibt dann die Tabelle

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
Cluster	1	2	2	1	1

Clusteranalyse: Hierarchisch divisiv mit Single Linkage

Wir führen eine **hierarchisch divisive Clusteranalyse** mittels **Single Linkage** durch. Zu Beginn bilden alle Personen ein großes Cluster. Pro Schritt teilen wir ein Cluster in zwei Teilcluster auf, sodass die Distanz zwischen ihnen möglichst groß wird.

Schritt 1: Ein Gesamtcluster. Die Euklidische Distanzmatrix lautet

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
Alice	0	4.01	**4.82**	2.42	1.56
Bob		0	1.30	2.43	3.45
Chris			0	3.53	4.29
Daniel				0	1.41
Elias					0

Clusteranalyse: Hierarchisch divisiv mit Single Linkage

Die größte Distanz tritt bei dem Paar {**Alice**, **Chris**} auf. Ob wir nun Alice oder Chris ausclustern, hängt nun vom Single Linkage ab: Das minimale Linkage bei Alice beträgt 1.56, das bei Chris gerade 1.30. Damit hat Chris das stärkere Linkage und Alice scheidet aus dem Cluster aus.

Schritt 2: Wir wiederholen das Verfahren beim Cluster {**Bob**, **Chris**, **Daniel**, **Elias**}. Unsere Distanzmatrix besitzt weiterhin Gültigkeit. Zwischen Chris und Elias herrscht nun die größte Distanz. Chris hat zu Bob mit 1.30 ein besseres minimales Linkage als Elias ein solches mit 1.41 zu Daniel besitzt. Somit scheidet Elias aus dem Cluster aus. Übrig bleibt das Cluster {**Bob**, **Chris**, **Daniel**}.

Schritt 3: Eine weitere Iteration liefert das Restcluster {**Bob**, **Chris**}. Dies kann nun nur noch in Singletons gespalten werden und der Algorithmus hält.

Clusteranalyse: Partitionierend mit k-Means & k-Means++

Wir führen eine k-**Means Clusteranalyse** durch mit der k-**Means++** Methode. Dazu geben wir vorab eine fixe Anzahl von k (hier: $k = 2$) gewünschten Clustern vor. Mit k-Means++, einem probabilistischen Verfahren, das Distanzen mit einbezieht, wählen wir k Clusterzentren aus (Schritte 1-3). Gemäß ihrem Abstand werden die Namen den k Clustern zugeordnet. Aus diesen Clustern werden neue Clusterzentren berechnet und es erfolgt eine Cluster-Zuordnung der Namen zu den neuen Zentren (Schritte 4-6). Die letzten beiden Schritte werden einer gewissen Anzahl gemäß wiederholt oder der Algorithmus hält, wenn die Zuweisungen unverändert bleiben.

Schritt 1: Wir wählen einen zufälligen Personenvektor als Clusterzentrum aus. Dies ergibt in unserem Fall

$$\mu_1^{(0)} = \textbf{Alice}.$$

Clusteranalyse: Partitionierend mit k-Means & k-Means++

Schritt 2: Wir berechnen die quadrierten Abstände $D(\boldsymbol{z})^2$ der Personen zu μ_1. Dies ergibt die Distanzmatrix

$D(\boldsymbol{z})^2$	**Alice**	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**	$\sum$
$\mu_1 =$ **Alice**	0	16.20	23.19	5.88	2.42	47.69

Den Personen ordnen wir Wahrscheinlichkeiten proportional zu $D(\boldsymbol{z})^2$ zu, i.e. weiter entfernte Personen werden mit einer größeren Wahrscheinlichkeit ausgewählt. Wir erhalten

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**	$\sum$
$\mathbb{P}(\boldsymbol{z})$	0	0.34	0.49	0.12	0.05	1

Clusteranalyse: Partitionierend mit k-Means & k-Means++

Schritt 3: Gemäß den Wahrscheinlichkeiten ziehen wir eine Person als weiteres Clusterzentrum. Für uns ergibt sich

$$\mu_2^{(0)} = \textbf{Chris}.$$

Für $k = 2$ ist damit die Initialisierung abgeschlossen.

Schritt 4: Clustern. Berechne die Euklidischen Distanzen der Personen zu den Zentren. Dann weisen wir einen Namen dem Cluster $c^{(0)}$ mit dem nächsten Zentrum zu. Wir erhalten die Distanz- und Clustermatrix

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
$\mu_1^{(0)}$	**0**	4.03	4.82	**2.42**	**1.56**
$\mu_2^{(0)}$	4.82	**1.30**	**0**	3.53	4.29
$c^{(0)}$	1	2	2	1	1

Clusteranalyse: Partitionierend mit k-Means & k-Means++

Schritt 5: Zentren updaten. Berechne komponentenweise das arithmetische Mittel der Personen pro Cluster {**Alice**, **Daniel**, **Elias**} und {**Bob**, **Chris**}. Wir erhalten neue Zentren

$$\mu_1^{(1)} = (0.72, 0.69, 0.74, 0.75) \quad \text{und} \quad \mu_2^{(1)} = (-1.08, -1.03, -1.12, -1.12).$$

Schritt 6: Clustern. Wie in Schritt 4 erhalten die wir die Matrix

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
$\mu_1^{(1)}$	**1.27**	3.19	4.11	**1.22**	**0.57**
$\mu_2^{(1)}$	4.39	**0.65**	**0.65**	2.96	3.84
$c^{(1)}$	1	2	2	1	1

Die Cluster bleiben unverändert und der k-Means Algorithmus hält.

Clusteranalyse: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

Wir führen ein modellbasiertes **Latent Profile Analysis (LPA)** durch. Hierbei wird davon ausgegangen, dass unsere Messwerte aus verschiedenen „versteckten“ Profilen stammen. Für jede Person berechnet das Modell die Wahrscheinlichkeiten, mit denen sie zu jedem Profil gehört. Es ergibt probabilistische Zuordnungen jeder Person zu den Profilen.

Wir nehmen $k = 2$ Profile an. Jedes Profil besitze eine Gaußsche Verteilung mit typischen Mittelwerten $\mu_1,\ \mu_2$ und Streuungen $\Sigma_1,\ \Sigma_2$.

Die Gesamtverteilung ist eine Mischung dieser 2 Profile, ein **Gaußsches Mischmodell**: Jede Person $\boldsymbol{z}$ landet mit einer gewissen Wahrscheinlichkeit $p_{\boldsymbol{z},i}$ in jedem Profil i für $i = 1, 2$.

Clusteranalyse: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

Wir wollen die Wahrscheinlichkeit berechnen, dass Person **x** in Profil 1 oder 2 landet. Nach dem Satz von Bayes und dem Satz von der totalen Wahrscheinlichkeit haben wir also für $i = 1, 2$ gerade

$$\boldsymbol{p}_i(\boldsymbol{z}) = \overbrace{\mathbb{P}(\text{Profil } i \mid \boldsymbol{z})}^{\text{Posterior-Wahrscheinlichkeit}}$$

$$= \frac{\overbrace{\mathbb{P}(\text{Profil } i)}^{\text{Prior-Wahrscheinlichkeit}} \cdot \overbrace{\mathbb{P}(\boldsymbol{z} \mid \text{Profil } i)}^{\text{Likelihood von } \boldsymbol{z} \text{ gegeben Profil } i}}{\mathbb{P}(\boldsymbol{z})}$$

$$= \frac{\mathbb{P}(\text{Profil } i) \cdot \mathbb{P}(\boldsymbol{z} \mid \text{Profil } i)}{\mathbb{P}(\text{Profil } 1) \cdot \mathbb{P}(\boldsymbol{z} \mid \text{Profil } 1) + \mathbb{P}(\text{Profil } 2) \cdot \mathbb{P}(\boldsymbol{z} \mid \text{Profil } 2)}$$

$$= \frac{\pi_i \cdot f_i(\boldsymbol{z})}{\pi_1 \cdot f_1(\boldsymbol{z}) + \pi_2 \cdot f_2(\boldsymbol{z})}$$

Clusteranalyse: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

Schritt 1 (Initialisierung): Zuerst gehen wir von gleichen Mischungsgewichten $\pi_{1,2}$ aus. Dann lassen wir den $(k = 2)$-*Means++* Algorithmus laufen, um die initialen Mittelwerte aus der ersten Iteration zu gewinnen. Typische Startwerte sind daher

$$\pi_1^{(0)} = \pi_2^{(0)} = \tfrac{1}{2},$$

$$\mu_1^{(0)} = (0.72,\, 0.69,\, 0.74,\, 0.75), \quad \mu_2^{(0)} = (-1.08,\, -1.03,\, -1.12,\, -1.12).$$

Die Kovarianzen schätzen wir mit $\hat{\Sigma}^{(0)} = \frac{1}{n} Z^\top Z$ für $n = 5$ Personen zu

$$\hat{\Sigma}^{(0)} = \begin{pmatrix} 1.00 & 0.91 & 0.77 & 0.88 \\ 0.91 & 1.00 & 0.62 & 0.96 \\ 0.77 & 0.62 & 1.00 & 0.77 \\ 0.88 & 0.96 & 0.77 & 1.00 \end{pmatrix}$$

Clusteranalyse: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

Schritt 2 (Expectation): Da wir von Gauß-verteilten Profilen ausgehen, können wir mit den Mittelwerten und der Kovarianzmatrix die Likelihoods für die Profile 1 und 2 ausrechnen. Die Formel der multivariaten Dichte der Gauß-Verteilung lautet

$$f(\mathbf{z}) = \frac{1}{(2\pi)^{p/2}\,|\Sigma|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2}(\mathbf{z}-\boldsymbol{\mu})^\top \Sigma^{-1}(\mathbf{z}-\boldsymbol{\mu})\right)$$

Eingesetzt ergeben sich die Werte

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
$f_1^{(0)}(\mathbf{z})$	0.3849	0.0679	0.0659	0.2683	0.2739
$f_2^{(0)}(\mathbf{z})$	0.0439	0.5556	0.5009	0.0291	0.0386

Clusteranalyse: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

Daraus lassen sich für $i = 1, 2$ die Posterior-Wahrscheinlichkeiten $\boldsymbol{p}_i^{(0)}(\mathbf{z}) = \mathbb{P}(\text{Profil } i \mid \boldsymbol{z})$ berechnen. Wir erhalten

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
$\boldsymbol{p}_1^{(0)}(\mathbf{z}) =$	(0.8920,	0.1139,	0.1120,	0.8904,	0.8923)
$\boldsymbol{p}_2^{(0)}(\mathbf{z}) =$	(0.1081,	0.8861,	0.8880,	0.1096,	0.1077)

Schritt 3 (Maximization): Mit den gewonnenen $\boldsymbol{p}_i^{(0)}(\mathbf{z})$ berechnen wir für $i = 1, 2$ neue Mischungsgewichte

$$\pi_1^{(1)} = 0.5801, \quad \pi_2^{(1)} = 0.4200.$$

Clusteranalyse: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

Ferner ergeben sich neue Mittelwerte

$$\mu_1^{(1)} = (\ \ 0.5772,\ \ 0.5535,\ \ 0.5988,\ \ 0.6018),$$
$$\mu_2^{(1)} = (-0.8023, -0.7646, -0.8273, -0.8314)$$

sowie die Updates der Kovarianzmatrizen

$$\begin{pmatrix} 0.4463 & 0.4780 & 0.0822 & 0.3527 \\ 0.4780 & 0.6609 & 0.0031 & 0.5249 \\ 0.0822 & 0.0031 & 0.4126 & 0.1500 \\ 0.3527 & 0.5249 & 0.1500 & 0.5072 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 0.6583 & 0.4460 & 0.5844 & 0.4571 \\ 0.4460 & 0.4598 & 0.3791 & 0.4676 \\ 0.5844 & 0.3791 & 0.6309 & 0.4369 \\ 0.4571 & 0.4676 & 0.4369 & 0.4977 \end{pmatrix},$$

Clusteranalyse: Latent Profile Analysis (LPA) nach Bayes

Dies ergibt schließlich

	Alice	**Bob**	**Chris**	**Daniel**	**Elias**
$\boldsymbol{p}_1^{(1)}(\mathsf{z}) =$	(0.9997,	0.0000,	0.0000,	0.9997,	0.9997)
$\boldsymbol{p}_2^{(1)}(\mathsf{z}) =$	(0.0003,	1.0000,	1.0000,	0.0003,	0.0003)

Wir sehen, dass sich die Wahrscheinlichkeiten viel stärker der 0, bzw. der 1 angenähert haben. Die Näherungen sind hinreichend genau, sodass der Algorithmus halten kann und wir die Cluster

$$\{\textbf{Alice}, \textbf{Daniel}, \textbf{Elias}\}, \quad \{\textbf{Bob}, \textbf{Chris}\}$$

erhalten.

II.4. Strukturgleichungsmodelle (SEM)

Ein Strukturgleichungsmodell besteht aus zwei Teilen:

- **Messmodel**: Wie werden latente Konstrukte / Faktoren durch beobachtbare Items gemessen? Prinzip: **Konfirmatorische Faktorenanalyse (CFA)**.
- **Strukturmodell**: Wie werden Pfade (gerichtete Zusammenhänge) zwischen latenten Konstrukten beschrieben? Prinzip: **(Multivariate) Regression** mit latenten Konstrukten als Prädikatoren und Zielvariablen.

content...