

Inhaltsverzeichnis

Willkommen	5
Danksagung	5
Lizenz	5
Änderungshistorie	5
1 Vorbemerkungen	7
1.1 Warum R?	7
1.2 Besonderheiten von R	8
I Grundlagen in R	9
2 Einrichtung	11
2.1 Installation von R und R-Studio	11
2.2 Die R Studio Oberfläche	11
2.3 Einrichtung eines R Projekts	12
2.4 Optional: Schritt 4 und das here-Paket	15
2.5 Abschließende Bemerkungen	17
3 Erste Schritte in R	19
3.1 Befehle in R an den Computer übermitteln	19
3.2 Objekte, Funktionen und Zuweisungen	20
3.3 Grundlegende Objekte in R	22
3.4 Pakete	39
4 Datenkunde und Datenaufbereitung	43
Verwendete Pakete	44
4.1 Arten von Daten	44
4.2 Datenakquise	48
4.3 Daten einlesen und schreiben	51
4.4 Verarbeitung von Daten ('data wrangling')	55
4.5 Gleichzeitige Bearbeitung mehrerer Spalten	74
4.6 Abschließende Bemerkungen zum Umgang mit Daten innerhalb eines Forschungsprojekts	77
4.7 Anmerkungen zu Paketen	78
5 Visualisierung von Daten	79
Verwendete Pakete	79
Einleitung	79
5.1 Optional: Theoretische Grundlagen	80
5.2 Grundlegende Elemente von ggplot2-Grafiken	83
5.3 Arten von Datenvisualisierung	98
5.4 Beispiele aus der Praxis und fortgeschrittene Themen	109
5.5 Typische Fehler in der Datenvisualisierung vermeiden	115
5.6 Lügen mit grafischer Statistik	122
5.7 Links und weiterführende Literatur	126

II Mathematische Grundlagen	129
6 Formale Methoden der Sozioökonomie	131
Verwendete Pakete	131
6.1 Änderungsraten und die Rolle des Logarithmus	132
6.2 Grundlagen der Differentialrechnung	136
6.3 Lineare Algebra	145
6.4 Analyse von Verteilungen	155
7 Grundlagen der Wahrscheinlichkeitstheorie	173
Verwendete Pakete	173
7.1 Einleitung: Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik	173
7.2 Grundbegriffe der Wahrscheinlichkeitstheorie	174
7.3 Diskrete Wahrscheinlichkeitsmodelle	177
7.4 Stetige Wahrscheinlichkeitsmodelle	185
7.5 Zusammenfassung Wahrscheinlichkeitsmodelle für einzelne ZV	191
7.6 Analyse mehrerer Zufallsvariablen: gemeinsame und marginale Verteilungen	191
8 Wiederholung: Deskriptive Statistik	197
Verwendete Pakete und Datensätze	197
8.1 Kennzahlen zur Lage und Streuung der Daten	198
8.2 Korrelationsmaße	199
8.3 Hinweise zur quantitativen und visuellen Datenbeschreibung	201
8.4 Zusammenfassung	202
9 Wiederholung: Drei Verfahren der schließenden Statistik	205
Verwendete Pakete	206
9.1 Punktschätzung	206
9.2 Hypothesentests	207
9.3 Berechnung von Konfidenzintervallen	212
III Grundlagen der Regressionsanalyse in R	213
10 Lineare statistische Modelle in R	215
10.1 Einleitung und Überblick	215
10.2 Grundlagen der einfachen linearen Regression	217
10.3 Kennzahlen in der linearen Regression	223
10.4 Multiple lineare Regression	231
10.5 Zum Ablauf einer Regression	233
11 Fortgeschrittene Themen der linearen Regression	235
11.1 Annahmen und Eigenschaften des einfachen OLS Modells	235
11.2 Heteroskedastie	247
11.3 Autokorrelation	250
11.4 Multikollinearität	255
11.5 Vergessene Variablen	258
11.6 Falsche funktionale Form	260
11.7 Normalverteilung der Fehlerterme	265
11.8 Weitere Fehlerquellen: Systematische Messfehler, Selbstselektion und Simultanität	266
11.9 Anhang: Übersicht über die Testverfahren	268
11.10 Anhang: Relevante Theoreme und ihre mathematischen Beweise	268
12 Ausgewählte nichtlineare Schätzverfahren	273
12.1 Binäre abhängige Variablen: Logit- und Probit-Modelle	273
12.2 Abschließende Anmerkungen	280
13 Ausblick	281

INHALTSVERZEICHNIS	3
IV Weitere Programmierkonzepte	283
14 Eine kurze Einführung in R Markdown	285
15 Eine kurze Einführung in die Versionskontrolle mit Git	287

Willkommen

Das folgende Skript ist als eine erste Einführung in die Programmiersprache R ([R Core Team, 2018](#)) und ihrer Anwendung im Bereich der quantitativen sozioökonomischen Forschung gedacht. Ursprünglich war es als Begleitung für die Lehrveranstaltung “Wissenschaftstheorie und Einführung in die Methoden der Sozioökonomie” im Master “Sozioökonomie” an der Universität Duisburg-Essen konzipiert, es soll jedoch zu einer eigenständigen Einführung in R weiterentwickelt werden. Dabei richtet es sich zunächst an Menschen mit keinen oder geringen Vorkenntnissen in R. Einzelne Kapitel, insbesondere die zur Datenaufbereitung und -visualisierung könnten aber auch für fortgeschrittene Studierende interessant sein.

Insgesamt ist das Projekt noch in der Anfangsphase und somit unbedingt auf das Feedback von Nutzer*innen angewiesen. Ich bin Ihnen daher für jegliches Feedback sehr dankbar. Am besten Sie verwenden für Ihr Feedback den [Issue-Tracker auf Github](#). Dort ist auch der Quellcode des Skripts verfügbar. Sie können mir das Feedback aber auch gerne per Email zukommen lassen. Verwenden Sie dafür im Zweifel das [Kontaktformular](#) auf meiner Homepage. Vielen Dank!

Ein Hinweis zu den unterschiedlichen Versionen: das Skript ist aktuell in einer HTML und einer PDF-Variante verfügbar. Ich empfehle Ihnen die PDF-Variante zu verwenden, da diese Version die final lektorierte Version ist und bestimmte Formatierungen für die HTML-Version (noch) nicht funktionieren. Entsprechend ist diese Variante leicht unvollständig. Sie können die PDF auf der Homepage des Skripts (<https://graebnere.github.io/RforSocioEcon/>) herunterladen indem Sie auf das PDF-Icon oben links (neben dem i) klicken. Alternativ können Sie auch [diesem Link](#) folgen. Aktualisieren Sie vor dem Download aber Ihr Browserfenster um sicherzugehen, dass Sie die aktuellste Version herunterladen.

Danksagung

Ich möchte mich bei Jakob Kapeller und Anika Radkowitsch für das regelmäßige Feedback und die guten Hinweise bedanken. Bei Birte Strunk möchte ich mich für das hervorragende Lektorat und das Beisteuern vieler guter Ideen bedanken. Am *work-in-progress*-Charakter des Skripts haben alle natürlich keine Mitschuld.

Darüber hinaus möchte ich mich bei allen Studierenden für Ihre Rückmeldungen bedanken. Dank deren Feedback konnten zahlreiche kleinere und größere Ungereimtheiten eliminiert werden. Ohne Anspruch auf Vollständigkeit möchte ich mich bei Marie Syska und Marleen Twelsiek ganz herzlich bedanken.

Lizenz



Das gesamte Skript ist unter der [Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International License](#) lizenziert.

Änderungshistorie

An dieser Stelle werden alle wichtigen Updates des Skripts gesammelt. Die Versionsnummer hat folgende Struktur: *major.minor.patch*.

Datum	Version	Wichtigste Änderungen
19.10.19	0.9.0	Erste Version für das Wintersemester 2020/21
06.11.19	0.9.1	Kapitel zur Regressionsanalyse ergänzt
06.12.19	0.9.2	Korrektur Typos; Ergänzung Kapital zur fortgeschrittenen Regression; kleine Ergänzungen Datenkapitel, inkl. <code>one_of()</code> zu <code>any_of()</code>

Chapter 1

Vorbemerkungen

1.1 Warum R?

Im Folgenden gebe ich einen kurzen Überblick über die Gründe, in diesem Buch spezifisch die Programmiersprache R für sozio-ökonomische Forschung vorzustellen. Die Liste ist sicherlich nicht abschließend (siehe auch [Wickham \(2019\)](#)).

- Die R Community gilt als besonders freundlich und hilfsbereit. Gerade weil viele Menschen, die R benutzen, praktizierende Datenwissenschaftler*innen sind werden praktische Probleme breit und konstruktiv in den einschlägigen Foren diskutiert und es ist in der Regel leicht Lösungen für Probleme zu finde, sobald man selbst ein bestimmtes Level an Programmierkenntnissen erlangt hat.
 - Auch gibt es großartige Online Foren und Newsletter, die es einem einfacher und unterhaltsamer machen, seine R Kenntnisse stetig zu verbessern und zusätzlich viele neue Dinge zu lernen. Besonders empfehlen kann ich [R-Bloggers](#), eine Sammlung von Blog Artikeln, die R verwenden und neben Inspirationen für die Verwendung von R häufig inhaltlich sehr interessant sind; [rweekly](#), ein Newsletter, der ebenfalls interessante Infos zu R enthält sowie die [R-Ladies Community](#), die sich besonders das Empowerment von Minderheiten in der Programmierwelt zur Aufgabe gemacht hat.
 - Selbstverständlich werden zahlreiche R Probleme auch auf [StackOverflow](#) diskutiert. Häufig ist das der Ort, an dem man Antworten auf seine Fragen findet. Allerdings ist es gerade am Anfang unter Umständen schwierig die häufig sehr fortgeschrittenen Lösungen zu verstehen.
- R ist eine offene und freie Programmiersprache, die auf allen bekannten Betriebssystemen läuft. Im Gegensatz dazu stehen Programme wie SPSS und STATA, für die Universitäten jedes Semester viele Tausend Euro bezahlen müssen und die dann umständlich über Serverlizenzen abgerufen werden müssen. Auch für Studierende sind die Preise alles andere als gering. R dagegen ist frei und inklusiv, und auch Menschen mit weniger Geld können sie benutzen. Gerade vor dem Hintergrund der Rolle von Wissenschaft in einer demokratischen und freien Gesellschaft und in der Kooperation mit Wissenschaftler*innen aus ärmeren Ländern ist dies extrem wichtig.
- R verfügt über ein hervorragendes Package System. Das bedeutet, dass es recht einfach ist, neue Pakete zu schreiben und damit die Funktionalitäten von R zu erweitern. In der Kombination mit der Open Source Charakter von R bedeutet das, dass R nie wirklich *out of date* ist, und dass neuere Entwicklungen der Statistik und Datenwissenschaften, und immer mehr auch in der VWL, recht zügig in R implementiert werden. Insbesondere wenn es um statistische Analysen, *machine learning*, Visualisierungen oder Datenmanagement und -manipulation geht: für alles gibt es Pakete in R. Irgendjemand hat Ihr Problem mit hoher Wahrscheinlichkeit schon einmal gelöst und Sie können davon profitieren.
 - R ist - zusammen mit Python - mittlerweile die *lingua franca* im Bereich Statistik und Machine Learning.
- Integration mit Git, Markdown, Latex und anderen Tools erlaubt einen integrierten Workflow. Beispielsweise ist es mit R Markdown möglich, das Coding und Schreiben der Antworten im gleichen Dokument vorzunehmen. Auch dieses Skript wurde vollständig in R Markdown geschrieben.

- R ist eine sehr flexible Programmiersprache, die es Ihnen erlaubt in verschiedenen ‘Stilen’ zu programmieren. Für Anfänger*innen mag es egal sein, dass R sowohl für objektorientierte und funktionale Programmierstile geeignet ist, aber gerade fortgeschrittene Nutzer*innen werden dieses Feature sehr zu schätzen wissen - auch wenn die Stärke von R sicherlich eher in der funktionalen Programmierung zu finden sind.
- Für besondere Aufgaben ist es recht einfach R mit high-performance Sprachen wie C, Fortran oder C++ zu integrieren.

1.2 Besonderheiten von R

R ist keine typische Programmiersprache, denn sie wird vor allem von Statistiker*innen benutzt und weiterentwickelt, und nicht von Programmierer*innen. Das hat den Vorteil, dass die Funktionen oft sehr genau auf praktische Herausforderungen ausgerichtet sind und es für alle typischen statistischen Probleme Lösungen in R gibt. Gleichzeitig hat dies auch dazu geführt, dass R einige unerwünschte Eigenschaften aufweist, da die Menschen, die Module für R programmieren keine ‘genuine’ Programmierer*innen sind.

Im Folgenden möchte ich einige Besonderheiten von R aufführen, damit Sie im Laufe Ihrer R-Karriere nicht negativ von diesen Besonderheiten überrascht werden. Während es sich für Programmier-Neulinge empfiehlt die Liste zu einem späteren Zeitpunkt zu inspizieren sollten Menschen mit Erfahrungen in anderen Sprachen gleich einen Blick darauf werfen.

- R wird dezentral über viele benutzerbeschriebene Pakete (‘libraries’ oder ‘packages’) konstant weiterentwickelt. Das führt wie oben erwähnt dazu, dass R quasi immer auf dem neuesten Stand der statistischen Forschung ist. Gleichzeitig kann die schiere Masse von Paketen auch verwirrend sein, insbesondere weil es für die gleiche Aufgabe häufig deutlich mehr als ein Paket gibt. Das führt zwar auch zu einer positiven Konkurrenz und jede*r kann sich seinen oder ihren Geschmäckern gemäß für das eine oder andere Paket entscheiden, es bringt aber auch mögliche Inkonsistenzen und schwerer verständlichen Code mit sich.
- Im Gegensatz zu Sprachen wie Python, die trotz einer enormen Anzahl von Paketen eine interne Konsistenz nicht verloren haben gibt es in R verschiedene ‘Dialekte’, die teilweise inkonsistent sind und gerade für Anfänger durchaus verwirrend sein können. Besonders die Unterscheidungen des `tidyverse`, einer Gruppe von Paketen, die von der R Studio Company sehr stark gepusht werden und vor allem zur Verarbeitung von Datensätzen gedacht sind, implementieren viele Routinen des ‘klassischen R’ (‘base R’) in einer neuen Art und Weise. Das Ziel ist, die Arbeit mit Datensätzen einfacher und leichter verständlich zu machen, allerdings wird die recht aggressive ‘Vermarktung’ und die teilweise inferiore Performance des Ansatzes auch kritisiert.¹
- Da viele der Menschen, die R Pakete herstellen keine Programmierer*innen sind, sind viele Pakete von einem Programmierstandpunkt aus nicht sonderlich effizient oder elegant geschrieben. Gleichzeitig gibt es aber auch viele Ausnahmen zu dieser Regel und viele Pakete werden über die Zeit hinweg signifikant verbessert.
- R an sich ist nicht die schnellste Programmiersprache, insbesondere wenn man seinen Code nicht entsprechend geschrieben hat. Auch bedarf eine R Session in der Regel recht viel Speicher. Hier sind selbst andere High-Level Sprachen wie Julia oder Python deutlich performanter, auch wenn Pakete wie `data.table` diesen Nachteil häufig abschwächen. Zudem ist er für die meisten Probleme, die Soziökonom*innen in ihrer Forschungspraxis bearbeiten, irrelevant.

Alles in allem ist R also eine hervorragende Wahl wenn es um quantitative sozialwissenschaftliche Forschung geht. Auch in der Industrie ist R extrem beliebt und wird im Bereich der *Data Science* nur noch von Python ernsthaft in den Schatten gestellt. Allerdings verwenden die meisten Menschen, die in diesem Bereich arbeiten, ohnehin beide Sprachen, da sie unterschiedliche Vor- und Nachteile haben. Entsprechend ist jede Minute, die Sie in das Lernen von R investieren eine exzellente Investition, egal wo Sie in Ihrem späteren Berufsleben einmal landen werden.

Das Wichtigste am Programmieren ist in jedem Fall Spaß und die Bereitschaft zu sowie die Freude an der Zusammenarbeit mit anderen. Denn das hat R mit anderen offenen Sprachen wie Python gemeinsam: Programmieren und das Lösen von statistischen Fragestellungen sollte immer ein kollaboratives Gemeinschaftsprojekt sein!

¹Zum einen bin ich ein großer Fan von vielen `tidyverse` Paketen, gleichzeitig ist der Fokus von R Studio auf diese Pakete sehr gefährlich. Meiner Meinung nach hilft `tidyverse` allerdings bei der Einsteigerfreundlichkeit, da diese Pakete die Arbeit mit Datensätzen sehr einfach machen. Für kleine Datensätze (<500MB) benutze ich das `tidyverse` auch in meiner eigenen Forschung. Aufgrund der Einsteigerfreundlichkeit werden wir hier für die Arbeit mit Datensätzen trotz allem mit dem `tidyverse` arbeiten. Ich weise jedoch auf die kritische Diskussion im entsprechenden Kapitel des Skripts hin.

Teil I

Grundlagen in R

Chapter 2

Einrichtung

2.1 Installation von R und R-Studio

Die Installation von R ist in der Regel unproblematisch. Auf der [R homepage](#) wählt man unter dem Reiter ‘Download’ den Link ‘CRAN’ aus, wählt einen Server in der Nähe und lädt sich dann die R Software herunter. Danach folgt man den Installationshinweisen.

Im zweiten Schritt muss noch das Programm ‘R-Studio’ installiert werden. Hierbei handelt es sich um eine grafische Oberfläche für R, welche uns die Arbeit enorm erleichtern wird. Das Programm kann [hier](#) heruntergeladen werden. Bitte darauf achten ‘RStudio Desktop’ zu installieren.

2.2 Die R Studio Oberfläche

Nach dem Installationsprozess öffnen wir R Studio zum ersten Mal. Abbildung 2.1 zeigt die verschiedenen Elemente der Oberfläche, deren Funktion im Folgenden kurz erläutert wird. Vieles ergibt sich hier aber auch durch *learning by doing*. Im Folgenden werden nur die Bereiche der Oberfläche beschrieben, die am Anfang unmittelbar relevant für uns sind.

- Der **Skriptbereich** (1) ist ein Texteditor wie Notepad - nur mit zusätzlichen Features wie Syntax Highlighting für R, sodass es uns leichter fällt R Code zu schreiben. Hier werden wir unsere Skripte verfassen.
- Die **Konsole** (2) erlaubt es uns über R direkt mit unserem Computer zu interagieren. R ist eine Programmiersprache. Das bedeutet, wenn wir den Regeln der Sprache folgen und uns in einer für den Computer verständlichen Art und Weise ausdrücken, versteht der Computer was wir von ihm wollen und führt unsere Befehle aus. Wenn wir in die Konsole z.B. $2+2$ eingeben, dann ist das valider R Code. Wenn wir dann Enter drücken versteht der Computer unseren Befehl und führt die Berechnung aus. Die Konsole ist sehr praktisch um den Effekt von R Code direkt zu beobachten. Wenn wir etwas in der Console ausführen wollen, das wir vorher im **Skriptbereich** geschrieben haben, können wir den Text markieren und dann auf den Button **Run** (3) drücken: dann kopiert R Studio den Code in die Konsole und führt ihn aus.
- Für den Bereich oben rechts haben wir in der Standardkonfiguration von R Studio drei Optionen, die wir durch Klicken auf die Reiter auswählen können. Der Reiter **Environment** (4) zeigt uns alle bisher definierten Objekte an (mehr dazu später). Der Reiter **History** (5) zeigt an, welchen Code wir in der Vergangenheit ausgeführt haben. Der Reiter **Connections** (6) braucht uns aktuell nicht zu interessieren.
- Auch für den Bereich unten rechts haben wir mehrere Optionen: Der Bereich **Files** (7) zeigt uns unser Arbeitsverzeichnis mit allen Ordnern und Dateien an. Das ist das Gleiche, was wir auch über den File Explorer unseres Betriebssystems sehen würden. Der Bereich **Plots** (8) zeigt uns eine Vorschau der Abbildungen, die wir durch unseren Code produzieren. Die anderen Bereiche brauchen uns aktuell noch nicht zu interessieren.
- Wenn wir ein neues R Skript erstellen wollen, können wir das über den Button **Neu** (9) erledigen. Wir klicken darauf und wählen die Option ‘R Skript’. Mit den alternativen Dateiformaten brauchen wir uns aktuell nicht beschäftigen.

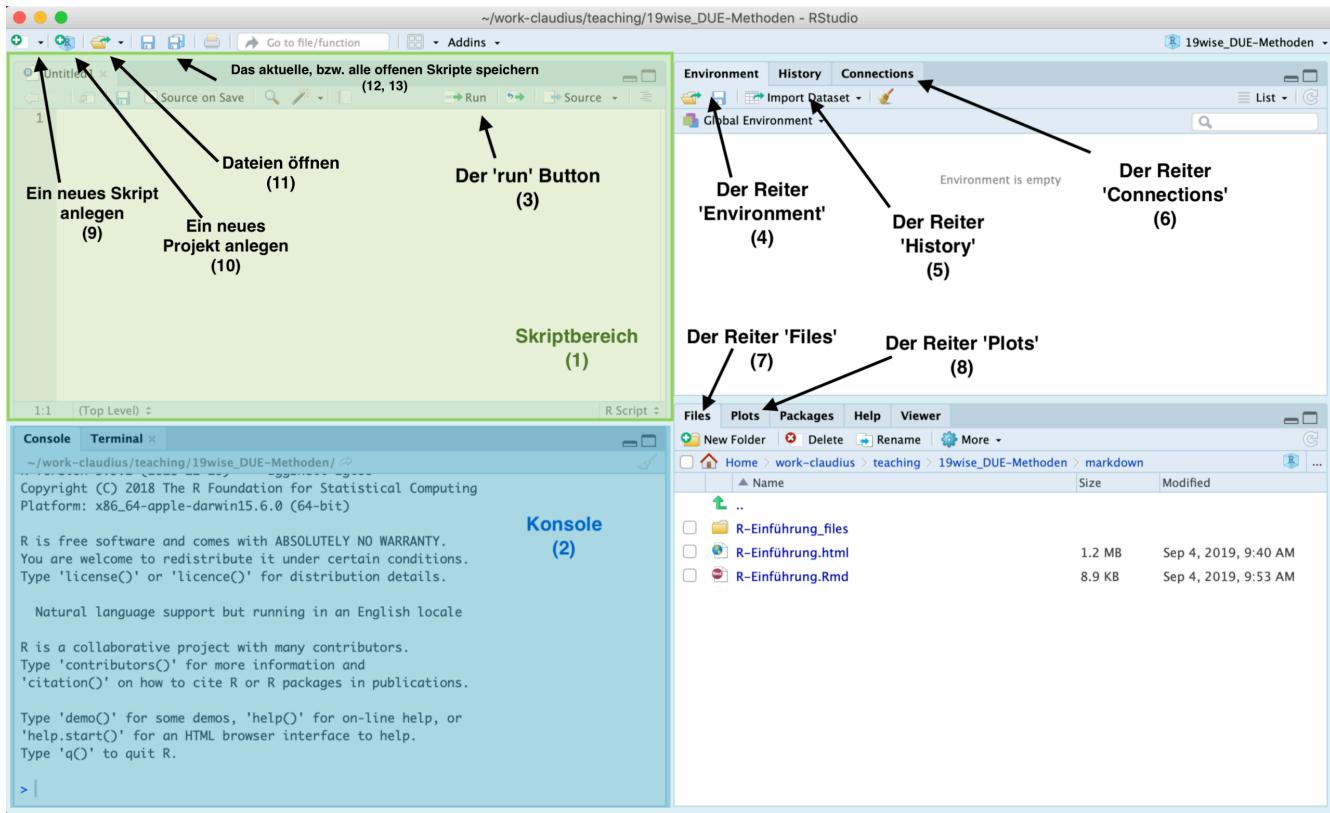


Figure 2.1: Die Benutzeroberfläche von R-Studio.

- Der Button **Neues Projekt anlegen** (10) erstellt eine neue R Studio Projekt - mehr dazu in Kürze.
- Der Button **Öffnen** (11) öffnet Dateien im Skriptbereich.
- Die beiden Buttons **Speichern** (12) und **Alles speichern** (13) speichern das aktuelle, bzw. alle im Skriptbereich geöffneten Dateien.

Die restlichen Buttons und Fenster in R Studio werden wir im Laufe der Zeit kennenlernen.

Es macht Sinn, sich einmal die möglichen Einstellungsmöglichkeiten für R Studio anzuschauen und gegebenenfalls eine andere Darstellungsversion zu wählen.

2.3 Einrichtung eines R Projekts

Im Folgenden werden wir lernen wie man ein neues R Projekt anlegt, R Code schreiben und ausführen kann.

Wann immer wir ein neues Programmierprojekt starten, sollten wir dafür einen eigenen Ordner anlegen und ein sogenanntes 'R Studio Projekt' erstellen. Das hilft uns den Überblick über unsere Arbeit zu behalten, und macht es einfach Code untereinander auszutauschen.

Ein Programmierprojekt kann ein Projekt für eine Hausarbeit sein, die Mitschriften für eine Vorlesungseinheit, oder einfach der Versuch ein bestimmtes Problem zu lösen, z.B. einen Datensatz zu visualisieren.

Die Schritte zur Erstellung eines solchen Projekts sind immer die gleichen:

1. Einen Ordner für das Projekt anlegen.
2. Ein R-Studio Projekt in diesem Ordner erstellen.
3. Relevante Unterordner anlegen.

Wir beschäftigen uns mit den Schritten gleich im Detail, müssen vorher aber noch die folgenden Konzepte diskutieren: (1) das Konzept eines *Arbeitsverzeichnisses* (*working directory*) und (2) die Unterscheidung zwischen *absoluten* und

relativen Pfaden.

2.3.1 Arbeitsverzeichnisse und Pfade

Das **Arbeitsverzeichnis** ist ein Ordner auf dem Computer, in dem R standardmäßig sämtlichen Output speichert und von dem aus es auf Datensätze und anderen Input zugreift. Wenn wir mit Projekten arbeiten ist das Arbeitsverzeichnis der Ordner, in dem das R-Projektfile abgelegt ist, ansonsten ist es das Benutzerverzeichnis. Wir können uns das Arbeitsverzeichnis mit der Funktion `getwd()` anzeigen lassen. In meinem Fall ist das Arbeitsverzeichnis das Folgende:

```
#> [1] "/Volumes/develop/packages/RforSocioEcon"
```

Wenn ich R nun sagen würde, es solle ein File unter dem Namen `test.pdf` speichern, dann würde es am folgenden Ort gespeichert werden:

```
#> [1] "/Volumes/develop/packages/RforSocioEcon/test.pdf"
```

R geht in einem solchen Fall immer vom Arbeitsverzeichnis aus. Da wir im vorliegenden Fall den Speicherort relativ zum Arbeitsverzeichnis angegeben haben, sprechen wir hier von einem **relativen Pfad**.

Alternativ können wir den Speicherort auch als **absoluten Pfad** angeben. In diesem Fall geben wir den kompletten Pfad, ausgehend vom **Root Verzeichnis** des Computers, an. Wir würden R also *explizit* auffordern, das File an folgendem Ort zu speichern:

```
#> [1] "/Volumes/develop/packages/RforSocioEcon/test.pdf"
```

Im vorliegenden Fall sind die resultierenden Pfade identisch. Wir können bei absoluten Pfaden aber jeden beliebigen Pfad angeben. Wir könnten die Datei z.B. auch an folgendem Ort speicher, wenn wir genau diesen absoluten Pfad angeben:

```
~/claudius-projekte/R-Projekt/output/test.pdf
```

Wir werden hier **immer** relative Pfade verwenden. Relative Pfade sind fast immer die bessere Variante, da ihre Verwendung es uns erlaubt den gleichen Code auf verschiedenen Computern zu verwenden. Denn wie man an den absoluten Pfaden erkennen kann, sehen diese auf jedem Computer anders aus und es ist dementsprechend schwierig, Code miteinander zu teilen.

Wir lernen mehr über dieses Thema wenn wir uns später mit Dateninput und -output beschäftigen.

2.3.2 Schritt 1: Projektordner anlegen

Zuerst müssen Sie sich für einen Ordner auf Ihrem Computer entscheiden, in dem alle Daten, die mit ihrem Projekt zu tun haben, also Daten, Skripte, Abbildungen, etc. gespeichert werden sollen und diesen Ordner gegebenenfalls neu erstellen. Es macht Sinn, einen solchen Ordner mit einem informativen Namen ohne Leer- und Sonderzeichen zu versehen, z.B. `Learning-R`.

Dieser Schritt kann theoretisch auch gemeinsam mit Schritt 2 erfolgen.

2.3.3 Schritt 2: Ein R-Studio Projekt im Projektordner erstellen

Wir möchten nun R Studio mitteilen den in Schritt 1 erstellten Ordner als R Projekt zu behandeln. Damit wird nicht nur dieser Ordner als Root-Verzeichnis festgelegt, man kann auch die Arbeitshistorie eines Projekts leicht wiederherstellen und es ist einfacher, das Projekt auf verschiedenen Computern zu bearbeiten.

Um ein neues Projekt zu erstellen klicken Sie in R Studio auf den Button **Neues Projekt** (Nr. 10 in Abbildung 2.1) und Sie sollten das in Abbildung 2.2 dargestellte Fenster sehen.

Falls Sie in Schritt 1 den Projektordner bereits erstellt haben wählen Sie hier **Existing Directory**, ansonsten erstellen Sie einen neuen Projektordner gleich gemeinsam mit dem Projektfile indem Sie **New Directory** auswählen.

Falls Sie **Existing Directory** gewählt haben, landen Sie in einem Fenster, welches dem linken Feld der Abbildung 2.3 entspricht. Hier wählen Sie einfach den vorher erstellten Ordner aus und klicken auf **Create Project**.

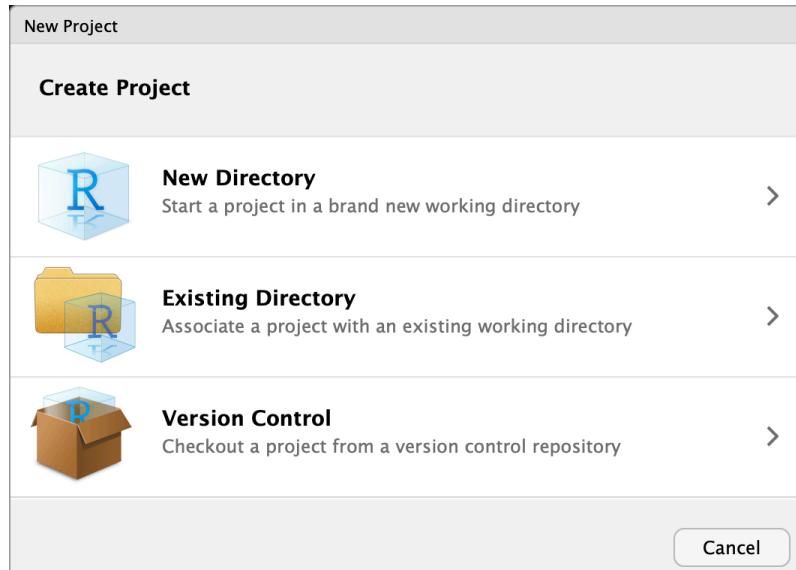


Figure 2.2: Ein neues Projekt erstellen.

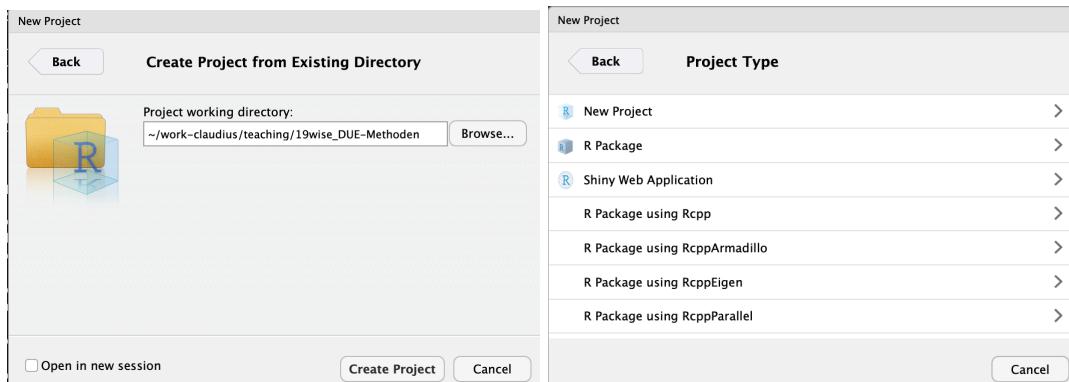


Figure 2.3: Ein neues R-Projekt aus einem existierenden (links) oder in einem neuen Projektordner (rechts) erstellen.

Falls Sie **New Directory** gewählt haben, landen Sie dann auf dem rechten in Abbildung 2.3 dargestellten Fenster. Hier wählen Sie **New Project** aus, geben dem Projekt im folgenden Fenster einen Namen (das wird der Name des Projektordners sein), wählen den Speicherort für den Ordner aus und klicken auf **Create Project**.

In beiden Fällen wurde nun ein Ordner erstellt, in dem sich ein File ***.Rproj** befindet. Damit ist die formale Erstellung eines Projekts abgeschlossen. Es empfiehlt sich jedoch dringend gleich eine sinnvolle Unterordnerstruktur mit anzulegen.

2.3.4 Schritt 3: Relevante Unterordner erstellen

Eine sinnvolle Unterordnerstruktur hilft (1) den Überblick über das eigene Projekt nicht zu verlieren, (2) mit anderen über verschiedene Computer hinweg zu kollaborieren und (3) Kollaborationsplattformen wie Github zu verwenden und replizierbare und für andere nachvollziehbare Forschungsarbeit zu betreiben.

Die folgende Ordnerstruktur ist eine Empfehlung. In manchen Projekten werden Sie nicht alle hier vorgeschlagenen Unterordner brauchen, in anderen bietet sich die Verwendung von mehr Unterordnern an. Nichtsdestotrotz ist es ein guter Ausgangspunkt, den ich in den meisten meiner Forschungsprojekte auch so verwende.

Insgesamt sollten die folgenden Ordner im Projektordner erstellt werden:

- Ein Ordner **data**, der alle Daten enthält, die im Rahmen des Projekts verwendet werden. Hier empfiehlt es sich zwei Unterordner anzulegen: Einen Ordner **raw**, der die Rohdaten enthält, so wie sie aus dem Internet runtergeladen wurden. Diese Rohdaten sollten **niemals** verändert werden, ansonsten wird Ihre Arbeit nicht vollständig replizierbar werden und es kommt gegebenenfalls zu irreparablen Schäden. Alle Veränderungen der Daten sollten durch Skripte dokumentiert werden, die die Rohdaten als Input, und einen modifizierten Datensatz als Output generieren. Dieser modifizierte Datensatz sollte dann im Unterordner **tidy** gespeichert werden.

Beispiel: Sie laden sich Daten zum BIP in Deutschland von Eurostat und Daten zu Arbeitslosigkeit von AMECO herunter. Beide Datensätze sollten im Unterordner **data/raw** gespeichert werden. Mit einem Skript lesen Sie beide Datensätze ein und erstellen den kombinierten Datensatz **macro_data.csv**, den Sie im Ordner **data/tidy** speichern und für die weitere Analyse verwenden. Dadurch kann jede*r nachvollziehen wie die von Ihnen verwendeten Daten sich aus den Rohdaten ergeben haben und Ihre Arbeit bleibt komplett transparent.

- Ein Ordner **R**, der alle R Skripte enthält, also alle Textdokumente, die R Code enthalten.
- Ein Ordner **output**, in dem der Output ihrer Berechnungen, z.B. Tabellen oder Plots, gespeichert werden können. Der Inhalt dieses Ordners sollte sich komplett mit den Inhalten der Ordner **data** und **R** replizieren lassen.
- Ein Ordner **text**, in dem Sie Ihre Verschriftlichungen speichern, z.B. das eigentliche Forschungspapier, ihre Hausarbeit oder Ihre Vorlesungsmitschriften.
- Einen Ordner **misc** in den Sie alles packen, was in keinen der anderen Ordner passt. Ein solcher Ordner ist wichtig und Sie sollten nicht zuordbare Dateien nie in den übergeordneten Projektordner als solchen speichern.

Wenn wir annehmen unser Projektordner heißt 2019-Methoden ergibt sich damit insgesamt die in Abbildung 2.4 dargestellte Ordner und Datenstruktur.

In einem vierten Schritt sollten Sie nun noch eine **.here**-Datei erstellen. Da dies jedoch die Verwendung von Paketen voraussetzt sollten Sie den nächsten Abschnitt zunächst überspringen, wenn Sie noch nicht wissen wie man R-Pakete verwendet und den Abschnitt zu einem späteren Zeitpunkt lesen (R-Pakete werden in Abschnitt 3.4 von Kapitel 3 eingeführt).

2.4 Optional: Schritt 4 und das here-Paket

Es gibt einen weiteren Schritt, den Sie bei der Einrichtung eines neuen Projekts immer durchführen sollten. Dieser Schritt beinhaltet die Verwendung des R-Pakets **here** (Müller, 2017). Falls Sie noch nicht mit der Verwendung von R-Paketen vertraut sind, sollten Sie diesen Abschnitt zunächst überspringen. Pakete werden in Abschnitt 3.4 in Kapitel 3 eingeführt und es macht Sinn, wenn Sie später nach Lektüre dieses Abschnitts noch einmal hierher zurückkehren.

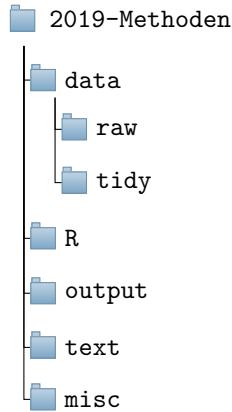


Figure 2.4: Die vorgeschlagene Ordnerstruktur für R-Projekte.

Wie weiter oben beschrieben sollten Sie in der alltäglichen Arbeit immer *relative* Pfade verwenden. In zwei Situationen kann die Verwendung von relativen Pfaden aber problematisch sein: (1) in der Zusammenarbeit mit anderen und (2) bei der Verwendung von R-Markdown.¹

Gerade wenn Sie ein Skript einmal an eine*n Kollege*in schicken wollen und diese*r nicht das ganze R Projekt öffnet kommt es schnell zu Fehlermeldungen. Glücklicherweise gibt es eine recht einfache Lösung für alle derartigen Probleme: das Paket `here` (Müller, 2017). Durch Einlesen des Pakets erhalten Sie Zugriff auf die Funktion (Überraschung!) `here()`. Diese Funktion nimmt nur ein einziges Argument und zwar einen relativen Pfad. Die Funktion wandelt diesen relativen Pfad automatisch in einen absoluten Pfad um. Dabei berücksichtigt sie die individuelle Ordnerstruktur von dem Computer, auf dem sie aktuell ausgeführt wird. Das bedeutet, dass Sie für unterschiedliche Computer unterschiedliche Ergebnisse liefert. Anhand eines Beispiels lässt sich das am einfachsten nachvollziehen. Gehen wir davon aus, dass Birte und Claudius gemeinsam an einem R-Skript arbeiten. Im Code kommt dabei folgende Zeile vor:

```
write(c(1,2,3), file = "output/vektor.txt")
```

Hier wird ein Vektor in einer Textdatei im Unterordner `output/` gespeichert. Damit R die Datei am richtigen Ort speichert müssen Birte und Claudius das gleiche Arbeitsverzeichnis verwenden, sonst wirkt der relative Pfad auf ihren jeweiligen Computern anders. Alternativ könnte Claudius den Pfad auch absolut angeben:

```
write(c(1,2,3), file = "/Users/claudius/projekte/R-Projekt-Birte/output/vektor.txt")
```

Dann würde die Datei auf seinem Computer immer am richtigen Ort gespeichert, egal in welchem Arbeitsverzeichnis er sich gerade befindet. Wenn Birte nun allerdings diesen Code bei sich ausführt wird sie mit ziemlicher Sicherheit eine Fehlermeldung erhalten. Denn auf ihrem Computer liegt das Skript bestimmt an einem anderen Ort. Sie müsste also z.B. schreiben:

```
write(c(1,2,3), file = "/Users/birte/projekte/R-Projekt-Claudius/output/vektor.txt")
```

Dieser Code wiederum würde bei Claudius nicht funktionieren. Natürlich könnten die beiden den Code immer individuell vor dem Ausführen auf ihrem Computer anpassen. Das wäre allerdings nervig und Sie sollten Ihren Code immer so schreiben, dass er ohne Modifikation auf unterschiedlichen Computern funktioniert. Sonst macht Zusammenarbeit wenig Spaß.

Die Funktion `here()` löst dieses Problem. Hier könnten die beiden einfach schreiben:

```
write(c(1,2,3), file = here("output/vektor.txt"))
```

Die Funktion `here()` baut dann automatisch einen absoluten Pfad. Der Output von `here("output/vektor.txt")` sähe auf Claudius' Computer so aus:

¹Mit R Markdown können Sie in R direkt Texte schreiben und somit die statistische Analyse und die Beschreibung der Ergebnisse in einem Dokument integrieren. Dieses Buch ist z.B. auch vollständig in R-Markdown geschrieben. Eine kurze Einführung finden Sie in Kapitel 14.

```
~/claudius-projekte/R-Projekt-Birte/output/vektor.txt
```

Und auf Birte's Computer aber so:

```
~/birte-projekte/R-Projekt-Claudius/output/vektor.txt
```

So können die beiden den Code einfach untereinander tauschen ohne den Code jeweils auf ihren Computern verändern zu müssen. Daher, und aufgrund einiger anderer potenzieller Schwierigkeiten, denen wir erst später begegnen werden, lohnt es sich immer das Paket `here` zu verwenden und relative Pfade immer gemeinsam mit der Funktion `here()` anzugeben. Das ist ein kleiner Mehraufwand, der auf Dauer aber viel Ärger spart.

Damit das problemlos funktioniert lohnt es sich, dem `here` Paket den Ausgangspunkt für die relativen Pfade explizit mitzuteilen. Dafür muss beim Erstellen eines Arbeitsverzeichnis *einmalig* eine Datei `.here` erstellt werden, und zwar in dem Ordner, der als Ausgangspunkt für die relativen Pfade fungieren soll. Das ist in aller Regel der Ordner, in dem auch die `.Rproj` Datei liegt.²

Dazu führen wir nach Schritt 3 noch folgende Befehle aus:

```
here::here()
```

Wenn der angezeigte Pfad mit dem Pfad zu Ihrem gewünschten Arbeitsverzeichnis übereinstimmt, führen Sie nun folgenden Befehl aus:

```
here::set_here()
```

Falls nicht geben Sie der Funktion `here::set_here()` den absoluten Pfad zu Ihrem Arbeitsverzeichnis als Argument, z.B.:

```
here::set_here("/Users/claudius/projekte/R-Projekt-Birte")
```

Sie sollten nun eine Nachricht bekommen haben, dass in Ihrem Arbeitsverzeichnis eine neue Datei `.here` erstellt wurde. Damit ist die Einrichtung Ihres Projekts vollständig abgeschlossen.

2.5 Abschließende Bemerkungen

Eine gute Ordnerstruktur ist nicht nur absolut essenziell um selbst einen Überblick über seine Forschungsprojekte zu behalten, sondern auch wenn man mit anderen Menschen kollaborieren möchte, da jegliche Kollaboration durch eine gut durchdachte Ordnerstruktur massiv erleichtert wird. In einem solchen Fall sollte man auf jeden Fall eine Versionskontrolle wie Git und GitHub verwenden. Eine (optionale) kurze Einführung in Git und Github finden Sie in Kapitel 15.

²Strikt genommen ist das Erstellen der `.here` Datei nicht nötig, da `here()` im Zweifel von dem Ordner als Ausgangspunkt ausgeht, in dem es die nächste `.Rproj`-Datei findet. Es ist aber besser hier explizit zu seine `.here`-Datei beim Einrichten eines neuen Projekts immer mit zu erstellen. Dann funktioniert der Code in jedem Fall immer.

Chapter 3

Erste Schritte in R

Nach den (wichtigen) Vorbereitungsschritten im vorangehenden Kapitel wollen wir an dieser Stelle mit dem eigentlichen Programmieren anfangen. Zu diesem Zweck müssen wir uns mit der Syntax von R vertraut machen, also mit den Regeln, denen wir folgen müssen, wenn wir Code schreiben, damit der Computer versteht, was wir ihm eigentlich in R sagen wollen.

Das Kapitel ist dabei folgendermaßen aufgebaut: zunächst lernen wir in Abschnitt 3.1 wie wir mit Hilfe von R und R-Studio mit unserem Computer ‘kommunizieren’ können. Danach lernen wir in Abschnitt 3.2 nicht nur die zentralen Elemente der Programmiersprache R kennen, nämlich Objekte und Funktionen, sondern lernen auch wie wir solche Objekte erstellen und ihnen Namen zuweisen können. Ein großer Teil des Kapitels (Abschnitt 3.3) ist dann den unterschiedlichen Arten von Objekten in R gewidmet. Wir lernen zum Beispiel wie sich Vektoren von Listen unterscheiden, und welche Pendants in R es zu ‘Zahlen’ und ‘Wörtern’ in unserer Alltagssprache gibt. Abgeschlossen wird das Kapitel mit einer kurzen Einführung von ‘Paketen’ in Abschnitt 3.4. Pakete sind ein wichtiger Bestandteil der Open-Source Sprache R: hier handelt es sich um Code, den andere Menschen geschrieben und der Allgemeinheit frei zugänglich gemacht haben. Dadurch ist sichergestellt, dass R immer auf dem neuesten Stand der Forschung und Praxis ist.

3.1 Befehle in R an den Computer übermitteln

Grundsätzlich können wir über R Studio auf zwei Arten mit dem Computer “kommunizieren”: über die Konsole direkt, oder indem wir im Skriptbereich ein Skript schreiben und dies dann ausführen.

Als Beispiel für die erste Möglichkeit wollen wir mit Hilfe von R die Zahlen 2 und 5 miteinander addieren. Zu diesem Zweck können wir einfach $2 + 5$ in die Konsole eingeben, und den Befehl mit ‘Enter’ an den Computer senden. Da es sich beim Ausdruck $2 + 5$ um korrekten R Code handelt, ‘versteht’ der Computer was wir von ihm wollen und gibt uns das entsprechende Ergebnis aus:

```
2 + 5
```

```
#> [1] 7
```

Die Zeichenkombination `#>` am Beginn der Zeile zeigt an, dass es sich bei dieser Zeile um den Output eines R-Befehls handelt. Das kann bei Ihrem Computer durchaus anders aussehen. Das Ergebnis von $2+5$ ist eine Zahl (genauer: ein ‘Skalar’). In R werden Skalare immer als Vektor der Länge 1 dargestellt. Die `[1]` gibt also an, dass hier ein Vektor der Länge 1 angezeigt wird. Wäre das Ergebnis unserer Berechnung ein Vektor der Länge 2 würde die Outputzeile dementsprechend mit `#> [2]` eingeleitet werden.

Auf diese Art und Weise können wir R als einfachen Taschenrechner verwenden, denn für alle einfachen mathematischen Operationen können wir bestimmte Symbole als Operatoren verwenden. An dieser Stelle sei noch darauf hingewiesen, dass das Symbol `#` in R einen Kommentar einleitet, das heißt alles was in einer Zeile nach `#` steht wird vom Computer ignoriert und man kann sich an dieser Stelle Notizen im Code machen.

```
2 + 5 # Addition
```

```
#> [1] 7
```

2/2 # Division

```
#> [1] 1
4*2 # Multiplikation

#> [1] 8
3**2 # Potenzierung
```

```
#> [1] 9
```

Alternativ können wir die Befehle in einem Skript aufschreiben, und dieses Skript dann ausführen. Während die Interaktion über die Konsole sinnvoll ist um die Effekte bestimmter Befehle auszuprobieren, bietet sich die Verwendung von Skripten an, wenn wir mit den Befehlen später weiter arbeiten wollen, oder sie anderen Menschen zugänglich zu machen. Denn das Skript können wir als Datei auf unserem Computer speichern, vorzugsweise im Unterordner R unseres R-Projekts (siehe Abschnitt [Relevante Unterordner erstellen](#)), und dann später weiterverwenden.

Die Berechnungen, die wir bislang durchgeführt haben sind zugegebenermaßen nicht sonderlich spannend. Um fortgeschrittene Operationen in R durchzuführen und verstehen zu können müssen wir uns zunächst mit den Konzepten von **Objekten**, **Funktionen** und **Zuweisungen** beschäftigen.

3.2 Objekte, Funktionen und Zuweisungen

To understand computations in R, two slogans are helpful: Everything that exists is an object. Every-
thing that happens is a function call.
— John Chambers

Mit der Aussage ‘Alles in R ist ein Objekt’ ist gemeint, dass jede Zahl, jede Funktion, oder jeder Buchstabe in R ein Objekt ist, das irgendwo auf dem Speicher Ihres Rechners abgespeichert ist.

In der Berechnung `2 + 3` ist die Zahl `2` genauso ein Objekt wie die Zahl `3` und die Additionsfunktion, die durch den Operator `+` aufgerufen wird.

Mit der Aussage ‘Alles was in R passiert ist ein Funktionsaufruf’ ist gemeint, dass wir R eine Berechnung durchführen lassen indem wir eine Funktion aufrufen.

Funktionen sind Algorithmen, die bestimmte Routinen auf einen *Input* anwenden und dabei einen *Output* produzieren. Die Additionsfunktion, die wir in der Berechnung `2 + 3` aufgerufen haben hat als Input die beiden Zahlen `2` und `3` aufgenommen, hat auf sie die Routine der Addition angewandt und als Output die Zahl `5` ausgegeben. Der Output `5` ist dabei in R genauso ein Objekt wie die Inputs `2` und `3`, sowie die Funktion `+`.

Ein ‘Problem’ ist, dass R im vorliegenden Fall den Output der Berechnung zwar ausgibt, wir danach aber keinen Zugriff darauf mehr haben:

2 + 3

```
#> [1] 5
```

Falls wir den Output weiterverwenden wollen, macht es Sinn, dem Output Objekt einen Namen zu geben, damit wir später wieder darauf zugreifen können. Der Prozess einem Objekt einen Namen zu geben wird **Zuweisung** oder **Assignment** genannt und durch die Funktion `assign` vorgenommen:

```
assign("zwischenergebnis", 2 + 3)
```

Wir können nun das Ergebnis der Berechnung `2 + 3` aufrufen, indem wir in R den Namen des Output Objekts eingeben:

```
zwischenergebnis
```

```
#> [1] 5
```

Da Zuweisungen so eine große Rolle spielen und sehr häufig vorkommen gibt es auch für die Funktion `assign` eine Kurzschreibweise, nämlich `<-`. Entsprechend sind die folgenden beiden Befehle äquivalent:

```
assign("zwischenergebnis", 2 + 3)
zwischenergebnis <- 2 + 3
```

Daher werden wir Zuweisungen immer mit dem `<-` Operator durchführen.¹

Wir können in R nicht beliebig Namen vergeben. Gültige (also: syntaktisch korrekte) Namen

- enthalten nur Buchstaben, Zahlen und die Symbole `.` und `_`
- fangen nicht mit `.` oder einer Zahl an!

Zudem gibt es einige Wörter, die schlicht nicht als Name verwendet werden dürfen, z.B. `function`, `TRUE`, oder `if`. Die gesamte Liste verbotener Worte kann mit dem Befehl `?Reserved` ausgegeben werden.

Wenn man einen Namen vergeben möchte, der nicht mit den gerade formulierten Regeln kompatibel ist, gibt R eine Fehlermeldung aus:

```
TRUE <- 5
```

```
#> Error in TRUE <- 5: invalid (do_set) left-hand side to assignment
```

Zudem sollte man Folgendes beachten:

- Namen sollten kurz und informativ sein; entsprechend ist `sample_mean` ein guter Name, `vector_2` dagegen eher weniger
- Man sollte **nie Umlaute in Namen verwenden**
- R ist *case sensitive*, d.h. `mean_value` ist ein anderer Name als `Mean_Value`
- Auch wenn möglich, sollte man nie von R bereit gestellte Funktionen überschreiben. Eine Zuweisung wie `assign <- 2` ist zwar möglich, führt in der Regel aber zu großem Unglück, weil man nicht mehr ganz einfach auf die zugrundeliegende Funktion zurückgreifen kann.

Hinweis: Alle aktuellen Namenszuweisungen sind im Bereich `Environment` in R Studio (Nr. 4 in Abbildung 2.4 oben) aufgelistet und können durch die Funktion `ls()` angezeigt werden.

Hinweis: Ein Objekt kann mehrere Namen haben, aber kein Name kann zu mehreren Objekten zeigen, da im Zweifel eine neue Zuweisung die alte Zuweisung überschreibt:

```
x <- 2
y <- 2 # Das Objekt 2 hat nun zwei Namen
print(x)

#> [1] 2
print(y)

#> [1] 2
x <- 4 # Der Name 'x' zeigt nun zum Objekt '4', nicht mehr zu '2'
print(x)
```

```
#> [1] 4
```

Hinweis: Wie Sie vielleicht bereits bemerkt haben wird nach einer Zuweisung kein Wert sichtbar ausgegeben:

```
2 + 2 # Keine Zuweisung, R gibt das Ergebnis in der Konsole aus
```

```
#> [1] 4
x <- 2 + 2 # Zuweisung, R gibt das Ergebnis in der Konsole nicht aus
```

An dieser Stelle wollen wir das bisher Gelernte kurz zusammenfassen:

¹Theoretisch kann `<-` auch andersherum verwendet werden: `2 + 3 -> zwischenergebnis`. Das mag zwar auf den ersten Blick intuitiver erscheinen, da das aus `2 + 3` resultierende Objekt den Namen `zwischenergebnis` bekommt, also immer erst das Objekt erstellt wird und dann der Name zugewiesen wird. Es führt jedoch zu deutlich weniger lesbarem Code und sollte daher nie verwendet werden. Ebensowenig sollten Zuweisungen durch den `=` Operator vorgenommen werden, auch wenn es im Fall `zwischenergebnis = 2 + 3` funktionieren würde.

- Wir können Befehle in R Studio an den Computer übermitteln indem wir (a) den R Code in die Konsole schreiben und Enter drücken oder (b) den Code in ein Skript schreiben und dann ausführen
- Alles was in R *existiert* ist ein Objekt, alles was in R *passiert* ist ein Funktionsaufruf
- Wir können einem Objekt mit Hilfe von `<-` einen Namen geben und dann später wieder aufrufen. Den Prozess der Namensgebung nennen wir **Assignment** und wir können uns alle aktuell von uns vergebenen Namen mit der Funktion `ls()` anzeigen lassen
- Eine Funktion ist ein Objekt, das auf einen Input eine bestimmte Routine anwendet und einen Output produziert

An dieser Stelle sei noch auf die Hilfefunktion `help()` hingewiesen. Über diese können Sie weitere Informationen über ein Objekt bekommen. Wenn Sie z.B. genauere Informationen über die Verwendung der Funktion `assign` erhalten wollen, können Sie Folgendes eingeben:

```
help(assign)
```

3.3 Grundlegende Objekte in R

Wir haben bereits gelernt, dass alles was in R existiert ein Objekt ist. Wir haben aber auch schon gelernt, dass es unterschiedliche Typen von Objekten gibt: Zahlen, wie `2` oder `3` und Funktionen wie `assign`.² Tatsächlich gibt es noch viel mehr Arten von Objekten. Ein gutes Verständnis der Objektarten ist Grundvoraussetzung um später anspruchsvolle Programmieraufgaben zu lösen. Daher wollen wir uns im Folgenden mit den wichtigsten Objektarten in R auseinandersetzen.

3.3.1 Funktionen

Wie oben bereits kurz erwähnt handelt es sich bei Funktionen um Algorithmen, die bestimmte Routinen auf einen *Input* anwenden und dabei einen *Output* produzieren.

Die Funktion `log()` zum Beispiel nimmt als Input eine Zahl und gibt als Output den Logarithmus dieser Zahl aus:

```
log(2)
```

```
#> [1] 0.6931472
```

Eine Funktion aufrufen

In R gibt es prinzipiell vier verschiedene Arten Funktionen aufzurufen. Nur zwei davon sind allerdings aktuell für uns relevant.

Die bei weitem wichtigste Variante ist die so genannte *Prefix-Form*. Dies ist die Form, die wir bei der überwältigenden Anzahl von Funktionen verwenden werden. Wir schreiben hier zunächst den Namen der Funktion (im Folgenden Beispiel `assign`), dann in Klammern und mit Kommata getrennt die Argumente der Funktion (hier der Name `test` und die Zahl `2`):

```
assign("test", 2)
```

Eine hin und wieder auftretende Form ist die sogenannte *Infix-Form*. Hier wird der Funktionsname zwischen die Argumente geschrieben. Dies ist, wie wir oben bereits bemerkt haben, bei vielen mathematischen Funktionen wie `+`, `-` oder `/` der Fall. Streng genommen ist die Infix-Form aber nur eine *Abkürzung*, denn jeder Funktionsaufruf in Infix-Form kann auch in Prefix-Form geschrieben werden, wie folgendes Beispiel zeigt:

```
2 + 3
```

```
#> [1] 5
`+` (2,3)
```

```
#> [1] 5
```

²Wie wir unten lernen werden sind `2` und `3` in erster Linie keine Zahlen, sondern Vektoren der Länge 1, und gelten erst in nächster Instanz als ‘Zahl’ (genauer: ‘double’).

Die Argumente einer Funktion

Die Argumente einer Funktion stellen zum einen den *Input* für die in der Funktion implementierte Routine dar.

Die Funktion `sum` zum Beispiel nimmt als Argumente eine beliebige Anzahl an Zahlen (ihr ‘Input’) und berechnet die Summe dieser Zahlen:

```
sum(1,2,3,4)
```

```
#> [1] 10
```

Darüber hinaus akzeptiert `sum()` noch ein *optionales Argument*, `na.rm`, welches entweder den Wert `TRUE` oder `FALSE` annehmen kann. Die Buchstaben `na` stehen hier für “not available”, und bezeichnen fehlende Werte. Wenn wir das Argument nicht explizit spezifizieren nimmt es automatisch `FALSE` als den Standardwert an.

Dieses optionale Argument ist kein klassischer Input, sondern kontrolliert das genaue Verhalten der Funktion. Wenn `na.rm` den Wert `TRUE` hat, dann werden im Falle von `sum()` die fehlenden Werte, also die `NA`, ignoriert bevor die Summe der Inputs gebildet wird:

```
sum(1,2,3,4,NA)
```

```
#> [1] NA
```

```
sum(1,2,3,4,NA, na.rm = TRUE)
```

```
#> [1] 10
```

Wenn wir wissen wollen, welche Argumente eine Funktion akzeptiert, ist es immer eine gute Idee über die Funktion `help()` einen Blick in die Dokumentation zu werfen!

Im Falle von `sum()` sehen wir hier sofort, dass die Funktion neben den zu addierenden Zahlen ein optionales Argument `na.rm` akzeptiert, welches den Standardwert `FALSE` annimmt.

Eigene Funktionen definieren

Sehr häufig möchten wir selbst Funktionen definieren. Das können wir mit dem reservierten Keyword `function` machen. Als Beispiel wollen wir eine Funktion `pythagoras` definieren, die als Argumente die Seitenlängen der Katheten eines rechtwinkligen Dreiecks annimmt und über den [Satz des Pythagoras](#) die Länge der Hypotenuse bestimmt:

```
pythagoras <- function(kathete_1, kathete_2){
  hypo_quadrat <- kathete_1**2 + kathete_2**2
  hypotenuse <- sqrt(hypo_quadrat) # sqrt() zieht die Quadratwurzel
  return(hypotenuse)
}
```

Wir definieren eine Funktion durch die Funktion `function()`. In der Regel beginnen wir die Definition indem wir die zu erstellende Funktion mit einem Namen assoziieren (hier: ‘`pythagoras`’) damit wir sie später auch verwenden können.

Die Argumente für `function` sind dann die Argumente, welche die zu definierende Funktion annehmen soll, in diesem Fall `kathete_1` und `kathete_2`. Danach beginnen wir den ‘function body’, also den Code für die Routine, welche die Funktion ausführen soll, mit einer geschweiften Klammer.

Innerhalb des *function bodies* wird dann die entsprechende Routine implementiert. Im vorliegenden Beispiel definieren wir zunächst die Summe der Werte von `kathete_1` und `kathete_2` als ein Zwischenergebnis, welches hier `hypo_quadrat` genannt wird. Dies ist der häufig unter $c^2 = a^2 + b^2$ bekannte Teil des Satz von Pythagoras. Da wir an der ‘normalen’ Länge der Hypotenuse interessiert sind, ziehen wir mit der Funktion `sqrt()` noch die Wurzel von `hypo_quadrat`, und geben dem resultierenden Objekt den Namen `hypotenuse`, welches in der letzten Zeile mit Hilfe des Keywords `return` als der Wert definiert wird, den die Funktion als Output ausgibt.³

Am Ende der Routine kann man mit dem Keyword `return` explizit machen welchen Wert die Funktion als Output ausgeben soll. Wenn wir die Funktion nun aufrufen wird die oben definierte Routine ausgeführt:

³Das ist strikt genommen nicht notwendig, aber der Übersichtlichkeit werden wir immer `return` verwenden. Eine interessante Debatte darüber ob man `return` verwenden sollte oder nicht findet sich [hier](#).

```
pythagoras(2, 4)
```

```
#> [1] 4.472136
```

Beachten Sie, dass alle Objektnamen, die innerhalb des *function bodies* verwendet werden, nach dem Funktionsaufruf verloren gehen, weil Funktionen ihr eigenes **environment** haben. Deswegen kommt es im vorliegenden Falle zu einem Fehler, da `hypo_quadrat` nur innerhalb des *function bodies* existiert:

```
pythagoras <- function(kathete_1, kathete_2){
  hypo_quadrat <- kathete_1**2 + kathete_2**2
  hypotenuse <- sqrt(hypo_quadrat) # sqrt() zieht die Quadratwurzel
  return(hypotenuse)
}
x <- pythagoras(2, 4)
hypo_quadrat
```

```
#> Error in eval(expr, envir, enclos): object 'hypo_quadrat' not found
```

Es ist immer eine gute Idee, die selbst definierten Funktionen zu dokumentieren - nicht nur wenn wir sie auch anderen zur Verfügung stellen wollen, sondern auch damit wir selbst nach einer möglichen Pause unseren Code noch gut verstehen können. Nichts ist frustrierender als nach einer mehrwöchigen Pause viele Stunden investieren zu müssen, den eigens programmierten Code zu entschlüsseln!

Die Dokumentation von Funktionen kann mit Hilfe von einfachen Kommentaren erfolgen, ich empfehle jedoch sofort sich die [hier beschriebenen Konventionen](#) anzugewöhnen. In diesem Falle würde eine Dokumentation unserer Funktion `pythagoras` folgendermaßen aussehen:

```
'# Berechne die Länge der Hypotenuse in einem rechtwinkligen Dreieck
#'
#' Diese Funktion nimmt als Argumente die Längen der beiden Katheten eines
#' rechtwinkligen Dreiecks und berechnet daraus die Länge der Hypotenuse.
#' @param kathete_1 Die Länge der ersten Kathete
#' @param kathete_2 Die Länge der zweiten Kathete
#' @return Die Länge der Hypotenuse des durch a und b definierten
#' rechtwinkligen Dreieckst
pythagoras <- function(kathete_1, kathete_2){
  hypo_quadrat <- kathete_1**2 + kathete_2**2
  hypotenuse <- sqrt(hypo_quadrat) # sqrt() zieht die Quadratwurzel
  return(hypotenuse)
}
```

Die Dokumentation wird also direkt vor die Definition der Funktion gesetzt. In der ersten Zeile gibt man der Funktion einen maximal einzeiligen Titel, der nicht länger als 80 Zeichen sein sollte und die Funktion prägnant beschreibt.

Dann, nach einer Leerzeile wird genauer beschrieben was die Funktion macht. Danach werden die Argumente der Funktion beschrieben. Für jedes Argument beginnen wir die Reihe mit `@param`, gefolgt von dem Namen des Arguments und dann einer kurzen Beschreibung.

Nach den Argumenten beschreiben wir noch kurz was der Output der Funktion ist. Diese Zeile wird mit `@return` begonnen.

Die Dokumentation einer Funktion sollte also zumindest die Parameter und die Art des Outputs erklären.

Gründe für die Verwendung eigener Funktionen

Eigene Funktionen zu definieren ist in der Praxis extrem hilfreich und es ist empfehlenswert Routinen, die mehrere Male verwendet werden grundsätzlich als Funktionen zu schreiben. Dafür gibt es mehrere Gründe:

- 1. Der Code wird kürzer und transparenter.** Zwar ist kurzer Code nicht notwendigerweise leichter zu verstehen als langer, aber Funktionen können besonders gut dokumentiert werden (am besten indem man den hier beschriebenen Konventionen folgt).

2. **Funktionen bieten Struktur.** Funktionen fassen in der Regel Ihre Vorstellung davon zusammen, wie ein bestimmtes Problem zu lösen ist. Da man sich diese Gedanken nicht ständig neu machen möchte ist es sinnvoll sie einmalig in einer Funktion zusammenzufassen.
3. **Funktionen erleichtern Korrekturen.** Wenn Sie merken, dass Sie in der Implementierung einer Routine einen Fehler gemacht haben müssen Sie im besten Falle nur einmal die Definition der Funktion korrigieren - im schlimmsten Falle müssen Sie in Ihrem Code nach der Routine suchen und sie in jedem einzelnen Anwendungsfall erneut korrigieren.

Es gibt noch viele weitere Gründe dafür, Funktionen häufig zu verwenden. Viele hängen mit dem Entwicklerprinzip **DRY** ("Don't Repeat Yourself") zusammen.

3.3.2 Vektoren

Vektoren sind einer der wichtigsten Objekttypen in R. Quasi alle Daten mit denen wir in R arbeiten werden als Vektoren behandelt.

Was Vektoren angeht gibt es wiederum die wichtige **Unterscheidung von atomaren Vektoren und Listen**. Beide bestehen ihrerseits aus Objekten und sie unterscheiden sich dadurch, dass atomare Vektoren nur aus Objekten des gleichen Typs bestehen können, Listen dagegen auch Objekte unterschiedlichen Typs beinhalten können.

Entsprechend kann jeder atomare Vektor einem Typ zugeordnet werden, je nachdem welchen Typ seine Bestandteile haben. Hier sind insbesondere vier Typen relevant:

- **logical** (logische Werte): es gibt zwei logische Werte, **TRUE** und **FALSE**, welche auch mit **T** oder **F** abgekürzt werden können
- **integer** (ganze Zahlen): das sollte im Prinzip selbsterklärend sein, allerding muss den ganzen Zahlen in R immer der Buchstabe **L** folgen, damit die Zahl tatsächlich als ganze Zahl interpretiert wird.⁴ Beispiele sind **1L**, **400L** oder **10L**.
- **double** (Dezimalzahlen): auch das sollte selbsterklärend sein; Beispiele wären **1.5**, **0.0**, oder **-500.32**.
- Ganze Zahlen und Dezimalzahlen werden häufig unter der Kategorie **numeric** zusammengefasst. Dies ist in der Praxis aber quasi nie hilfreich und man sollte diese Kategorie möglichst nie verwenden.
- Wörter (**character**): sie sind dadurch gekennzeichnet, dass sie auch Buchstaben enthalten können und am Anfang und Ende ein " " haben. Beispiele hier wären **"Hallo"**, **"500"** oder **"1_2_Drei"**.
- Es gibt noch zwei weitere besondere 'Typen', die strikt gesehen keine atomaren Vektoren darstellen, allerdings in diesem Kontext schon häufig auftauchen: **NULL**, was strikt genommen ein eigener Datentyp ist und immer die Länge 0 hat, sowie **NA**, das einen fehlenden Wert darstellt.

Hieraus ergibt sich die in Abbildung 3.1 aufgezeigte Aufteilung von Vektoren.

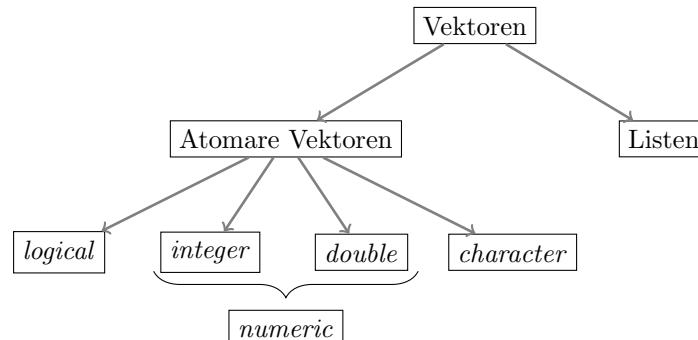


Figure 3.1: Arten von Vektoren in R

⁴Diese auf den ersten Blick merkwürdige Syntax hat historische Gründe: als der **integer** Typ in die R Programmiersprache eingeführt wurde war er sehr stark an den Typ **long integer** in der Programmiersprache 'C' angelehnt. In C wurde ein solcher 'long integer' mit dem Suffix 'l' oder 'L' definiert, diese Regel wurde aus Kompatibilitätsgründen auch für R übernommen, jedoch nur mit 'L', da man Angst hatte, dass 'l' mit 'i' verwechselt wird, was in R für die imaginäre Komponente komplexer Zahlen verwendet wird.

Wir werden nun die einzelnen Typen genauer betrachten. Vorher wollen wir jedoch noch die Funktion `typeof` einführen. Sie hilft uns in der Praxis den Typ eines Objekts herauszufinden. Dafür rufen wir einfach die Funktion `typeof` mit dem zu untersuchenden Objekt oder dessen Namen auf:

```
typeof(2L)

#> [1] "integer"

x <- 22.0
typeof(x)

#> [1] "double"
```

Wir können auch explizit testen ob ein Objekt tatsächlich ein Objekt eines bestimmten Typs ist. Die generelle Syntax hierfür ist: `is.*()`, also z.B.:

```
x <- 1.0
is.integer(x)

#> [1] FALSE

is.double(x)

#> [1] TRUE
```

Diese Funktion gibt als Output also immer einen logischen Wert aus, je nachdem ob die Inputs des entsprechenden Typs sind oder nicht.

Bestimmte Objekte können auch in einen anderen Typ transformiert werden. Hier spricht man von `coercion` und die generelle Syntax hierfür ist: `as.*()`, also z.B.:

```
x <- "2"
print(
  typeof(x)
)

#> [1] "character"

x <- as.double(x)
print(
  typeof(x)
)

#> [1] "double"
```

Allerdings ist eine Transformation nicht immer möglich:

```
as.double("Hallo")

#> Warning: NAs introduced by coercion

#> [1] NA
```

Da R nicht weiß wie man aus dem Wort ‘Hallo’ eine Dezimalzahl machen soll, transformiert R das Wort in einen ‘Fehlenden Wert’, der in R als `NA` bekannt ist und unten noch genauer diskutiert wird.

Für die Grundtypen ergibt sich folgende logische Hierarchie an trivialen Transformationen: `logical` → `integer` → `double` → `character`, d.h. man kann eine Dezimalzahl ohne Probleme in ein Wort transformieren, aber nicht umgekehrt:

Warum überhaupt transformieren?

Für eine Programmiersprache sind Datentypen extrem wichtig, weil sonst unklar bliebe wie mathematische Operationen auf unterschiedliche Objekte wie Zahlen oder Wörter anzuwenden wären. Selbst

transformieren werden Sie Objekte vor allem wenn Sie eine bestimmte, nur für eine bestimmte Objektart definierte Operation verwenden wollen und das Objekt bislang als ein anderer Typ gespeichert ist. Das kann zum Beispiel passieren wenn Sie Daten einlesen oder Wörter selbst in Zahlenwerte übersetzen. Wenn in Ihrem Code unerwartete Fehler mit kryptischen Fehlermeldungen auftauchen ist es immer eine gute Idee, erst einmal die Typen der verwendeten Objekte zu checken und die Objekte ggf. zu transformieren.

```
x <- 2
y <- as.character(x)
print(y)

#> [1] "2"

z <- as.double(y) # Das funktioniert
print(z)

#> [1] 2

k <- as.double("Hallo") # Das nicht

#> Warning: NAs introduced by coercion
print(k)

#> [1] NA
```

Bei der Transformation logischer Werte wird TRUE übrigens zu 1 und FALSE zu 0, eine Tatsache, die wir uns später noch zunutze machen werden:

```
x <- TRUE
as.integer(x)

#> [1] 1

y <- FALSE
as.integer(y)

#> [1] 0
```

Da nicht immer ganz klar ist wann R bei Transformationen entgegen der gerade eingeführten Hierarchie eine Warnung ausgibt und wann nicht sollte man hier immer besondere Vorsicht walten lassen!

Zudem ist bei jeder Transformation Vorsicht geboten, da sie häufig Eigenschaften der Objekte implizit verändert. So führt eine Transformation von einer Dezimalzahl hin zu einer ganzen Zahl teils zu unerwartetem Rundungsverhalten:

```
x <- 1.99
as.integer(x)

#> [1] 1
```

Auch führen Transformationen, die der eben genannten Hierarchie zuwiderlaufen, nicht zwangsläufig zu Fehlern, sondern ‘lediglich’ zu unerwarteten Änderungen, die in jedem Fall vermieden werden sollten:

```
z <- as.logical(99)
print(z)

#> [1] TRUE
```

Häufig transformieren Funktionen ihre Argumente automatisch, was meistens hilfreich ist, manchmal aber auch gefährlich sein kann:

```
x <- 1L # Integer
y <- 2.0 # Double
```

```
z <- x + y
typeof(z)

#> [1] "double"
```

Bei einer Addition werden logische Werte ebenfalls automatisch transformiert:

```
x <- TRUE
y <- FALSE
z <- x + y # TRUE wird zu 1, FALSE zu 0
print(z)

#> [1] 1
```

Daher sollte man immer den Überblick behalten, mit welchen Objekttypen man gerade arbeitet.

Einen Überblick zu den Test- und Transformationsbefehlen finden Sie in Tabelle 3.1.

Table 3.1: Ein Überblick zu Test- und Transformationsbefehlen in R.

Typ	Test	Transformation
logical	is.logical	as.logical
double	is.double	as.double
integer	is.integer	as.integer
character	is.character	as.character
function	is.function	as.function
NA	is.na	NA
NULL	is.null	as.null

Ein letzter Hinweis zu **Skalaren**. Unter Skalaren verstehen wir in der Regel ‘einzelne Zahlen’, z.B. 2. Dieses Konzept gibt es in R nicht. 2 ist ein Vektor der Länge 1. Wir unterscheiden also vom Typ her nicht zwischen einem Vektor, der nur ein oder mehrere Elemente hat.

Hinweis: Um längere Vektoren zu erstellen, verwenden wir die Funktion `c()`:

```
x <- c(1, 2, 3)
x

#> [1] 1 2 3
```

Dabei können Vektoren auch miteinander verbunden werden:

```
x <- 1:3 # Shortcut für: x <- c(1, 2, 3)
y <- 4:6
z <- c(x, y)
z

#> [1] 1 2 3 4 5 6
```

Da atomare Vektoren immer nur Objekte des gleichen Typs enthalten, könnte man erwarten, dass es zu einem Fehler kommt, wenn wir Objekte unterschiedlichen Type kombinieren wollen:

```
x <- c(1, "Hallo")
```

Tatsächlich transformiert R die Objekte allerdings nach der oben beschriebenen Hierarchie `logical → integer → double → character`. Da hier keine Warnung oder kein Fehler ausgegeben wird, sind derlei Transformationen eine gefährliche Fehlerquelle!

Hinweis: Die Länge eines Vektors kann mit der Funktion `length` bestimmt werden:

```
x = c(1, 2, 3)
len_x <- length(x)
len_x

#> [1] 3
```

3.3.3 Logische Werte (logical)

Die logischen Werte `TRUE` und `FALSE` sind häufig das Ergebnis von logischen Abfragen, z.B. ‘Ist 2 größer als 1?’. Solche Abfragen kommen in der Forschungspraxis häufig vor und es macht Sinn, sich mit den häufigsten logischen Operatoren vertraut zu machen. Einen Überblick finden Sie in Tabelle 3.2.

Table 3.2: Zentrale logische Abfragen in R.

Operator	Funktion in R	Beispiel
größer	<code>></code>	<code>2>1</code>
kleiner	<code><</code>	<code>2<4</code>
gleich	<code>==</code>	<code>4==3</code>
größer gleich	<code>>=</code>	<code>8>=8</code>
kleiner gleich	<code><=</code>	<code>5<=9</code>
nicht gleich	<code>!=</code>	<code>4!=5</code>
und	<code>&</code>	<code>x<90 & x>55</code>
oder	<code> </code>	<code>x<90 x>55</code>
entweder oder	<code>xor()</code>	<code>xor(2<1, 2>1)</code>
nicht	<code>!</code>	<code>!(x==2)</code>
ist wahr	<code>isTRUE()</code>	<code>isTRUE(1>2)</code>

Das Ergebnis eines solches Tests ist immer ein logischer Wert:

```
x <- 4
y <- x == 8
typeof(y)
```

```
#> [1] "logical"
```

Es können auch längere Vektoren getestet werden:

```
x <- 1:3
x<2
```

```
#> [1] TRUE FALSE FALSE
```

Tests können beliebig miteinander verknüpft werden:

```
x <- 1L
x>2 | x<2 & (is.double(x) & x!=0)

#> [1] FALSE
```

Da für viele mathematischen Operationen `TRUE` als die Zahl 1 interpretiert wird, ist es einfach zu testen wie häufig eine bestimmte Bedingung erfüllt ist:

```
x <- 1:50
smaller_20 <- x<20
print(
  sum(smaller_20) # Wie viele Elemente sind kleiner als 20?
)

#> [1] 19
```

```

print(
  sum(smaller_20/length(x)) # Wie hoch ist der Anteil von diesen Elementen?
)
#> [1] 0.38

```

3.3.4 Wörter (character)

Wörter werden in R dadurch gebildet, dass an ihrem Anfang und Ende das Symbol ' oder " steht:

```

x <- "Hallo"
typeof(x)

#> [1] "character"
y <- 'Auf Wiedersehen'
typeof(y)

#> [1] "character"

```

Wie andere Vektoren können sie mit der Funktion `c()` verbunden werden:

```

z <- c(x, "und", y)
z

#> [1] "Hallo"           "und"            "Auf Wiedersehen"

```

Nützlich ist in diesem Zusammenhang die Funktion `paste()`, die Elemente von mehreren Vektoren in Wörter transformiert und verbindet:

```

x <- 1:10
y <- paste("Versuch Nr.", x)
y

#> [1] "Versuch Nr. 1"  "Versuch Nr. 2"  "Versuch Nr. 3"  "Versuch Nr. 4"
#> [5] "Versuch Nr. 5"  "Versuch Nr. 6"  "Versuch Nr. 7"  "Versuch Nr. 8"
#> [9] "Versuch Nr. 9"  "Versuch Nr. 10"

```

Die Funktion `paste()` akzeptiert ein optionales Argument `sep`, mit dem wir den Wert angeben können, der zwischen die zu verbindenden Elemente gesetzt wird (der Default ist `sep = " "`):

```

tag_nr <- 1:10
x_axis <- paste("Tag", tag_nr, sep = ": ")
x_axis

#> [1] "Tag: 1"   "Tag: 2"   "Tag: 3"   "Tag: 4"   "Tag: 5"   "Tag: 6"   "Tag: 7"
#> [8] "Tag: 8"   "Tag: 9"   "Tag: 10"

```

Hinweis: Hier haben wir ein Beispiel für das sogenannte 'Recycling' gesehen: da der Vektor `c("Tag")` kürzer war als der Vektor `tag_nr` wird `c("Tag")` einfach kopiert damit die Operation mit `paste()` Sinn ergibt. Recycling ist oft praktisch, aber manchmal auch schädlich, nämlich dann, wenn man eigentlich davon ausgeht eine Operation mit zwei gleich langen Vektoren durchzuführen, dies aber tatsächlich nicht tut. In einem solchen Fall führt Recycling dazu, dass keine Fehlermeldung ausgegeben wird. Ein Beispiel dafür gibt folgender Code, in dem die Intention klar die Verbindung aller Wochentage zu Zahlen ist und einfach ein Wochentag vergessen wurde:

```

tage <- paste("Tag ", 1:7, ":", sep="")
tag_namen <- c("Montag", "Dienstag", "Mittwoch", "Donnerstag", "Freitag", "Samstag")
paste(tage, tag_namen) # default ist sep = " "

#> [1] "Tag 1: Montag"      "Tag 2: Dienstag"     "Tag 3: Mittwoch"
#> [4] "Tag 4: Donnerstag"  "Tag 5: Freitag"      "Tag 6: Samstag"
#> [7] "Tag 7: Montag"

```

3.3.5 Fehlende Werte und NULL

Fehlende Werte werden in R als NA kodiert. NA erfüllt gerade in statistischen Anwendungen eine wichtige Rolle, da ein bestimmter Platz in einem Vektor aktuell fehlend sein müsste, aber als Platz dennoch existieren muss.

Beispiel: Der Vektor x enthält einen logischen Wert, der zeigt ob eine Person die Fragen auf einem Fragebogen richtig beantwortet hat. Wenn die Person die dritte Frage auf dem Fragebogen nicht beantwortet hat, sollte dies durch NA kenntlich gemacht werden. Einfach den Wert komplett wegzulassen macht es im Nachhinein unmöglich festzustellen welche Frage die Person nicht beantwortet hat.

Die meisten Operationen die NA als einen Input bekommen geben auch als Output NA aus, weil unklar ist wie die Operation mit unterschiedlichen Werten für den fehlenden Wert ausgehen würde:

```
5 + NA
```

```
#> [1] NA
```

Einige Ausnahmen sind Operationen, die unabhängig vom fehlenden Wert einen bestimmten Wert annehmen:

```
NA | TRUE # Gibt immer TRUE, unabhängig vom Wert für NA
```

```
#> [1] TRUE
```

Um zu testen ob ein Vektor x fehlende Werte enthält sollte die Funktion `is.na` verwendet werden, und nicht etwa der Ausdruck `x==NA`:

```
x <- c(NA, 5, NA, 10)
print(x == NA) # Unklar, da man nicht weiß, ob alle NA für den gleichen Wert stehen
```

```
#> [1] NA NA NA NA
```

```
print(
  is.na(x)
)
```

```
#> [1] TRUE FALSE TRUE FALSE
```

Wenn eine Operation einen nicht zu definierenden Wert ausgibt, ist das Ergebnis nicht NA sondern NaN (*not a number*):

```
0 / 0
```

```
#> [1] NaN
```

Eine weitere Besonderheit ist NULL, welches in der Regel als Vektor der Länge 0 gilt, aber häufig zu besonderen Zwecken verwendet wird:

```
x <- NULL
length(x)
```

```
#> [1] 0
```

NULL wird häufig verwendet um zu signalisieren, dass etwas nicht existiert. So ist ein leerer Vektor NULL:

```
x <- c()
x
```

```
#> NULL
```

```
length(x)
```

```
#> [1] 0
```

Damit unterscheidet er sich von einem Vektor mit einem (oder mehreren) fehlenden Werten:

```
y <- NA
length(y)
```

```
#> [1] 1
```

Auch im Programmieren von Funktionen wird `NULL` häufig für optionale Argumente verwendet. Solche fortgeschrittenen Konzepte werden aber erst an späterer Stelle behandelt. Für jetzt reicht die Idee, `NULL` als einen Vektor der Länge 0 zu verstehen.

3.3.6 Indizierung und Ersetzung

Einzelne Elemente von atomaren Vektoren können mit eckigen Klammern extrahiert werden:

```
x <- c(2,4,6)
x[1]
```

```
#> [1] 2
```

Auf diese Weise können auch bestimmte Elemente modifiziert werden:

```
x <- c(2,4,6)
x[2] <- 99
x
```

```
#> [1] 2 99 6
```

Es kann auch mehr als ein Element extrahiert werden:

```
x[1:2]
```

```
#> [1] 2 99
```

Negative Indizes sind auch möglich, diese eliminieren die entsprechenden Elemente:

```
x[-1]
```

```
#> [1] 99 6
```

Um das letzte Element eines Vektors zu bekommen verwendet man einen Umweg über die Funktion `length()`:

```
x[length(x)]
```

```
#> [1] 6
```

3.3.7 Nützliche Funktionen für atomare Vektoren

Hier sollen nur einige Funktionen erwähnt werden, die im Kontext von atomaren Vektoren besonders praktisch sind,⁵ insbesondere wenn es darum geht solche Vektoren herzustellen, bzw. Rechenoperationen mit ihnen durchzuführen.

Herstellung von atomaren Vektoren:

Eine Sequenz ganzer Zahlen wird in der Regel sehr häufig gebraucht. Entsprechend gibt es den hilfreichen Shortcut`:`, den wir bei der Besprechung von Vektoren bereits kennengelernt haben:

```
x <- 1:10
x
```

```
#> [1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
```

```
y <- 10:1
y
```

```
#> [1] 10 9 8 7 6 5 4 3 2 1
```

Häufig möchten wir jedoch eine kompliziertere Sequenz bauen. In dem Fall hilft uns die allgemeinere Funktion `seq()`:

```
x <- seq(1, 10)
print(x)
```

⁵Für viele typische Aufgaben gibt es in R bereits eine vordefinierte Funktion. Am einfachsten findet man diese durch googlen.

```
#> [1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
```

In diesem Fall ist `seq()` äquivalent zu `:`. Die Funktion `seq` erlaubt aber mehrere optionale Argumente: so können wir mit `by` die Schrittänge zwischen den einzelnen Zahlen definieren.

```
y <- seq(1, 10, by = 0.5)
print(y)
```

```
#> [1] 1.0 1.5 2.0 2.5 3.0 3.5 4.0 4.5 5.0 5.5 6.0 6.5 7.0 7.5 8.0
#> [16] 8.5 9.0 9.5 10.0
```

Wenn wir die Länge des resultierenden Vektors festlegen wollen und die Schrittänge von R automatisch festgelegt werden soll, können wir dies mit dem Argument `length.out` machen:

```
z <- seq(2, 8, length.out = 4)
print(z)
```

```
#> [1] 2 4 6 8
```

Und wenn wir einen Vektor in der Länge eines anderen Vektors erstellen wollen, bietet sich das Argument `along.with` an. Dies wird häufig für das Erstellen von Indexvektoren verwendet.⁶ In einem solchen Fall müssen wir die Indexzahlen nicht direkt angeben:

```
z_index <- seq(along.with = z)
print(z_index)
```

```
#> [1] 1 2 3 4
```

Auch häufig möchten wir einen bestimmten Wert wiederholen. Das geht mit der Funktion `rep`:

```
x <- rep(NA, 5)
print(x)
```

```
#> [1] NA NA NA NA NA
```

Rechenoperationen

Es gibt eine Reihe von Operationen, die wir sehr häufig gemeinsam mit Vektoren anwenden. Häufig interessiert und die **Länge** eines Vektors. Dafür können wir die Funktion `length()` verwenden:

```
x <- c(1,2,3,4)
length(x)
```

```
#> [1] 4
```

Wenn wir den **größten** oder **kleinsten Wert** eines Vektors erfahren möchten geht das mit den Funktionen `min()` und `max()`:

```
min(x)
```

```
#> [1] 1
```

```
max(x)
```

```
#> [1] 4
```

Beide Funktionen besitzen ein optionales Argument `na.rm`, das entweder TRUE oder FALSE sein kann. Im Falle von TRUE werden alle NA Werte für die Rechenoperation entfernt:

```
y <- c(1,2,3,4,NA)
min(y)
```

```
#> [1] NA
```

⁶Ein Indexvektor `x` zu einem beliebigen Vektor `y` mit `N` Elementen enthält die ganzen Zahlen von 1 bis `N`. Der `n`-te Wert von `x` korrespondiert also zum Index des `n`-ten Wert von `y`.

```
min(y, na.rm = TRUE)
#> [1] 1
```

Den **Mittelwert** bzw die **Varianz/Standardabweichung** der Elemente bekommen wir mit `mean()`, `var()`, bzw. `sd()`, wobei alle Funktionen auch das optionale Argument `na.rm` akzeptieren:

```
mean(x)
#> [1] 2.5
var(y)
#> [1] NA
var(y, na.rm = T)
#> [1] 1.666667
```

Ebenfalls häufig sind wir an der **Summe**, bzw, dem **Produkt** aller Elemente des Vektors interessiert. Die Funktionen `sum()` und `prod()` helfen weiter und auch sie kennen das optionale Argument `na.rm`:

```
sum(x)
#> [1] 10
prod(y, na.rm = T)
#> [1] 24
```

3.3.8 Listen

Im Gegensatz zu atomaren Vektoren können Listen Objekte verschiedenen Typs enthalten. Sie werden mit der Funktion `list()` erstellt:

```
l_1 <- list(
  "a",
  c(1,2,3),
  FALSE
)
typeof(l_1)

#> [1] "list"
l_1

#> [[1]]
#> [1] "a"
#>
#> [[2]]
#> [1] 1 2 3
#>
#> [[3]]
#> [1] FALSE
```

Wir können Listen mit der Funktion `str()` (kurz für “structure”) inspizieren. In diesem Fall erhalten wir unmittelbar Informationen über die Art der Elemente:

```
str(l_1)

#> List of 3
#> $ : chr "a"
#> $ : num [1:3] 1 2 3
#> $ : logi FALSE
```

Die einzelnen Elemente einer Liste können auch benannt werden:

```
l_2 <- list(
  "erstes_element" = "a",
  "zweites_element" = c(1,2,3),
  "drittes_element" = FALSE
)
```

Die Namen aller Elemente in der Liste erhalten wir mit der Funktion `names()`:

```
names(l_2)
```

```
#> [1] "erstes_element"  "zweites_element"  "drittes_element"
```

Um einzelne Elemente einer Liste auszulesen müssen wir `[[` anstatt `[` verwenden. Wir können dann Elemente entweder nach ihrer Position oder nach ihren Namen auswählen:

```
l_2[[1]]
```

```
#> [1] "a"
```

```
l_2[["erstes_element"]]
```

```
#> [1] "a"
```

Im Folgenden wollen wir uns noch mit drei speziellen Typen beschäftigen, die weniger fundamental als die bislang diskutierten Typen sind, jedoch häufig in der alltäglichen Arbeit vorkommen: Faktoren, Matrizen und Data Frames.

3.3.9 Faktoren

Faktoren werden verwendet um ordinale oder kategoriale Daten darzustellen. Ein Faktor kann nur einen von mehreren vorher definierten Werten annehmen, so genannten *Levels*. Faktoren werden über die Funktion `factor()` erstellt. Sie nimmt als erstes Argument die Werte für den Faktor:

```
x <- c("Frau", "Mann", "Frau")
x <- factor(c("Frau", "Mann", "Frau"))
x
```

```
#> [1] Frau Mann Frau
```

```
#> Levels: Frau Mann
```

Wenn wir Levels definieren wollen, die aber aktuell noch keine Ausprägung haben können wir dies mit dem Argument `levels` bewerkstelligen:

```
x <- c("Frau", "Mann", "Frau")
x <- factor(c("Frau", "Mann", "Frau"),
            levels=c("Divers","Frau", "Mann"))
x
```

```
#> [1] Frau Mann Frau
```

```
#> Levels: Divers Frau Mann
```

Wenn wir das Argument `levels` verwenden werden dort nicht genannte Ausprägungen den Wert `NA` erhalten:

```
x <- c("Frau", "Mann", "Frau")
x <- factor(c("Frau", "Mann", "Frau", "Divers"),
            levels=c("Frau", "Mann"))
x
```

```
#> [1] Frau Mann Frau <NA>
```

```
#> Levels: Frau Mann
```

Die Reihenfolge der einzelnen Levels spielt meist keine Rolle. Bei ordinalen Daten möchten wir aber eine sinnvolle Wertigkeit der Ausprägungen sicherstellen. Das geht mit der Funktion `factor()` und dem Argument `ordered`:

```
x <- c("Hoch", "Hoch", "Gering", "Hoch")
x <- factor(x,
             levels = c("Gering", "Mittel", "Hoch"),
             ordered = TRUE)
x

#> [1] Hoch   Hoch   Gering Hoch
#> Levels: Gering < Mittel < Hoch
```

Häufig handelt es sich bei den Ausprägungen von Faktoren um Wörter, also Objekte vom Type `character`. Technisch gesehen werden Faktoren aber als `integer` gespeichert: um Speicherplatz zu sparen wird jedem Level auf dem Computer eine ganze Zahl zugewiesen, die dann auf den eigentlichen Wert gemappt wird. Gerade wenn die Ausprägungen als solche große Zahlen oder lange Wörter sind spart das Speicher, weil diese Ausprägungen nur einmal gespeichert werden müssen, und jedes Element des Faktors nur noch eine einfache Zahl ist. Daher gibt `typeof()` für Faktoren auch `integer` aus:

```
x <- factor(c("Frau", "Mann", "Frau"),
             levels=c("Mann", "Frau", "Divers"))
typeof(x)
```

```
#> [1] "integer"
```

Um zu überprüfen ob es sich bei einem Objekt um einen Faktor handelt verwenden wir die Funktion `is.factor()`:

```
is.factor(x)
```

```
#> [1] TRUE
```

Manche Operationen, die für `integer` definiert sind, funktionieren bei Faktoren aber nicht, z.B. Addition:

```
x[1] + x[2]
```

```
#> Warning in Ops.factor(x[1], x[2]): '+' not meaningful for factors
```

```
#> [1] NA
```

Dafür können wir andere nützliche Dinge mit Faktoren anstellen, z.B. die absoluten Häufigkeiten über die Funktion `table` anzeigen:

```
table(x)
```

```
#> x
#>   Mann   Frau Divers
#>     1      2      0
```

Faktoren werden vor allem in der Arbeit mit ordinalen und kategorialen Daten verwendet (siehe Kapitel 4).

3.3.10 Matrizen

Bei Matrizen handelt es sich um zweidimensionale Objekte mit Zeilen und Spalten, bei denen es sich jeweils um atomare Vektoren handelt.

Erstellen von Matrizen

Matrizen werden mit der Funktion `matrix()` erstellt. Diese Funktion nimmt als erstes Argument die Elemente der Matrix und dann die Spezifikation der Anzahl von Zeilen (`nrow`) und/oder der Anzahl von Spalten (`ncol`):

```
m_1 <- matrix(11:20, nrow = 5)
m_1
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    11   16
#> [2,]    12   17
#> [3,]    13   18
#> [4,]    14   19
```

```
#> [5,] 15 20
```

Wir können die Zeilen und Spalten sowie einzelne Werte folgendermaßen extrahieren und gegebenenfalls Ersetzungen vornehmen:

```
m_1[,1] # Erste Spalte
```

```
#> [1] 11 12 13 14 15
```

```
m_1[1,] # Erste Zeile
```

```
#> [1] 11 16
```

```
m_1[2,2] # Element [2,2]
```

```
#> [1] 17
```

Optionaler Hinweis: Matrizen sind weniger ‘fundamental’ als atomare Vektoren. Entsprechend gibt uns `typeof()` für eine Matrix auch den Typ der enthaltenen atomaren Vektoren an:

```
typeof(m_1)
```

```
#> [1] "integer"
```

Um zu testen ob es sich bei einem Objekt um eine Matrix handelt verwenden wir entsprechend `is.matrix()`:

```
is.matrix(m_1)
```

```
#> [1] TRUE
```

```
is.matrix(2.0)
```

```
#> [1] FALSE
```

Die Grundlagen der Matrizenalgebra und ihre Implementierung in R wird später in Kapitel 6 erläutert. Zudem gibt es im Internet zahlreiche gute Überblicksartikel zum Thema Matrizenalgebra in R, z.B. [hier](#) oder in größerem Umfang [hier](#).

3.3.11 Data Frames

Der `data.frame` ist eine besondere Art von Liste und ist ein in der Datenanalyse regelmäßig auftretender Datentyp. Im Gegensatz zu einer normalen Liste müssen bei einem `data.frame` alle Elemente die gleiche Länge aufweisen. Das heißt man kann sich einen `data.frame` als eine rechteckig angeordnete Liste vorstellen.

Wegen der engen Verwandschaft können wir einen `data.frame` direkt aus einer Liste erstellen indem wir die Funktion `as.data.frame()` verwenden:

```
l_3 <- list(
  "a" = 1:3,
  "b" = 4:6,
  "c" = 7:9
)
df_3 <- as.data.frame(l_3)
```

Wenn wir R nach dem Typ von `df_3` fragen, sehen wir, dass es sich weiterhin um eine Liste handelt:

```
typeof(df_3)
```

```
#> [1] "list"
```

Allerdings können wir testen ob `df_3` ein `data.frame` ist indem wir `is.data.frame` benutzen:

```
is.data.frame(df_3)
```

```
#> [1] TRUE
```

```
is.data.frame(l_3)
```

```
#> [1] FALSE
```

Wenn wir `df_3` ausgeben sehen wir unmittelbar den Unterschied zur klassischen Liste:

```
l_3
```

```
#> $a
#> [1] 1 2 3
#>
#> $b
#> [1] 4 5 6
#>
#> $c
#> [1] 7 8 9
```

```
df_3
```

```
#>   a b c
#> 1 1 4 7
#> 2 2 5 8
#> 3 3 6 9
```

Die andere Möglichkeit einen `data.frame` zu erstellen ist direkt über die Funktion `data.frame()`, wobei es hier in der Regel ratsam ist das optionale Argument `stringsAsFactors` auf `FALSE` zu setzen, da sonst Wörter in so genannte Faktoren umgewandelt werden:⁷

```
df_4 <- data.frame(
  "gender" = c(rep("male", 3), rep("female", 2)),
  "height" = c(189, 175, 180, 166, 150),
  stringsAsFactors = FALSE
)
df_4
```

```
#>   gender height
#> 1 male     189
#> 2 male     175
#> 3 male     180
#> 4 female   166
#> 5 female   150
```

Data Frames sind das klassische Objekt um eingelesene Daten zu repräsentieren. Wenn Sie sich z.B. Daten zum BIP in Deutschland aus dem Internet runterladen und diese Daten dann in R einlesen, werden diese Daten zunächst einmal als `data.frame` repräsentiert.⁸ Diese Repräsentation erlaubt dann eine einfache Analyse und Manipulation der Daten.

Zwar gibt es ein eigenes Kapitel zur Bearbeitung von Daten (siehe Kapitel 4), wir wollen aber schon hier einige zentrale Befehle im Zusammenhang von Data Frames einführen.

An dieser Stelle sei schon angemerkt, dass um Zeilen, Spalten oder einzelne Elemente auszuwählen die gleichen Befehle wie bei Matrizen verwendet werden können:

```
df_4[, 1] # erste Spalte
```

```
#> [1] "male"    "male"    "male"    "female"  "female"
```

⁷Zur Geschichte dieses wirklich ärgerlichen Verhaltens siehe [diesen Blog](#). Zwar wurde das Standardverhalten mit R 4.0 umgestellt, allerdings empfiehlt sich die explizite Setzung von `stringsAsFactors=F` trotzdem, damit der Code auch mit älteren Versionen gut funktioniert.

⁸Das ist nicht ganz korrekt, weil es mittlerweile Erweiterungen gibt, welche den `data.frame` mit effizienteren Objekten ersetzen, z.B. dem `tibble` oder dem `data.table`. Der Umgang mit diesen Objekten ist jedoch sehr ähnlich zum `data.frame`.

```
df_4[, 2] # Werte der zweiten Spalte
```

```
#> [1] 189 175 180 166 150
```

Die Abfrage funktioniert nicht nur mit Indices, sondern auch mit Spaltennamen:⁹

```
df_4[["gender"]]
```

```
#> [1] "male"    "male"    "male"    "female"  "female"
```

Wenn wir `[` anstatt von `[[` verwenden erhalten wir als Output einen (reduzierten) Data Frame:

```
df_4[["gender"]]
```

```
#>   gender
#> 1   male
#> 2   male
#> 3   male
#> 4 female
#> 5 female
```

Es können auch mehrere Zeilen ausgewählt werden:

```
df_4[1:2, ] # Die ersten beiden Zeilen
```

```
#>   gender height
#> 1   male    189
#> 2   male    175
```

Oder einzelne Werte:

```
df_4[2, 2] # Zweiter Wert der zweiten Spalte
```

```
#> [1] 175
```

Dies können wir uns zu Nutze machen um den Typ der einzelnen Spalten herauszufinden:

```
typeof(df_4[["gender"]])
```

```
#> [1] "character"
```

Gerade bei sehr großen Data Frames möchte man oft nur die ersten paar Zeilen inspizieren. Das ist mit der Funktion `head()` möglich. Das erste Argument ist immer der Name des Data Frames. Das zweite (optionale) Argument ist ein `integer`, der die Anzahl der anzuzeigenden Zeilen angibt (Standardwert: 5):

```
head(df_4, 2) # gibt die ersten zwei Zeilen aus
```

```
#>   gender height
#> 1   male    189
#> 2   male    175
```

3.4 Pakete

Bei Paketen handelt es sich um eine Kombination aus R Code, Daten, Dokumentationen und Tests. Sie sind der beste Weg, reproduzierbaren Code zu erstellen und frei zugänglich zu machen. Zwar werden Pakete häufig der Öffentlichkeit zugänglich gemacht, z.B. über GitHub oder CRAN, es ist aber genauso hilfreich, Pakete für den privaten Gebrauch zu schreiben, z.B. um für bestimmte Routinen Funktionen zu programmieren, zu dokumentieren und in verschiedenen Projekten verfügbar zu machen.¹⁰

⁹ Anstelle von `[[` kann auch der Shortcut `$` verwendet werden. Das werden wir aufgrund der größeren Transparenz von `[[` hier jedoch nicht verwenden.

¹⁰ Wickham and Bryan (2019) bietet eine exzellente Einführung in das Programmieren von R Paketen.

Die Tatsache, dass viele Menschen statistische Probleme lösen indem sie bestimmte Routinen entwickeln, diese dann generalisieren und über Pakete der ganzen R Community frei verfügbar machen, ist einer der Hauptgründe für den Erfolg und die breite Anwendbarkeit von R.

Wenn man R startet haben wir Zugriff auf eine gewisse Anzahl von Funktionen, vordefinierten Variablen und Datensätzen. Die Gesamtheit dieser Objekte wird in der Regel `base R` genannt, weil wir alle Funktionalitäten ohne Weiteres nutzen können.

Die Funktion `assign`, zum Beispiel, ist Teil von `base R`: wir starten R und können sie ohne Weiteres verwenden.

Im Prinzip kann so gut wie jedwede statistische Prozedur in `base R` implementiert werden. Dies ist aber häufig zeitaufwendig und fehleranfällig: wie wir am Beispiel von Funktionen gelernt haben, sollten häufig verwendete Routinen im Rahmen von einer Funktion implementiert werden, die dann immer wieder angewendet werden kann. Das reduziert nicht nur Fehler, sondern macht den Code besser verständlich.

Pakete folgen dem gleichen Prinzip, nur tragen sie die Idee noch weiter: hier wollen wir die Funktionen auch über ein einzelnes R Projekt hinaus nutzbar machen, sodass sie nicht in jedem Projekt neu definiert werden müssen, sondern zentral nutzbar gemacht und dokumentiert werden.

Um ein Paket in R zu nutzen, muss es zunächst installiert werden. Für Pakete, die auf der zentralen R Pakete Plattform CRAN verfügbar sind, geht dies mit der Funktion `install.packages`. Wenn wir z.B. das Paket `data.table` installieren wollen geht das mit dem folgenden Befehl:

```
install.packages("data.table")
```

Das Paket `data.table` enthält viele Objekte, welche die Arbeit mit großen Datensätzen enorm erleichtern. Beispielsweise ist darunter eine verbesserte Version des `data.frame`, der `data.table`. Wir können einen `data.frame` mit Hilfe der Funktion `as.data.table()` in einen `data.table` umwandeln.

Allerdings haben wir selbst nach erfolgreicher Installation von `data.table` nicht direkt Zugriff auf diese Funktion:

```
x <- data.frame(
  a=1:5,
  b=21:25
)
as.data.table(x)

#> Error in as.data.table(x): could not find function "as.data.table"
```

Wir haben zwei Möglichkeiten auf die Objekte im Paket `data.table` zuzugreifen: zum einen können wir mit dem Operator `::` arbeiten:

```
y <- data.table::as.data.table(x)
y
```

```
#>     a   b
#> 1:  1 21
#> 2:  2 22
#> 3:  3 23
#> 4:  4 24
#> 5:  5 25
```

Wir schreiben also den Namen des Pakets, direkt gefolgt von `::` und dann den Namen des Objekts aus dem Paket, das wir verwenden wollen.

Zwar ist das der transparenteste und sauberste Weg auf Objekte aus anderen Paketen zuzugreifen, allerdings kann es auch nervig sein wenn man häufig oder sehr viele Objekte aus dem gleichen Paket verwendet. Wir können alle Objekte eines Paketes direkt zugänglich machen indem wir die Funktion `library()` verwenden.

```
library(data.table)
y <- as.data.table(x)
```

Der Übersicht halber sollte das für alle in einem Skript verwendeten Pakete ganz am Anfang des Skripts gemacht werden. So sieht man auch unmittelbar welche Pakete für das Skript installiert sein müssen.

Grundsätzlich sollte man in jedem Skript nur die Pakete mit `library()` einlesen, die auch tatsächlich verwendet werden. Ansonsten lädt man unnötigerweise viele Objekte und verliert den Überblick woher eine bestimmte Funktion eigentlich kommt. Außerdem ist es schwieriger für andere das Skript zu verwenden, weil unter Umständen viele Pakete unnötigerweise installiert werden müssen.

Da Pakete dezentral von verschiedenen Menschen hergestellt werden, besteht die Gefahr, dass Objekte in unterschiedlichen Paketen den gleichen Namen bekommen. Da in R ein Name nur zu einem Objekt gehören kann, werden beim Einladen mehrerer Pakete eventuell Namen überschrieben, oder ‘maskiert’. Dies wird am Anfang beim Einlesen der Pakete mitgeteilt, gerät aber leicht in Vergessenheit und kann zu sehr kryptischen Fehlermeldungen führen.

Wir wollen das kurz anhand der beiden Pakete `dplyr` und `plm` illustrieren:

```
library(dplyr)
```

```
library(plm)
```

```
#>
#> Attaching package: 'plm'
#>
#> The following objects are masked from 'package:dplyr':
#>
#>     between, lag, lead
#>
#> The following object is masked from 'package:data.table':
#>
#>     between
```

In beiden Paketen gibt es Objekte mit den Namen `between`, `lag` und `lead`. Bei der Verwendung von `library` maskiert das später eingelesene Paket die Objekte des früheren. Wir können das illustrieren indem wir den Namen des Objekts eingeben:

```
lead
```

```
#> function (x, k = 1, ...)
#> {
#>   UseMethod("lead")
#> }
#> <bytecode: 0x7ff5da5ef6b8>
#> <environment: namespace:plm>
```

Aus der letzten Zeile wird ersichtlich, dass `lead` hier aus dem Paket `plm` kommt.

Wenn wir die Funktion aus `dplyr` verwenden wollen, müssen wir `::` verwenden:

```
dplyr::lead
```

```
#> function (x, n = 1L, default = NA, order_by = NULL, ...)
#> {
#>   if (!is.null(order_by)) {
#>     return(with_order(order_by, lead, x, n = n, default = default))
#>   }
#>   if (length(n) != 1 || !is.numeric(n) || n < 0) {
#>     bad_args("n", "must be a nonnegative integer scalar, ",
#>              "not {friendly_type_of(n)} of length {length(n)}.")
#>   }
#>   if (n == 0)
#>     return(x)
#>   xlen <- vec_size(x)
#>   n <- pmin(n, xlen)
#>   inputs <- vec_cast_common(default = default, x = x)
#>   vec_c(vec_slice(inputs$x, -seq_len(n)), vec_rep(inputs$default,
#>             n))
```

```
#> }
#> <bytecode: 0x7ff5f915ee80>
#> <environment: namespace:dplyr>
```

Wenn es zu Maskierungen kommt ist es also der Transparenz wegen besser in beiden Fällen `::` zu verwenden, also `plm::lead` und `dplyr::lead`.

Hinweis: Alle von Konflikten betroffenen Objekte können mit der Funktion `conflicts()` angezeigt werden.

Optionale Info: Um zu überprüfen in welcher Reihenfolge R nach Objekten sucht, kann die Funktion `search()` verwendet werden. Wenn ein Objekt aufgerufen wird schaut R zuerst im ersten Element des Vektors nach, der globalen Umgebung. Wenn das Objekt dort nicht gefunden wird, schaut es im zweiten, etc. Wie man hier auch erkennen kann, werden einige Pakete standardmäßig eingelesen. Wenn ein Objekt nirgends gefunden wird gibt R einen Fehler aus. Im vorliegenden Fall zeigt uns die Funktion, dass R erst im Paket `plm` nach der Funktion `lead()` sucht, und nicht im Paket `dplyr`:

```
search()
```

```
#> [1] ".GlobalEnv"           "package:plm"        "package:dplyr"
#> [4] "package:data.table"  "package:tufte"      "package:stats"
#> [7] "package:graphics"     "package:grDevices" "package:datasets"
#> [10] "renv:shims"          "package:utils"     "package:methods"
#> [13] "Autoloads"           "package:base"
```

Weiterführender Hinweis: Um das Maskieren besser zu verstehen sollte man sich mit dem Konzept von *namespaces* und *environments* auseinandersetzen. Eine gute Erklärung bietet [Wickham and Bryan \(2019\)](#).

Weiterführender Hinweis: Das Paket `conflicted` führt dazu, dass R immer einen Fehler ausgibt wenn nicht eindeutige Objektnamen verwendet werden.

Der besseren Transparenz wegen wird in diesem Buch ab jetzt immer die Notation mit `::` verwendet, auch wenn dies nicht unbedingt nötig wäre. So sehen Sie bei jedem Code-Beispiel unmittelbar aus welchem Paket die verwendeten Funktionen stammen. Lediglich bei den Basispaketen werden wir auf `::` verzichten.

Chapter 4

Datenkunde und Datenaufbereitung

In diesem Kapitel geht es um den auf den ersten Blick unspannendsten Teil der Forschung: Datenaufbereitung und -management. Gleichzeitig ist es einer der wichtigsten Schritte: ohne Daten können viele Forschungsfragen nicht angemessen beantwortet werden. Abbildung 4.1 zeigt den typischen Arbeitsablauf eines Forschungsprojekts.

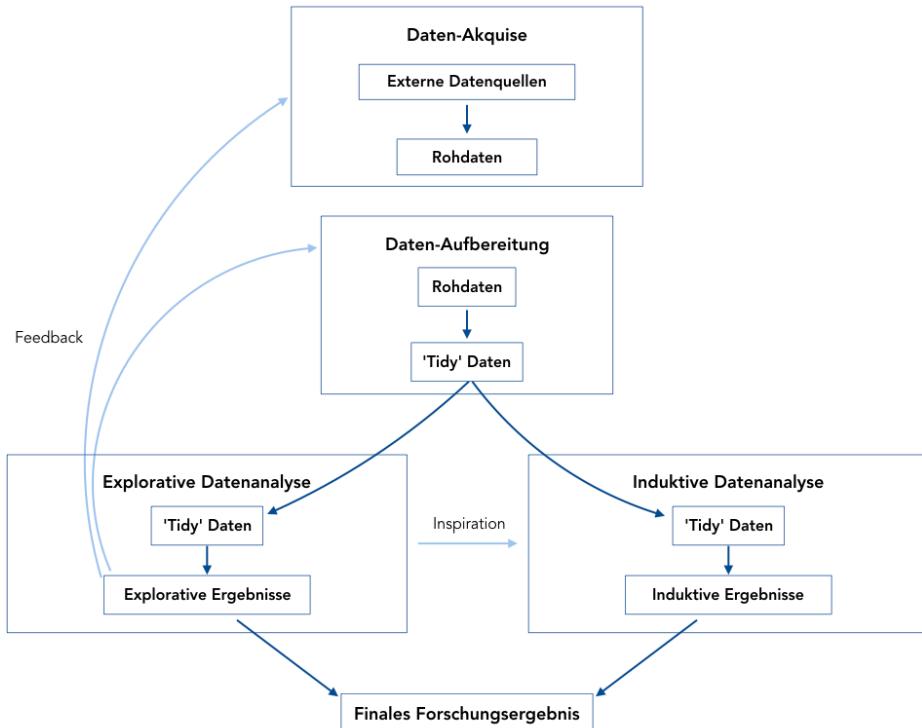


Figure 4.1: Typischer Arbeitsablauf eines Forschungsprojekts

In diesem Kapitel liegt der Fokus auf den ersten beiden Abschnitten, der Akquise und der Aufbereitung Ihrer Daten. Laut [dieser Umfrage](#) verwenden Datenspezialist*innen regelmäßig 80% ihrer Arbeitszeit auf diese beiden Schritte. Um hier also Zeit und Nerven zu sparen ist es wichtig, sich mit den grundlegenden Arbeitsschritten und Algorithmen vertraut zu machen. Zum Glück ist R sehr gut zur reproduzierbaren Datenaufbereitung geeignet und stellt dank vieler hilfreicher Pakete eine große Hilfe in diesem wichtigen Prozess dar.

Ein zentrales Anliegen dieses Abschnitts liegt darin, Ihnen Methoden zur *reproduzierbaren* und *transparenten* Datenaufbereitung an die Hand zu geben. Für eine glaubwürdige Forschungsarbeit ist es unerlässlich, dass der Weg von der Datenerhebung hin zum Forschungsergebnis, also der gesamte Prozess in der obigen Abbildung, transparent und nachvollziehbar ist. Daher muss der Datenaufbereitungsprozess gut dokumentiert werden. Dank skriptbasierter

Sprachen wie R ist das im Prinzip ein Kinderspiel.

Wenn Sie nämlich alle Arbeitsschritte nach der Datenerhebung in R durchführen, müssen Sie einfach nur Ihre Skripte aufheben - und schon haben Sie die beste Dokumentation, die man sich wünschen kann. Das Wichtigste bei diesem Prozess: Sie dürfen **nie die Rohdaten selbst verändern**.

Alle Änderungen an den Rohdaten müssen durch ein R Skript vorgenommen werden, und die veränderten Daten müssen unter neuem Namen gespeichert werden. Wenn Sie sich das einmal angewöhnt haben, können Sie nicht nur vollkommen transparent in Ihrer Forschung sein, Sie können auch nicht aus Versehen und unwiderruflich Ihre wertvollen Rohdaten zerstören.

Und wenn Sie sich mit den grundlegenden Algorithmen einmal vertraut gemacht haben kann Datenaufbereitung wider Erwarten auch wirklich Spaß machen!

Dieses Kapitel folgt dem typischen Arbeitsablauf eines Forschungsprojektes und beschäftigt sich mit den ersten beiden Abschnitten aus der obigen Grafik, der Daten-Akquise und der Daten-Aufbereitung, wobei Letztere im Mittelpunkt stehen soll. Entsprechend ist das Kapitel folgendermaßen strukturiert:

Als erstes werden wir uns einen Überblick über die verschiedenen [Arten von Daten](#) verschaffen. Danach geht es los mit der [Datenakquise](#). Hier lernen wir, wie man Daten aus häufig verwendeten Datenbanken direkt über R herunterlädt. Als nächstes werden Funktionen zum [Lesen und Schreiben von Datensätzen](#) und typische Herausforderungen in diesem Prozess besprochen. Danach kommt ein sehr umfangreicher Block zum Thema [Datenaufbereitung](#), in dem Sie lernen, wie Sie Ihre Rohdaten in ein Format überführen, das für die statistische Analyse geeignet ist. Zum Abschluss des Kapitels wird noch die [Rolle des Datenmanagements für transparente Forschung](#) verdeutlicht und auf die Debatten über die Ko-Existenz [verschiedener Pakete für die Datenaufbereitung in R](#) hingewiesen.

Verwendete Pakete

```
library(countrycode)
library(here)
library(WDI)
library(tidyverse)
library(data.table)
library(R.utils)
library(haven)
```

Hinweis: In diesem Kapitel verwenden wir für die Arbeit mit Daten vor allem Pakete aus dem sogenannten [tidyverse](#). Ich habe mich für diese Pakete entschieden, weil sie meiner Meinung nach die für R-Beginner am einfachsten zu lernenden Pakete sind und sie zu sehr einfach zu lesendem Code führen. Zudem sind sie sehr weit verbreitet. Es gibt aber auch sehr gute Alternativen und gerade für sehr große Datensätze kommen Sie nicht an dem Paket [data.table](#) vorbei. Die Rolle des [tidyverse](#) und der Debatte um die Pakete in R wird am Ende des Kapitels beschrieben. Bis dahin verweise ich häufig auf weitere Quellen, in denen die Implementierung der Arbeitsschritte in anderen Paketen als dem [tidyverse](#) beschrieben wird.

4.1 Arten von Daten

Es gibt verschiedene mehr oder weniger konsistente Klassifizierungen von Daten, die jeweils auf unterschiedliche Aspekte von Daten oder auch Variablen abzielen.

Eine sehr prominente Unterscheidung wird zwischen **quantitativen** und **qualitativen Daten** getroffen. Bei *quantitativen* Daten handelt es sich grob gesagt um *numerische* Daten, also Daten, die Sie in Zahlen ausdrücken können. ‘Größe’, ‘Preis’, ‘BIP’ oder ‘Gehalt’ sind typische Beispiele. *Qualitative* Daten werden intuitiv *nicht-numerisch* ausgedrückt. Häufig handelt es sich um text-basierte oder beschreibende Daten. In der Praxis werden Sie aber merken, dass die Grenze zwischen quantitativen und qualitativen Daten häufig deutlich schwammiger ist, als man das auf den ersten Blick glauben möchte, denn häufig werden qualitative Beschreibungen quantifiziert und dann mit typischen quantitativen Methoden analysiert. Auch werden sogenannte *mixed methods*-Ansätze immer beliebter, welche qualitative und quantitative Methoden kombinieren.

Vor allem in der Psychologie unterscheidet man zwischen **manifesten** und **latenten Variablen**. *Manifeste* Variablen sind direkt beobachtbar und ihre Bedeutung ist häufig klar. Die *Körpergröße* ist z.B. eindeutig messbar und jede*r weiß was damit gemeint ist.

Latente Variablen sind **nicht** direkt beobachtbar und sind häufig erklärungsbedürftig. *Nutzen* ist zum Beispiel nicht beobachtbar.¹ Zudem muss in der Regel erst einmal deutlich gemacht werden, was mit dem Begriff genau gemeint ist.

Ein großer Teil von Forschungsarbeit ist die **Operationalisierung** einer latenten Variable durch eine oder mehrere manifeste Variablen. Wir sprechen dann davon, dass eine oder mehrere manifeste Variablen als Indikator für eine latente Variable verwendet werden. *Wirtschaftliche Entwicklung* z.B. ist als solche nicht direkt beobachtbar und wird häufig durch das BIP operationalisiert.²

Der *Human Development Index* ist der Versuch, wirtschaftliche Entwicklung durch mehr als eine manifeste Variable zu operationalisieren, also durch beobachtbare Variablen messbar zu machen. Eine solche Operationalisierung ist natürlich immer kritisch zu hinterfragen und ist nicht selten ein Einfallstor für subjektive und manchmal auch manipulative Wertentscheidungen.

In der Praxis sehr relevant ist zudem die Unterscheidung der **vier Skalenniveaus von Daten**, da die Art der Skala bestimmt, welche Methode angemessen ist um die Daten zu analysieren. Hier wird zwischen **nominal**, **ordinal**, **intervall** und **verhältnis** skalierten Daten unterschieden, wobei intervall- und verhältnisskalierte Daten häufig unter dem Label **kardinalskalierte** Daten zusammen gefasst werden, wie aus der Abbildung 4.2 hervorgeht:

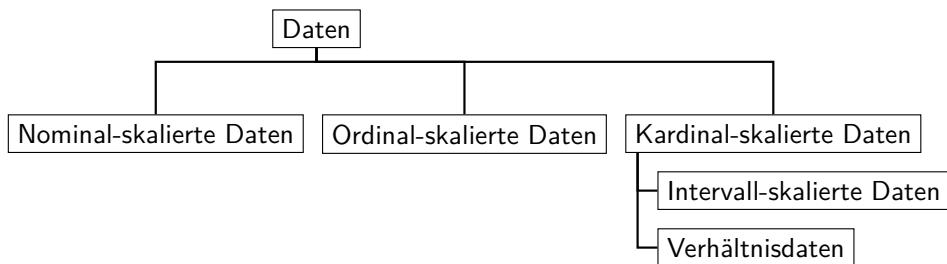


Figure 4.2: Skalenniveaus von Daten

Wir sprechen von **nominalskalierten** Daten wenn wir den einzelnen Ausprägungen der Daten zwar bestimmte Werte oder eindeutige Beschreibungen zuordnen können, diese aber keine natürliche Rangfolge aufweisen. So können wir einer Person eine Haarfarbe zuordnen, allerdings die verschiedenen Haarfarben in keine natürliche Rangfolge einordnen. Ebenso können wir z.B. Tiere in die Kategorien "Hund", "Katze" und "Sonstiges" einordnen, aber eine natürliche Rangfolge dieser Kategorien gibt es nicht. Als Konsequenz können wir die einzelnen Ausprägungen zwar zählen, aber sonst keine komplexeren mathematischen Operationen - wie z.B. die Berechnung eines Mittelwerts - ausführen.

In R werden solche Daten in der Regel als **character** oder als **factor** beschrieben. In der Regel ist es einfacher die Daten erst als **character** zu erstellen und dann mit der Funktion **factor()** in Faktoren umzuwandeln:

```

beobachtete_haarfarben <- c("Blond", "Braun", "Schwarz",
                            "Blond", "Braun", "Braun")
typeof(beobachtete_haarfarben)

#> [1] "character"

beobachtete_haarfarben <- factor(beobachtete_haarfarben)
beobachtete_haarfarben

#> [1] Blond  Braun  Schwarz Blond  Braun  Braun
  
```

¹Das klassische Beispiel in der Psychologie ist 'Intelligenz'.

²Interessanterweise hat der maßgeblich an der Entwicklung des Indikators BIP beteiligte Simon Kuznets in *Kuznets (1934)* davon abgeraten, diese Operationalisierung als Indikator für wirtschaftliche Entwicklung zu verwenden. Für mehr Infos dazu siehe z.B. *Lepenies (2016)*.

```
#> Levels: Blond Braun Schwarz
```

Beachten Sie, dass Faktoren besondere Arten von `integer` sind. Um zu testen, ob eine Variable als Faktor kodiert ist, können Sie die Funktion `is.factor()` verwenden:

```
typeof(beobachtete_haarfarben)
```

```
#> [1] "integer"
is.factor(beobachtete_haarfarben)
```

```
#> [1] TRUE
```

Die einzelnen Ausprägungen eines Faktors können mit der Funktion `table` gezählt werden. Der häufigste wird dabei ‘Modus’ genannt:

```
table(beobachtete_haarfarben)
```

```
#> beobachtete_haarfarben
#>   Blond   Braun Schwarz
#>     2       3       1
```

Mehr Informationen zur Arbeit mit Objekten des Typs `factor` finden Sie in Abschnitt 3.3.9.

Bei **ordinalskalierten** Daten können die einzelnen Ausprägungen in eine klare Rangfolge gebracht werden, aber die Abstände sind nicht sinnvoll interpretierbar. Das klassische Beispiel sind Schulnoten: eine ‘1’ ist besser als eine ‘2’, aber weder ist eine 1 ‘doppelt so gut’ wie eine 2, noch sind zwei einser genauso gut wie eine 2.

Ordinalskalierte Daten werden in R am besten auch als `factor` behandelt, allerdings müssen Sie die Reihenfolge explizit spezifizieren indem Sie die Level über das Argument `levels` explizit angeben und dem Argument `ordered` den Wert `TRUE` übergeben:

```
noten <- c(rep(1, 3), rep(2, 4), rep(3, 6), rep(4, 2), rep(5, 3))
noten
```

```
#> [1] 1 1 1 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 4 4 5 5 5
```

```
noten <- factor(noten, levels = 1:6, ordered = T)
noten
```

```
#> [1] 1 1 1 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 4 4 5 5 5
```

```
#> Levels: 1 < 2 < 3 < 4 < 5 < 6
```

Dass der Faktor geordnet ist erkennen wir daran, dass bei der Auflistung der Levels das Symbol `<` verwendet wird um die Reihenfolge zu illustrieren. Um bei bestehenden Faktoren die Reihenfolge zu spezifizieren, verwenden Sie die Funktion `ordered()` (das und weitere technische Besonderheiten von Objekten des Typs `factor` werden in Abschnitt 3.3.9 genauer beschrieben):

```
noten <- factor(noten, levels = 1:6, ordered = F)
noten
```

```
#> [1] 1 1 1 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 4 4 5 5 5
```

```
#> Levels: 1 2 3 4 5 6
```

```
noten <- ordered(noten, levels = 1:6)
noten
```

```
#> [1] 1 1 1 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 4 4 5 5 5
```

```
#> Levels: 1 < 2 < 3 < 4 < 5 < 6
```

Da wir ordinal-skalierte Daten ordnen können, ist es hier z.B. auch möglich empirische Quantile zu berechnen. Allerdings müssen wir bei der Funktion noch das Argument `type=1` oder `type=3`³ ergänzen, um einen Quantilsalgorithmus zu wählen, der auch mit Faktoren funktioniert:

³Eine Beschreibung der unterschiedlichen Algorithmen finden Sie über `help(quantile)`.

```
quantile(noten, type = 1)

#> 0% 25% 50% 75% 100%
#> 1   2   3   4   5
#> Levels: 1 < 2 < 3 < 4 < 5 < 6
```

Bei **intervallskalierten** Daten können wir die Ausprägungen nicht nur in eine Rangfolge bringen, sondern auch die Abstände zwischen den Ausprägungen sinnvoll interpretieren. Während es bei Noten also keinen Sinn ergibt, mathematische Operationen wie ‘Addition’ oder ‘Subtraktion’ zu verwenden (und die Abstände entsprechend nicht konsistent zu interpretieren sind), ist dies bei intervallskalierten Daten wie z.B. Jahreszahlen möglich: zwischen 1999 und 2005 liegt der gleiche Abstand wie zwischen 2009 und 2015. Entsprechend werden intervallskalierte Daten in der Regel als `integer` oder `double` gespeichert und wir können Kennzahlen wie den Mittelwert oder die Varianz berechnen.

Allerdings verfügen intervallskalierte Daten über keinen absoluten Nullpunkt, sodass Divisionen und Multiplikationen keinen Sinn machen. Das ist bei **verhältnisskalierten** Daten wie Gewicht, Preis oder Alter anders. Das kann man am besten an folgendem Beispiel illustrieren:

Beispiel: Inverall- vs. verhältnisskalierte Temperaturen Wenn wir die Temperatur in Grad Celsius messen haben wir eine Skala ohne absoluten Nullpunkt. Entsprechend können wir nicht sagen, dass 40 Grad Celsius doppelt so warm sind wie 20 Grad Celsius, nur das der Abstand der Gleichen ist wie zwischen 10 und 30 Grad Celsius. Das wird deutlich, wenn wir uns fragen ob 10 Grad Celsius doppelt so warm wären wie -10 Grad Celsius. Eine Lösung ist die Temperatur in Kelvin anzugeben, denn für Kelvin ist ein absoluter Nullpunkt definiert. Entsprechend können wir auch sagen, dass 20 Kelvin halb so warm ist wie 40 Kelvin - wobei beides ziemlich kalt wäre.

Da sowohl intervall- als auch verhältnisskalierte Daten als `double` oder `integer` repräsentiert werden, ist Vorsicht geboten: wir müssen immer selbst entscheiden welche Maße wir für die Daten berechnen und R gibt uns keinen Fehler aus, wenn wir für zwei intervallskalierte Variablen ein Verhältnis berechnen wollen.

Tabelle 4.1 gibt nochmal einen Überblick über die Skalenniveaus und die dazugehörigen Objekte. Wie oben erwähnt bestimmt das Skalenniveau die anwendbaren statistischen Operationen und Maße. Tabelle 4.2 fasst das für die uns bislang bekannten statistischen Maße kurz zusammen. Alle diese Konzepte werden im Kapitel 8 vertiefter behandelt.

Table 4.1: Skalenniveaus und die dazugehörigen R-Objekte.

Skalenniveau	Beispiel	Messbare Eigenschaften	Typisches R Objekt
Nominal	Haarfarbe, Telefonnummer	Häufigkeit	<code>character, factor</code>
Ordinal	Schulnote, Zufriedenheit	Häufigkeit, Rangfolge	<code>factor</code>
Intervall	Temperatur in C°, Jahreszahl	Häufigkeit, Rangfolge, Abstand	<code>integer, double</code>
Verhältnis	Preise, Alter	Häufigkeit, Rangfolge, Abstand, abs. Nullpunkt	<code>integer, double</code>

Table 4.2: Skalenniveaus und die anwendbaren statistischen Operationen.

	Nominal	Ordinal	Intervall	Verhältnis
Modus	✓	✓	✓	✓
Quantile	✗	✓	✓	✓
Interquartilsabstand	✗	✓	✓	✓
Rankkorrelation	✗	✓	✓	✓
Mittelwert	✗	✗	✓	✓
Varianz	✗	✗	✓	✓
Pearson-Korrelation	✗	✗	✓	✓

Wahrscheinlich kennen Sie auch noch die Unterscheidung zwischen **diskreten** und **stetigen** Werten. Diese Kategorisierungen ist nicht vollkommen konsistent mit den Skalenniveaus: zwar sind kardinale Daten in der Tendenz eher stetig und nominale, bzw. ordinale Daten eher diskret, allerdings gibt es auch diskrete kardinale Daten (aber keine stetigen nominalen Daten).

Hinweis zum Angeben: Aus der Skalierung oben wird ersichtlich, dass man mit ordinalskalierten Daten keine Durchschnitte bilden darf - man kann sie ja noch nicht einmal addieren. Ein Bereich wo dieser fundamentalen Regel ständig Gewalt angetan wird ist die Schule: wer hat noch nie von einer Durchschnittsnote gehört? Zum Glück gehört das an der Universität der Vergangenheit an...

4.2 Datenakquise

Der erste Schritt in der Arbeit mit Daten ist immer die Akquise der Daten. Je nach verwendeter Methode und Fragestellung ist das mehr oder weniger Arbeit. Im einfachsten Fall sind die von Ihnen benötigten Daten bereits erhoben und über das Internet frei zugänglich. Das trifft z.B. auf viele makroökonomische Indikatoren, wie das BIP, den Gini-Index oder die Arbeitslosigkeit zu. In diesem Falle müssen Sie einfach nur noch die passende Quelle finden,⁴ laden die Daten herunter und machen beim nächsten Schritt zum [Einlesen von Datensätzen](#) weiter, oder überlegen ob sie die Daten sogar [direkt mit R herunterladen](#) wollen.

4.2.1 Exkurs 1: Ländercodes übersetzen

Gerade wenn Sie mit makroökonomischen Daten arbeiten werden Sie häufig in Kontakt mit Ländercodes kommen. In vielen Datensätzen werden Länder unterschiedlich abgekürzt. So mögen manche Datensätze zwar ausgeschriebene Ländernamen wie "Deutschland" verwenden, andere verwenden aber eher den [iso3c-Code](#) "DEU", während wieder andere den [iso2c-Code](#) "DE" verwenden. Wenn Sie sich dann Daten vom IWF herunterladen wundern Sie sich vielleicht, dass Deutschland dort mit der Zahl 134 kodiert wird.

Zum Glück gibt es ein R-Paket, das die Übersetzung der Codes kinderleicht macht: [countrycode](#) ([Arel-Bundock et al., 2018](#)). Es stellt Ihnen unter anderem die Funktion `countrycode()` zur Verfügung, mit der Sie die Codes einfach übersetzen können. Die Funktion benötigt die folgenden Argumente: `sourcevar` akzeptiert einen `character` oder einen Vektor mit den zu übersetzenden Ländercodes. `origin` gibt die Form dieser Codes an und `destination` spezifiziert den Code in den Sie die `sourcevar` übersetzen wollen. Die Abkürzungen finden Sie in der Hilfefunktion von `countrycode()`.

Nehmen wir einmal an, wir möchten die `iso2c`-Codes für Frankreich und die Schweiz herausfinden. Das geht folgendermaßen:

```
countrycode::countrycode(
  sourcevar = c("Frankreich", "Schweiz"),
  origin = "country.name.de",
  destination = "iso3c")

#> [1] "FRA" "CHE"
```

In diesem Fall verdeutlicht `origin="country.name.de"`, dass wir die Originalnamen auf Deutsch angegeben haben und `destination="iso3c"` dass wir in `iso3c` übersetzen wollen.

Wenn wir wissen wollen welches Land sich hinter der IWF Nummer 112 verbirgt schreiben wir:

```
countrycode::countrycode(
  sourcevar = c("112"),
  origin = "imf",
  destination = "country.name.de")

#> [1] "Großbritannien"
```

⁴Das bedeutet natürlich weder, dass Sie (a) diesen Daten blind vertrauen sollten, noch dass (b) Ihre Daten tatsächlich die [latente Variable](#) messen, an der Sie interessiert sind. Häufig besteht großer Dissens mit welchem Maß welche latente Variable gemessen werden kann. Entsprechend geht der Auswahl der Daten häufig viel Zeit des theoretischen Überlegens voraus. Hier gehen wir davon aus, dass Sie sich über die richtigen Daten schon im Klaren sind.

Die Funktion `countrycode()` kennt bereits alle wichtigen Ländercodes. Schauen Sie in der Hilfefunktion nach wie die Codes abgekürzt werden. Grundsätzlich empfehle ich Ihnen in Ihrer Arbeit möglichst auf das Ausschreiben von Ländernamen zu verzichten und stattdessen mit eindeutigen Kürzeln zu arbeiten. Ich arbeite z.B. immer mit den `iso3c`-Codes, da sie trotz Abkürzung sehr intuitiv lesbar sind.

Das Problem mit ausgeschriebenen Ländernamen lässt sich anhand der Tschechischen Republik gut verdeutlichen. Der `iso3c`-Code ist hier eindeutig `CZE`, allerding verwenden manche Datenbanken den Namen ‘Czechia’ und andere ‘Czech Republik’. Das `countrycode`-Paket übersetzt beide Namen in `CZE`:

```
countrycode::countrycode("Czech Republic", "country.name", "iso3c")
#> [1] "CZE"
countrycode::countrycode("Czechia", "country.name", "iso3c")
#> [1] "CZE"
```

Das kann manchmal zu Problemen beim Zusammenführen von Datensätzen führen, da R nicht von sich aus weiß, dass ‘Czechia’ und ‘Czech Republik’ das gleiche Land bezeichnen. Da die Ländercodes immer eindeutig sind empfehle ich daher immer mit den Kürzeln zu arbeiten und beim ersten Übersetzen immer besonders vorsichtig zu sein.

Das Anwendungsgebiet von `countrycode()` geht übrigens weit über das Übersetzen von Länderkürzeln hinaus: manchmal möchten Sie vielleicht eine ganz andere Übersetzung durchführen. In einem solchen Falle können Sie `countrycode()` über das Argument `custom_dict` auch einen `data.frame` mit dem neuen Code übergeben und die Funktion ansonsten äquivalent nutzen. Das kann z.B. passieren wenn Sie Daten von einer Quelle verwenden, die Länder oder andere Beobachtungen nach einer eigenen Klassifizierung kodiert und diese Kodierung durch eine eigene Tabelle beschreibt. Im folgenden Beispiel ist genau das der Fall: wie haben Daten über die Exporte verschiedener Güterarten. Die Güter sind jedoch nach dem *Harmonized System* der UN kodiert (siehe [hier](#)):

```
head(export_data)
#>   Good Exports
#> 1:    1  43592
#> 2:    3 234293
#> 3:    5 23842
#> 4:    6 123103
```

Wir können uns aber eine *Korrespondenztabelle* herunterladen, welche die Codes in konkrete Beschreibungen übersetzt. Eine solche Tabelle sieht folgendermaßen aus:

```
head(correspondence_table, 3)
#>   Code          Description
#> 1:    1 Food and beverages
#> 2:    2 Industrial supplies nes
#> 3:    3 Fuels and lubricants
```

Wir können nun die Funktion `countrycode()` zur Übersetzung der Codes in ihre Beschreibung verwenden (dabei müssen Tabellen in anderen Formaten immer mit `as.data.frame()` in einen Data Frame umgewandelt werden):

```
export_data <- dplyr::mutate(
  export_data,
  Good_Description=countrycode(
    Good, "Code", "Description",
    custom_dict = as.data.frame(correspondence_table)
  )
)
export_data
#>   Good Exports          Good_Description
#> 1:    1  43592          Food and beverages
#> 2:    3 234293          Fuels and lubricants
#> 3:    5 23842 Transport equipment, and parts and accessories thereof
```

#> 4: 6 123103

Consumption goods

4.2.2 Exkurs 2: Daten direkt mit R herunterladen

Manchmal können Sie sich viel Arbeit sparen indem Sie die Daten direkt in R über eine so genannte API herunterladen. Das bedeutet, dass Sie über R einen direkten Zugang zum Server mit den Daten herstellen und die Daten direkt in R einladen. Das hat den Vorteil, dass die Daten in der Regel bereits in einem gut weiterzuverarbeitenden Zustand sind und dass aus Ihrem Code unmittelbar ersichtlich wird wo Ihre Rohdaten herkommen.⁵

Es lohnt sich daher, gerade wenn Sie aus einer Quelle mehrere Daten beziehen wollen, nachzuschauen ob ein R Paket oder eine besondere API verfügbar ist. Im Folgenden möchte ich das Vorgehen mit dem Paket **WDI** (Arel-Bundock, 2019) illustrieren, welches Ihnen Zugriff auf die [Weltbankdaten](#) ermöglicht.

Das Paket **WDI** stellt Funktionen sowohl zum Suchen als auch zum direkten Download von Daten aus der Datenbank der Weltbank zur Verfügung. Diese Datenbank ist extrem nützlich, weil sie makroökonomische Indikatoren für die ganze Welt aus verschiedenen Quellen bündelt.

Als erstes müssen Sie den Code des von Ihnen gewünschten Indikators herausfinden. Dazu gehen Sie am besten auf die [Startseite](#) der Weltbankdatenbank und suchen dort nach den Indikatoren ihrer Wahl. Nehmen wir einmal an, Sie wollen Daten zum Export und zur Arbeitslosigkeit für Deutschland und Österreich für die Jahre 2012-2014 haben.

Sie suchen also nach den Indikatoren und lesen den Code aus der URL des Indikators ab, wie in Abbildung 4.3 dargestellt:⁶

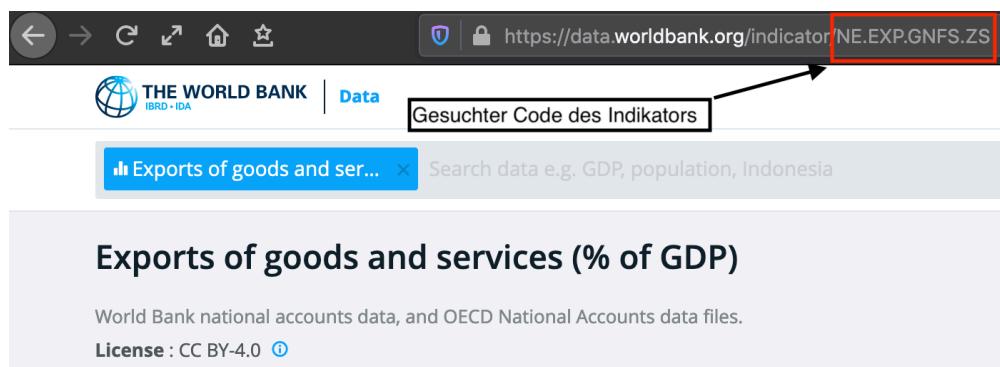


Figure 4.3: Ablesen des Codes aus der URL

Über die Weltbankseite finden Sie heraus, dass die beiden von Ihnen gesuchten Indikatoren mit `NE.EXP.GNFS.ZS` und `SL.UEM.TOTL.ZS` kodiert sind. Nun verwenden Sie die Funktion `WDI::WDI()` um direkt auf die Daten zuzugreifen. Die Funktion benötigt dabei die folgenden Argumente: `country` verlangt nach einem Vektor mit Länderkürzeln. Der `countrycode`-Code für die von der Weltbank geforderten Kürzel ist `wb` und es ist entsprechend einfach diesen Vektor zu erstellen. Das zweite relevante Argument ist `indicator` und benötigt einen Vektor der gewünschten Indikatoren. Über die Argumente `start` und `stop` geben Sie das erste und letzte gewünschte Beobachtungsjahr an. Die weiteren Argumente sind nicht von unmittelbarem Interesse.

Nun können Sie die Funktion `WDI::WDI()` folgendermaßen verwenden um Export- und Arbeitslosendaten für Deutschland und Österreich zwischen 2012 und 2014 zu bekommen:

```
t_beginn <- 2012
t_ende <- 2014
laender <- countrycode::countrycode(c("Germany", "Austria"),
                                      "country.name", "wb")
indikatoren <- c("NE.EXP.GNFS.ZS", "SL.UEM.TOTL.ZS")
```

⁵Da ein solcher Code nur funktioniert wenn Sie mit dem Internet verbunden sind und Sie die Daten ja nicht jedes Mal von neuem herunterladen wollen macht es Sinn, die Daten nach dem Runterladen abzuspeichern, auch um den konkreten Datensatz, mit dem Sie Ihre Ergebnisse bekommen haben, zu konservieren.

⁶Zwar gibt es im **WDI**-Paket auch die Funktion `WDI::WDIsearch()`, mit der Sie Datensätze direkt suchen können, allerdings funktioniert das meiner Erfahrung nach nicht optimal.

```

daten <- WDI::WDI(
  country = laender,
  indicator = indikatoren
  start = t_beginn,
  end = t_ende
)

daten

#>   iso2c country year NE.EXP.GNFS.ZS SL.UEM.TOTL.ZS
#> 1: AT Austria 2012 53.97368 4.865
#> 2: AT Austria 2013 53.44129 5.335
#> 3: AT Austria 2014 53.38658 5.620
#> 4: DE Germany 2012 45.98254 5.379
#> 5: DE Germany 2013 45.39788 5.231
#> 6: DE Germany 2014 45.64482 4.981

```

Mit derlei Paketen können Sie sich häufig viel Zeit sparen, insbesondere wenn Sie mehrere Datensätze von der gleichen Quelle benötigen.

4.3 Daten einlesen und schreiben

4.3.1 Einlesen von Datensätzen

Wenige Arbeitsschritte können so frustrierend sein wie das Einlesen von Daten. Sie können sich gar nicht vorstellen was hier alles schiefgehen kann! Aber kein Grund zur übertriebenen Sorge: wir können viel Frustration vermeiden wenn wir am Anfang unserer Karriere ausreichend Zeit in die absoluten Grundlagen von Einlesefunktionen investieren. Also, auch wenn die nächsten Zeilen etwas trocken wirken: sie werden Ihnen später viel Zeit ersparen!

Das am weitesten verbreitete Dateiformat ist csv. ‘csv’ steht für ‘comma separated values’ und diese Dateien sind einfache Textdateien, in denen Spalten mit bestimmten Symbolen, in der Regel einem Komma, getrennt sind. Aufgrund dieser Einfachheit sind diese Dateien auf allen Plattformen und quasi von allen Programmen ohne Probleme lesbar.

In R gibt es verschiedene Möglichkeiten csv-Dateien einzulesen. Die mit Abstand beste Option ist dabei die Funktion `data.table::fread()` aus dem Paket `data.table`, da sie nicht nur sehr flexibel spezifiziert werden kann, sondern auch deutlich schneller als andere Funktionen arbeitet.

Wir gehen im Folgenden davon aus, dass wir die Datei `data/tidy/export_daten.csv` einlesen wollen. Die Datei sieht folgendermaßen aus:

```

iso2c,year,Exporte
AT,2012,53.97
AT,2013,53.44
AT,2014,53.38

```

Es handelt sich also um eine sehr standardmäßige csv-Datei, die wir einfach mit der Funktion `data.table::fread()` einlesen können. Dazu übergeben wir `data.table::fread()` nur das einzige wirklich notwendige Argument: den Dateipfad. Der besseren Übersicht halber sollte dieser immer separat definiert werden:

```

daten_pfad <- here::here("data/tidy/export_daten.csv")
daten <- data.table::fread(daten_pfad)
daten

```

```

#>   iso2c year Exporte
#> 1: AT 2012 53.97
#> 2: AT 2013 53.44
#> 3: AT 2014 53.38

```

Vielleicht fragen Sie sich wie `data.table::fread()` die Spalten bezüglich ihres **Datentyps** interpretiert hat? Das können wir folgendermaßen überprüfen:

```
typeof(daten$year)
#> [1] "integer"
```

In der Regel funktioniert die automatische Typerkennung von `data.table::fread()` sehr gut. Ich empfehle dennoch die Typen im Zweifel manuell zu spezifizieren, aus folgenden Gründen: (1) Sie merken leichter wenn es mit einer Spalte ein Problem gibt, z.B. wenn in einer Spalte, die ausschließlich aus Zahlen besteht ein Wort vorkommt. Wenn Sie diese Spalte nicht manuell als `double` spezifizieren würden, würde `data.table::fread()` sie einfach still und heimlich als `character` interpretieren und Sie wundern sich später, warum Sie für die Spalte keinen Durchschnitt berechnen können; (2) Ihr Code wird leichter lesbar; und (3) der Einlesevorgang wird deutlich beschleunigt da `data.table::fread()` die Typen nicht selbst ‘erraten’ muss.

Sie können die Spaltentypen manuell über das Argument `colClasses` einstellen, indem Sie einfach einen Vektor mit den Datentypen angeben:

```
daten_pfad <- here::here("data/tidy/export_daten.csv")
daten <- data.table::fread(daten_pfad,
                           colClasses = c("character", "double", "double"))
typeof(daten$year)
#> [1] "double"
```

Da es bei sehr großen Dateien einen extremen Unterschied macht ob Sie die Spaltentypen angeben oder nicht macht es in einem solchen Fall häufig Sinn, zunächst mal nur die erste Zeile des Datensatzes einzulesen, sich anzuschauen welche Typen die Spalten haben sollten und dann den gesamten Datensatz mit den richtig spezifizierten Spaltentypen einzuladen. Sie können nur die erste Zeile einladen indem Sie das Argument `nrows` verwenden:

```
daten_pfad <- here("data/tidy/export_daten.csv")
daten <- data.table::fread(daten_pfad,
                           colClasses = c("character", "double", "double"),
                           nrows = 1)
daten
#>   iso2c year Exporte
#> 1:   AT  2012    53.97
```

Manchmal möchten Sie auch nur eine bestimmte Auswahl an Spalten einlesen. Auch das kann bei großen Datensätzen viel Zeit sparen. Wenn wir nur das Land und die Anzahl der Exporte haben wollen, spezifizieren wir das über das Argument `select`:

```
daten_pfad <- here::here("data/tidy/export_daten.csv")
daten <- data.table::fread(daten_pfad,
                           colClasses = c("character", "double", "double"),
                           nrows = 1,
                           select = c("iso2c", "Exporte"))
daten
#>   iso2c Exporte
#> 1:   AT    53.97
```

Die Beispiel-Datei oben war sehr angenehm formatiert. Häufig werden aber andere Spalten- und Dezimalkennzeichen verwendet. Gerade in Deutschland ist es verbreitet, Spalten mit ; zu trennen und das Komma als Dezimaltrenner zu verwenden. Unsere Beispiel-Datei oben sähe dann so aus:

```
iso2c;year;Exporte
AT;2012;53,97
AT;2013;53,44
AT;2014;53,38
```

Zum Glück können wir das Spaltentrennzeichen über das Argument `sep` und das Kommatrennzeichen über das Argument `dec` manuell spezifizieren:⁷

⁷Auch hier gilt, dass die automatische Erkennung von `data.table::fread()` schon sehr gut funktioniert, aber die manuelle Eingabe

```

daten_pfad <- here::here("data/tidy/export_daten_dt.csv")
daten <- data.table::fread(daten_pfad,
                           colClasses = c("character", "double", "double"),
                           sep = ";",
                           dec = ",",
                           )
daten

#>      iso2c year Exporte
#> 1:    AT 2012   53.97
#> 2:    AT 2013   53.44
#> 3:    AT 2014   53.38

```

`data.table::fread()` verfügt noch über viele weitere Spezifizierungsmöglichkeiten, mit denen Sie sich am besten im konkreten Anwendungsfall vertraut machen. Auch ein Blick in die Hilfeseite ist recht illustrativ. Für die meisten Anwendungsfälle sind Sie jetzt aber gut aufgestellt.

Anmerkungen zu komprimierten Dateien: Häufig werden Sie auch komprimierte Dateien einlesen wollen. Gerade komprimierte csv-Dateien kommen häufig vor. In den meisten Fällen können Sie diese Dateien direkt mit `data.table::fread()` einlesen. Falls nicht, können Sie `data.table::fread()` aber auch dem entsprechenden UNIX-Befehl zum Entpacken als Argument `cmd` übergeben, also z.B. `data.table::fread("unzip -p data/gezippte_daten.csv.bz2")`. Weitere Informationen finden Sie sehr einfach im Internet.

Auch wenn csv-Dateien die am weitesten verbreiteten Daten sind: es gibt natürlich noch viele weitere Formate mit denen Sie in Kontakt kommen werden. Hier möchte ich exemplarisch auf drei weitere Formate (`.rds`, `.rdata` und `.dta`) eingehen:

R verfügt über zwei ‘hauseigene’ Formate, die sich extrem gut zum Speichern von größeren Daten eignen, aber eben nur von R geöffnet werden können. Diese Dateien enden mit `.rds`, bzw. mit `.RData` oder `.Rda`, wobei `.Rda` nur eine Abkürzung für `.RData` ist.

Dabei gilt, dass `.rds`-Dateien einzelne R-Objekte enthalten, z.B. einen einzelnen Datensatz, aber auch jedes andere Objekt (Vektor, Liste, etc.) kann als `.rds`-Datei gespeichert werden. Solche Dateien können mit der Funktion `readRDS()` gelesen werden, die als einziges Argument den Dateinamen annimmt:

```

daten_pfad <- here::here("data/tidy/export_daten.rds")
daten <- readRDS(daten_pfad)
daten

```

```

#>  Land Jahr BIP
#> 1  DEU 2011  1
#> 2  DEU 2012  2

```

`.RData`-Dateien können auch mehrere Objekte enthalten. Zudem gibt die entsprechende Funktion `load()` kein Objekt aus, dem Sie einen Namen zuweisen können. Vielmehr behalten die Objekte den Namen, mit dem sie ursprünglich gespeichert wurden. In diesem Fall wurden in der Datei `data/tidy/test_daten.RData` der Datensatz `test_dat` und der Vektor `test_vec` gespeichert. Entsprechend sind sie nach dem Einlesen verfügbar:

```

load(here::here("data/tidy/test_daten.RData"))
test_dat

```

```

#>  a b
#> 1 1 3
#> 2 2 4
test_vec

```

```
#> [1] "Test Vektor"
```

Die Verwendung von `.RData` ist besonders dann hilfreich, wenn Sie mehrere Objekte speichern wollen und wenn einige dieser Objekte keine Datensätze sind, für die auch andere Formate zur Verfügung stehen.

Ein in der Ökonomik häufig verwendetes Format ist das von der Software [STATA](#) verwendete Format `.dta`. Um Dateien in diesem Format lesen zu können verwenden Sie die Funktion `read_dta()` aus dem Paket [haven](#) ([Wickham and Miller, 2019](#)), die als einziges Argumente den Dateinamen akzeptiert:

```
dta_datei <- here::here("data/tidy/export_daten.dta")
dta_daten <- haven::read_dta(dta_datei)
head(dta_daten, 2)

#> # A tibble: 2 x 3
#>   iso2c   year Exporte
#>   <chr> <dbl>   <dbl>
#> 1 AT      2012    54.0
#> 2 AT      2013    53.4
```

Das Paket [haven](#) stellt auch Funktionen zum Lesen von SAS oder SPSS-Dateien bereit.

4.3.2 Speichern von Daten

Im Vergleich zum Einlesen von Daten ist das Speichern deutlich einfacher, weil sich die Daten ja bereits in einem vernünftigen Format befinden. Die größte Frage hier ist also: in welchem Dateiformat sollten Sie Ihre Daten speichern?

In der großen Mehrheit der Fälle ist diese Frage klar mit `.csv` zu beantworten. Dieses Format ist einfach zu lesen und absolut plattformkompatibel. Es hat auch nicht die schlechtesten Eigenschaften was Lese- und Schreibgeschwindigkeit angeht, insbesondere wenn man die Daten komprimiert.

Die schnellste und meines Erachtens mit Abstand beste Funktion zum Schreiben von csv-Dateien ist die Funktion `fwrite()` aus dem Paket [data.table](#). Angenommen wir haben einen Datensatz `test_data`, den wir im Unterordner `data/tidy` als `test_data.csv` speichern wollen. Das geht mit `data.table::fwrite()` ganz einfach:

```
datei_name <- here::here("data/tidy/test_data.csv")
data.table::fwrite(test_data, file = datei_name)
```

Neben dem zu schreibenden Objekt als erstem Argument benötigen Sie noch das Argument `file`, welches den Namen und Pfad der zu schreibenden Datei spezifiziert. Der Übersicht halber ist es oft empfehlenswert diesen Pfad zuerst als `character`-Objekt zu speichern und dann an die Funktion `data.table::fwrite()` zu übergeben.

`data.table::fwrite()` akzeptiert noch einige weitere optionale Argumente, die Sie im Großteil der Fälle aber nicht benötigen. Schauen Sie bei Interesse einfach einmal in die Hilfefunktion!

Falls Ihr Datensatz im csv-Format doch zu groß ist, Sie aber aufgrund von Kompatibilitätsanforderungen kein spezialisiertes Format benutzen wollen, bietet es sich an die csv-Datei zu komprimieren. Natürlich könnten Sie das händisch in Ihrem Datei-Explorer machen, aber das ist vollkommen überholt. Sie können das gleich in R miterledigen indem Sie z.B. die Funktion `gzip` aus dem Paket [R.utils](#) ([Bengtsson, 2019](#)) verwenden:

```
csv_datei_name <- here::here("data/tidy/test_data.csv")
data.table::fwrite(test_data, file = csv_datei_name)
R.utils::gzip(csv_datei_name,
  destname=paste0(csv_datei_name, ".gz"),
  overwrite = TRUE, remove=TRUE)
```

Diese Funktion akzeptiert als erstes Argument den Pfad zu der zu komprimierenden Datei, also zweites Argument (`destname`) den Namen, den die komprimierte Datei tragen soll und einige weitere optionale Argumente. Häufig bietet sich `overwrite = TRUE` an, um alte Versionen der komprimierten Datei im Zweifel zu überschreiben, und `remove=TRUE` um die un-komprimierte Datei nach erfolgter Komprimierung zu löschen.

Hinweise zu verschiedenen zip-Formaten: Die Funktion `R.utils::gzip()` komprimiert eine Datei mit dem [GNU zip Algorithmus](#). Die resultierende komprimierten Dateien sollten mit der zusätzlichen Endung `.gz` gekennzeichnet werden. `R.utils::gzip()` ist eine relativ schnell arbeitende Funktion,

allerdings mit mäßigen Kompressionseigenschaften. Wenn Sie bereit sind längere Arbeitszeit für ein besseres Kompressionsergebnis in Kauf zu nehmen, sollten Sie sich die Funktion `R.utils::bzip2()` ansehen, welche den [bzip2-Algorithmus](#) implementiert. Dieser hat eine deutlich bessere Kompressionsrate (die komprimierten Dateien sind also deutlich kleiner), allerdings ist `R.utils::bzip2()` auch deutlich langsamer als `R.utils::gzip()`. Dateien, die mit `R.utils::bzip2()` komprimiert wurden, sollten mit der Endung `.bz2` gekennzeichnet werden. Entsprechend sieht der Code von oben mit `R.utils::bzip2()` anstatt `R.utils::gzip()` folgendermaßen aus:

```
csv_datei_name <- here::here("data/tidy/test_data.csv")
data.table::fwrite(test_data, csv_datei_name)
R.utils::bzip2(csv_datei_name,
  destname=paste0(csv_datei_name, ".bz2"),
  overwrite = TRUE)
```

Einen Vergleich der Kompressionseigenschaften und Lese- und Schreibgeschwindigkeiten ist immer auch kontextabhängig, im Internet finden sich viele Diskussionen zu dem Thema. Am Anfang sind Sie mit `R.utils::gzip()` und `R.utils::bzip2()` aber eigentlich für alle relevanten Fälle gut aufgestellt.

Die oben bereits vorgestellten R-spezifischen Formate `.Rdata` und `.rds` verfügen über deutliche Geschwindigkeits- und Komprimierungsvorteile gegenüber dem `csv`-Format und sind dabei trotzdem vollkommen plattformkompatibel. Einziger Nachteil: alle Irren, die nicht R benutzen, können Ihre Daten nicht öffnen. Manchmal mag das eine verdiente Strafe, manchmal aber auch ein Ausschlusskriterium sein.

```
saveRDS(object = test_data, file = here("data/tidy/export_daten.rds"))
```

Wie Sie sehen sind zwei Argumente zentral: das erste Argument, `object` spezifiziert das zu speichernde Objekt und `file` den Dateipfad. Darüber hinaus können Sie mit dem optionalen Argument `compress` hier die Kompressionsart auswählen. Ähnlich wie oben gilt, dass `gz` am schnellsten und `bz` am stärksten ist. `xz` liegt in der Mitte.

Wenn Sie mehrere Objekte auf einmal speichern möchten können Sie das über das Format `.RData` machen. Die entsprechende Funktion ist `save()`. Zwar können Sie einfach alle zu speichernden Objekte als die ersten Argumente an die Funktion übergeben, es ist aber übersichtlicher das über das Argument `list` zu erledigen. Der folgende Code speichert die beiden Objekte `test_data` und `daten` in der Datei "data/tidy/datensammlung.Rdata":

```
save(list=c("test_data", "daten"),
  file=here("data/tidy/datensammlung.RData"))
```

Wie `saveRDS()` können Sie bei `save()` über das Argument `compress` den Kompressionsalgorithmus auswählen, allerdings können Sie mit `compression_level` zusätzlich noch die Stärke von 1 (schnell, aber wenig Kompression) bis 9 (langsamer, aber starke Kompression) auswählen.

Da, wie oben erwähnt, gerade in der Ökonomik auch häufig mit der kostenpflichtigen Software [STATA](#) gearbeitet wird, möchte ich noch kurz erläutern, wie man einen Datensatz im STATA-Format `.dta` speichern kann. Dazu verwenden wir die Funktion `write_dta()` aus dem Paket `haven`.

```
haven::write_dta(test_data,
  here::here("data/tidy/test_daten.dta"))
```

Für SAS- und SPSS-Daten gibt es ähnliche Funktionen, die ebenfalls durch das `haven`-Paket bereitgestellt werden.

Hinweis: Gerade bei großen Datensätzen kommt es wirklich sehr auf die Lese- und Schreibgeschwindigkeit von Funktionen an. Auch stellt sich hier die Frage nach dem besten Dateiformat noch einmal viel deutlicher als das bei kleinen Datensätzen der Fall ist und sich die Formatfrage vor allem um das Thema 'Kompatibilität' dreht. Einige nette Beiträge, die verschiedene Funktionen und Formate bezüglich ihrer Geschwindigkeit vergleichen finden Sie z.B. [hier](#) oder [hier](#).

4.4 Verarbeitung von Daten ('data wrangling')

Nachdem Sie Ihre Daten erhoben haben, müssen Sie die Rohdaten in eine Form bringen, mit der Sie sinnvoll weiterarbeiten können. Dieser Prozess wird oft als 'Datenaufbereitung' bezeichnet und stellt häufig einen der

zeitaufwendigsten Arbeitsschritte in der Forschungsarbeit dar: Laut [dieser Umfrage](#) macht es sogar 60 % der Arbeitszeit von Datenspezialist*innen aus. Entsprechend wichtig ist es, sich mit den typischen Arbeitsschritten und Algorithmen vertraut zu machen um in diesem aufwendigen Arbeitsschritt Zeit zu sparen.

Ein großes Problem in der Forschungspraxis ist häufig, dass Forscher*innen den Datenaufbereitungsprozess nicht richtig dokumentieren. In diesem Fall ist unklar was für Änderungen an den Rohdaten vorgenommen wurden bevor die eigentliche Analyse begonnen wurde. Das führt zu unreproduzierbarer und intransparenter Forschung. Daher ist es wichtig, alle Änderungen, die Sie im Rahmen der Datenaufbereitung vornehmen zu dokumentieren.

Am einfachsten ist es, für die Datenaufbereitung einfach ein R-Skript zu schreiben, in dem Sie die Rohdaten einlesen und am Ende die aufbereiteten Daten unter neuem Namen speichern. Am besten legen Sie in Ihrem Ordner `data` zwei Unterordner an: Die Rohdaten speichern Sie dann in einem Unterordner `raw`, die bearbeiteten und aufbereiteten Daten in einem Unterordner `tidy`. So behalten Sie immer den Überblick. **Nie** sollten Sie Ihre Rohdaten überschreiben! Damit sind Sie in Ihrer Forschung vollkommen transparent und es entsteht Ihnen im Prinzip keine Mehrarbeit (siehe Abbildung 4.4).

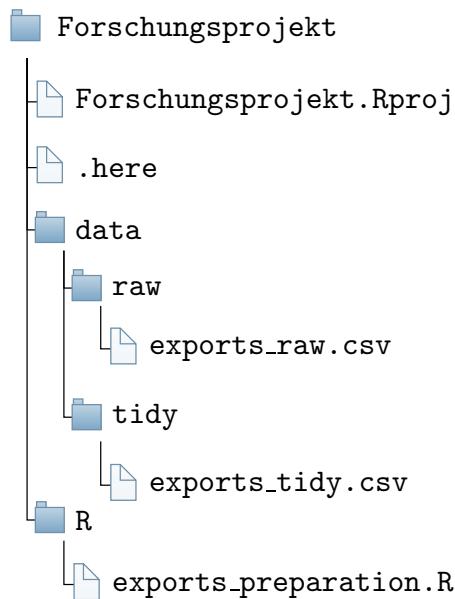


Figure 4.4: Eine übersichtliche Art und Weise Ihre Daten zu speichern. Die Dateien im Unterordner ‘raw’ werden nie geändert. Die Datei ‘exports-tidy’ im Ordner ‘tidy’ wurde mit dem Skript ‘exports-preparation.R’ aus dem Rohdatensatz ‘exports-raw.csv’ erstellt.

In diesem Abschnitt lernen Sie Lösungen für Probleme, die typischerweise während der Datenaufbereitung auftreten. Dafür beschäftigen wir uns zunächst mit dem gewünschten Ergebnis: sogenannter `tidy data`. Diese Art von Datensätzen sollte das Ergebnis jeder Datenaufbereitung sein.

Auf dem Weg zu `tidy data` bedarf es häufig einer [Transformation von langen und breiten Datensätzen](#). Außerdem werden Sie häufig mehrere [Datensätze zusammenführen](#) und Ihre Daten [filtern, selektieren und aggregieren](#). Zudem möchten Sie manchmal Daten auch [reduzieren und zusammenfassen](#).

Beispiel für berühmte Menschen mit miserabler Datenaufbereitung: Der Reinhart-Rogoff Skandal

Eines der dramatischsten Beispiele für Fehler in der Datenaufbereitung mit katastrophalen realweltlichen Implikationen ist der [Reinhart-Rogoff-Skandal](#). Carmen Reinhart und Kenneth Rogoff haben in ihrem einflussreichen Paper [Growth in a Time of Debt](#) einen negativen Effekt von übermäßiger Staatsverschuldung auf wirtschaftliches Wachstum festgestellt. Als der PhD-Student [Thomas Herndon](#) während eines Seminars das Paper replizieren sollte, bekam er Probleme. Dankenswerterweise sendete ihm Carmen Reinhart den Datensatz zu, allerdings stellte sich heraus, dass durch einen Excel-Fehler einige Länder aus der Stichprobe gefallen waren. Mit der kompletten Stichprobe löste sich der im ursprünglichen

Paper identifizierte Zusammenhang auf (Herndon et al., 2013). Das ist besonders dramatisch, da das Paper nicht nur zahlreiche Preise gewonnen hat, sondern auch als wichtige Begründung für die in Europa implementierte Austeritätspolitik fungierte. Klar ist: wäre der Datenaufbereitungsprozess transparent und offen durchgeführt und dokumentiert worden, wäre der Fehler wahrscheinlich deutlich einfacher und früher gefunden worden.

4.4.1 Das Konzept von 'tidy data'

Die Rohdatensätze, die wir erheben oder aus dem Internet herunterladen haben oft eine abenteuerliche Form und wir können in der Regel nicht direkt mit der statistischen Analyse anfangen. Die meisten Statistik-Pakete und Funktionen setzen eine bestimmte 'aufgeräumte' Form der Daten voraus. Wickham (2014) beschreibt diese Form als **tidy data**⁸ und es ist unser Ziel durch die Datenaufbereitung die verschiedenen Rohdatensätze in **tidy data** zu verwandeln. Die daraus resultierenden Datensätze können dann separat gespeichert werden, damit wir die Datenaufbereitung nicht jedes Mal erneut durchführen müssen (im Abschnitt **Abschließende Bemerkungen** wird ein entsprechender Vorschlag für eine hilfreiche Ordnerstruktur beschrieben).

Aber was zeichnet **tidy data** aus? Wie von Wickham (2014) beschrieben kann ein Datensatz auf vielerlei Art und Weise 'unordentlich' sein, aber nur auf eine Art und Weise 'tidy'. Ein 'tidy' Datensatz ist durch folgende drei Eigenschaften gekennzeichnet:

1. Jede **Spalte** korrespondiert zu genau einer **Variable**
2. Jede **Zeile** korrespondiert zu genau einer **Beobachtung**
3. Jede **Zelle** korrespondiert zu einem einzelnen **Wert**

Punkt (1) verlangt, dass jede Spalte zu einer Variable korrespondiert und es keine Spalten gibt, die zu keiner Variable korrespondieren. Wenn wir also Daten zum BIP in verschiedenen Ländern über die Zeit erheben impliziert das, dass wir es mit drei Variablen zu tun haben: dem **Land**, dem **Jahr** und dem **BIP**. Entsprechend sollte unser Datensatz genau drei Spalten haben, die jeweils zu diesen Variablen korrespondieren.

Punkt (2) verlangt, dass jede Zeile zu genau einer Beobachtung korrespondiert. In unserem Beispiel sollte also jede Zeile zu der Beobachtung des BIP in genau einem Land zu genau einem Zeitraum korrespondieren - und z.B. nicht die Beobachtungen für ein einziges Land zu allen möglichen Zeiträumen zusammenln.

Punkt (3) ist meistens in unseren Anwendungsfällen ohnehin erfüllt. Er verlangt, dass jede Zelle in unserem Datensatz genau einen Wert enthält, und z.B. nicht nochmal eine Liste mit mehreren Werten, wie es ja bei einem **data.frame** auch **möglich wäre**.

Beispiel 'tidy data': Der folgende Datensatz ist 'tidy' im gerade beschriebenen Sinn:

```
#>   Land Jahr  Exporte Arbeitslosigkeit
#> 1:  AT 2013 53.44129      5.335
#> 2:  AT 2014 53.38658      5.620
#> 3:  DE 2013 45.39788      5.231
#> 4:  DE 2014 45.64482      4.981
```

Wir haben vier Spalten, die jeweils zu einer der vier Variablen **Land**, **Jahr**, **Exporte** und **Arbeitslosigkeit** korrespondieren. Jede Zeile korrespondiert zur Beobachtung von **BIP** und **Exporte** in genau einem Jahr in genau einem Land. Und die einzelnen Zellen enthalten genau einen Wert, jeweils für das Land, das Jahr, die Exporte und die Arbeitslosigkeit.

Beispiel: Verstoß gegen (1) : Der folgende Datensatz, welcher nur Informationen zu den Exporten und für das Jahr 2014 enthält, ist nicht 'tidy', da er gegen Anforderung (1) verstößt:

```
#>   Land Variable    2014
#> 1   AT   Exporte 53.38658
#> 2   DE   Exporte 45.64482
```

⁸Wie hier beschrieben ist das Konzept von 'tidy data' nicht neu: Statistiker*innen sprechen bei einem 'tidy' Datensatz häufig von einer 'Datenmatrix'. Wer sich mehr mit der zugrundeliegenden Theorie beschäftigen möchte sollte zunächst die **12 Regeln von Edgar Codd** und ihre Begründung nachlesen.

Hier haben wir drei Variablen, Land, Jahr und Exporte, aber die Spalte 2013 korrespondiert zu einer Ausprägung der Variable Jahr, aber nicht zur Variablen als solchen. Die Bedeutung dieser Unterscheidung wird im nächsten Beispiel deutlich.

Beispiel: Verstoß gegen (1) und (2): Wenn wir in dem ersten Datensatz alle Informationen belassen, würde er in der gerade dargestellten Form sowohl gegen (1) als auch (2) verstößen:

```
#>   Land      Variable    2013    2014
#> 1  AT Arbeitslosigkeit 5.33500 5.62000
#> 2  AT          Exporte 53.44129 53.38658
#> 3  DE Arbeitslosigkeit 5.23100 4.98100
#> 4  DE          Exporte 45.39788 45.64482
```

Jetzt ist nicht nur die Anforderung, dass jede Spalte zu einer Variable korrespondiert, verletzt, sondern auch die Anforderung, dass jede Zeile zu genau einer Beobachtung korrespondiert, da wir wegen der zwei Jahre in jeder Zeile zwei Beobachtungen haben. Ebenfalls sehr häufig kommt folgendes Format vor, das ebenfalls (1) und (2) widerspricht:

```
#>   Land Jahr      Variable    Wert
#> 1  AT 2013      Exporte 53.44129
#> 2  AT 2014      Exporte 53.38658
#> 3  DE 2013      Exporte 45.39788
#> 4  DE 2014      Exporte 45.64482
#> 5  AT 2013 Arbeitslosigkeit 5.33500
#> 6  AT 2014 Arbeitslosigkeit 5.62000
#> 7  DE 2013 Arbeitslosigkeit 5.23100
#> 8  DE 2014 Arbeitslosigkeit 4.98100
```

Beispiel: Verstoß gegen (3) Verstöße gegen die dritte Anforderung kommen in der Praxis in der Regel seltener vor, sind aber auch unschön:

```
d <- data.frame(Land=c("DE", "AT"))
d$`Wichtige Industrien` <- list(c("Autos", "Medikamente"), c("Stahlproduktion", "Holz"))
d
```

```
#>   Land Wichtige Industrien
#> 1  DE   Autos, Medikamente
#> 2  AT   Stahlproduktion, Holz
```

4.4.2 Von langen und breiten Datensätzen

Die Datenaufbereitung umfasst häufig das Wechseln zwischen der so genannten ‘langen’ (oder ‘gestapelten’) und ‘breiten’ (‘ungestapelten’) Datenform. Die erste ist für die statistische Verarbeitung, die zweite für das menschliche Auge besser geeignet.

‘Lange’ Daten haben in der Regel viele Zeilen und wenige Spalten. Alle tidy Datensätze sind im langen Datenformat. ‘Breite’ Daten haben mehr Spalten und weniger Zeilen und sind häufig das, was wir aus dem Internet herunterladen. Im Folgenden ist der gleiche Datensatz einmal im langen und einmal im breiten Format dargestellt.

Zuerst das ‘lange’ Format, in dem wir verhältnismäßig viele Zeilen haben:

```
#>   Land Jahr  Exporte
#> 1:  AT 2013 53.44129
#> 2:  AT 2014 53.38658
#> 3:  DE 2013 45.39788
#> 4:  DE 2014 45.64482
```

Und hier das ‘breite’ Format mit verhältnismäßig mehr Spalten:

```
#>   Land Variable    2013    2014
#> 1  AT  Exporte 53.44129 53.38658
#> 2  DE  Exporte 45.39788 45.64482
```

Häufig werden Sie während Ihrer Datenaufbereitung mehrmals zwischen den beiden Formaten hin und her wechseln, da für manche statistischen Zwischenschritte das eine, für andere das andere Format besser ist.⁹

Um zwischen den Formaten hin und herzuwechseln verwenden wir vor allem die Funktionen `pivot_longer()` und `pivot_wider()` aus dem Paket `tidyverse` (Wickham and Henry, 2019), welches auch Teil des `tidyverse` ist.¹⁰

Wir verwenden `tidyr::pivot_longer()` um einen Datensatz 'länger' zu machen. Wir verwenden dazu folgenden Datensatz als Ausgangsbeispiel, der Werte für die Arbeitslosigkeit in Deutschland und Österreich in zwei Jahren enthält:

```
data_wide
```

```
#>   Land 2013 2014
#> 1 AT 5.335 5.620
#> 2 DE 5.231 4.981
```

Das erste Argument für `tidyr::pivot_longer()` heißt `data` und nimmt den Datensatz, den wir länger machen wollen. In unserem Beispiel also `data_wide`.

Das zweite Argument heißt `cols` und beschreibt die Spalten an denen Änderungen vorgenommen werden sollen. In unserem Falle sind das die Spalten `2013` und `2014`. Um hier eine Liste von Spaltennamen zu übergeben verwenden wir die Hilfsfunktion `any_of()`, die es uns erlaubt die Spaltennamen als `character` zu schreiben. Das Argument wird also als `cols=any_of(c("2013", "2014"))` spezifiziert.

Das dritte Argument, `names_to` akzeptiert einen `character`, der den Namen der neu zu schaffenden Spalte beschreibt. In unserem Fall macht es Sinn, diese Spalte `Jahr` zu nennen.

Das vierte Argument, `values_to` spezifiziert den Namen der Spalte, welche die Werte des verlängerten Datensatzes beschreibt. In unserem Falle bietet sich der Name `Arbeitslosenquote` an, da es sich bei dem Datensatz um Arbeitslosenquotenstatistiken handelt.

Insgesamt erhalten wir damit den folgenden Funktionsaufruf:

```
data_long <- tidyverse::pivot_longer(data = data_wide,
                                     cols = any_of(c("2013", "2014")),
                                     names_to = "Jahr",
                                     values_to = "Arbeitslosenquote")
```

```
#> # A tibble: 4 x 3
#>   Land   Jahr  Arbeitslosenquote
#>   <chr> <chr>      <dbl>
#> 1 AT     2013      5.34
#> 2 AT     2014      5.62
#> 3 DE     2013      5.23
#> 4 DE     2014      4.98
```

Wenn wir den umgekehrten Weg gehen wollen, also einen langen Datensatz 'breiter' machen wollen, verwenden wir die Funktion `tidyr::pivot_wider()`. Hier wird die Anzahl der Zeilen reduziert und die Anzahl der Spalten erhöht. Gehen wir einmal vom gerade produzierten Datensatz aus:

```
data_long
```

```
#> # A tibble: 4 x 3
#>   Land   Jahr  Arbeitslosenquote
#>   <chr> <chr>      <dbl>
```

⁹Das steht nicht im Widerspruch zu dem oben formulierten Ziel am Ende `tidy` Daten zu haben. Es ist nur so, dass Sie für manche statistischen Transformationen als Zwischenschritt in ein anderes Format wechseln müssen, oder der Weg hin zu `tidy` Daten das Wechseln zwischen langen und breiten Datensätzen erforderlich macht. Das wird durch die Beispiele später in diesem Kapitel praktisch deutlich werden.

¹⁰Die Funktionen `pivot_longer()` und `pivot_wider()` wurden in der neuesten Version von `tidyverse` eingeführt. Achten Sie also darauf, dass Sie die neueste Version installiert haben. Sie ersetzen die Funktionen `tidyverse::spread()` und `tidyverse::gather()`, die natürlich noch weiterhin funktionieren und die Sie in älterem Code sicher noch häufig finden werden. In diesem Blog-Post beschreibt Chefentwickler Hadley Wickham die neuen Funktionen und grenzt sie von den älteren Implementierungen ab.

```
#> 1 AT    2013      5.34
#> 2 AT    2014      5.62
#> 3 DE    2013      5.23
#> 4 DE    2014      4.98
```

Die Funktion `tidyverse::pivot_wider()` verlangt als erstes Argument wieder `data`, also den zu manipulierenden Datensatz. Im Beispiel ist das `data_long`.

Das zweite Argument, `id_cols`, legt die Spalten fest, die nicht verändert werden sollen, weil sie die Beobachtung als solche spezifizieren. In unserem Fall ist das die Spalte `Land`, aber manchmal ist das auch mehr als eine Spalte. In dem Fall ist die Verwendung der Funktion `any_of()` wie im Beispiel oben notwendig, im Falle von einer Spalte wie hier ist das optional.

Das dritte Argument, `names_from` verlangt nach den Spalten, deren Inhalte im breiten Datensatz als einzelne Spalten aufgeteilt werden sollen. In unserem Falle wäre das die Spalte `Jahr`, weil wir in unserem breiten Datensatz separate Spalten für die einzelnen Jahre haben wollen.

Das vierte Argument ist `values_from` und spezifiziert die Spalte aus der die Werte für die neuen Spalten genommen werden sollen. In unserem Falle wäre das die Spalte `Arbeitslosenquote`, da wir ja in die Spalten für die einzelnen Jahre die Arbeitslosenquoten schreiben wollen.

Insgesamt sieht der Funktionsaufruf also so aus:

```
data_wide_neu <- tidyverse::pivot_wider(data = data_long,
                                         id_cols = any_of("Land"),
                                         names_from = "Jahr",
                                         values_from = "Arbeitslosenquote")
```

`data_wide_neu`

```
#> # A tibble: 2 x 3
#>   Land   `2013` `2014`
#>   <chr>  <dbl>  <dbl>
#> 1 AT      5.34   5.62
#> 2 DE      5.23   4.98
```

Zum Schluss möchten wir uns noch ein Beispiel ansehen in dem wir beide Befehle nacheinander verwenden. Betrachten wir folgenden Datensatz, der Beobachtungen sowohl zur Arbeitslosenquote also auch zu den Exporten enthält:

```
#> # A tibble: 4 x 5
#>   Land   Variable      `2012` `2013` `2014`
#>   <chr>  <chr>        <dbl>   <dbl>   <dbl>
#> 1 AT     Exporte      54.0    53.4    53.4
#> 2 AT     Arbeitslosigkeit 4.86    5.34    5.62
#> 3 DE     Exporte      46.0    45.4    45.6
#> 4 DE     Arbeitslosigkeit 5.38    5.23    4.98
```

Eine `tidy` Version dieses Datensatzes sähe so aus:

```
#> # A tibble: 6 x 4
#>   Land   Jahr  Exporte Arbeitslosigkeit
#>   <chr> <chr> <dbl>          <dbl>
#> 1 AT    2012   54.0           4.86
#> 2 AT    2013   53.4           5.34
#> 3 AT    2014   53.4           5.62
#> 4 DE    2012   46.0           5.38
#> 5 DE    2013   45.4           5.23
#> 6 DE    2014   45.6           4.98
```

Leider ist diese Transformation nicht in einem Schritt zu machen. Als erstes müssen wir nämlich den Datensatz länger machen, indem die Jahre in ihre eigene Spalte gepackt werden, und dann muss der Datensatz breiter gemacht werden indem die Variablen `Exporte` und `Arbeitslosigkeit` ihre eigene Spalte bekommen. Wir machen uns dabei

zu Nutze, dass wir dem Argument `cols` auch die Namen der Spalten geben können, die wir *nicht* transformieren wollen. Dazu stellen wir der Liste der Namen ein – voran und R wird entsprechend alle hier nicht genannten Spalten für die Transformation verwenden:

```
data_al_exp_longer <- tidyverse::pivot_longer(data = data_al_exp,
                                              cols = -any_of(c("Land", "Variable")),
                                              names_to = "Jahr",
                                              values_to = "Wert")

head(data_al_exp_longer, 2)

#> # A tibble: 2 x 4
#>   Land  Variable Jahr   Wert
#>   <chr> <chr>    <chr> <dbl>
#> 1 AT    Exporte  2012  54.0
#> 2 AT    Exporte  2013  53.4
```

Beachten Sie wie wir diesmal das Argument `cols` spezifiziert haben: anstatt alle Jahre in die Funktion `any_of()` zu schreiben, haben wir stattdessen die Spalten spezifiziert, die *nicht* bearbeitet werden sollen und das mit einem – vor `any_of()` gekennzeichnet. Das ist vor allem dann hilfreich wenn wir sehr viele Spalten zusammenfassen wollen, was häufig vorkommt, wenn es sich bei den Spalten um Jahre handelt.

Um unser gewünschtes Endergebnis zu erhalten müssen wir diesen Datensatz nun nur noch breiter machen:

```
data_al_exp_tidy <- tidyverse::pivot_wider(data = data_al_exp_longer,
                                             id_cols = any_of(c("Land", "Jahr")),
                                             values_from = "Wert",
                                             names_from = "Variable")

data_al_exp_tidy
```

```
#> # A tibble: 6 x 4
#>   Land  Jahr  Exporte Arbeitslosigkeit
#>   <chr> <chr>    <dbl>        <dbl>
#> 1 AT    2012     54.0       4.86
#> 2 AT    2013     53.4       5.34
#> 3 AT    2014     53.4       5.62
#> 4 DE    2012     46.0       5.38
#> 5 DE    2013     45.4       5.23
#> 6 DE    2014     45.6       4.98
```

Insgesamt sähe der Code damit folgendermaßen aus:

```
data_al_exp_longer <- tidyverse::pivot_longer(data = data_al_exp,
                                              cols = -any_of(c("Land", "Variable")),
                                              names_to = "Jahr",
                                              values_to = "Wert")

data_al_exp_tidy <- tidyverse::pivot_wider(data = data_al_exp_longer,
                                             id_cols = any_of(c("Land", "Jahr")),
                                             values_from = "Wert",
                                             names_from = "Variable")
```

Da die Kombination solcher Schritte in der Praxis sehr häufig vorkommt und man die vielen Zuweisungen der Übersicht halber vermeiden möchte, bieten die Pakete des `tidyverse` eine schöne Möglichkeit, den Code zu verkürzen: die so genannte **Pipe `%>%`**.

Mit `%>%` geben Sie ein Objekt direkt an die nächste Funktion weiter. Dort wird das Ergebnis des vorherigen Aufrufs automatisch als erstes Argument verwendet. Wir könnten also auch schreiben:

```
data_al_exp_tidy <- data_al_exp %>%
  tidyverse::pivot_longer(
    cols = -any_of(c("Land", "Variable")),
```

```

names_to = "Jahr",
values_to = "Wert") %>%
tidyr::pivot_wider(
  id_cols = any_of(c("Land", "Jahr")),
  values_from = "Wert",
  names_from = "Variable")

```

Das ist gleich viel besser lesbar! In der ersten Zeile schreiben wir nur das Ausgangsobjekt `data_al_exp`, welches über `%>%` dann unmittelbar als erstes Argument an `tidyr::pivot_longer()` übergeben wird. Da es sich beim ersten Argument um `data` handelt ist das genau das was wir wollen.

Das Schreiben mit `%>%` führt in der Regel zu sehr transparentem und nachvollziehbarem Code, da Sie die einzelnen Manipulationsschritte schön von oben nach unten nachlesen können.

Tipp: Streng genommen gibt `%>%` den Output der aktuellen Zeile nicht automatisch als erstes Argument für den Funktionsaufruf der nächsten Zeile weiter. Das ist nur das Standardverfahren. Eigentlich gibt es den Output als `.` weiter. Das erlaubt Ihnen den Output auch in einem anderen als dem ersten Argument zu verwenden.

Wir könnten also auch expliziter schreiben:

```

data_al_exp_tidy <- data_al_exp %>%
  tidyr::pivot_longer(
    data = .,
    cols = -any_of(c("Land", "Variable")),
    names_to = "Jahr",
    values_to = "Wert") %>%
  tidyr::pivot_wider(
    data = .,
    id_cols = any_of(c("Land", "Jahr")),
    values_from = "Wert",
    names_from = "Variable")

```

Das ist hilfreich, wenn Sie den Output einer Zeile nicht als erstes, sondern z.B. als zweites Argument in der nächsten Funktion verwenden wollen. Dann verwenden Sie den `.` einfach explizit da wo Sie ihn brauchen. Da Sie die Argumente ja nicht in der richtigen Reihenfolge angeben müssen solange die Namen stimmen funktioniert also auch folgender Code:

```

data_al_exp_tidy <- data_al_exp %>%
  tidyr::pivot_longer(
    cols = -any_of(c("Land", "Variable")),
    names_to = "Jahr",
    values_to = "Wert",
    data = ..) %>%
  tidyr::pivot_wider(
    id_cols = any_of(c("Land", "Jahr")),
    values_from = "Wert",
    names_from = "Variable",
    data = ..)

```

Beide Funktionen, `tidyr::pivot_wider()` and `tidyr::pivot_longer()`, können noch viel komplexere Probleme lösen. Für weitere Anwendungen verweisen wir auf die offizielle [Dokumentation](#).

4.4.3 Zusammenführen von Daten

Häufig möchten Sie mehrere Datensätze zusammenführen. Nehmen wir an, Sie hätten einen Datensatz, der Informationen über das BIP in verschiedenen Ländern über die Zeit enthält, und einen zweiten Datensatz, der Informationen über die Einkommensungleichheit in ähnlichen Ländern enthält.

```
#> Jahr Land BIP
```

```
#> 1 2010 DEU 1
#> 2 2011 DEU 2
#> 3 2012 DEU 3
#> 4 2010 AUT 4
#> 5 2011 AUT 5
#> 6 2012 AUT 6
#>   year country Gini
#> 1 2010      DEU    1
#> 2 2011      DEU    2
#> 3 2012      AUT    3
#> 4 2013      AUT    4
```

Um den Zusammenhang zwischen Einkommensungleichheit und BIP zu untersuchen, möchten Sie die Datensätze zusammenführen, und dabei die Länder und Jahre richtig kombinieren.

Zum Glück hat das Paket `dplyr`, das ein Teil des `tidyverse` darstellt, für jede Situation die passende Funktion parat. Insgesamt gibt es im Paket die folgenden Funktionen, die alle dafür verwendet werden können, zwei Datensätze zusammenzuführen: `inner_join()`, `left_join()`, `right_join()`, `full_join()`, `semi_join()`, `nest_join()` und `anti_join()`.

Wir vergleichen nun das Verhalten der verschiedenen Funktionen mit Hilfe der beiden Beispiel-Datensätze zum BIP und zur Ungleichheit und fassen sie am Ende des Abschnitts nochmals in einer Tabelle (siehe Tabelle 4.3) zusammen.

Wie alle Funktionen der `*_join()`-Familie aus dem `dplyr` Paket verlangt `left_join()` zwei notwendige Argumente, `x` und `y`, welche die beiden zu verbindenden Datensätze spezifizieren. Wir nennen dabei `x` den 'linken' und `y` den 'rechten' Datensatz.

Die Funktion `dplyr::left_join()` sollten Sie verwenden, wenn Sie zu allen Zeilen in `x` (dem 'linken' Datensatz) die passenden Werte aus `y` hinzufügen wollen. Wenn eine Beobachtung nur in `y` vorkommt, wird diese im finalen Datensatz nicht berücksichtigt. Wenn eine Beobachtung nur in `x` vorkommt, wird in den Spalten aus `y` der Wert `NA` eingefügt. Man könnte sagen, der 'linke' Datensatz hat in `dplyr::left_join()` 'Priorität'.

Um zu spezifizieren gemäß welcher Spalten die Datensätze verbunden werden sollen können wir über das optionale Argument `id` die 'ID-Spalten' definieren. Diese Spalten identifizieren eine gemeinsame Beobachtung in `x` und `y`. In unserem Beispiel von oben wären das die Spalten `Jahr` (in `data_bip`) und `year` (in `data_gini`) sowie `Land` (in `data_bip`) und `country` (in `data_gini`). Um die Datensätze so zu kombinieren, dass wir die Daten den Ländern und Jahren entsprechend zusammenführen schreiben wir: `by=c("Jahr"="year", "Land"="country")`, also den Spaltennamen in `x` auf die linke Seite von `=` und das Pendant in `y` auf der rechten Seite vom `=`.

Im Falle von `dplyr::left_join()` ergibt sich also:

```
data_bip_gini_left_join <- dplyr::left_join(data_BIP, data_gini,
                                              by=c("Jahr"="year", "Land"="country"))
data_bip_gini_left_join
```

```
#>   Jahr Land BIP Gini
#> 1 2010 DEU 1 1
#> 2 2011 DEU 2 2
#> 3 2012 DEU 3 NA
#> 4 2010 AUT 4 NA
#> 5 2011 AUT 5 NA
#> 6 2012 AUT 6 3
```

Verwenden wir dagegen `data_gini` als 'linken' und `data_BIP` als 'rechten' Datensatz gibt `dplyr::left_join()` einen kürzeren gemeinsamen Datensatz aus, da es nur die Beobachtungen aus dem rechten Datensatz übernimmt, für die es ein Pendant im linken Datensatz gibt.

```
data_gini_bip_left_join <- dplyr::left_join(data_gini, data_BIP,
                                              by=c("year"="Jahr", "country"="Land"))
data_gini_bip_left_join
```

```
#>   year country Gini BIP
#> 1 2010      DEU    1    1
#> 2 2011      DEU    2    2
#> 3 2012      AUT    3    6
#> 4 2013      AUT    4    NA
```

Die Funktion `dplyr::inner_join()` unterscheidet sich von `dplyr::left_join()` darin, dass nur die Zeilen in den gemeinsamen Datensatz übernommen werden, die sowohl in `x` als auch in `y` enthalten sind:

```
data_bip_gini_inner_join <- dplyr::inner_join(data_BIP, data_gini,
                                              by=c("Jahr"="year", "Land"="country"))
data_bip_gini_inner_join
```

```
#>   Jahr Land BIP Gini
#> 1 2010  DEU    1    1
#> 2 2011  DEU    2    2
#> 3 2012  AUT    6    3
```

Das Verhalten von `dplyr::right_join()` ist analog zu `dplyr::left_join()`, nur hat hier der ‘rechte’ Datensatz, also der dem Argument `y` übergebene Datensatz Priorität:

```
data_gini_bip_right_join <- dplyr::right_join(data_gini, data_BIP,
                                               by=c("year"="Jahr", "country"="Land"))
data_gini_bip_right_join
```

```
#>   year country Gini BIP
#> 1 2010      DEU    1    1
#> 2 2011      DEU    2    2
#> 3 2012      AUT    3    6
#> 4 2012      DEU    NA   3
#> 5 2010      AUT    NA   4
#> 6 2011      AUT    NA   5
```

Wenn Sie keinem der beiden Datensätze eine Priorität einräumen möchten und alle Zeilen in jedem Fall behalten wollen, dann wählen Sie am besten die Funktion `dplyr::full_join()`:

```
data_bip_gini_full_join <- dplyr::full_join(data_BIP, data_gini,
                                             by=c("Jahr"="year", "Land"="country"))
data_bip_gini_full_join
```

```
#>   Jahr Land BIP Gini
#> 1 2010  DEU    1    1
#> 2 2011  DEU    2    2
#> 3 2012  DEU    3    NA
#> 4 2010  AUT    4    NA
#> 5 2011  AUT    5    NA
#> 6 2012  AUT    6    3
#> 7 2013  AUT    NA   4
```

Die Funktionen `dplyr::semi_join()` und `dplyr::anti_join()` funktionieren ein wenig anders als die bisher vorgestellten Funktionen, da sie Datensätze strikt genommen nicht zusammenführen. Vielmehr filtern sie die Zeilen von `x` gemäß der in `y` vorkommenden Werte.

`dplyr::semi_join()` produziert einen Datensatz, der alle Spalten und Zeilen von `x` enthält, für die es auch in `y` einen entsprechenden Wert gibt. Der resultierende Datensatz enthält aber *nur die Spalten vom linken Datensatz* (`x`). Das kann hilfreich sein, wenn der Datensatz `x` deutlich kleiner ist und Sie in `x` keinerlei fehlende Werte haben wollen:

```
data_bip_gini_semi_join <- dplyr::semi_join(data_BIP, data_gini,
                                             by=c("Jahr"="year", "Land"="country"))
data_bip_gini_semi_join
```

```
#>   Jahr Land BIP
#> 1 2010 DEU 1
#> 2 2011 DEU 2
#> 3 2012 AUT 6
```

`dplyr::anti_join()` ist quasi das 'Spiegelbild' zu `dplyr::semi_join()`: genau wie `semi_join()` produziert es einen Datensatz, der nur die Spalten von `x` enthält, und zwar diese, für die es in `y` keinen entsprechenden Wert gibt:

```
data_bip_gini_anti_join <- dplyr::anti_join(data_BIP, data_gini,
                                             by=c("Jahr"="year", "Land"="country"))
data_bip_gini_anti_join
```

```
#>   Jahr Land BIP
#> 1 2012 DEU 3
#> 2 2010 AUT 4
#> 3 2011 AUT 5
```

Zum Schluss kommen wir mit `dplyr::nest_join()` zu der komplexesten Funktion in der `*_join()`-Familie. Hier wird für jede Zeile im linken Datensatz in einer neuen Spalte ein ganzer `data.frame`¹¹ hinzugefügt, der alle Zeilen vom rechten Datensatz enthält, die zu der entsprechenden linken Zeile passen:

```
data_bip_gini_nest_join <- dplyr::nest_join(data_BIP, data_gini,
                                              by=c("Jahr"="year", "Land"="country"))
data_bip_gini_nest_join
```

```
#>   Jahr Land BIP data_gini
#> 1 2010 DEU 1 1
#> 2 2011 DEU 2 2
#> 3 2012 DEU 3
#> 4 2010 AUT 4
#> 5 2011 AUT 5
#> 6 2012 AUT 6 3
```

In der Spalte `y` finden sich nun also sechs Data Frames (einer pro Zeile):

```
data_bip_gini_nest_join[["y"]] # die neue Spalte
```

```
#> NULL
```

Jedes einzelne Element der Spalte `y` ist dabei ein eigener `data.frame`:

```
data_bip_gini_nest_join[["y"]][[1]] # erste Zeile der neuen Spalte
```

```
#> NULL
```

Das bedeutet, dass zur ersten Zeile des Datensatzes `data_BIP` aus dem Datensatz `data_gini` genau eine Spalte passt und diese Spalte den Wert 1 enthält.

In der Praxis werden Sie `nest_join()` wenig verwenden, es ist wegen seiner Flexibilität jedoch für das Programmieren extrem hilfreich.

Wie Sie vielleicht bemerkt haben, haben die Funktionen der `*_join()`-Familie sehr ähnliche Argumente: so verlangen alle `*_join()`-Funktionen als die ersten beiden Argumente `x` und `y` zwei Datensätze, die als `data.frame` oder vergleichbares Objekt vorliegen sollten, so wie `data_BIP` und `data_Gini` in unserem Beispiel.

Das dritte (optionale) Argument `by`, welches die ID-Spalten spezifiziert, ist ebenfalls bei allen Funktionen gleich. Achtung: wenn Sie `by` nicht explizit spezifizieren verwenden die Funktionen alle Spalten mit gleichen Namen als ID-Spalten. Zwar geben sie zur Info eine Warnung aus, aber Sie sollten das trotzdem immer vermeiden und möglichst explizit sein. Daher sollte `by` immer explizit gesetzt werden! Ansonsten erhalten Sie (ohne Warnung) solche ungewünschten Ergebnisse:

¹¹Eigentlich ein `tibble`.

```
debt_data_IWF <- data.frame(Land=c("DEU", "GRC"),
                             Schulden=c(10, 50))
debt_data_WELTBANK <- data.frame(Land=c("GRC", "DEU"),
                                  Schulden=c(100, 25))
debt_data <- dplyr::full_join(debt_data_IWF, debt_data_WELTBANK)
debt_data

#>   Land Schulden
#> 1  DEU      10
#> 2  GRC      50
#> 3  GRC     100
#> 4  DEU      25
```

Darüber hinaus findet sich das optionale Argument `suffix` sowohl bei `dplyr::inner_join()`, `dplyr::left_join()`, `dplyr::right_join()` als auch `dplyr::full_join()`. Hier spezifizieren Sie eine Zeichenkette, die verwendet wird um Spalten, die in beiden Datensätzen vorkommen, aber keine ID-Spalten sind, im gemeinsamen Datensatz voneinander abzugrenzen. Standardmäßig ist dieses Argument auf `.x`, `.y` eingestellt. Das bedeutet, dass wenn beide Datensätze eine Spalte `Schulden` haben, diese aber nicht als ID-Spalte verwendet wird, beide Spalten als `Schulden.x` und `Schulden.y` in den gemeinsamen Datensatz aufgenommen werden:

```
debt_data_IWF <- data.frame(Land=c("DEU", "GRC"),
                             Schulden=c(10, 50))
debt_data_WELTBANK <- data.frame(Land=c("GRC", "DEU"),
                                  Schulden=c(100, 25))
debt_data <- dplyr::full_join(debt_data_IWF, debt_data_WELTBANK,
                               by=c("Land"))
debt_data

#>   Land Schulden.x Schulden.y
#> 1  DEU      10      25
#> 2  GRC      50     100
```

Oder wir geben für den finalen Datensatz ein explizites `suffix` an, damit die Variablennamen aussagekräftig werden:

```
debt_data <- dplyr::full_join(debt_data_IWF, debt_data_WELTBANK,
                               by=c("Land"),
                               suffix=c(".IWF", ".WELTBANK"))
debt_data

#>   Land Schulden.IWF Schulden.WELTBANK
#> 1  DEU      10      25
#> 2  GRC      50     100
```

Tabelle 4.3 fasst die gerade diskutierten Funktionen noch einmal zusammen.

Table 4.3: Überblick zu den Funktionen der `*_join()`-Familie des Pakets `dplyr`. ‘DS’ steht für ‘Datensatz’, mit `x` ist der linke und mit `y` der rechte Datensatz gemeint, wie in den Argumenten von `*_join()`.

Funktion	Effekt	Veränderung Anzahl Zeilen?
<code>left_join()</code>	<code>x</code> an <code>y</code> anhängen	Unmöglich
<code>right_join()</code>	<code>y</code> an <code>x</code> anhängen	Möglich
<code>inner_join()</code>	In <code>x</code> und <code>y</code> vorhandene Beobachtungen von <code>y</code> und <code>x</code> anhängen	Reduktion möglich
<code>full_join()</code>	<code>x</code> und <code>y</code> kombinieren	Vergrößerung möglich
<code>semi_join()</code>	Reduktion von <code>x</code> auf gemeinsame Beobachtungen	Reduktion möglich

Funktion	Effekt	Veränderung Anzahl Zeilen?
<code>anti_join()</code>	Reduktion von x auf ungeteilte Beobachtungen	Reduktion möglich
<code>nest_join()</code>	Neue Spalte in x mit <code>data.frame</code> , der alle passenden Beobachtungen aus y enthält.	Unmöglich

Tipp: das Zusammenführen von Datensätzen ist extrem fehleranfällig. Häufig werden Probleme mit den Rohdaten hier offensichtlich. Daher ist es immer eine gute Idee, den zusammengeführten Datensatz genau zu inspizieren. Zumindest sollte man überprüfen ob die Anzahl an Zeilen so wie erwartet ist und ob durch das Zusammenführen Duplikate entstanden sind. Letzteres kann gerade in der Arbeit mit makroökonomischen Daten häufig vorkommen, wenn in einem Datensatz z.B. zwischen Ost-Deutschland und West-Deutschland unterschieden wird und man vorher die Namen aber in Länderkürzel überführt hat. In diesem Fall treten um 1990 herum häufig Duplikate auf. Damit kann man umgehen, man muss es aber erst einmal merken. Ich benutze z.B. immer die folgende selbst geschriebene Funktion um zu überprüfen ob es in einem neu generierten Datensatz Duplikate gibt:

```
#' Test uniqueness of data table
#'
#' Tests whether a data.table has unique rows.
#'
#' @param data_table A data frame or data table of which uniqueness should
#' be tested.
#' @param index_vars Vector of strings, which specify the columns of
#' data_table according to which uniqueness should be tested
#' (e.g. country and year).
#' @return TRUE if data_table is unique, FALSE and a warning if it is not.
#' @import data.table
test_uniqueness <- function(data_table, index_vars, print_pos=TRUE){
  data_table <- data.table::as.data.table(data_table)
  if (nrow(data_table) != data.table::uniqueN(data_table, by = index_vars)){
    warning(paste0("Rows in the data.table: ", nrow(data_table),
                  ", rows in the unique data.table:",
                  data.table::uniqueN(data_table, by = index_vars)))
    return(FALSE)
  } else {
    if (print_pos){
      print(paste0("No duplicates in ", as.list(sys.call()[[2]])))
    }
    return(TRUE)
  }
}
```

Hier ein kleines Anwendungsbeispiel:

```
data_bip_gini_full_join <- dplyr::full_join(data_BIP, data_gini,
                                              by=c("Jahr"="year", "Land"="country"))
test_uniqueness(data_bip_gini_full_join,
                index_vars = c("Jahr", "Land"))

#> [1] "No duplicates in data_bip_gini_full_join"
#> [1] TRUE
```

Die folgende Situation tritt häufiger auf: in den Daten werden für die Wendezeit getrennte Daten für West-Deutschland und das vereinigte Deutschland angegeben, aber die `countrycode` Funktion differenziert nicht zwischen den Namen wenn Sie sie in Ländercodes übersetzen. In der Folge entstehen Duplikate, die beim Zusammenführen der Daten dann offensichtlich werden (können):

```
bip_data

#>   Land Jahr BIP
#> 1 DEU 1989 1
#> 2 DEU 1990 2
#> 3 DEU 1991 3

gini_data

#>           Land Jahr Gini
#> 1 West Germany 1989 1
#> 2 Germany 1989 2
#> 3 West Germany 1990 3
#> 4 Germany 1990 4
#> 5 Germany 1991 5

gini_data <- dplyr::mutate(gini_data, Land=countrycode(Land, "country.name", "iso3c"))
full_data <- dplyr::full_join(bip_data, gini_data,
                             by=c("Land", "Jahr"))
full_data

#>   Land Jahr BIP Gini
#> 1 DEU 1989 1 1
#> 2 DEU 1989 1 2
#> 3 DEU 1990 2 3
#> 4 DEU 1990 2 4
#> 5 DEU 1991 3 5

test_uniqueness(full_data,
                 index_vars = c("Land", "Jahr"))

#> [1] FALSE
```

Alternative in data.table: Eine Anleitung für das Zusammenführen von Datensätzen im `data.table`-Format findet sich [hier](#).

4.4.4 Datensätze filtern und selektieren

Sehr häufig haben Sie einen Rohdatensatz erhoben und benötigen für die weitere Analyse nur einen Teil dieses Datensatzes. Zwei Szenarien sind denkbar. Zum einen möchten Sie bestimmte Spalten nicht verwenden. Wir sprechen dann davon den Datensatz zu *selektieren*. Zum anderen möchten Sie bestimmte Zeilen nicht verwenden. Sie wollen nur Beobachtungen verwenden, die eine bestimmte Bedingung erfüllen, z.B. im Zeitraum 2012-2014 erhoben zu sein. In diesem Fall sprechen wir von *filtern*.

Wir lernen hier wie wir diese beiden Aufgaben mit den Funktionen `filter()` und `select()` aus dem Paket `dplyr`, welches auch Teil des `tidyverse` ist, lösen können.

Betrachten wir folgenden Beispieldatensatz:

```
data_al_exp_tidy
```

```
#> # A tibble: 6 x 4
#>   Land   Jahr  Exporte Arbeitslosigkeit
#>   <chr> <chr>    <dbl>          <dbl>
#> 1 AT     2012    54.0          4.86
#> 2 AT     2013    53.4          5.34
#> 3 AT     2014    53.4          5.62
#> 4 DE     2012    46.0          5.38
#> 5 DE     2013    45.4          5.23
#> 6 DE     2014    45.6          4.98
```

Um einzelne Spalten zu selektieren verwenden wir die Funktion `dplyr::select()`. Diese verlangt als erstes Argument den zu manipulierenden Datensatz und danach die Namen oder Indices der Spalten, die behalten oder eliminiert werden sollen. Spalten die behalten werden sollen werden einfach benannt, bei Spalten, die eliminiert werden sollen schreiben Sie ein - vor den Namen:

```
head(
  dplyr::select(data_al_exp_tidy, Land, Exporte),
  2)
```

```
#> # A tibble: 2 x 2
#>   Land   Exporte
#>   <chr>   <dbl>
#> 1 AT      54.0
#> 2 AT      53.4
```

```
head(
  dplyr::select(data_al_exp_tidy, -Exporte),
  2)
```

```
#> # A tibble: 2 x 3
#>   Land Jahr Arbeitslosigkeit
#>   <chr> <chr>          <dbl>
#> 1 AT    2012         4.86
#> 2 AT    2013         5.34
```

Häufig ist es besser die Namen der Spalten als `character` zu übergeben. Das ist nicht nur besser lesbar, es wird später auch einfacher komplexere Vorgänge zu programmieren indem Sie Funktionen schreiben, die den Namen von Spalten als Argumente akzeptieren. In diesem Fall können Sie wieder die Hilfsfunktion `any_of()` verwenden:

```
head(
  dplyr::select(data_al_exp_tidy, any_of(c("Land", "Jahr"))),
  2)
```

```
#> # A tibble: 2 x 2
#>   Land Jahr
#>   <chr> <chr>
#> 1 AT    2012
#> 2 AT    2013
```

```
head(
  dplyr::select(data_al_exp_tidy, -any_of(c("Land", "Jahr"))),
  2)
```

```
#> # A tibble: 2 x 2
#>   Exporte Arbeitslosigkeit
#>   <dbl>          <dbl>
#> 1 54.0           4.86
#> 2 53.4           5.34
```

Tipp: Spalten auswählen: Die Funktion `any_of()` erlaubt es Spalten mit sehr nützlichen Hilfsfunktionen auszuwählen. Manchmal möchten Sie z.B. alle Spalten auswählen, die mit `year_` anfangen, oder auf eine Zahl enden. Schauen Sie sich für solche Fälle einmal die `select_helpers` an, die auch weiter unten am Ende des Kapitels im Abschnitt 4.5 noch einmal aufgegriffen werden.

Wie im Abschnitt zu [langen und weiten Daten](#) bereits beschrieben bietet sich in solchen Fällen die Pipe `%>%` an um Ihren Code zu vereinfachen und besser lesbar zu machen. Es hat sich eingebürgert in die erste Zeile immer den Ausgangsdatensatz zu schreiben und select dann in der nächsten Zeile mit implizitem ersten Argument zu verwenden:

```
data_al_exp_selected <- data_al_exp_tidy %>%
  dplyr::select(any_of(c("Land", "Jahr", "Exporte")))
head(data_al_exp_selected, 2)
```

```
#> # A tibble: 2 x 3
#>   Land Jahr Exporte
#>   <chr> <chr>   <dbl>
#> 1 AT    2012     54.0
#> 2 AT    2013     53.4
```

Als nächstes wollen wir den Datensatz nach bestimmten Bedingungen filtern. Dabei ist es wichtig, die [logischen Operatoren](#) zu kennen, denn diese werden verwendet um Datensätze zu filtern.

Die Funktion `dplyr::filter()` akzeptiert als erstes Argument den Datensatz. Wie oben folgen wir der Konvention das Argument in der Regel implizit über `%>%` zu übergeben. Danach können wir beliebig viele logische Abfragen, jeweils durch Komma getrennt, an die Funktion übergeben. Wenn wir z.B. nur Beobachtungen für Österreich nach 2012 im Datensatz belassen wollen geht das mit:

```
data_al_exp_filtered <- data_al_exp_tidy %>%
  dplyr::filter(Land == "AT",
                Jahr > 2012)
data_al_exp_filtered
```

```
#> # A tibble: 2 x 4
#>   Land Jahr Exporte Arbeitslosigkeit
#>   <chr> <chr>   <dbl>          <dbl>
#> 1 AT    2013     53.4           5.34
#> 2 AT    2014     53.4           5.62
```

Anstatt dem `&`, welches implizit für `&` steht, können wir auch beliebig komplizierte logische Abfragen einbauen. Wenn wir z.B. nur Beobachtungen wollen, die für Österreich im Jahr 2012 oder 2014 und für Deutschland 2013 erhoben wurden und in Deutschland zudem mit einer Arbeitslosigkeit über 5.3 % einhergehen, geht das mit:

```
data_al_exp_filtered <- data_al_exp_tidy %>%
  dplyr::filter(
    (Land == "AT" & Jahr %in% c(2012, 2014)) | (Land=="DE" & Arbeitslosigkeit>5.3)
  )
data_al_exp_filtered
```

```
#> # A tibble: 3 x 4
#>   Land Jahr Exporte Arbeitslosigkeit
#>   <chr> <chr>   <dbl>          <dbl>
#> 1 AT    2012     54.0           4.86
#> 2 AT    2014     53.4           5.62
#> 3 DE    2012     46.0           5.38
```

Zuletzt wollen wir noch sehen wie wir einzelne **Spalten umbenennen** können. Das geht ganz einfach mit der Funktion `dplyr::rename()`, welche als erstes Argument den Datensatz, und dann die Umbenennungsvorgänge in der Form `Name_neu = Name_alt` verlangt.

Als Beispiel:

```
data_al_exp_tidy %>%
  dplyr::rename(country=Land,
               year_observation=Jahr,
               exports=Exporte,
               unemployment=Arbeitslosigkeit)
```

```
#> # A tibble: 6 x 4
#>   country year_observation exports unemployment
#>   <chr>     <chr>        <dbl>          <dbl>
#> 1 AT       2012         54.0           4.86
#> 2 AT       2013         53.4           5.34
#> 3 AT       2014         53.4           5.62
#> 4 DE       2012         46.0           5.38
```

```
#> 5 DE      2013      45.4      5.23
#> 6 DE      2014      45.6      4.98
```

Als abschließendes Beispiel kombinieren wir die neuen Funktionen und betrachten den Code, mit dem wir

1. aus dem Beispieldatensatz die Spalte zur Arbeitslosigkeit herausselektieren
2. nur die Beobachtungen für Deutschland nach 2012 betrachten und
3. die Spaltennamen dabei noch ins Englische übersetzen:

```
data_al_exp_tidy %>%
  dplyr::select(
    -any_of("Arbeitslosigkeit"))
  ) %>%
  dplyr::filter(
    Jahr>2012,
    Land=="DE"
  ) %>%
  dplyr::rename(
    country=Land,
    year_observation=Jahr,
    exports=Exporte)
```

```
#> # A tibble: 2 x 3
#>   country year_observation exports
#>   <chr>     <chr>        <dbl>
#> 1 DE        2013         45.4
#> 2 DE        2014         45.6
```

Alternative Implementierung mit `data.table`: wie diese Operationen mit dem high-performance Paket `data.table` durchgeführt werden können, wird [hier](#) sehr gut erläutert.

4.4.5 Datensätze zusammenfassen

In diesem letzten Abschnitt werden Sie lernen wie Sie Datensätze erweitern oder zusammenfassen. So können Sie eine neue Variable als eine Kombination bestehender Variablen berechnen oder Ihren Datensatz zusammenfassen, z.B. indem Sie über alle Beobachtungen über die Zeit für einzelne Länder den Mittelwert bilden. Zu diesem Zweck werden wir hier die Funktionen `mutate()`, `summarise()` und `group_by()` aus dem Paket `dplyr` ([Wickham et al., 2019](#)) verwenden.

Wir verwenden `dplyr::mutate()` um bestehende Spalten zu verändern oder neue Spalten zu erstellen. Betrachten wir dafür folgenden Beispieldatensatz:

```
head(unemp_data_wb)
```

```
#>   country year laborforce_female workforce_total population_total
#> 1: AT      2010 46.13933 4276558 8363404
#> 2: AT      2011 46.33455 4305310 8391643
#> 3: AT      2012 46.50653 4352701 8429991
#> 4: AT      2013 46.57752 4394285 8479823
#> 5: AT      2014 46.70688 4412800 8546356
#> 6: AT      2015 46.67447 4460833 8642699
```

Angenommen wir möchten das Land mit den iso3c-Codes anstatt der iso2c-Codes angeben, dann könnten wir mit der Funktion `dplyr::mutate()` die Spalte `country` ganz einfach verändern:

```
unemp_data_wb2 <- unemp_data_wb %>%
  dplyr::mutate(
    country = countrycode::countrycode(country, "iso2c", "iso3c")
  )
head(unemp_data_wb, 2)
```

```
#>   country year laborforce_female workforce_total population_total
#> 1:      AT 2010      46.13933      4276558      8363404
#> 2:      AT 2011      46.33455      4305310      8391643
```

Links neben dem `=` steht der Name der neuen Spalte (wenn der Name bereits existiert wird die existierende Spalte verändert). Rechts neben dem `=` wird die Berechnung der neuen Werte spezifiziert. Wie das Beispiel zeigt, kann hier durchaus der ursprüngliche Wert der Spalte verwendet werden.

Wir können mit `dplyr::mutate()` aber auch einfach neue Spalten erstellen, wenn der Name links vom `=` noch nicht als Spalte im Datensatz existiert.

Wenn Sie nun z.B. wissen möchten, wie viele Frauen absolut in Deutschland und Österreich zur Erwerbsbevölkerung gehören, müssen wir den prozentualen Anteil mit der Anzahl an Erwerbstätigen multiplizieren. Das bedeutet, wir müssen die Spalten `laborforce_female` und `workforce_total` multiplizieren und durch 100 Teilen, da `laborforce_female` in Prozent angegeben ist. Das machen wir mit der Funktion `dplyr::mutate()`, wobei wir eine neue Spalte mit dem Namen `workers_female_total` erstellen wollen:

```
unemp_data_wb <- unemp_data_wb %>%
  dplyr::mutate(
    workers_female_total = laborforce_female*workforce_total/100
  )
head(unemp_data_wb, 2)
```

```
#>   country year laborforce_female workforce_total population_total
#> 1:      AT 2010      46.13933      4276558      8363404
#> 2:      AT 2011      46.33455      4305310      8391643
#>   workers_female_total
#> 1:          1973175
#> 2:          1994846
```

Vielleicht sind wir für unseren Anwendungsfall gar nicht so sehr an der Veränderung über die Zeit interessiert, sondern wollen die durchschnittliche Anzahl an Frauen in der Erwerbsbevölkerung berechnen. Das würde bedeuten, dass wir die Anzahl der Spalten in unserem Datensatz reduzieren - etwas das bei der Anwendung von `dplyr::mutate()` nie passieren würde. Dafür gibt es die Funktion `dplyr::summarise()`:¹²

```
unemp_data_wb_summarized <- unemp_data_wb %>%
  dplyr::summarise(
    fem_workers_avg = mean(workers_female_total)
  )
unemp_data_wb_summarized

#>   fem_workers_avg
#> 1          10761223
```

Wie Sie sehen, funktioniert die Syntax quasi äquivalent zu `dplyr::mutate()`, allerdings kondensiert `dplyr::summarise()` den gesamten Datensatz auf die definierte Zahl.

Im gerade berechneten Durchschnitt sind sowohl die Werte für Deutschland als auch Österreich eingegangen. Das erscheint erst einmal irreführend, es wäre wohl besser einen Durchschnittswert jeweils für Deutschland und Österreich getrennt zu berechnen. Das können wir erreichen, indem wir den Datensatz vor der Anwendung von `dplyr::summarise()` **gruppieren**. Das funktioniert mit der Funktion `dplyr::group_by()`, die als Argumente die Spalten, nach denen wir gruppieren wollen, akzeptiert. Sie sollten sich in jedem Fall angewöhnen, nach dem Gruppieren den Datensatz mit `dplyr::ungroup()` wieder in den ursprünglichen Zustand zurückzuführen:

```
unemp_data_wb %>%
  dplyr::group_by(country) %>%
  dplyr::summarise(
    fem_workers_avg = mean(workers_female_total)
  ) %>%
  dplyr::ungroup()
```

¹²Die Funktionen `dplyr::summarize()` und `dplyr::summarise()` sind Synonyme.

```
#> # A tibble: 2 x 2
#>   country fem_workers_avg
#>   <chr>          <dbl>
#> 1 AT            2042685.
#> 2 DE            19479761.
```

Natürlich können Sie `dplyr::group_by()` auch im Zusammenhang mit `dplyr::mutate()` oder anderen Funktionen verwenden. Wie Sie sehen ist der Effekt aber durchaus unterschiedlich:

```
unemp_data_wb %>%
  dplyr::group_by(country) %>%
  dplyr::mutate(
    fem_workers_avg = mean(workers_female_total)
  ) %>%
  dplyr::ungroup()

#> # A tibble: 14 x 7
#>   country year laborforce_fema~ workforce_total population_total
#>   <chr>     <dbl>          <dbl>          <dbl>          <dbl>
#> 1 AT        2010         46.1        4276558       8363404
#> 2 AT        2011         46.3        4305310       8391643
#> 3 AT        2012         46.5        4352701       8429991
#> 4 AT        2013         46.6        4394285       8479823
#> 5 AT        2014         46.7        4412800       8546356
#> 6 AT        2015         46.7        4460833       8642699
#> 7 AT        2016         46.7        4531193       8736668
#> 8 DE        2010         45.6        42014274      81776930
#> 9 DE        2011         45.9        41674901      80274983
#> 10 DE       2012         45.9        41767969      80425823
#> 11 DE       2013         46.1        42161170      80645605
#> 12 DE       2014         46.2        42415215      80982500
#> 13 DE       2015         46.3        42731868      81686611
#> 14 DE       2016         46.4        43182140      82348669
#> # ... with 2 more variables: workers_female_total <dbl>, fem_workers_avg <dbl>
```

Der Datensatz wird nicht verkleinert und keine Spalte geht verloren. Dafür wiederholen sich die Werte in der neu geschaffenen Spalte. Je nach Anwendungsfall ist also die Verwendung von `dplyr::mutate()` oder `dplyr::summarise()` im Zusammenspiel mit `dplyr::group_by()` angemessen.

Im Folgenden werden wir uns noch ein etwas komplexeres Beispiel anschauen: wir werden zunächst die jährliche Veränderung in der absoluten Anzahl der weiblichen Erwerbstätigen in Österreich und Deutschland ermitteln und dann vergleichen ob dieser Wert größer ist als das Bevölkerungswachstum in dieser Zeit. Dazu verwenden wir die Funktion `dplyr::lag()` um den Wert vor dem aktuellen Wert zu bekommen.¹³ Zuletzt wollen wir nur noch die berechneten Spalten im Datensatz behalten.

```
unemp_data_wb_growth <- unemp_data_wb %>%
  dplyr::group_by(country) %>%
  dplyr::mutate(
    pop_growth=(
      population_total-lag(population_total))/lag(population_total),
    fem_force_growth=(
      workers_female_total-lag(workers_female_total))/lag(workers_female_total)
  ) %>%
  dplyr::ungroup() %>%
  dplyr::mutate(fem_force_growth_bigger=fem_force_growth>pop_growth) %>%
  dplyr::select(any_of(c("country", "year", "pop_growth",
```

¹³Es gibt neben den Funktionen `dplyr::lag()` und `dplyr::lead()` auch die Funktionen `dplyr::first()` und `dplyr::last()`, die Sie verwenden können um Änderungen über den gesamten Zeitraum zu berechnen. Achten Sie jedoch auf den möglichen Konflikt zwischen den Funktionen `data.table::first()` und `dplyr::first()` sowie `data.table::last()` und `dplyr::last()`!

```

    "fem_force_growth", "fem_force_growth_bigger")))
unemp_data_wb_growth

#> # A tibble: 14 x 5
#>   country year pop_growth fem_force_growth fem_force_growth_bigger
#>   <chr>    <dbl>      <dbl>            <dbl>      <lgl>
#> 1 AT        2010     NA             NA       NA
#> 2 AT        2011     0.00338        0.0110  TRUE
#> 3 AT        2012     0.00457        0.0148  TRUE
#> 4 AT        2013     0.00591        0.0111  TRUE
#> 5 AT        2014     0.00785        0.00700 FALSE
#> 6 AT        2015     0.0113         0.0102  FALSE
#> 7 AT        2016     0.0109         0.0166  TRUE
#> 8 DE        2010     NA             NA       NA
#> 9 DE        2011    -0.0184        -0.00206 TRUE
#> 10 DE       2012     0.00188        0.00311 TRUE
#> 11 DE       2013     0.00273        0.0145  TRUE
#> 12 DE       2014     0.00418        0.00813 TRUE
#> 13 DE       2015     0.00869        0.00993 TRUE
#> 14 DE       2016     0.00810        0.0126  TRUE

```

4.5 Gleichzeitige Bearbeitung mehrerer Spalten

Häufig müssen wir mehrere Spalten mit den gleichen Funktionen bearbeiten. In diesem Kontext sind die so genannten `select_helpers` in Kombination mit der Funktion `dplyr::across()`, die mit Version 1.0 in das Paket `dplyr` eingeführt wurde, sehr hilfreich. Hier möchte ich diese Funktionen anhand eines kurzen Beispiels einführen, verweise aber für eine detailliertere Beschreibung auf die entsprechenden offiziellen Vignetten (siehe [hier](#) und [hier.](#))

Betrachten wie also folgendes Beispiel:

```

#>   iso3c year      group AIS_mean   AIS_MIP AIS_SGP   AIS_INT   SGP_new
#> 1:  FRA 2012 Periphery  0.50 0.5833333  0.5 0.2500000 0.1738386
#> 2:  SVN 2012 Catchup   0.50 0.5000000  0.5 0.5000000 0.1627661
#> 3:  FIN 2012 Core     0.55 0.5000000  0.5 0.5833333 0.4861746
#> 
#>   SGP_avg
#> 1: 0.7324741
#> 2: 0.4489916
#> 3: 0.1890547

```

Dieser Datensatz enthält Informationen wie Länder (`iso3c`) bestimmte Vorgaben der EU implementieren. Die Spalte `group` gibt die Gruppe an, zu der das Land gehört, die weiteren Spalten enthalten Informationen über die allgemeine Implementierung von Vorgaben ('AIS' steht für 'Average Implementation Score') aus bestimmten Bereichen. Der Inhalt ist jedoch nicht zentral, vielmehr wollen wir anhand des Datensatzes bestimmte Aufbereitungsstrategien illustrieren.

Die `select_helpers` erlauben es uns bestimmte Spalten auszuwählen. Wir haben einen dieser Helper bereits kennen gelernt - `dplyr::any_of()`. Insgesamt gibt es 9 diesen Hilfsfunktionen, die in Tabelle 4.4 zusammengefasst sind.

Table 4.4: Ein Überblick den `select_helpers()` in R. Alle gehören zum Paket `dplyr`.

Funktion	Funktion
<code>everything()</code>	Alle Spalten
<code>last_col()</code>	Wählt die letzte Spalte
<code>starts_with()</code>	Alle Spalten, die mit einem bestimmten Prefix starten
<code>ends_with()</code>	Alle Spalten, die mit einem bestimmten Suffix enden
<code>contains()</code>	Alle Spalten, die einen bestimmten String enthalten

Funktion	Funktion
<code>matches()</code>	Sucht mit Hilfe regulärer Ausdrücke ('regular expressions')
<code>num_range()</code>	Spalten, die einem numerischen Muster folgen
<code>all_of()</code>	Spalten, die in einem Vektor genannt sind
<code>any_of()</code>	Wie <code>all_of()</code> , aber ohne Fehler wenn nicht alle Spalten vorkommen

Das Prinzip ist immer gleich, hier wollen wir Ihre Funktion anhand von `dplyr::starts_with()` illustrieren. Nehmen wir an, wir wollen alle Spalten auswählen, die mit AIS beginnen. In diesem Fall verwenden wir die Funktion `dplyr::starts_with()` in Kombination mit `dplyr::select()`:

```
ais_subset1 <- eu_ais_data %>%
  dplyr::select(dplyr::starts_with("AIS"))
head(ais_subset1, 3)
```

```
#>   AIS_mean   AIS_MIP AIS_SGP   AIS_INT
#> 1: 0.50 0.5833333 0.5 0.2500000
#> 2: 0.50 0.5000000 0.5 0.5000000
#> 3: 0.55 0.5000000 0.5 0.5833333
```

Eventuell wollen wir auch die Informationen über das Beobachtungsjahr und das Land behalten. Dann können wir die `select_helpers` auch kombinieren:

```
ais_subset1 <- eu_ais_data %>%
  dplyr::select(
    dplyr::any_of(c("iso3c", "year")),
    dplyr::starts_with("AIS")
  )
head(ais_subset1, 3)

#>   iso3c year AIS_mean   AIS_MIP AIS_SGP   AIS_INT
#> 1: FRA 2012 0.50 0.5833333 0.5 0.2500000
#> 2: SVN 2012 0.50 0.5000000 0.5 0.5000000
#> 3: FIN 2012 0.55 0.5000000 0.5 0.5833333
```

Mit den `select_helpers` aus Tabelle 4.4 können Sie eigentlich jede beliebige Menge an Spalten auswählen. Das wird besonders hilfreich wenn wir die Auswahl von Spalten über die Funktion `dplyr::across()` mit anderen Funktionen aus dem `tidyverse` kombinieren. Nehmen wir z.B. an wir wollen den Mittelwert von allen Spalten bilden, die mit 'AIS' anfangen und dabei die Daten pro Jahr gruppieren:

```
eu_ais_data %>%
  dplyr::group_by(year) %>%
  dplyr::summarise(
    dplyr::across(
      dplyr::starts_with("AIS"), ~mean(., na.rm = TRUE)),
    .groups="drop")
```

```
#> # A tibble: 5 x 5
#>   year AIS_mean   AIS_MIP AIS_SGP   AIS_INT
#>   <int>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
#> 1 2012     0.555   0.493   0.667   0.535
#> 2 2013     0.424   0.292   0.667   0.473
#> 3 2014     0.411   0.383   0.375   0.451
#> 4 2015     0.455   0.5      0.5      0.5
#> 5 2016     0.339   0.375   0.25    0.25
```

Das erste Argument zu `dplyr::across()` ist der Selektor. Die Funktion kann auf verschiedene Arten übergeben werden, hier habe ich mich für die Notation mit `~` entschieden, die es einfach macht, noch zusätzliche Argumente für die Funktion zu spezifizieren. Das finale Argument `.groups` gehört zur Funktion `dplyr::summarise()` und macht das Auflösen der Gruppierung explizit, ist aber nicht absolut notwendig.

Wir können auch mehrere Funktionen auf einmal verwenden und die Namen der neuen Spalten manuell festlegen. Das ist hilfreich wenn wir z.B. nicht nur die Mittelwerte, sonder auch die Standardabweichung berechnen wollen. Dazu bietet sich folgende Schreibweise an:

```
eu_ais_data %>%
  dplyr::group_by(group) %>%
  summarise(
    across(contains("SGP"),
      list(mean = mean, sd = sd),
      .names = "{.col}-{.fn}"),
    .groups="drop"
  )

#> # A tibble: 4 x 7
#>   group `AIS_SGP-mean` `AIS_SGP-sd` `SGP_new-mean` `SGP_new-sd` `SGP_avg-mean` 
#>   <chr>     <dbl>       <dbl>        <dbl>       <dbl>       <dbl>      
#> 1 Catc~     0.438       0.315       0.309       0.360       0.451      
#> 2 Core       0.625       0.212       0.521       0.252       0.574      
#> 3 Fina~     0.458       0.246       0.576       0.253       0.450      
#> 4 Peri~     0.5         NA          0.174       NA          0.732      
#> # ... with 1 more variable: `SGP_avg-sd` <dbl>
```

Hier haben wir mit dem Argument `.names` auch die Namen der neuen Spalten festgelegt. Wie das Beispiel zeigt ist die Funktion hier extrem flexibel und erlaubt die Verwendung der so genannten `glue`-Schreibweise - Details finden Sie bei Bedarf [hier](#).

Hilfreich ist häufig auch die Kombination mit der Funktion `dplyr::where()`, die es uns erlaubt eine Funktion auf alle Spalten anzuwenden, für die ein Test den Wert TRUE ausgibt. Das ist z.B. hilfreich, wenn wir eine Funktion auf alle Spalten anwenden wollen, die Input eines bestimmten Typs (z.B. `character`) enthalten. Der folgende Code zählt die Anzahl der eindeutigen Werte für alle Spalten vom Typ `character`:

```
eu_ais_data %>%
  summarise(across(where(is.character), ~length(unique(.))))
```

	iso3c	group
#>	1	10
#>	1	4

Und der folgende Code berechnet den Mittelwert für alle Spalten vom Typ `double`:

```
eu_ais_data %>%
  summarise(across(where(is.double), ~mean(., na.rm=T)))
```

	AIS_mean	AIS_MIP	AIS_SGP	AIS_INT	SGP_new	SGP_avg
#>	1	0.4511416	0.3933485	0.5357143	0.4752976	0.4797278
#>						0.5226087

Falls Sie übrigens die Mittelwerte über Spalten hinweg berechnen wollen, also eine Operation zeilenweise durchführen wollen, dann können Sie die die Variante `dplyr::c_across()` mit der Funktion `dplyr::rowwise()` kombinieren:

```
eu_ais_data %>%
  rowwise() %>%
  dplyr::mutate(
    ais_mean = mean(c_across(dplyr::starts_with("AIS")))
  ) %>%
  head(3)

#> # A tibble: 3 x 10
#> # Rowwise:
#>   iso3c year group    AIS_mean AIS_MIP AIS_SGP AIS_INT SGP_new SGP_avg ais_mean
#>   <chr>  <int> <chr>      <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>
#> 1 FRA    2012 Periphe~     0.5     0.583     0.5     0.25     0.174     0.732     0.458
#> 2 SVN    2012 Catchup     0.5     0.5       0.5     0.5      0.163     0.449     0.5
#> 3 FIN    2012 Core        0.55    0.5       0.5     0.583     0.486     0.189     0.533
```

Grundsätzlich sind Berechnungen über Spalten hinweg immer umständlicher und häufig sollte man sich überlegen nicht einen Umweg über `tidy::pivot_longer()` und `tidy::pivot_wider()` zu gehen und die Operationen spaltenweise auszuführen.

4.6 Abschließende Bemerkungen zum Umgang mit Daten innerhalb eines Forschungsprojekts

Das zentrale Leitmotiv dieses Kapitels war die Idee, dass **die Datenaufbereitung vom ersten Schritt an reproduzierbar und transparent** sein sollte. Wenn Sie gefragt werden, wie Ihre Ergebnisse zustande gekommen sind, sollten Sie in der Lage sein, jeden einzelnen Arbeitsschritt seit der ersten Akquise der Daten offenzulegen, bzw. nachvollziehbar zu machen.

Es ist ein zentraler Nachteil von *point-and-click*-Software (wie z.B. SPSS), dass Sie für eine Reproduktion jeden einzelnen Mausklick vor dem Rechner wiederholen, bzw. erklären müssten. Zum Glück ist das mit Skript-basierten Sprachen wie R anders: Sie können einfach ein Skript `Datenaufbereitung.R` anlegen, in welchem Sie die aus dem Internet heruntergeladenen Daten in den für die Analyse aufbereiteten Datensatz umwandeln. Wenn jemand wissen möchte, wo die Daten herkommen, die Sie in Ihrer Analyse verwenden, brauchen Sie der Person nur die Quelle der Daten zu nennen und ihr Skript zu zeigen. So ist es für Sie auch leicht Ihre Analyse mit neuen Daten zu aktualisieren.

Daher hat sich in der Praxis häufig die in Abbildung 4.5 aufgezeigte oder eine ähnliche Ordnerstruktur bewährt:

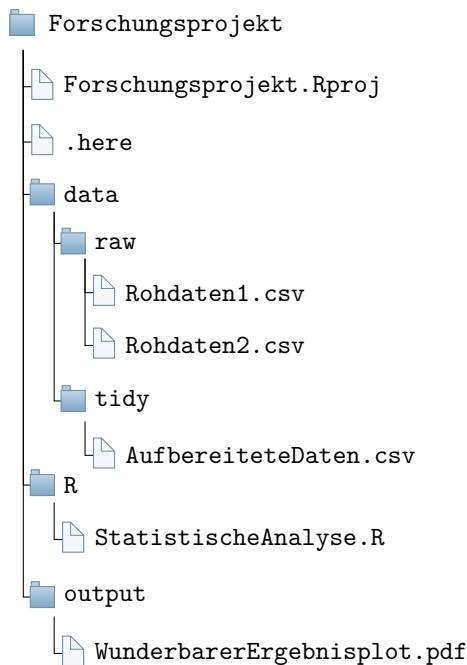


Figure 4.5: Bewährte Ordnerstruktur für Forschungsprojekte mit R.

Der Vorteil an dieser Ordnerstruktur ist, dass Sie die Rohdaten in einem separaten Ordner gespeichert haben und so explizit vom Rest Ihres Workflows abgrenzen. Denn: **Rohdaten sollten nie bearbeitet werden**. Zu leicht gerät in Vergessenheit welche Änderungen tatsächlich vorgenommen wurden und Ihre Forschung wird dadurch nicht mehr replizierbar - weder für Sie noch für andere. Alle weiteren Änderungen an den Rohdaten sollten über ein Skript vorgenommen werden, sodass immer klar ist wie Sie von den Rohdaten zu den Analysedaten kommen.

Diese bearbeiteten Daten können in einem zweiten Unterordner (hier: `tidy`) gespeichert werden, damit Sie für Ihre Analyse nicht immer die Daten neu aufbereiten müssen. Gerade bei großen Datensätzen kann das nämlich sehr lange dauern. Wichtig ist aber, dass die Daten in `tidy` immer mit Hilfe eines Skripts aus den Daten in `raw`

wiederhergestellt werden können.

In der Praxis würden Sie also aus den Daten in `raw`, die entweder direkt aus dem Internet geladen wurden oder direkt aus einem Experiment hervorgegangen sind, per Skript `Datenaufbereitung.R` den Datensatz `AufbereiteteDaten.csv` erstellen. Dabei können auch mehrere Rohdatensätze zusammengeführt werden. Dieser Datensatz kann dann in der weiteren Analyse verwendet werden, z.B. im Skript `StatistischeAnalyse.R`, das dann einen Output in Form einer Datei `WunderbarerErgebnisplot.pdf` produziert.

Der Vorteil: wenn jemand genau wissen möchte, wie `WunderbarerErgebnisplot.pdf` produziert wurde können Sie sämtliche Schritte ausgehend von den vollkommen unangetasteten Rohdaten transparent machen. Durch die Trennung unterschiedlicher Arbeitsschritte - wie Datenaufbereitung und statistische Analyse - bleibt Ihr Projekt zudem übersichtlich.

4.7 Anmerkungen zu Paketen

In diesem Kapitel wurden gleich mehrere Pakete aus dem `tidyverse`, einer Sammlung von Paketen, verwendet. Zwar schätze ich das `tidyverse` sehr, gleichzeitig ist der Fokus von R Studio auf diese Pakete zumindest potenziell problematisch. Dies wird in diesem [kritischen Blogpost](#) sehr schön beschrieben.

Was die Einsteigerfreundlichkeit vom `tidyverse` angeht, bin ich jedoch anderer Meinung als der Verfasser des Blogposts: meiner Meinung nach machen diese Pakete die Arbeit mit Datensätzen sehr einfach, und für kleine Datensätze (<500MB) benutze ich das `tidyverse` auch in meiner eigenen Forschung. Es sollte jedoch klar sein, dass es nur eine Option unter mehreren ist, weswegen ich versuche in meinen Paketen vollständig auf das `tidyverse` zu verzichten - auch weil es in puncto Performance deutlich schlechter ist als z.B. `data.table` ([Dowle and Srinivasan, 2019](#)), das auch für mehrere hundert GB große Datensätze gut geeignet ist. Zur Aneignung des Pakets `data.table` ([Dowle and Srinivasan, 2019](#)) ist das [offizielle Tutorial](#) gut geeignet, macht m.E. aber auch deutlich, dass es für die ersten Schritte mit R etwas unintuitiver ist als das `tidyverse`.

Wenn Sie später einmal beide Ansätze beherrschen, können Sie das tun, was in einer diversen Sprache wie R das einzig Richtige ist: je nach Anwendungsfall das passende Paket wählen - ganz wie im Falle von Paradigmen in einer Pluralen Ökonomik.

Chapter 5

Visualisierung von Daten

Verwendete Pakete

```
library(here)
library(tidyverse)
library(data.table)
library(ggpubr)
library(ggrepel)
library(scales)
library(tufte)
library(gapminder)
library(viridis)
library(latex2exp)
library(WDI)
library(countrycode)
```

Einleitung

In diesem Kapitel lernen Sie mit Hilfe des Pakets `ggplot2` Ihre Daten ansprechend zu visualisieren.

Der erste Abschnitt ist dabei optional und beschäftigt sich mit den theoretischen Grundlagen von `ggplot2`. Hier diskutieren wir die Abgrenzung zwischen dem `ggplot2`- und `base`-Ansatz zur Datenvisualisierung in R und führen mit der in [Wickham \(2010\)](#) entwickelten [Grammatik für Grafiken](#) das theoretische Fundament für `ggplot2` ein. Diese beiden Abschnitte sind recht abstrakt, aber helfen Ihnen die interne Logik von `ggplot2` besser zu verstehen.

Im zweiten Abschnitt werden die grundlegenden [Elemente einer Grafik](#) in `ggplot2` beschrieben und eine erste Beispielgrafik Stück für Stück erstellt. Der dritte Abschnitt erläutert anhand von Beispielen wie die [gängigsten Visualisierungsarten](#) in `ggplot2` erstellt werden können.

Danach werden ausgewählte [fortgeschrittene Techniken](#), wie z.B. die Visualisierung von Regressionsergebnissen oder das Erstellen von Plots mit mehreren Abbildungen, eingeführt. Dabei greifen wir an einigen optionalen Stellen natürlich auf das Kapitel zur linearen Regression vor (siehe Kapitel 10), allerdings sollten die Inhalte hier auch ohne tieferen Kenntnisse der Regressionsanalyse verständlich sein.

Im fünften Abschnitt zeigen wir aufbauend auf [Schwabish \(2014\)](#) wie [typische Fehler](#) in der Datenvisualisierung vermieden werden können. Der sechste Abschnitt illustriert ausgewählte [Manipulationsstrategien](#) bei der Datenvisualisierung. Im letzten Abschnitt finden Sie Empfehlungen für [weiterführende Literatur](#).

5.1 Optional: Theoretische Grundlagen

5.1.1 ggplot2 vs. base plot

Wie so oft bietet R verschiedene Ansätze zur Datenvisualisierung. Die beiden prominentesten sind dabei die in der Basisversion von R integrierten Visualisierungsfunktionen, häufig als `base` bezeichnet, und das Paket `ggplot2` ([Wickham, 2016](#)).

Die Frage ‘Welcher Ansatz ist nun besser?’ ist nicht leicht zu beantworten, insbesondere da beiden Ansätzen eine sehr unterschiedliche Design-Philosophie zugrunde liegt: `base` funktioniert dabei wie ein Stift und ein Blatt Papier: Sie haben ein leeres Blatt, welches Sie mit dem Aufruf bestimmter `plot`-Funktionen beschreiben. Hierbei wird kein besonderes R-Objekt erstellt, in dem die Grafik gespeichert wird - vielmehr speichern Sie am Ende ihr ‘vollgemaltes Blatt’ entweder als Bild ab, oder Sie verwerfen es und beschreiben ein neues ‘Blatt’.

In `ggplot2` werden die Grafiken dagegen ‘scheibchenweise’ in einer Art Liste zusammengesetzt. Diese Liste enthält dann eine vollständige Beschreibung der Grafik im Sinne einer geschichteten [Grammatik für Grafiken](#). Dabei findet kein ‘Malprozess’ statt: die finale Grafik wird erst dann erstellt wenn auf die resultierende Liste eine `print`-Funktion angewandt wird.

Am Ende des Tages werden Sie wenige Dinge finden, die Sie nur mit `base` oder nur mit `ggplot2` erreichen können. Und wahrscheinlich gilt für die meisten, dass sie einfach bei dem Ansatz hängen bleiben, der Ihnen am Anfang intuitiv am besten gefallen hat. Ich habe in der [weiterführenden Literatur](#) einige Diskussionsbeiträge zum Thema `base` vs. `ggplot2` gesammelt und fasse mich hier daher kurz: in dieser Einführung verwenden wir `ggplot2`. Ich finde, dass die resultierenden Grafiken einen Tick schöner, die Syntax ein wenig einfacher und die Dokumentation im Internet ein wenig besser ist. Vor allem finde ich den Code leichter lesbar und den von [Wickham \(2010\)](#) vorgeschlagenen *Grammar of Graphics* Ansatz sehr intuitiv.

Wenn Sie dagegen lieber mit `base` arbeiten wollen - kein Problem. Es finden sich im Internet gerade auf Englisch viele exzellente Einführungen. Und im Endeffekt ist die einzige relevante Frage: haben Sie auf eine für Sie möglichst unterhaltsame Art und Weise einen guten Graphen produziert? Welches Paket Sie dafür verwendet haben, interessiert schlussendlich niemanden...

5.1.2 Einleitung zu Wickham’s *Grammar of Graphics*

Die Funktion von `ggplot2` ist leichter nachzuvollziehen wenn man weiß wodurch das Paket inspiriert wurde. In diesem Fall war es das Konzept der *Grammar of Graphics* ([Wilkinson, 1999](#)), beziehungsweise die Interpretation des Konzepts von [Wickham \(2010\)](#).

Dieses Konzept startet mit dem Wunsch eine ‘Grammatik’ für Grafiken zu entwickeln. Eine Grammatik wird hier als eine Sammlung von Konzepten verstanden aus denen sämtliche Grafiken hergestellt werden können- eine vollständige Beschreibung der Grafik sozusagen. So wie die Grammatik der deutschen Sprache eine Sammlung von Wörtern und Regeln darstellt, aus denen jede Menge (mehr oder weniger sinnvolle) Aussagen hergestellt werden können, verstehen wir unter einer Grammatik für Grafiken eine Sammlung von Konzepten und Regeln aus denen wir jede Menge (mehr oder weniger sinnvolle) Grafiken herstellen können.

Im Gegensatz zu der ursprünglich von [Wilkinson \(1999\)](#) vorgestellten Grammatik folgt die Grammatik von [Wickham \(2010\)](#) einer klar geordneten Struktur: jeder Teil der Grammatik ist unabhängig vom Rest, und eine Grafik wird vollends dadurch spezifiziert, dass die einzelnen Teile Stück für Stück zusammen geführt werden.

Nach Wickham’s Grammatik besteht jede statistische Grafik aus den folgenden Komponenten:

1. Einem **Standard-Datensatz** gemeinsam mit den Funktionen (*engl.: mappings*), die bestimmten Variablen aus dem Datensatz eine so genannten **Ästhetik** (*engl.: aesthetic*) zuweisen. Die sogenannten *mappings* (es handelt sich dabei eigentlich um einfache Funktionen) verlinken eine Variable in den Daten mit einer Ästhetik in der Grafik. Beispielsweise könnten wir die Variable ‘Jahr’ in den Daten mit der Ästhetik ‘x-Achse’, die Variable ‘BIP’ mit der Ästhetik ‘y-Achse’ und die Variable ‘Land’ mit der Ästhetik ‘Farbe’ verlinken.
2. Eine oder mehrere **Ebenen**; jede Ebene besteht dabei aus einem geometrischen Objekt, einer statistischen Transformation, einer Positionszuweisung und, optionalerweise, einem von (1) abweichenden besonderen Datensatz und den entsprechenden *aesthetic mappings*.

- Von besonderer Relevanz sind dabei die geometrischen Objekte, **geoms**, denn sie bestimmen um was für einen Plot es sich handelt: verwenden wir als **geoms** Punkte bekommen wir ein Streudiagramm, bei Linien als **geoms** wird es ein Linienplot, usw. Die **geoms** visualisieren also die Ästhetiken, aber bestimmte **geoms** können natürlich nur bestimmte Ästhetiken repräsentieren: der **geom** ‘Punkt’ z.B. hat eine **x** und eine **y**-Komponente (also eine **Position**), eine **Größe**, eine **Form** und eine **Farbe**. Andere Ästhetiken ergeben für Punkte keinen Sinn.
 - Da wir nicht notwendigerweise die exakten Werte der Variable an die Ästhetik weitergeben, wird die Möglichkeit einer *statistischen Transformation* offen gelassen: eventuell wird nicht der Variablenwert, sondern z.B. der Logarithmus dieses Wertes an die entsprechende Ästhetik weitergegeben. Natürlich kann die statistische Transformation auch weggelassen werden - in diesem Fall sprechen wir von der Transformation **identity** - die Daten werden nicht verändert, sondern direkt an die Ästhetik weitergegeben. Andere häufig verwendete Transformationen sind **boxplot** (wenn wir die Daten in einem Boxplot zusammenfassen wollen), **bin** (wenn wir die Daten in einem diskreten Histogramm darstellen wollen) oder **density** (wenn wir an der Wahrscheinlichkeitsdichte der Beobachtungen interessiert sind).
 - Die Positionszuweisungen spielen nur eine Rolle wenn die Positionen der **geoms** angepasst werden müssen, z.B. um Überlappungen zu vermeiden. Ein typisches Beispiel ist auch das Schachteln von Balkendiagrammen.
3. Einer **Skala** für jedes *aesthetic mapping*. Sie beschreibt die genaue Art des Mappings zwischen Daten und Ästhetiken. Entsprechend handelt es sich bei einer Skala in diesem Sinne hier um eine **Funktion gemeinsam mit Parametern**. Am besten kann man sich das bei einer farblichen Skala vorstellen, die bestimmte Werte in einen Farbenraum abbildet.
 4. Einem **Koordinatensystem**, welches zu den Daten und Ästhetiken und geometrischen Objekten passt. Am häufigsten wird hier sicher das kartesische Koordinatensystem verwendet, aber für Kuchendiagramme bietet sich z.B. das polare Koordinatensystem an.
 5. Eine optionale **Facettenspezifikation** (*engl.: facet specification*), die verwendet werden kann um die Daten in verschiedene Teil-Datensätze aufzusplitten. So möchten wir vielleicht die Dynamik des BIP über die Zeit abbilden, aber einen separaten Unter-Plot für jedes einzelne Land erstellen. In diesem Fall verwenden wir eine Facettenspezifikation, die für jedes Land einen Teildatensatz erstellt.

Alle Komponenten bleiben dabei unabhängig voneinander: die Daten z.B. sind unabhängig vom Rest, weil die gleiche Grafik für unterschiedliche Daten produziert werden kann: “Daten machen aus einer abstrakten Grafik eine konkrete Grafik” ([Wickham, 2010](#), p. 10).

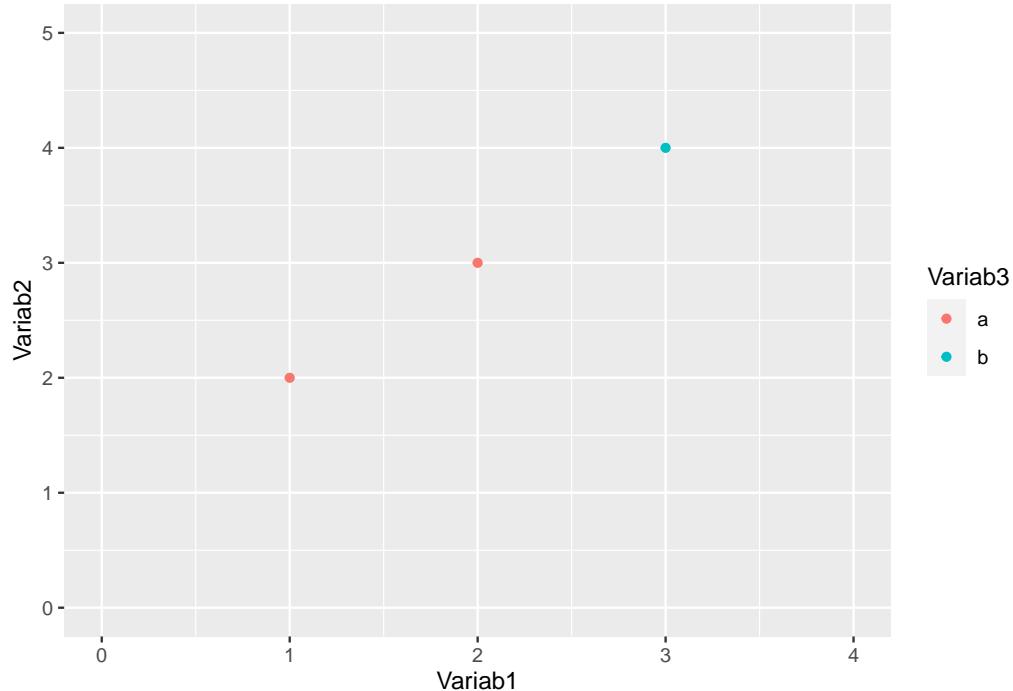
Das Besondere an der so formulierten Grammatik ist, dass man mit den Komponenten 1 - 5 so ziemlich jede statistische Grafik beschreiben kann. Das Paket **ggplot2** macht sich das zunutze: es formalisiert diese Regeln in R, sodass Sie mit dem entsprechenden R Code quasi jede Grafik beschreiben können - und dann durch R erstellen lassen können. Dadurch ist auch die Vorgehensweise motiviert, zunächst ein Objekt mit der *Beschreibung* der Grafik zu erstellen und die Grafik dann am Ende durch Anwendung einer **print**-Funktion auf diese Beschreibung herzustellen. So können Sie das Objekt mit der Beschreibung vorher bereits speichern und weitergeben und dann zu einem späteren Zeitpunkt erst die eigentliche Grafik erstellen. Dieses Vorgehen machen wir uns später zunutze wenn wir mehrere Sub-Abbildungen in einer großen Grafik **gemeinsam abbilden wollen**.

Wie Sie später sehen werden repräsentiert die Syntax von **ggplot2** genau diese theoretische Beschreibung von Grafiken. Hier greifen wir mit einem kleinen Beispiel vor:

```
example_data <- data.frame(
  Variab1=1:3,
  Variab2=2:4,
  Variab3=c("a", "a", "b")
)

ggplot2::ggplot(
  data = example_data,
  mapping = aes(x=Variab1,
                 y=Variab2,
                 color=Variab3)
) +
  ggplot2::layer(
```

```
geom = "point",
stat = "identity",
position = "identity") +
ggplot2::scale_color_discrete(
  aesthetics = c("color")
) +
ggplot2::coord_cartesian(
  xlim = c(0, 4),
  ylim = c(0, 5)
)
```



Die Funktion `ggplot2::ggplot()` erstellt eine Liste, in der die Grafik-Spezifikationen gespeichert werden und akzeptiert über die Argumente `data` und `mapping` die Standard-Daten und Standard-Mappings.¹ Es korrespondiert damit zu Punkt (1) oben.

Als nächstes wird mit `ggplot2::layer()` eine neue Ebene spezifiziert. Wie in der Theorie spezifizieren wir die Ebene über das Argument `geom` bezüglich der auf ihr abzubildenden geometrischen Objekte (hier: Punkte), über `stat` bezüglich der zu verwendeten statistischen Transformation (hier: keine Transformation, sondern die Daten identisch zu ihren Werten im Standard-Datensatz) und über `position` bezüglich der Positionszuweisungen (auch hier: keine besonderen Positionszuweisungen).

Als nächstes spezifizieren wir die Skala. Für die Ästhetik ‘Position’ der Variablen `Variab1` und `Variab2` ist keine Übersetzung notwendig, aber für den Link zwischen den Werten von Variable `Variab3` und der Ästhetik ‘Farbe’ müssen wir eine explizite Funktion verwenden. Mit der Funktion `ggplot2::scale_color_discrete()` weisen wir also jedem Wert der (diskreten) Variable `Variab3` eine Farbe zu.

Schließlich legen wir mit `ggplot2::coord_cartesian()` noch das zu verwendende Koordinatensystem fest indem wir mit den Argumenten `xlim` und `ylim` die Länge der x- und y-Achse spezifizieren. Eine besondere Facettenspezifikation verwenden wir hier dagegen nicht.

Wie Sie später sehen werden, verwenden wir in `ggplot2` häufig Abkürzungen für die in diesem Beispiel verwendeten ‘Originalfunktionen’. So gibt es für eine Ebene mit dem `geom` ‘Punkte’ die Abkürzung `ggplot2::geom_point()`.

¹Normalerweise geben wir bei jeder Funktion die Paketzugehörigkeit über die `::`-Schreibweise explizit an. Wir werden darauf verzichten, wenn es sich um Hilfsfunktionen innerhalb anderer Funktionen handelt. So wird die Funktion `ggplot2::aes()` nur innerhalb der Funktion `ggplot2::ggplot()` aufgerufen. Daher werden wir bei `aes()` und vergleichbaren Funktionen auf den Zusatz `ggplot2::` im Sinne der besseren Lesbarkeit verzichten.

Auch muss nicht jedes Element explizit spezifiziert werden: da z.B. die meisten Grafiken ein kartesisches Koordinatensystem verwenden, ist dies als Standard-Koordinatensystem in `ggplot2` implementiert und Sie müssen nur dann explizit ein Koordinatensystem spezifizieren wenn Sie vom Standardwert abweichen wollen.

Wenn Sie sich genauer mit der hierarchischen Grammatik beschäftigen wollen, die `ggplot2` zugrundeliegt, kann ich Ihnen den Originalartikel von [Wickham \(2010\)](#) empfehlen.

5.2 Grundlegende Elemente von ggplot2-Grafiken

5.2.1 Elemente eines ggplot

Analog zu der gerade vorgestellten [Theorie](#) besteht jeder `ggplot` aus den folgenden Komponenten:

- Dem **Basisobjekt**, welches einen leeren Plot erstellt und die **Standardwerte** für den zu verwendeten Datensatz und die entsprechenden Ästhetiken definiert.
- Verschiedenen **Ebenen** (`layer`), auf denen die - ggf. statistisch transformierten - Variablen der Daten auf bestimmten Ästhetiken (`aesthetics`) als geometrische Objekte (`geoms`) auf den entsprechenden Positionen (`position`) abgebildet werden.

Die folgenden Elemente sind ebenfalls Teil eines jeden Plots, werden aber nicht notwendigerweise explizit spezifiziert sondern einfach in der sich aus den Ebenen ergebenden Standard-Spezifikation übernommen:

- **Skalen**: Für jedes `mapping` zwischen einer Variable und einer Ästhetik gibt es eine Skala, die mit entsprechenden Funktionen geändert werden kann. So modifiziert die Funktion `ggplot2::scale_color_discrete()` das Mapping zwischen einer diskreten Variable und der Farbskala.
- **Labels**: Jeder Plot kann mit Labels, wie Titeln, Achsenbeschriftungen, Legenden oder sonstigem Text ergänzt werden.
- **Koordinaten**: Standardmäßig bilden wir Grafiken auf einem kartesischen Koordinatensystem ab. Sie können die Ausschnitte dieses Koordinatensystems beliebig anpassen, die Achsen transformieren, oder sogar ein anderes Koordinatensystem verwenden (siehe z.B. [hier](#)).
- **Facetten**: Wenn wir mehrere Facetten verwenden teilen wir die Daten gemäß einer Variable in mehrere Subdatensätze auf und bilden alle separat ab. Unten sehen Sie ein Beispiel wo wir separate Abbildungen für jedes Land im Datensatz erstellen.

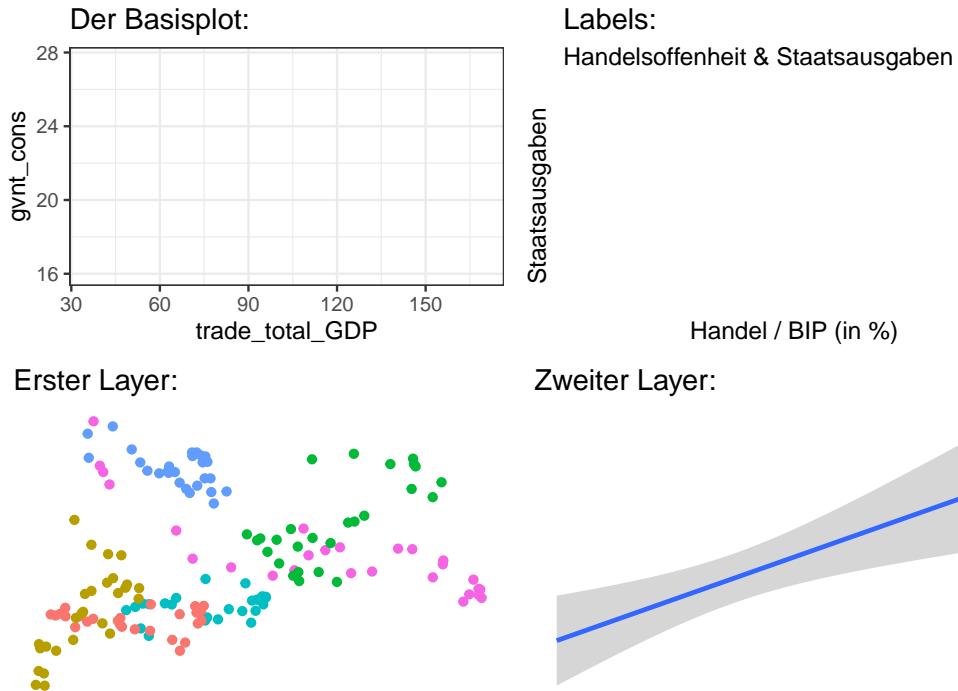
Hier ist eine Beispielimplementierung:

```
offenheit_plot <- ggplot2::ggplot( # <- Erstellt das Basisobjekt
  data = offenheit, # <- Spezifiziert Standard-Datensatz
  mapping = aes( # <- Spezifiziert die Mappings zu den Ästhetiken
    x=trade_total_GDP, # Verbinde Ästhetik 'x-Achse' & Variable 'trade_total_GDP'
    y=gvnt_cons) # Verbinde Ästhetik 'y-Achse' & Variable 'gvnt_cons'
) +
  ggplot2::layer( # <- Erstelle einen neuen Layer
    geom = "point", # Die Geoms auf diesem Layer sind Punkte
    stat = "identity", # Die Daten werden nicht statistisch transformiert
    position = "identity", # Positionen der Daten werden nicht geändert
    mapping = aes(color=Land) # Zusätzlich zur Standard-Ästhetik oben: verbinde
      # Variable 'Land' mit der Ästhetik 'color'
  ) +
  # Erstelle noch einen Layer mit der geom 'smooth' (Abkürzung für layer(...)):
  ggplot2::geom_smooth(
    method = "lm" # <- Verwende eine lineares Modell für die geom 'smooth'
  ) +
  # Gebe der Skala der x-Achse einen neuen Namen:
  ggplot2::scale_x_continuous(name = "Handel / BIP (in %)") +
  # Gebe der Skala der y-Achse einen neuen Namen:
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "Staatsausgaben") +
  # Gebe der Farbskala einen neuen Namen:
  ggplot2::scale_color_discrete(name="Land") +
```

```
ggplot2::labs(title = "Handelsoffenheit & Staatsausgaben 1990–2018") + # Ergänze Plot-Titel
ggplot2::coord_cartesian() + # Verwende eine kartesisches Koordinatensystem
ggplot2::facet_null() # Verwende nur eine Facette
```

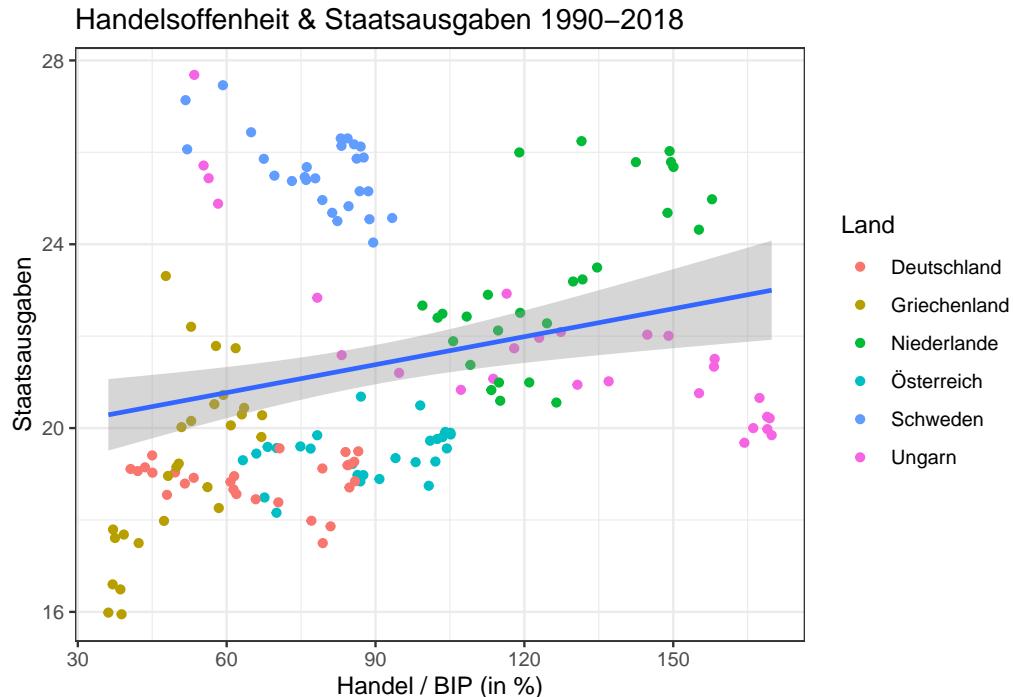
Dieser Code erstellt die einzelnen Elemente des Plots, die in `ggplot2` separat erstellt und am Ende übereinander gelegt werden:

```
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



Daraus ergibt sich dann der Gesamtplot:

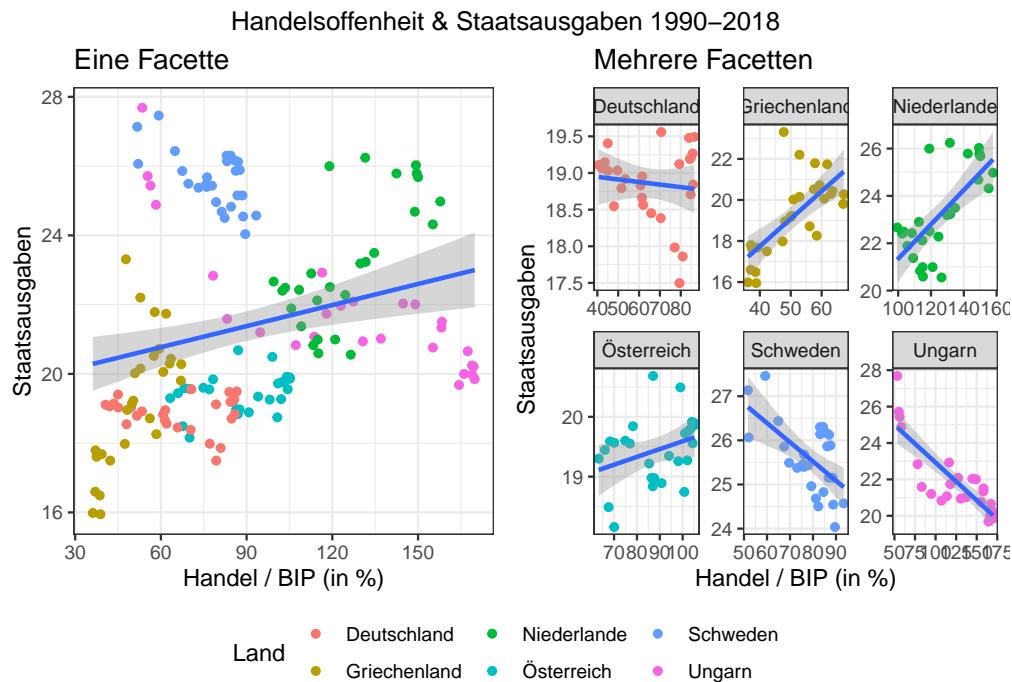
```
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



```
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```

Die Rolle der Facetten wird hier deutlich:

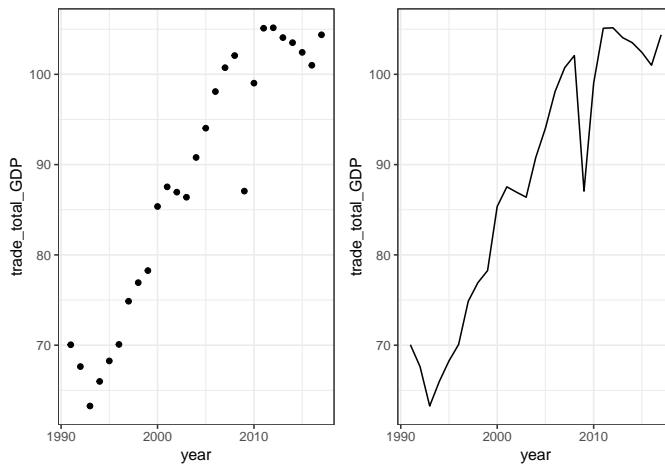
```
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



Der modulare Aufbau eines `ggplot` macht es einfach eine Grafik sukzessive zu ändern: wenn Sie z.B. von einem Streudiagramm zu einem Liniendiagramm wechseln wollen müssen Sie nur die `geoms` ändern - die restlichen Komponenten des Plots können identisch bleiben:

```
# Code für ein Streudiagramm
streudiagramm <- ggplot2::ggplot(offenheit_red,
                                    aes(x=year, y=trade_total_GDP)
                                    ) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::theme_bw()

# Code für ein Liniendiagramm
liniendiagramm <- ggplot2::ggplot(offenheit_red,
                                    aes(x=year, y=trade_total_GDP)
                                    ) +
  ggplot2::geom_line() # <- nur diese Zeile verändert
  ggplot2::theme_bw()
```



5.2.2 Beispiel Workflow

Hier betrachten wir den Workflow einer einfachen Grafik. Sie werden unten noch diverse Techniken lernen, wie Sie diese Grafik aufhübschen können. Übrigens ist die Reihenfolge der Schritte nicht weiter relevant, lediglich der erste Schritt muss vor den anderen kommen. Was den Rest angeht sind Sie aber in der Praxis recht flexibel, denn Sie erstellen ja am Anfang eine Liste, zu der Sie in den weiteren Schritten weitere Beschreibungsdetails hinzufügen. Die Grafik wird aus dieser durch `ggplot()` erstellten Liste erst bei Aufruf mit einer `print`-Funktion erstellt.

1. Schritt: Aufbereitung der Daten

Ihre Daten sollten ‘tidy’ sein, genauso wie im [letzten Kapitel](#) beschrieben. Im Folgenden gehen wir davon aus, dass wir einen entsprechend aufbereiteten Datensatz haben:

```
#>   Land Jahr HandelGDP
#> 1:  AUT 1965 48.23931
#> 2:  AUT 1966 48.92554
#> 3:  AUT 1967 48.30854
#> 4:  AUT 1968 49.01388
#> 5:  AUT 1969 52.72526
#> 6:  AUT 1970 54.86039
```

Dieser kleine Beispieldatensatz enthält Informationen über das Verhältnis von Handelsströmen und BIP in Österreich seit 1965.

2. Schritt: Auswahl des Standarddatensatzes und der Variablen Wir entscheiden uns, dass der gerade aufbereitete Datensatz die Basis für unsere Visualisierung darstellen soll. Natürlich können wir auch noch Daten aus anderen Datensätzen hinzufügen, aber dieser Datensatz soll unser *Standard-Datensatz* für die Grafik sein, die verwendet wird wenn wir nichts anderes spezifizieren. Genauso spezifizieren wir die *Standard-Ästhetik-Links* für die Abbildung. Eine Ästhetik ist z.B. die Größe, Farbe oder Achse der Abbildung. Es ist hilfreich am Anfang Standardwerte für die Verknüpfung von Variablen aus dem Datensatz mit Ästhetiken in der Grafik zu spezifizieren.

Im Beispiel wollen wir die Variable `Jahr` mit der x-Achse und die Variable `HandelGDP` mit der y-Achse verbinden. Da es sich um die Standardwerte handelt werden Sie in der Funktion `ggplot()` spezifiziert:

```
aut_trade_plot <- ggplot2::ggplot(
  data = aut_trade,
  mapping = aes(x = Jahr,
                 y = HandelGDP)
)
```

`ggplot2::ggplot()` erstellt das Grafik-Objekt, bei dem es sich um eine recht komplexe Liste handelt:

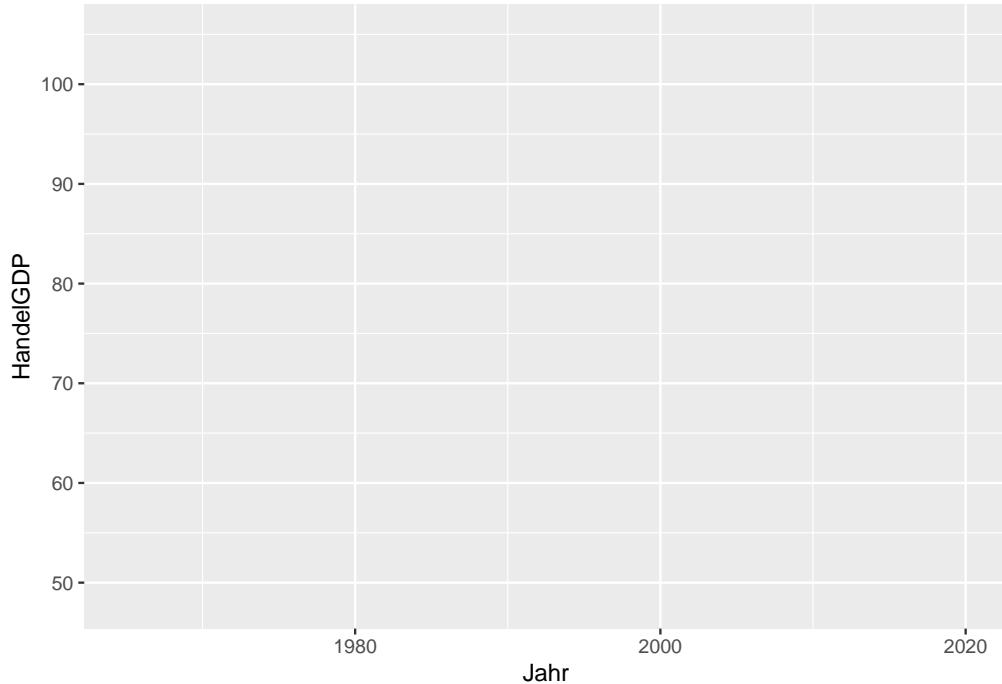
```
typeof(aut_trade_plot)
```

```
#> [1] "list"
```

Die Funktion `ggplot2::ggplot()` wird in der Regel mit zwei Argumenten verwendet: `data` spezifiziert den Standard-Datensatz für die Grafik und `mapping` die *aesthetic mappings*, welche die Variablen in `data` zu den ästhetischen Komponenten der Grafik verlinken. Wenn Sie den optionalen Abschnitt zur [Grammar of Graphics](#) gelesen haben, werden Sie die Konzepte sofort wiedererkennen!

Wie oben beschrieben wird die Grafik bei `ggplot2` erst erstellt, wenn Sie das Grafik-Objekt mit einer `print`-Funktion aufrufen. Das passiert automatisch, wenn Sie das Objekt als solches aufrufen:

```
aut_trade_plot
```



Da wir bislang nur die Standardwerte definiert haben ist die Grafik noch recht leer. Zumindest sehen wir, dass die Achsen die Variablen unseres Datensatzes repräsentieren.

3. Schritt: Hinzufügen von Ebenen mit geometrischen Objekten

Als nächstes wollen wir die geometrischen Objekte spezifizieren, mit denen die Ästhetiken auf dem Plot dargestellt werden sollen. Im vorliegenden Fall möchten wir z.B. unsere Beobachtungen mit einer Linie visualisieren. Das geht mit der Funktion `ggplot2::geom_line()`: sie fügt einen `geom` der Art 'Linie' hinzu. Im übrigen sind die Namen für alle verschiedenen `geoms` gleich aufgebaut, es ist immer `ggplot2::geom_*`(`stat`), wobei `*` für die Abkürzung des entsprechenden `geoms` steht.²

Die Funktionen `ggplot2::geom_*`(`stat`) verlangen in der Regel kein zusätzliches Argument, verwenden aber einige Standardwerte über die Sie Bescheid wissen sollten. Die Argumente `data` und `mapping` funktionieren wie oben beschrieben und haben als Standardwert die anfangs in `ggplot2::ggplot()` angegebenen Werte. Das Argument `stat` spezifiziert statistische Transformationen, die an den Daten vor dem Plotten vorgenommen werden sollen. Wenn die Daten bereits korrekt aufbereitet wurden ist das häufig nicht notwendig und der Standardwert `stat='identity'` ist ausreichend - in diesem Fall werden die Daten so abgebildet wie sie im Datensatz vorhanden sind.³ Das Gleiche gilt für das Argument `position`: auch hier ist der Standardwert `position='identity'`, aber Sie können über verschiedene Funktionen die Position der `geoms` anpassen, z.B. um Überlappungen zu vermeiden.⁴

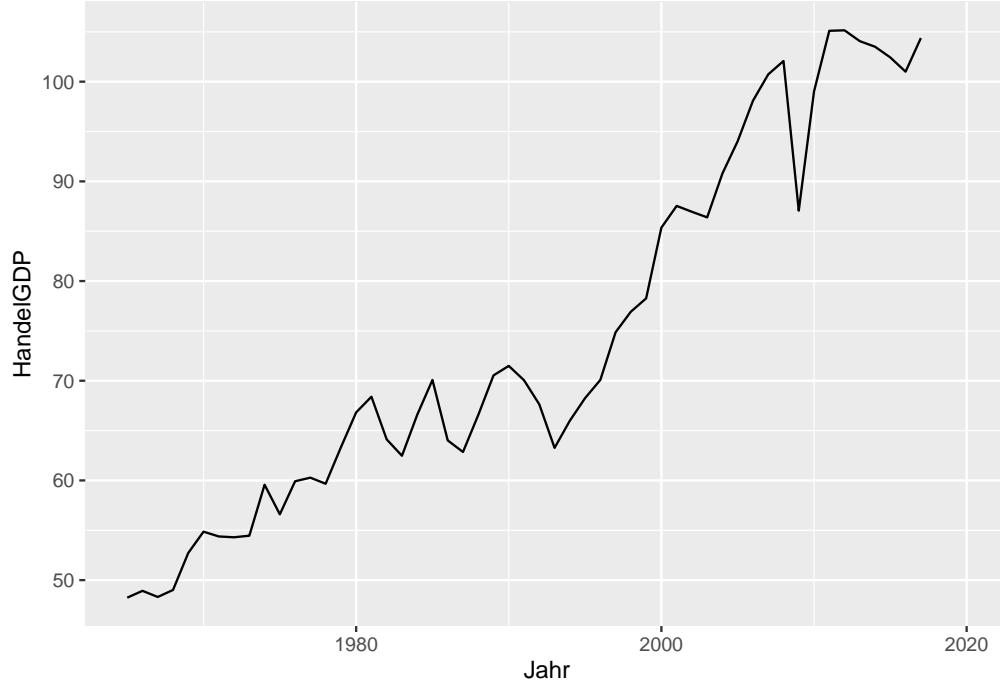
Da wir zu unserer Grafik `aut_trade_plot` eine Ebene hinzufügen wollen, verwenden wir einfach den Operator `+`:

²Eine Liste aller möglichen `geoms` finden Sie [hier](#).

³Alternativ zu `ggplot2::geom_*(stat="...")` können Sie auch immer schreiben `ggplot2::stat_*(geom="...")`. Entsprechend sind folgende Aufrufe äquivalent: `ggplot2::stat_identity(geom="line")` oder `ggplot2::geom_line(stat="identity")`. Was Sie verwenden ist komplett Ihnen überlassen, allerdings ist die Verwendung der `ggplot2::geom_*`-Funktionen üblicher.

⁴Die möglichen Werte für `position` sind: `identity` (der Standard, keine Anpassung der Positionen), `jitter` (Geoms werden über Zufallsfehler so verschoben, dass sie sich nicht überlappen), `dodge` (sich überlappende Geoms werden nebeneinander angeordnet), `fill` (die Geoms werden übereinander abgebildet und zu einer gleichmäßigen Summe normalisiert) und `stack` (die Geoms werden übereinander geplottet, aber nicht normalisiert). Die letzten drei Argumente werden vor allem bei Balkendiagrammen häufig verwendet.

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::geom_line()
aut_trade_plot
```

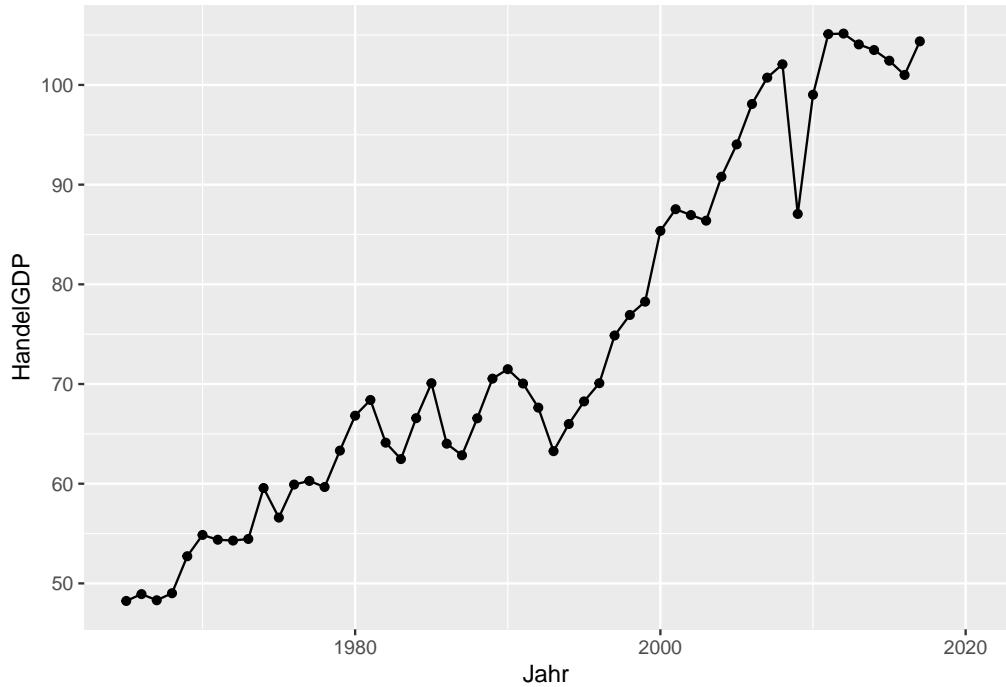


Am Anfang ein Grafikobjekt zu definieren und dann neue Elemente Stück für Stück mit `+` hinzuzufügen ist das Grundprinzip von `ggplot2`. Auch hier ist die Verbindung zu Wickham's [Grammar of Graphics](#) offensichtlich.

Im Beispiel haben wir `ggplot2::geom_line()` ohne ein einziges Argument aufgerufen. Wir könnten die Argumente `data` und `mapping` verwenden, aber da wir hier die in Schritt 1 definierten Standardwerte verwenden besteht dazu keine Veranlassung.

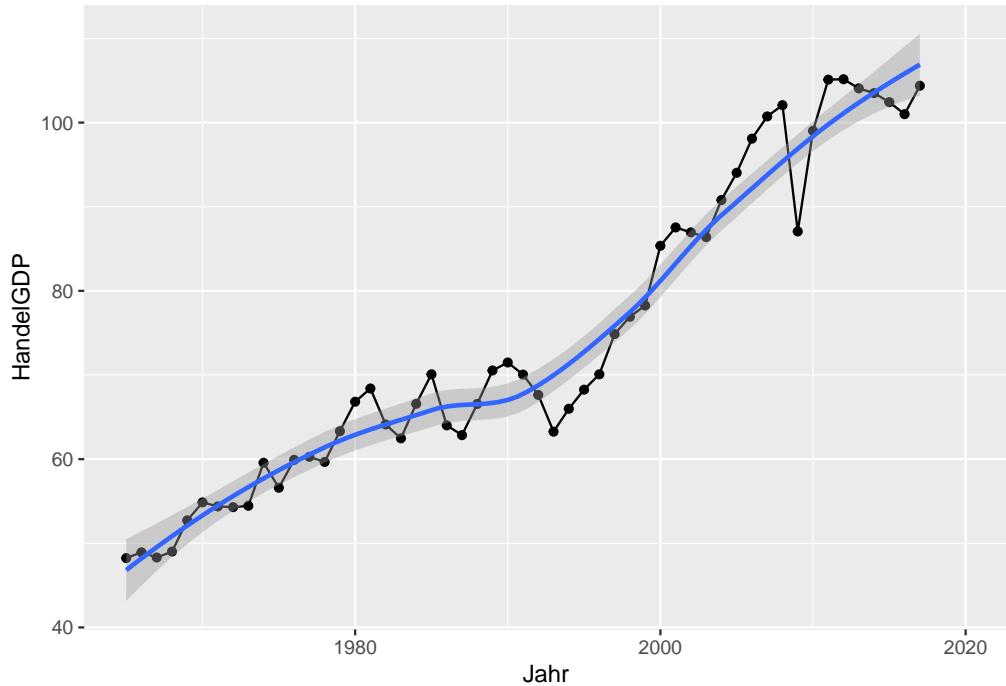
Wir können durchaus mehrere Ebenen nacheinander hinzufügen. Wenn wir die einzelnen Beobachtungen z.B. noch durch Punkte verdeutlichen wollen, dann können wir einfach eine weitere Ebene mit dem `geom` 'Punkt' hinzufügen. Das geht mit der Funktion `ggplot2::geom_point()` und da wir die gleichen Standardwerte wie vorher verwenden sind hier auch keine Argumente nötig:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::geom_point()
aut_trade_plot
```



Um den Trend der Entwicklung zu verdeutlichen möchten wir vielleicht noch einen Trend grafisch hinzufügen. Hierzu verwenden wir die Funktion `geom_smooth()`:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggpplot2::geom_smooth()
aut_trade_plot
```



4. Schritt: Anpassen der Skalen

Im nächsten Schritt wollen wir die *Skalen* der Abbildung anpassen. Für uns sind hier vor allem die Skalen der y-Achse und der x-Achse relevant.⁵ Daher verwenden wir die Funktionen `ggplot2::scale_x_continuous()` und `ggplot2::scale_y_continuous()`, schließlich handelt es sich bei den auf diesen Skalen abgebildeten

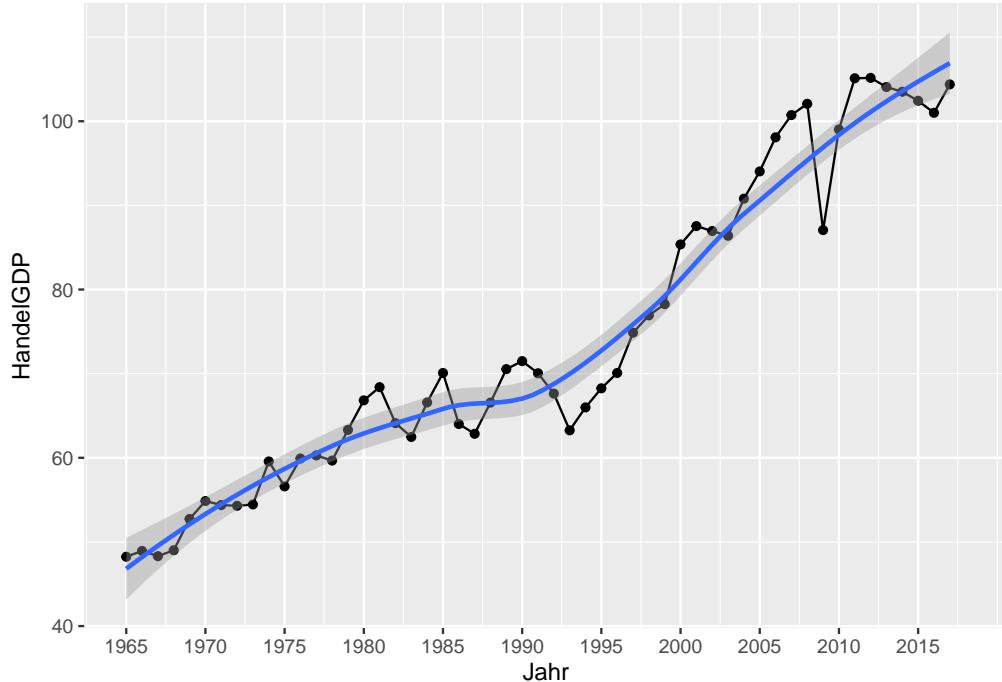
⁵Andere Skalen beziehen sich z.B. auf Farben, wenn wir Variablen zu einer farblichen Ästhetik gemapt hätten, oder die Formen der `geoms`. Beispiele für so fortgeschrittene Anpassungen finden Sie [weiter unten](#) in diesem Kapitel.

Variablen um kontinuierliche Variable. Wenn es diskrete Daten gewesen wären, würden wir die Funktionen `ggplot2::scale_x_discrete()` und `ggplot2::scale_y_discrete()` verwenden.

Beginnen wir mit der x-Achse. Hier möchten wir vor allem die auf der Skala angegeben Jahreszahlen anpassen und die Länge der Skala auf den Zeitraum 1965-2018 anpassen.

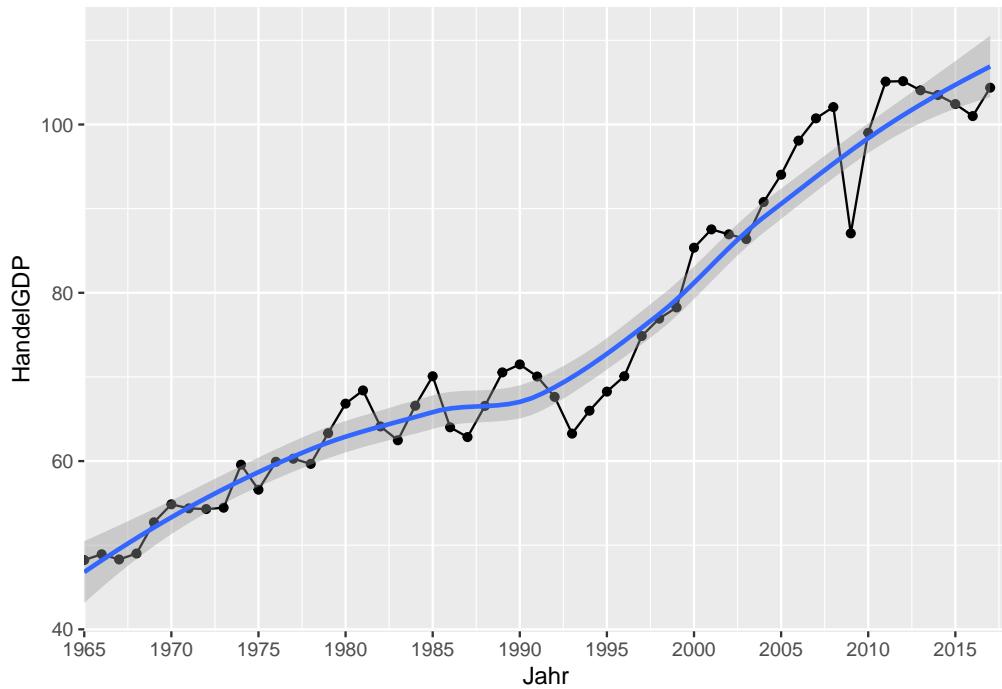
Die abzubildenden Jahre spezifizieren wir mit dem Argument `breaks`, dem wir einen Vektor mit den abzubildenden Jahreszahlen übergeben. Die Limits der Skala können wir mit dem Argument `limits` spezifizieren indem wir einen Vektor mit zwei Zahlen, dem unteren und dem oberen Limit, übergeben:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::scale_x_continuous(limits = c(1965, 2018),
                               breaks = seq(1965, 2017, 5))
aut_trade_plot
```



Unschön hier ist nur der ‘Rand’, den `ggplot2` automatisch an den jeweiligen Enden der Skalen hinzufügt. Dieser Rand kann durch das Argument `expand` geändert werden. Wie übergeben `expand` im einfachsten Falle einen Vektor mit zwei Werten: der erste Wert bestimmt eine Konstante, die auf beiden Seiten zur Skala hinzuaddiert wird, der zweite Wert einen Skalar der die Skala um den entsprechenden Wert multiplikativ streckt. In unserem Fall sollen beide Werte gleich 0 sein, denn wir wollen, dass die Skala 1960 anfängt und 2017 aufhört, so wie über das Argument `limits` vorher spezifiziert:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::scale_x_continuous(limits = c(1965, 2018),
                               breaks = seq(1960, 2017, 5),
                               expand = c(0, 0)
                             )
aut_trade_plot
```



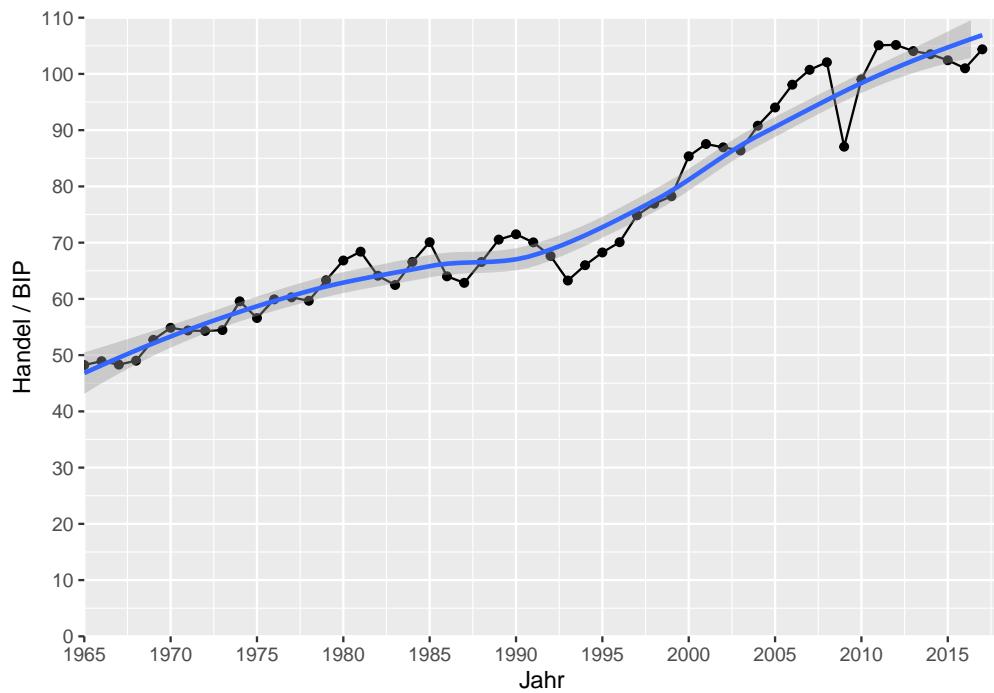
Das ist schon nicht so schlecht. Als nächstes beschäftigen wir uns mit der y-Achse. Hier möchten wir auch die Limits und die angegebenen Werte verändern, und zwar von 0 bis 110. Das geht wieder über die Argumente `limits` und `breaks`.

Darüber hinaus wäre es schön, den Namen der Achse anzupassen. Standardmäßig ist das der Name der Variable im Datensatz, aber hier wäre es schöner wenn dort einer ‘Handel / BIP’ stehen würde. Das erledigen wir mit dem Argument `name`.⁶

Auch möchten wir wieder den hässlichen Rand am oberen und unteren Ende der Skala eliminieren und verwenden dazu das Argument `expand` wie vorher:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "Handel / BIP",
    limits = c(0, 110),
    breaks = seq(0, 110, 10),
    expand = c(0, 0)
  )
aut_trade_plot
```

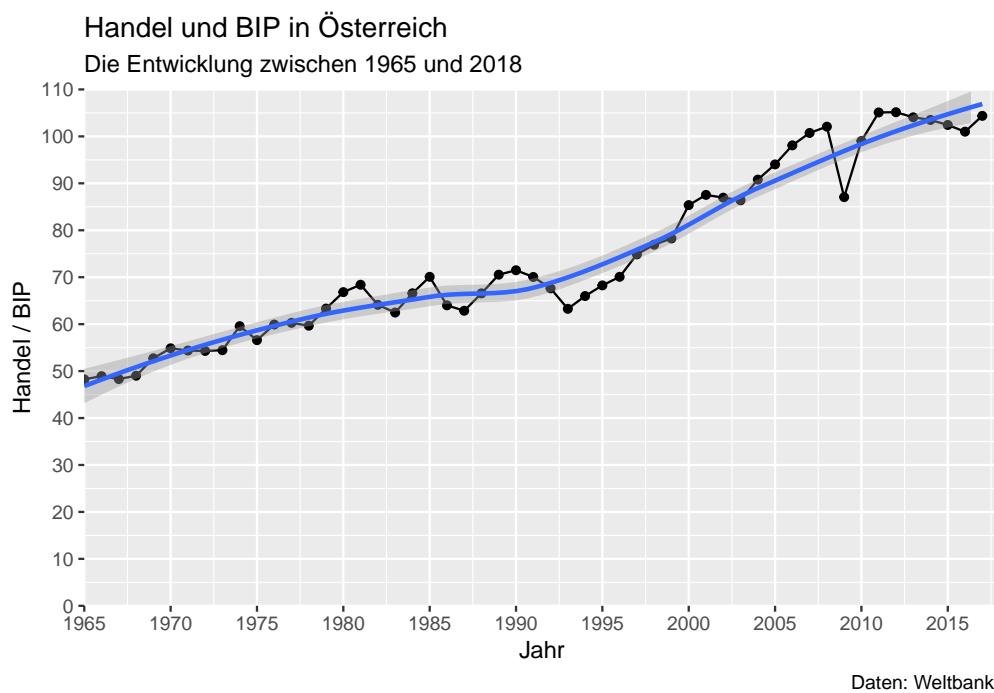
⁶Wenn wir nichts weiter an der Skala verändern wollen außer diesem so genannten Label, dann brauchen wir auch nicht die Funktion `ggplot2::scale_y_continuous()` aufrufen, sondern können einfach schreiben `ggplot2::ylab("Handel / BIP")`.



5. Schritt: Titel

Titel und andere so genannte ‘Labels’ können Sie mit der Funktion `ggplot2::labs()` sehr einfach hinzufügen. `ggplot2::labs()` akzeptiert drei optionale Argumente: `title` für den Titel, `subtitle` für den Untertitel und `caption` für eine Fußnote, die sich besonders gut eignet um die Quelle der Daten anzugeben.

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::labs(title = "Handel und BIP in Österreich",
               subtitle = "Die Entwicklung zwischen 1965 und 2018",
               caption = "Daten: Weltbank.")
```



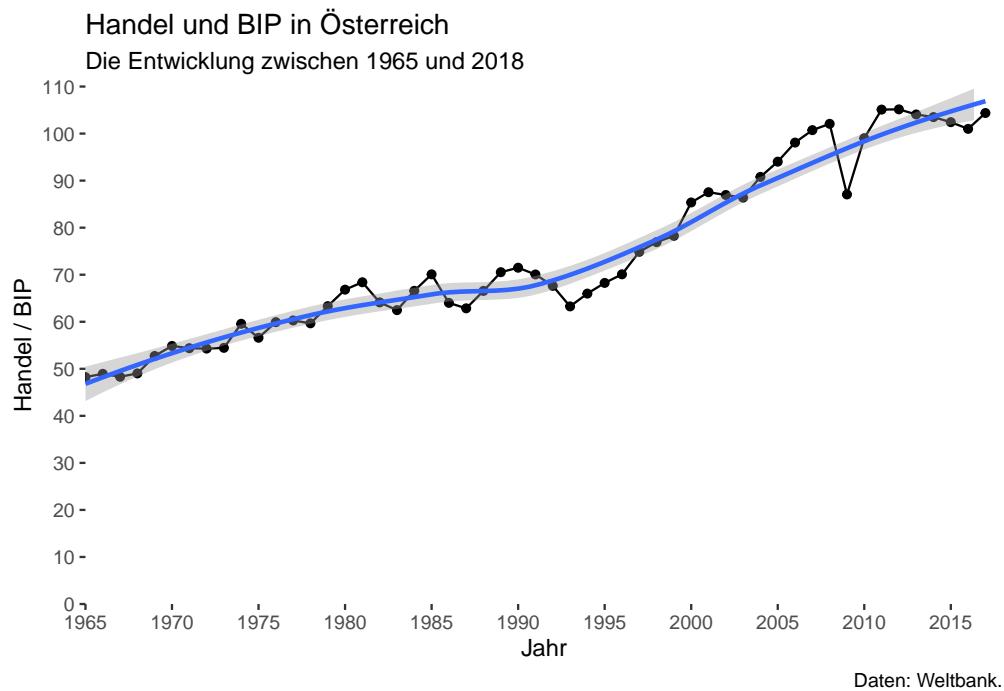
Weit verbreitet ist auch die Funktion `ggplot2::ggtitle()`, die genauso funktioniert, aber nur die Argumente `label` (für den Titel) und `subtitle` akzeptiert.

6. Schritt: Grundlegende Veränderungen mit `ggplot2::theme()`

Achtung, Kleinkram-Alarm! Zwar schaut die Grafik jetzt schon erträglich aus, aber es gibt natürlich noch diverse Dinge, die wir verschönern könnten. Warum der Hintergrund z.B. standardmäßig grau und die Linien in weiß sind, weiß niemand. Solcherlei Veränderungen können Sie über die Funktion `ggplot2::theme()` vornehmen. Wir betrachten hier nur ein paar Beispiele, eine Übersicht zu allen möglichen Argumenten finden Sie [hier](#).

Um den Hintergrund des Plot im Abbildungsbereich zu verändern verwenden wir das Argument `panel.background`. Solcherlei Veränderungen werden immer über bestimmte Funktionen durchgeführt, die sich nach der Art des zu veränderten Grafikbestandteils richten. Im Falle des Plot-Hintergrundes ist das ein Rechteck, sodass wir die Funktion `ggplot2::element_rect()` verwenden, die zahlreiche Gestaltungsmöglichkeiten erlaubt.⁷ Hier wollen wir den Hintergrund weiß füllen, wir schreiben also `ggplot2::element_rect(fill = "white")`:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::theme(panel.background = element_rect(fill = "white"))
aut_trade_plot
```



Das ist besser, allerdings möchten wir schon einen Grid haben um die Achsen besser lesen zu können. Das entsprechende Argument ist `panel.grid`, bzw. `panel.grid.major` und `panel.grid.minor` für die Linien auf, bzw. zwischen den auf den Achsen aufgeschriebenen Werten.⁸ Damit wir den Plot nicht überlasten malen wir aber nur auf die auf den Achsen auch tatsächlich abgebildeten Werte Linien, verwenden also das Argument `panel.grid.major`. Da es sich hier um Linien handelt verwenden wir die Funktion `ggplot2::element_line()`, die wir hier noch über die Farbe des Grids informieren: `ggplot2::element_line(colour = "grey")`. Auch die fehlenden Achsenlinien machen den Plot nicht schöner. Wir fügen Sie über das Argument `axis.line` mit der Funktion `ggplot2::element_line()` explizit hinzu!

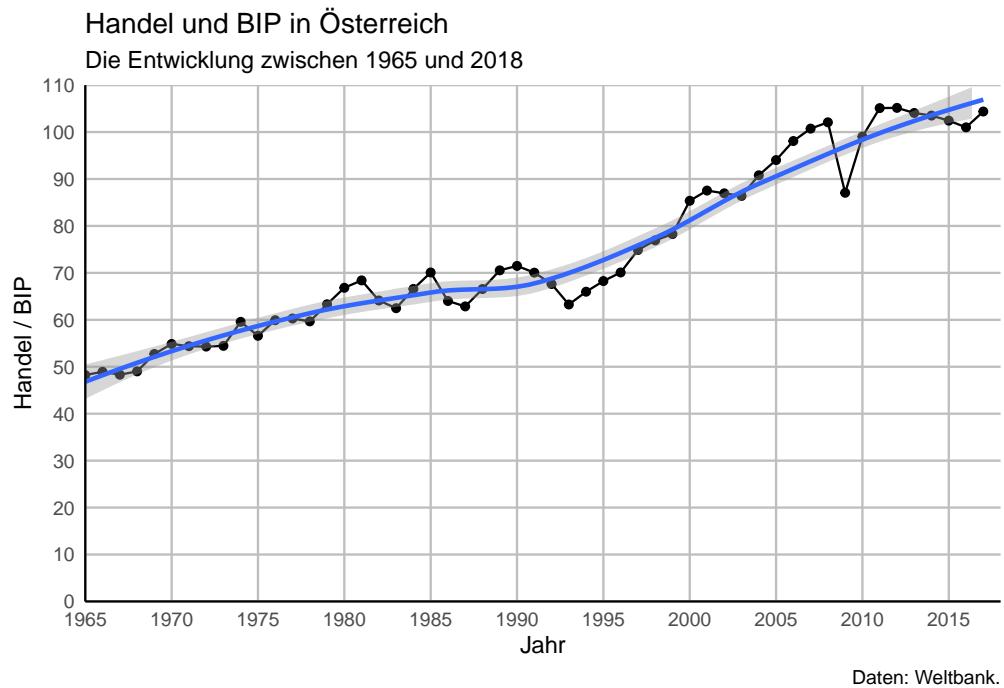
Sehr hässlich sind auch die kleinen schwarzen Zacken bei jedem Wert auf der x- und y-Achse. Diese werden mit `axis.ticks = ggplot2::element_blank()` eliminiert. Sie verwenden die Funktion `ggplot2::element_blank()` ohne Argument immer wenn Sie einen bestimmten Teil der Grafik eliminieren wollen.⁹ Somit bekommen wir insgesamt:

⁷Insgesamt gibt es die folgenden Hilfsfunktionen im ggplot2-Paket: `element_rect()` für Flächen und Kanten, `element_line()` für Linien und `element_text()` für Text. Wenn Sie einen Teil eliminieren wollen verwenden Sie `element_blank()`. Alle diese Funktionen bieten unzählbar viele Gestaltungsmöglichkeiten.

⁸Wenn Sie den horizontalen und vertikalen Grid separat ändern wollen verwenden Sie jeweils das Suffix `.x`, also `ggplot2::panel.grid.minor.x` bzw. `ggplot2::panel.grid.minor.y`.

⁹Auch im folgenden code wird die Zugehörigkeit der `element_*`-Funktionen zu `ggplot2` der einfachen Lesbarkeit halber nicht explizit deutlich gemacht.

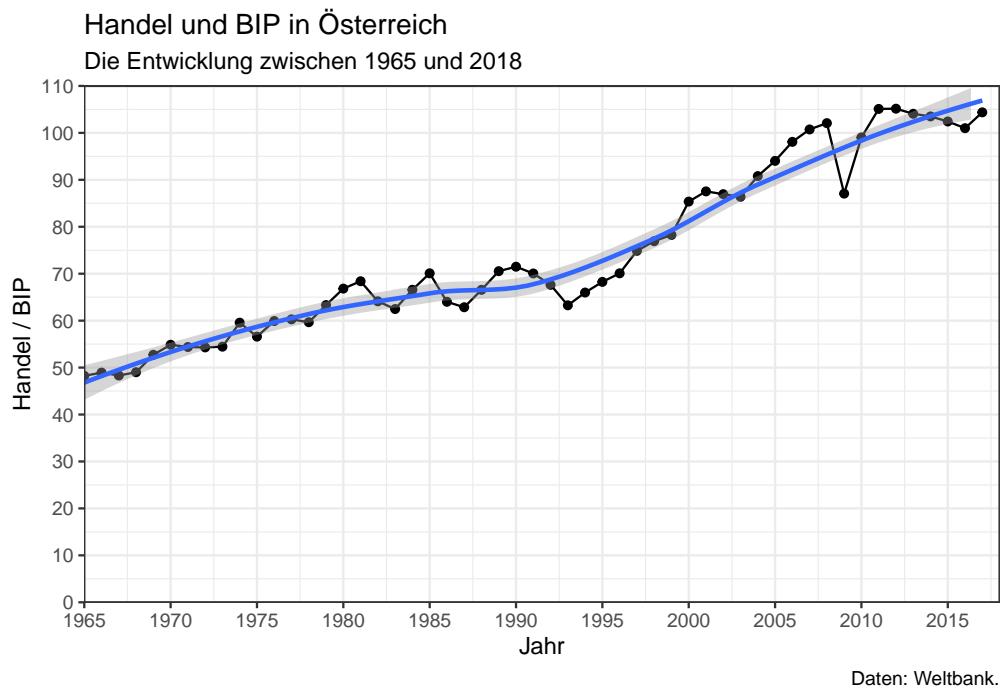
```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  ggplot2::theme(
    panel.background = element_rect(fill = "white"),
    panel.grid.major = element_line(colour = "grey"),
    panel.grid.minor = element_blank(),
    axis.line = element_line(colour = "black"),
    axis.ticks = element_blank()
  )
aut_trade_plot
```



Sie merken bereits: mit `ggplot2::theme()` können Sie quasi alles an Ihrer Grafik ändern was Sie sich irgendwie vorstellen können. Einen Überblick über alle möglichen Parameter finden Sie [hier](#). Wie beschäftigten uns [unten](#) noch mit ausgewählten Argumenten etwas genauer.

Gleichzeitig mag es aber auch nervig sein, so viele Einstellungen immer manuell vorzunehmen. Daher gibt auch zahlreiche vorgefertigte Themen, die bestimmte Standard-Spezifikationen vornehmen. Eine Übersicht finden Sie [hier](#). Häufig wird z.B. das Theme `ggplot2::theme_bw()` verwendet:

```
aut_trade_plot + theme_bw()
```



Natürlich können Sie auch eigene Themen schreiben, in denen Sie Ihre Lieblingseinstellungen zusammenfassen.¹⁰

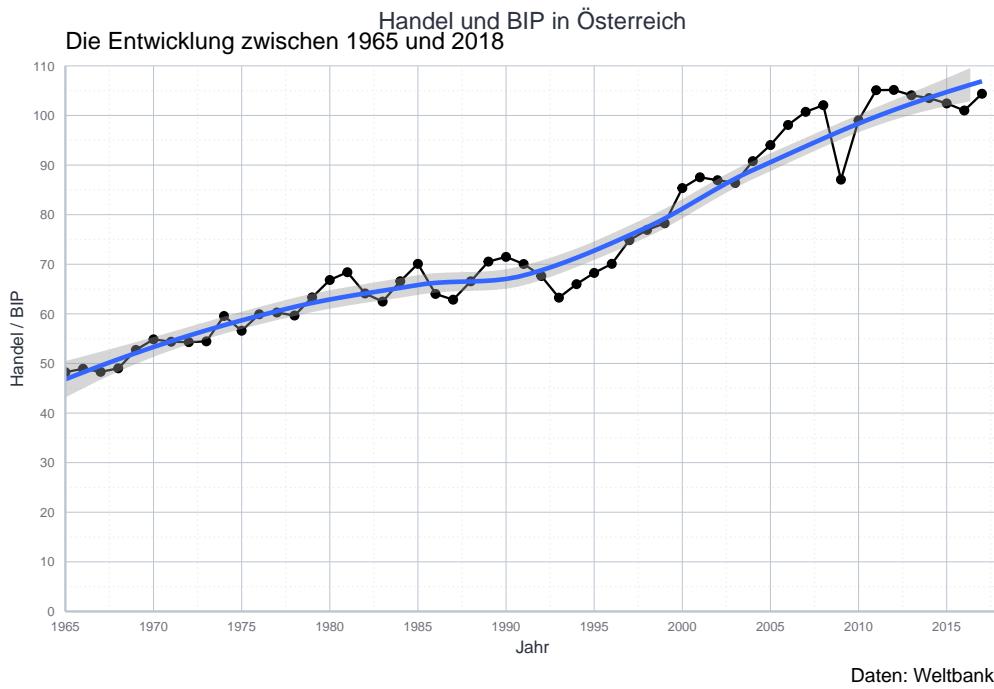
Tipp: Wenn Ihnen die Abbildungen im Skript bislang und auf den Slides gefallen haben können Sie gerne mein Standard-Thema verwenden. Sie können in `ggplot2` nämlich typische Anpassungen, die Sie mit `theme()` regelmäßig durchführen, auch automatisieren und eigene Themen verwenden. Das Thema, das ich verwende ist Teil des Pakets `icaeDesign` (Gräßner, 2019) und kann durch die Funktion `icaeDesign::theme_icae()` verwendet werden. Um das Paket `icaeDesign` zu installieren müssen Sie folgendermaßen vorgehen:

```
library(devtools)
devtools::install_github("graebnerc/icaeDesign")
```

Unser Beispielplot sähe damit folgendermaßen aus:

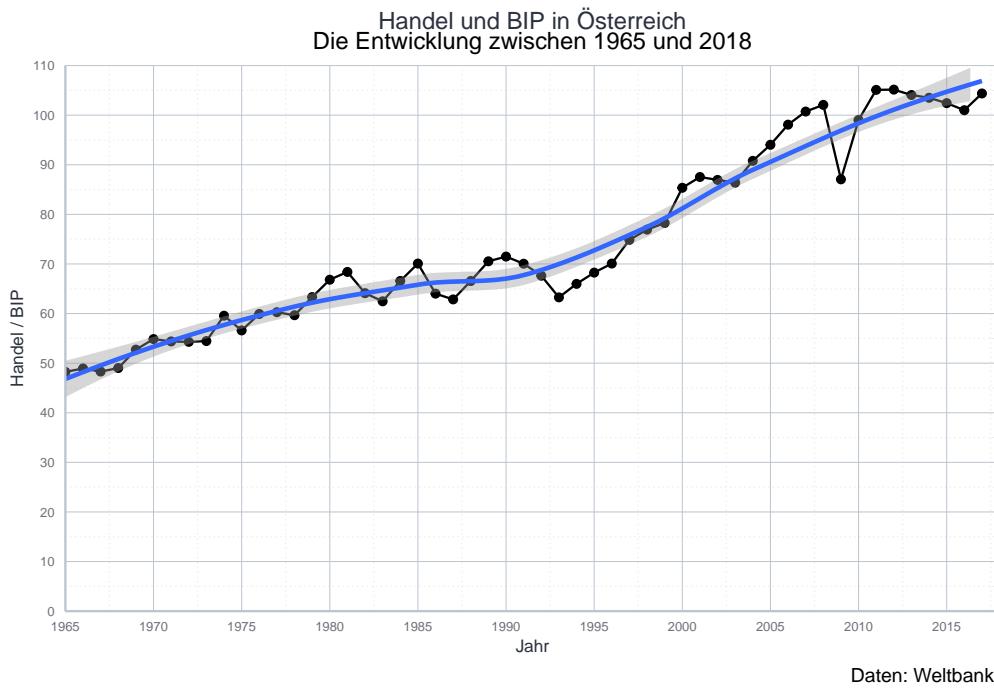
```
library(icaeDesign)
aut_trade_plot <- aut_trade_plot + theme_icae()
aut_trade_plot
```

¹⁰Eine gute Anleitung zu Erstellen eigener Themen finden Sie [hier](#).



Das ist nicht so schlecht, allerdings ist der Untertitel hässlich. Da ich selbst so gut wie nie Untertitel verwende ist das aktuell im Thema nicht berücksichtigt. Zum Glück können wir mit `ggplot2::theme()` auch nach einem benutzerdefinierten Theme noch weitere Modifikationen vornehmen. Da es sich beim Untertitel um Text handelt, verwenden wir die Funktion `ggplot2::element_text()`:

```
aut_trade_plot +  
  ggplot2::theme(plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5))
```



Dabei ist der Aufruf `icaeDesign::theme_icae()` eine Abkürzung für folgenden Aufruf von `ggplot2::theme()`. Sie müssen die Befehle nicht nachvollziehen, das ist nur zur Info:

```
ggplot2::theme_minimal() +  
  ggplot2::theme(  
    axis.line = element_line(
```

```

color = rgb(188, 197, 207, maxColorValue = 255),
linetype = "solid", size = 0.5
),
legend.position = "bottom",
legend.spacing.x = unit(0.2, "cm"),
legend.title = element_blank(),
plot.title = element_text(
  color = rgb(43, 49, 62, maxColorValue = 255),
  hjust = 0.5
),
axis.title = element_text(
  color = rgb(43, 49, 62, maxColorValue = 255),
  size = rel(0.75)
),
axis.text = element_text(
  color = rgb(110, 113, 123, maxColorValue = 255),
  size = rel(0.5)
),
panel.grid.major = element_line(
  rgb(188, 197, 207, maxColorValue = 255),
  linetype = "solid"),
panel.grid.minor = element_line(
  rgb(233, 234, 233, maxColorValue = 255),
  linetype = "dotted",
  size = rel(4)
),
strip.text = element_text(
  size = rel(0.9),
  colour = rgb(43, 49, 62, maxColorValue = 255),
  margin = margin(t = 1, r = 1, b = 1, l = 1, unit = "pt")
),
strip.text.x = element_text(
  margin = margin(t = 5, r = 1, b = 1, l = 1, unit = "pt"))
)

```

7. Schritt: Ihre Grafik abspeichern

Zum Schluss können wir noch unsere Grafik speichern. Das machen wir ganz einfach mit der Funktion `ggplot2::ggsave()`. Die wichtigsten Argumente sind `filename` (für Dateinamen und Speicherort), `plot` (für den zu speichernden Plot), `width` (für die Breite der Abbildung) und `height` (für die Höhe der Figur).¹¹

```
ggplot2::ggsave(filename = here::here("output/trade_ts.pdf"),
  plot = aut_trade_plot,
  width = 9,
  height = 6)
```

Achten Sie auf die Beibehaltung einer übersichtlichen Ordnerstruktur. Abbildungen sollten immer im Ordner `output` gespeichert werden!

Tipp: Das richtige Format Wenn nicht irgendwelche gewichtigen Gründe dagegen sprechen (z.B. dass Sie Ihre Grafik auf einer Website verwenden wollen) dann sollten Sie Ihre Grafik immer als PDF speichern. Da es sich dabei um eine `vektorbasierte Grafik` handelt bleiben Sie sehr flexibel was das spätere Vergrößern oder Verkleiner der Grafik angeht. Wenn Sie kein PDF verwenden können ist in der Regel PNG die erste Alternative.

¹¹Standardmäßig werden Breite und Höhe in Zoll angegeben. Mit der Funktion `unit()` aus dem Paket `units` (Pebesma et al., 2016) können Sie aber ganz einfach beliebige Einheiten verwenden, z.B. `width = unit(2, "cm")`. In der Praxis probieren Sie einfach herum bis Sie die richtige Kombination von Höhe und Breite gefunden haben. Für Abbildungen, die aus nur einem Plot bestehen ist `6:4` häufig ein guter Ausgangspunkt.

Zusammenfassung

Abschließend noch einmal der komplette Code für unsere Abbildung:

```
aut_trade_plot <- ggplot2::ggplot(
  data = aut_trade,
  mapping = aes(x = Jahr,
                 y = HandelGDP)
) +
  ggplot2::geom_line() +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_smooth() +
  ggplot2::scale_x_continuous(
    limits = c(1965, 2018),
    breaks = seq(1960, 2017, 5),
    expand = c(0, 0)
) +
  ggplot2::scale_y_continuous(
    name = "Handel / BIP",
    limits = c(0, 110),
    breaks = seq(0, 110, 10),
    expand = c(0, 0)
) +
  ggplot2::ggtitle(
    label = "Handel und BIP in Österreich",
    subtitle = "Die Entwicklung zwischen 1965 und 2018"
) +
  ggplot2::theme(
    panel.background = element_rect(fill = "white"),
    panel.grid.major = element_line(colour = "grey"),
    panel.grid.minor = element_blank(),
    axis.line = element_line(colour = "black"),
    axis.ticks = element_blank()
)

ggplot2::ggsave(filename = here::here("output/trade_ts.pdf"),
  plot = aut_trade_plot,
  width = 9,
  height = 6)
```

5.3 Arten von Datenvisualisierung

Es gibt viele verschiedene Arten wie Sie einen Datensatz visualisieren können. Bevor Sie sich für eine Art entscheiden müssen Sie sich immer fragen: "Welche Information möchte ich dem oder der Betrachter*in mit dieser Abbildung vermitteln?" Die Antwort auf diese Frage in Kombination mit den Daten, die Sie zur Verfügung haben bestimmt dann die adequate Darstellungsform. Abbildung 5.1 kann dabei als erste Inspiration dienen:

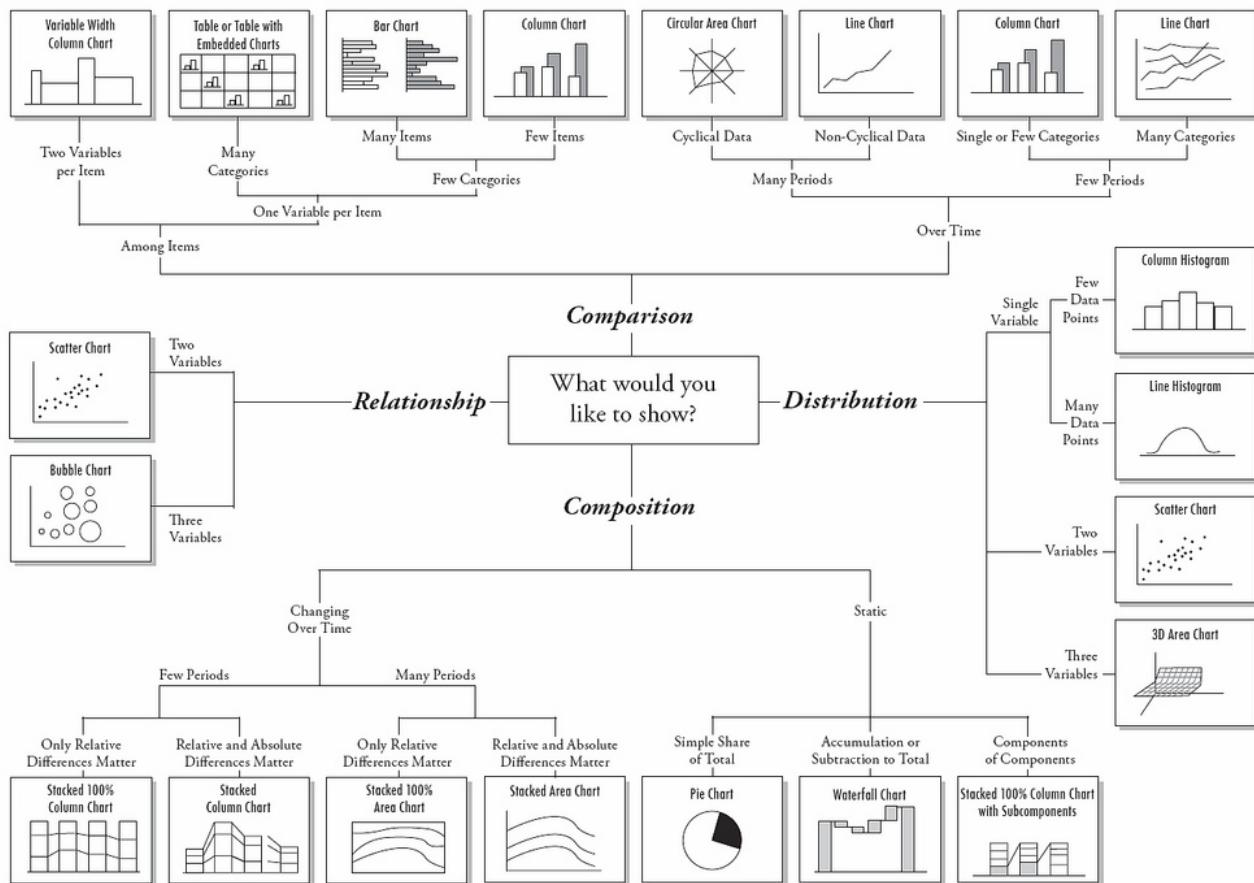
Im Folgenden werde ich Ihnen einige Beispiel-Implementierungen mit `ggplot2` präsentieren. Am Ende werden die verschiedenen Visualisierungsmöglichkeiten noch einmal kurz in einer Tabelle [zusammengefasst](#). Zuvor möchte ich Ihnen jedoch einige Hinweise dazu geben, wie Sie Grafiken grundsätzlich ein wenig ansprechender gestalten können.

5.3.1 Allgemeine Tipps zum Grafikdesign

Die folgenden Punkte sollten Sie beim Erstellen von Grafiken immer im Hinterkopf behalten:

- Entfernen Sie den Kasten um Ihre Abbildung, die normalen Achsen sind vollkommen ausreichend. Das geht über `ggplot2::theme()` mit `panel.border=element_blank()`. Dann sollten Sie allerdings die Achsen wieder mit `axis.line=element_line()` hinzufügen.

Chart Suggestions—A Thought-Starter



© 2006 A. Abela — a.v.abela@gmail.com

Figure 5.1: Mögliche Darstellungsformen. Quelle: <http://www.perceptualedge.com/blog/wp-content/uploads/2015/07/Abelas-Chart-Selection-Diagram.jpg>

- Überlegen Sie sich gut ob Sie eine Legende brauchen und wo sie möglichst platzsparend plaziert werden kann. Innerhalb von `ggplot2::theme()` geht das über das Argument `legend.position`, welches für Legenden außerhalb des Plots 'top', 'bottom', 'left' oder 'right', und für Legenden innerhalb des Plots die Koordinaten innerhalb des Plots mit `c(x, y)` akzeptiert.
- Vermeiden Sie ein zu enges Gitter für Ihren Plot, da dies für die Betrachter*innen schnell anstrengend wird.
- Überhaupt gilt in der Regel ‘Weniger ist mehr’. Wenn Sie sich also nicht sicher sind ob Sie ein bestimmtes Element in Ihrer Abbildung brauchen, lassen Sie es weg.
- Das gilt auch für kleinere Elemente wie die Ticks auf den Achsen, denen man häufig keine Beachtung schenkt, die aber unbewusst sehr störend sind. Sie werden mit `axis.ticks=element_blank()` eliminiert.
- Verwenden Sie keine Spezialeffekte wie 3d-Balken oder ähnliches.
- Verwenden Sie ein angenehmes Farbschema, häufig sind weniger aggressive Farben besser geeignet (wie z.B. durch das Paket `icaeDesign` bereit gestellt)
- Auch ist es häufig besser leicht transparente Farben zu verwenden.
- Wenn Sie in Ihren Labels LaTeX-Code verwenden bietet sich das Paket `latex2exp` an.

Wie Sie ja oben gesehen haben können Sie mit `ggplot2::theme()` quasi jeden Teil Ihrer Grafik ändern und die Vorschläge entsprechend einfach implementieren. Um hier Zeit zu sparen können Sie, wie oben bereits erwähnt, auch [vorgefertigte Themen](#) verwenden oder Ihr eigenes Thema schreiben und dann immer wiederverwenden.

Im Folgenden werden einige Beispiel-Visualisierungsformen kurz eingeführt, aber nicht im Detail diskutiert. Weitere Ideen und tiefergehende Diskussionen finden Sie z.B. auf der exzellenten Homepage von [Holtz and Healy \(2020\)](#).

5.3.2 Streu- oder Blasendiagramm

Besonders geeignet für: Zusammenhang von 2 - 3 verhältnis-skalierten Variablen.

Mögliche Probleme: Negative Werte können in der Größendimension nicht dargestellt werden.

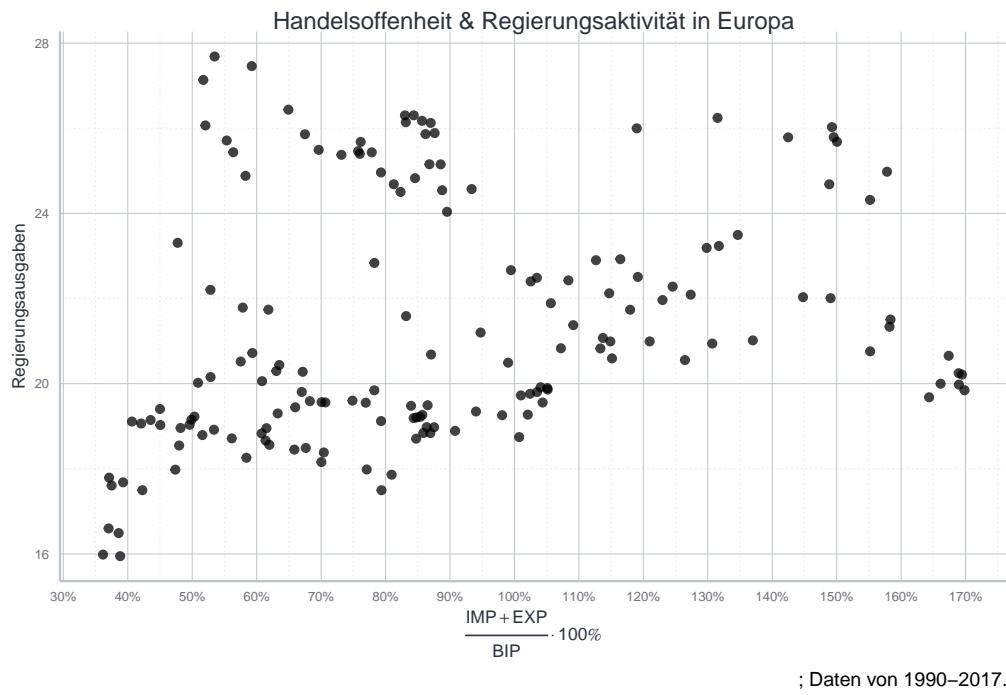
Beispiel 1: Zwei Variablen in einem Streudiagramm

Die dieser Abbildung zugrundeliegenden Daten beschreiben die Handelsoffenheit von Österreich über die Zeit:

```
head(offenheits_daten)
```

```
#>   year      Land trade_total_GDP gvnt_cons
#> 1: 1991 Österreich    70.04841 18.15780
#> 2: 1992 Österreich    67.63017 18.48991
#> 3: 1993 Österreich    63.26505 19.30042
#> 4: 1994 Österreich    65.98709 19.44437
#> 5: 1995 Österreich    68.25660 19.58966
#> 6: 1996 Österreich    70.08367 19.56574
```

```
streudiagramm <- ggplot2::ggplot(
  data = offenheits_daten,
  mapping = aes(x=trade_total_GDP,
                 y=gvnt_cons)
) +
  ggplot2::geom_point(alpha=0.75) +
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "Regierungsausgaben") +
  ggplot2::scale_x_continuous(name = TeX("$\\frac{IMP + EXP}{BIP} \\cdot 100 \\%$"),
                               breaks = seq(30, 180, 10),
                               labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1))
  +
  ggplot2::labs(
    title = "Handelsoffenheit & Regierungsaktivität in Europa",
    caption = "; Daten von 1990-2017."
  ) +
  icaeDesign::theme_icae()
streudiagramm
```



Mit dem Keyword `alpha` in `ggplot2::geom_point(alpha=0.75)` können Sie die Transparenz der Punkte kontrollieren. Gerade bei überlappenden Punkten, bzw. sehr dichten Punktewolken hilft das häufig, das Erscheinungsbild deutlich zu verbessern.

Beispiel 2: Vier Dimensionen in einem Blasendiagramm

```
head(ausgangsdaten)
```

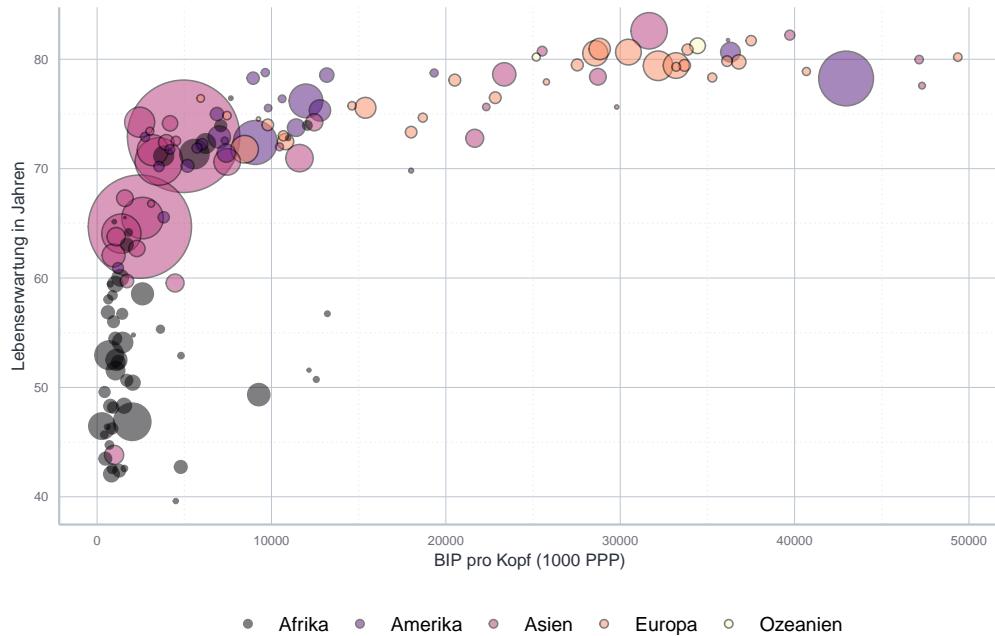
```
#> # A tibble: 6 x 5
#>   country      continent lifeExp      pop gdpPercap
#>   <fct>        <chr>     <dbl>     <int>    <dbl>
#> 1 China         Asien      73.0  1318683096    4959.
#> 2 India          Asien      64.7  1110396331    2452.
#> 3 United States Amerika    78.2  301139947    42952.
#> 4 Indonesia     Asien      70.6  223547000    3541.
#> 5 Brazil         Amerika    72.4  190010647    9066.
#> 6 Pakistan       Asien      65.5  169270617    2606.
```

```
bubble_plot <- ggplot2::ggplot(
  data = ausgangsdaten,
  mapping = aes(x = gdpPercap,
                 y = lifeExp,
                 size = pop,
                 fill = continent)
) +
  ggplot2::geom_point(
    alpha=0.5, shape=21, color="black"
  ) +
  ggplot2::scale_size(
    range = c(0.1, 24), name="Bevölkerung", guide = FALSE
  ) +
  viridis::scale_fill_viridis(
    discrete=TRUE, option="A"
  ) +
  ggplot2::scale_y_continuous(
    name = "Lebenserwartung in Jahren"
```

```

) +
ggplot2::scale_x_continuous(
  name = "BIP pro Kopf (1000 PPP)"
) +
ggplot2::labs(
  caption = "Hinweis: Größe der Blasen repräsentiert Bevölkerungsanzahl. Quelle: Gapminder."
) +
icaeDesign::theme_icae() +
ggplot2::theme(
  legend.position="bottom",
  plot.caption = element_text(hjust = 0)
)
bubble_plot

```



Hinweis: Größe der Blasen repräsentiert Bevölkerungsanzahl. Quelle: Gapminder.

5.3.3 Linienchart

Besonders geeignet für: Veränderungen weniger Variablen über die Zeit.

Die klassischen Liniengraphen haben Sie bereits häufiger kennen gelernt. Im folgenden wollen wir von mehreren Ländern über die Zeit den Durchschnitt berechnen und dann Mittelwert und Standardabweichung über die Zeit visualisieren. Zuerst aggregieren wir die Daten mit den im letzten Kapitel kennen gelernten Funktionen:

```
head(arbeitslosen_daten)
```

```

#>     year iso3c unemp_rate population_ameco      Gruppe
#> 1: 1995   AUT      4.2       7948.28 Kernländer
#> 2: 1996   AUT      4.7       7959.02 Kernländer
#> 3: 1997   AUT      4.7       7968.04 Kernländer
#> 4: 1998   AUT      4.7       7976.79 Kernländer
#> 5: 1999   AUT      4.2       7992.32 Kernländer
#> 6: 2000   AUT      3.9       8011.57 Kernländer

```

```

gewichtetete_daten <- arbeitslosen_daten %>%
  dplyr::group_by(year, Gruppe) %>%
  dplyr::mutate(population_group=sum(population_ameco)) %>%
  dplyr::ungroup() %>%

```

```
dplyr::mutate(pop_rel_group=population_ameco / population_group) %>%
dplyr::group_by(year, Gruppe) %>%
dplyr::summarise(
  unemp_rate_mean=weighted.mean(unemp_rate,
                                 pop_rel_group),
  unemp_rate_sd=sd(unemp_rate*pop_rel_group)
) %>%
dplyr::ungroup()

#> `summarise()` regrouping output by 'year' (override with `groups` argument)
head(gewichtete_daten)
```

```
#> # A tibble: 6 x 4
#>   year Gruppe      unemp_rate_mean unemp_rate_sd
#>   <dbl> <chr>          <dbl>        <dbl>
#> 1 1995 Kernländer      8.36        2.07
#> 2 1995 Peripherieländer 13.9        3.03
#> 3 1996 Kernländer      8.74        2.26
#> 4 1996 Peripherieländer 13.7        2.94
#> 5 1997 Kernländer      8.95        2.46
#> 6 1997 Peripherieländer 13.1        2.80
```

Nun erstellen wir den Plot. Die Markierung für die Standardabweichung fügen wir mit der Funktion `ggplot2::geom_ribbon()` ein, der wir mit `ymin` und `ymax` jeweils das obere und untere Ende der einzufärbenden Region als Argument übergeben. Da wir bereits eine Legende für den Mittelwert haben deaktivieren wir die Legende für die Markierung mit dem Argument `show.legend=FALSE`.

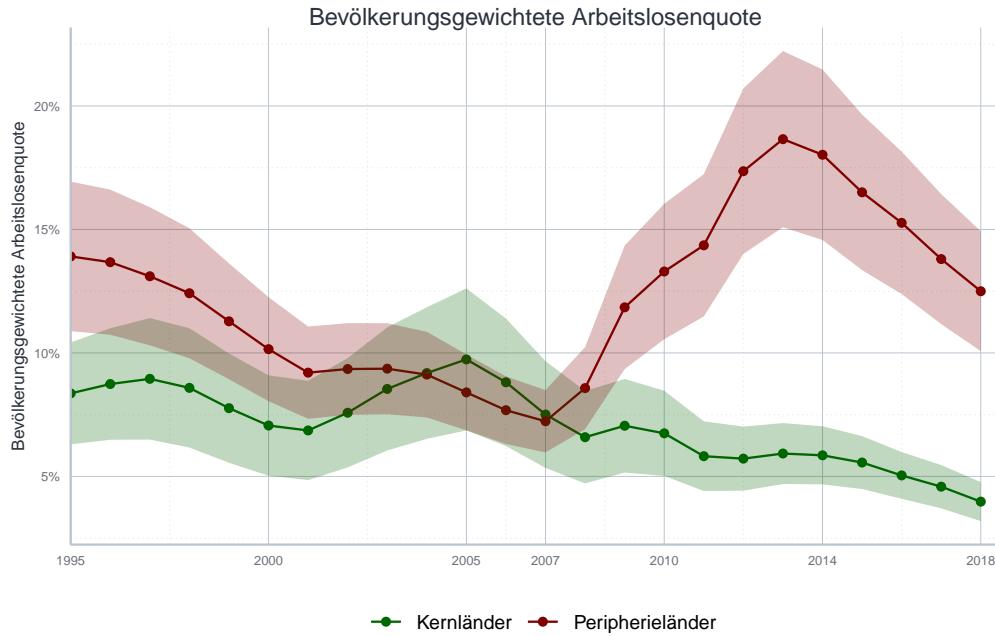
```
x_axis_breaks <- c(1995, 2000, 2005, 2007, 2010, 2014, 2018)

arbeitslosen_plot <- ggplot2::ggplot(
  data = gewichtete_daten,
  mapping = aes(x=year,
                 y=unemp_rate_mean,
                 color=Gruppe)
) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_line() +
  ggplot2::geom_ribbon(
    aes(ymin=unemp_rate_mean-unemp_rate_sd,
        ymax=unemp_rate_mean+unemp_rate_sd,
        linetype=NA, fill=Gruppe),
    alpha=0.25,
    show.legend = FALSE) +
  ggplot2::ylab("Bevölkerungsgewichtete Arbeitslosenquote") +
  icaeDesign::scale_color_icae(
    palette = "mixed",
    aesthetics=c("color", "fill"))
) +
  ggplot2::labs(
    title = "Bevölkerungsgewichtete Arbeitslosenquote",
    caption = "Quelle: Gräbner et al. (2019, CJE)"
) +
  ggplot2::scale_x_continuous(
    breaks=x_axis_breaks,
    expand = expansion(
      mult = c(0, 0), add = c(0, 0.5)
    )
```

```

) +
ggplot2::scale_y_continuous(
  labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
) +
icaeDesign::theme_icae() +
ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank())
arbeitslosen_plot

```



Quelle: Gräßner et al. (2019, CJE)

Die Grafik stammt aus Gräßner et al. (2020). Bei den Kernländern handelt es sich um Österreich, Belgien, Finnland, Luxemburg, Deutschland und Holland. Die Peripherieländer sind Griechenland, Irland, Italien, Portugal und Spanien.

5.3.4 Histogramme und Dichteplots

Besonders geeignet für: Verteilung einer Variable.

Mögliche Probleme: Die Breite der Balken hat in der Regel einen großen Einfluss auf das Erscheinungsbild und die Botschaft der Grafik. Die Entscheidung ist nicht einfach und es gibt mehrere Heuristiken.

Hinweis: Wenn Sie extrem viele Datenpunkte haben können Sie die Daten als stetig interpretieren und gleich eine Wahrscheinlichkeitsdichte auf Basis Ihrer Daten berechnen. Dann sparen Sie sich das Problem der Balkenbreite.

Beispiel 1: Einfaches Histogramm

```
head(histogram_daten)
```

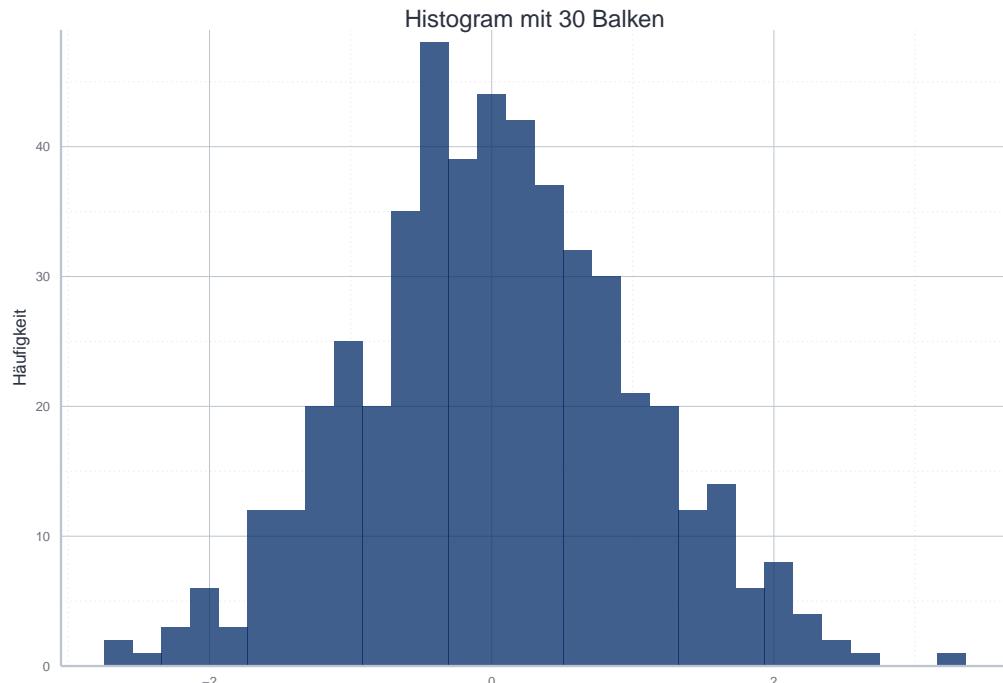
```

#>           x
#> 1 -0.56047565
#> 2 -0.23017749
#> 3  1.55870831
#> 4  0.07050839
#> 5  0.12928774
#> 6  1.71506499

ggplot2::ggplot(data = histogram_daten,
  mapping = aes(x=x)) +
  ggplot2::geom_histogram(alpha=0.75, color=NA, fill="#002966") +

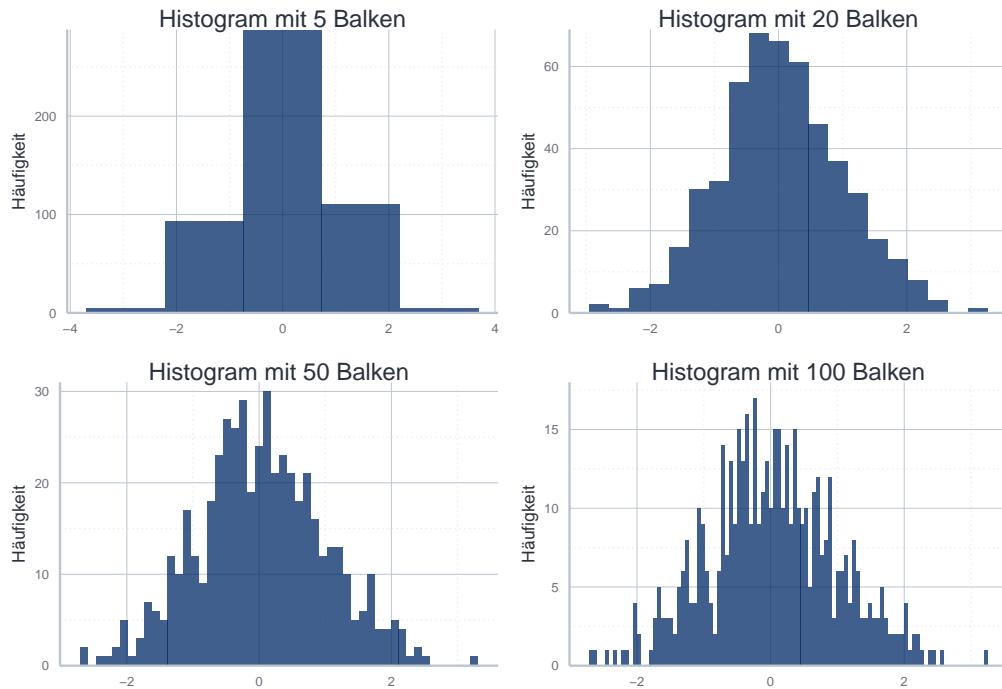
```

```
ggplot2::scale_y_continuous(name = "Häufigkeit",
                            expand = expansion(c(0, 0), c(0, 1))) +
ggplot2::ggtitle("Histogram mit 30 Balken") +
icaeDesign::theme_icae() +
ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank())
```



Im Folgenden sehen Sie auch den großen Effekt unterschiedlicher Balkendicken:

```
bin_size <- c(5, 20, 50, 100)
hist_list <- list()
for (i in 1:length(bin_size)){
  hist_list[[i]] <- ggplot2::ggplot(data = histogram_daten,
    mapping = aes(x=x)) +
  ggplot2::geom_histogram(alpha=0.75, color=NA, fill="#002966", bins = bin_size[i]) +
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "Häufigkeit",
                            expand = expansion(c(0, 0), c(0, 1))) +
  ggplot2::ggtitle(paste0("Histogram mit ", bin_size[i], " Balken")) +
  icaeDesign::theme_icae() +
  ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank())
}
ggpubr::ggarrange(plotlist = hist_list, ncol = 2, nrow = 2)
```



Beispiel 2: DichteVerteilung von Exportkörben

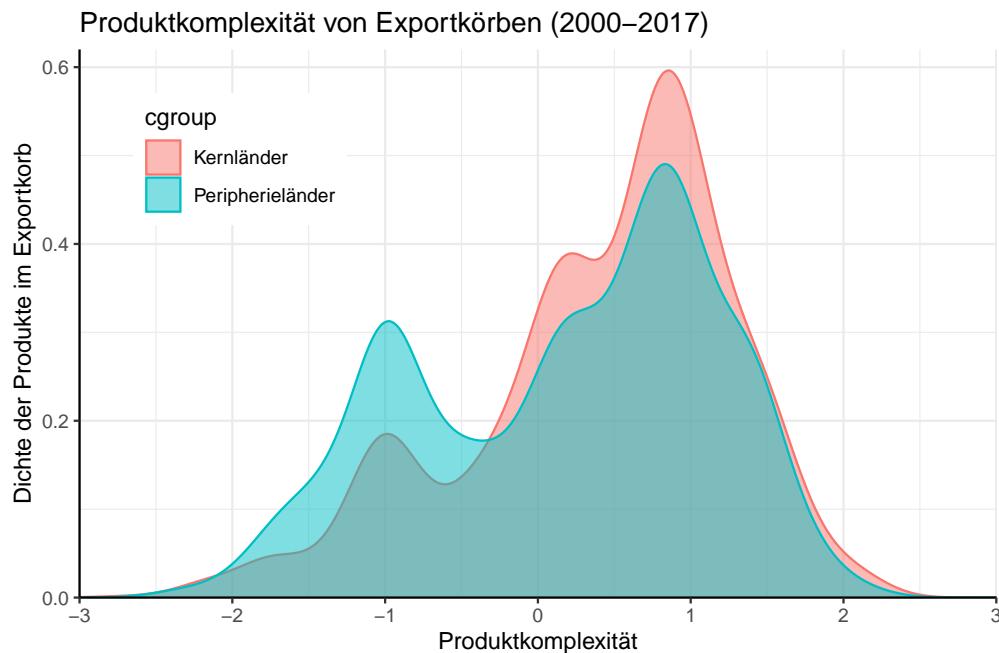
Diese Daten beschreiben die Zusammensetzung der Exportkörbe von Deutschland, Finnland und China bezüglich ihrer ökonomischen Komplexität:

```
#>           cgroup commoditycode      pci   exp_share
#> 1: Kernländer          0101 0.06424262 0.0001312370
#> 2: Peripherieländer    0101 0.06424262 0.0004639794
#> 3: Kernländer          0102 -0.49254290 0.0005162508
#> 4: Peripherieländer    0102 -0.49254290 0.0003700469
#> 5: Kernländer          0103 0.51082386 0.0005324995
#> 6: Peripherieländer    0103 0.51082386 0.0004082251
```

Aufgrund der großen Datenmenge kann die Verteilung der Exporte hier direkt über die Dichte dargestellt werden. Hierzu wird die Funktion `ggplot2::geom_density()` verwendet. Um die Güter nach ihrem tatsächlichen Exportwert zu gewichten verwenden wir die Ästhetik `weight`:

```
ggplot2::ggplot(data = exportzusammensetzung,
  mapping = aes(
    x=pci,
    color=cgroup,
    fill=cgroup)
  ) +
  ggplot2::geom_density(
    mapping = aes(weight=exp_share),
    alpha=0.5
  ) +
  ggplot2::labs(
    title = "Produktkomplexität von Exportkörben (2000-2017)",
    caption = "Quelle: Gräßner et al. (2020, CJE)"
  ) +
  ggplot2::ylab("Dichte der Produkte im Exportkorb") +
  ggplot2::xlab("Produktkomplexität") +
  ggplot2::scale_y_continuous(limits = c(0, 0.62), expand = c(0, 0)) +
  ggplot2::scale_x_continuous(limits = c(-3, 3), expand = c(0, 0)) +
  ggplot2::theme_bw() +
```

```
ggplot2::theme(legend.position = c(0.175, 0.8),
  panel.border = element_blank(),
  axis.line = element_line())
```



Quelle: Gräßner et al. (2020, CJE)

Auch diese Abbildung stammt ursprünglich aus Gräßner et al. (2020).

5.3.5 Balkendiagramme

Besonders geeignet für: Vergleich der Ausprägung der gleichen Variable in mehreren Gruppen.

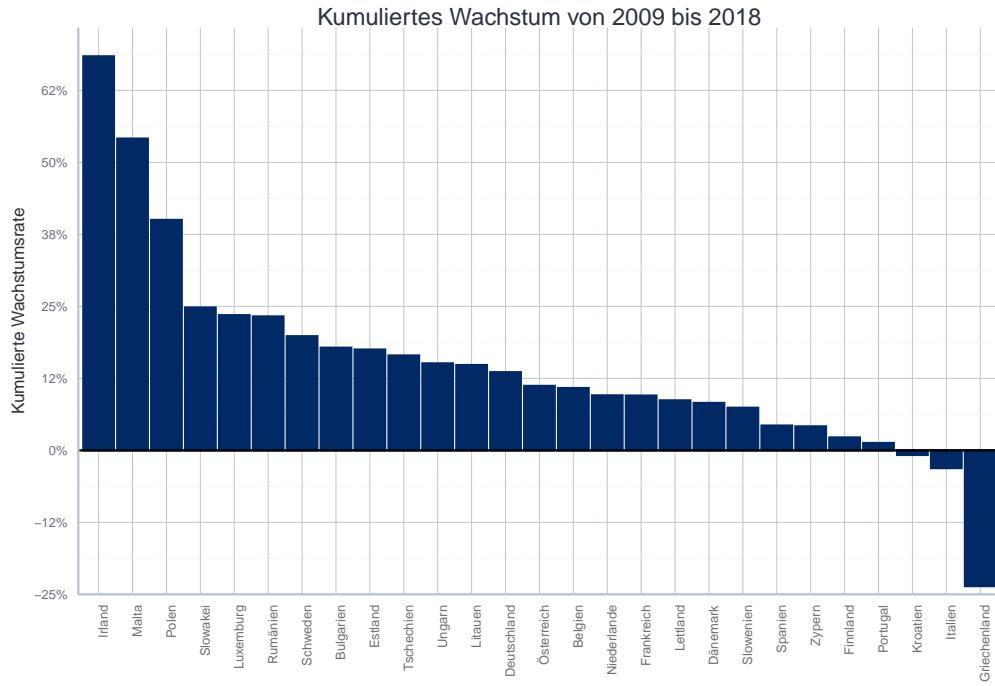
Balkendiagramme sind auf den ersten Blick sehr ähnlich zu Histogrammen, sie geben jedoch nicht notwendigerweise Häufigkeiten an. Sie können häufig als Substitut für die zu vermeidenden **Kuchendiagramme** verwendet werden.

Beispiel: Balkendiagramm für kumulierte Wachstumsraten in mehreren Ländern

Eine häufige Herausforderung ist es, die Balken nach Größe zu sortieren. Das geht mit der Funktion `reorder()`, die sie innerhalb der Funktion `aes()` anwenden:

```
cum_growth_countries_full <- ggplot2::ggplot(
  data = daten_cum_growth) +
  ggplot2::geom_bar(
    aes(x=reorder(Land, -Wachstum.Land.kum),
        y=Wachstum.Land.kum),
    color="#002966", fill="#002966",
    stat = "identity"
  ) +
  ggplot2::ylab("Kumulierte Wachstumsrate") +
  ggplot2::ggtitle("Kumulierte Wachstum von 2009 bis 2018") +
  ggplot2::geom_hline(yintercept = 0) +
  ggplot2::scale_y_continuous(
    limits = c(-25, max(daten_cum_growth$Wachstum.Land.kum) + 5),
    breaks = seq(-25, max(daten_cum_growth$Wachstum.Land.kum) + 5,
                by=12.5),
    expand = c(0, 0),
    labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
  ) +
```

```
icaeDesign::theme_icae() +
ggplot2::theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1),
  axis.title.x = element_blank(),
  legend.position = "none")
cum_growth_countries_full
```



Die Abbildung stammt aus [Kapeller et al. \(2019\)](#), einer Studie, die sich mit Polarisierungstendenzen in Europa und möglichen Gegenmaßnahmen auseinandersetzt.

5.3.6 Kuchendiagramme

A table is nearly always better than a dumb pie chart; the only worse design than a pie chart is several of them, for then the viewer is asked to compare quantities located in spatial disarray both within and between charts [...] Given their low density and failure to order numbers along a visual dimension, pie charts should never be used.

— Edward Tufte

Es gibt keine kontraproduktiveren Abbildungen als Kuchendiagramme. Entsprechend sollten Sie diese auch **nie** verwenden. Es gibt für jeden möglichen Anwendungsfall mit Sicherheit bessere Alternativen.

Warum Kuchendiagramme so grausig sind können Sie [hier](#), [hier](#), [hier](#) oder [hier](#) nachlesen.

5.3.7 Zusammenfassung

Tabelle 5.1 fasst die hier diskutierten Visualisierungsmöglichkeiten noch einmal kurz zusammen.

Table 5.1: Visualisierungsmöglichkeiten in R.

Art	Anwendungsbereich	Relevante Funktion aus ggplot2
Balkendiagramm	Vergleich von Werten	geom_bar()
Linienchart	Dynamiken	geom_line(), geom_ribbon()
Histogramm	Verteilungen weniger Variablen	geom_bar(), geom_hist(), geom_density()
Streu- und Blasendiagramm	Zusammenhänge zwischen 2-4 variablen	geom_point()
Kuchendiagramm	Nichts	Keine

5.4 Beispiele aus der Praxis und fortgeschrittene Themen

Die folgenden Arbeitsschritte tauchen in der Praxis sehr häufig auf und werden deshalb in etwas größerem Detail besprochen.

5.4.1 Regressionsgerade

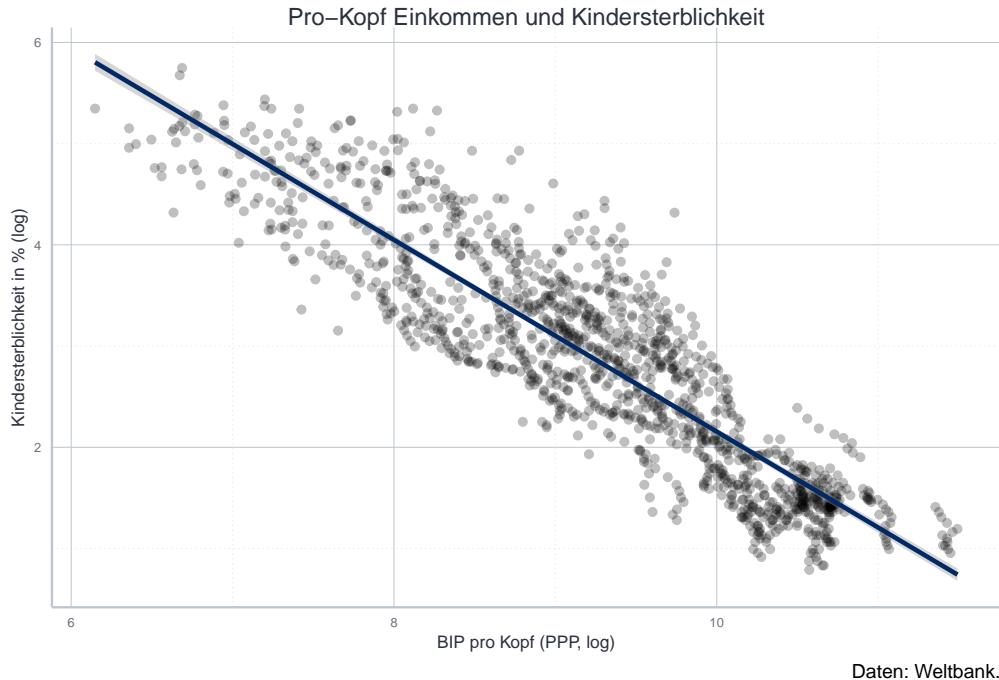
In diesem Unterabschnitt werden einige Themen aus Kapitel 10 zum Thema Regressionsanalyse vorausgesetzt. Falls Sie noch nichts von linearen Regressionen gehört haben können Sie diesen Abschnitt einfach überspringen.

Oftmals möchten wir die Ergebnisse einer Regression in den Daten abbilden. Im einfachsten Falle soll es nur die aus einer linearen Regression resultierenden Gerade sein. Das können wir dann ganz einfach als eigenen Layer mit der Funktion `ggplot2::geom_smooth(method="lm")` hinzufügen. Mit den weiteren Argumenten können wir z.B. die Farbe der Linie (`color=black`) oder die Standardfehler um die Linie deaktivieren (`se=FALSE`):

```
mort_rate_plot <- ggplot2::ggplot(data = development_data,
  mapping = aes(x=log(GDP_PPPpc),
    y=log(MORTRATE))
) +
  ggplot2::geom_point(alpha=0.25) +
  ggplot2::labs(
    title = "Pro-Kopf Einkommen und Kindersterblichkeit",
    caption = "Daten: Weltbank."
) +
  ggplot2::xlab("BIP pro Kopf (PPP, log)") +
  ggplot2::ylab("Kindersterblichkeit in % (log)") +
  icaeDesign::theme_icae()

mort_rate_plot + ggplot2::geom_smooth(method = "lm",
  color="#002966",
  se = TRUE)

#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



Alternativ kann die Gerade auch mit Hilfe der Funktion `ggplot2::geom_abline()` eingezeichnet werden. Dazu müssen wir Regression vorher aber explizit mit `lm()` durchführen:

```

lm_obj <- lm(log(MORTRATE) ~ log(GDP_PPPpc),
              data = development_data)
summary(lm_obj)

#>
#> Call:
#> lm(formula = log(MORTRATE) ~ log(GDP_PPPpc), data = development_data)
#>
#> Residuals:
#>    Min      1Q  Median      3Q     Max
#> -1.23149 -0.38749 -0.04103  0.35433  1.91519
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 11.62670   0.12008  96.83  <2e-16 ***
#> log(GDP_PPPpc) -0.94723   0.01287 -73.62  <2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 0.5012 on 1363 degrees of freedom
#> Multiple R-squared:  0.799, Adjusted R-squared:  0.7989
#> F-statistic:  5420 on 1 and 1363 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

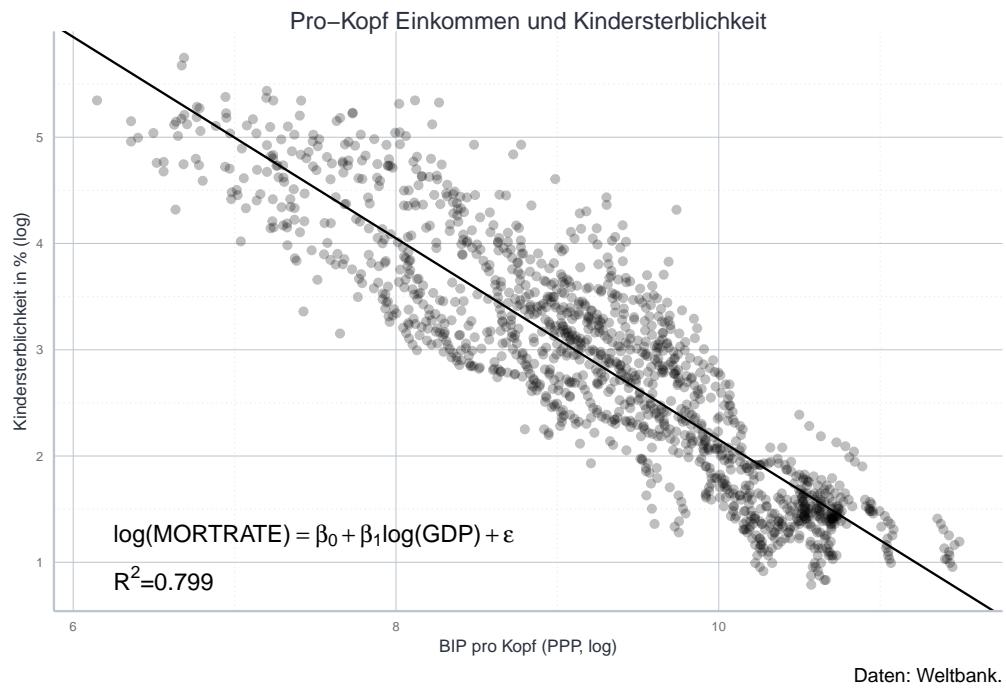
Häufig möchten wir auch noch die Regressionsgleichung im Plot abbilden, und eventuell Kennzahlen der Regression, wie das R^2 hinzufügen. Das können wir mit der Funktion `ggplot2::annotate()` machen. Als erstes Argument müssen wir mit `geom` die Art der Anmerkung spezifizieren (in diesem Falle: `geom="text"`). Danach werden über `x` und `y` die Koordinaten angegeben. Über `label` wird dann der eigentliche Text angegeben, der über `hjust` wie oben beschrieben noch formatiert werden kann.

Da eine Regressionsgleichung in der Regel leichter in LaTeX zu schreiben ist, empfiehlt sich hier die Verwendung der Funktion `TeX()` aus dem Paket `tex2exp` (Meschiari, 2015). Hier können wir quasi normalen LaTeX-Code verwenden, müssen aber das häufig verwendete \ als \\ schreiben, damit es als \ interpretiert wird:

```

reg_eq <- "$\\log(MORTRATE) = \\beta_0 + \\beta_1 \\log(GDP) + \\epsilon$"
rsq <- paste0("$R^2=", round(summary(lm_obj)[["r.squared"]], 3), "$")
mort_rate_plot_marked <- mort_rate_plot +
  ggplot2::geom_abline(
    intercept = lm_obj[["coefficients"]][1],
    slope = lm_obj[["coefficients"]][2]) +
  ggplot2::annotate(geom = "text",
    x = 6.25,
    y = 1.25, hjust = 0,
    label = TeX(reg_eq)) +
  ggplot2::annotate(geom = "text",
    x = 6.25,
    y = 0.85, hjust = 0,
    label = TeX(rsq))
mort_rate_plot_marked

```



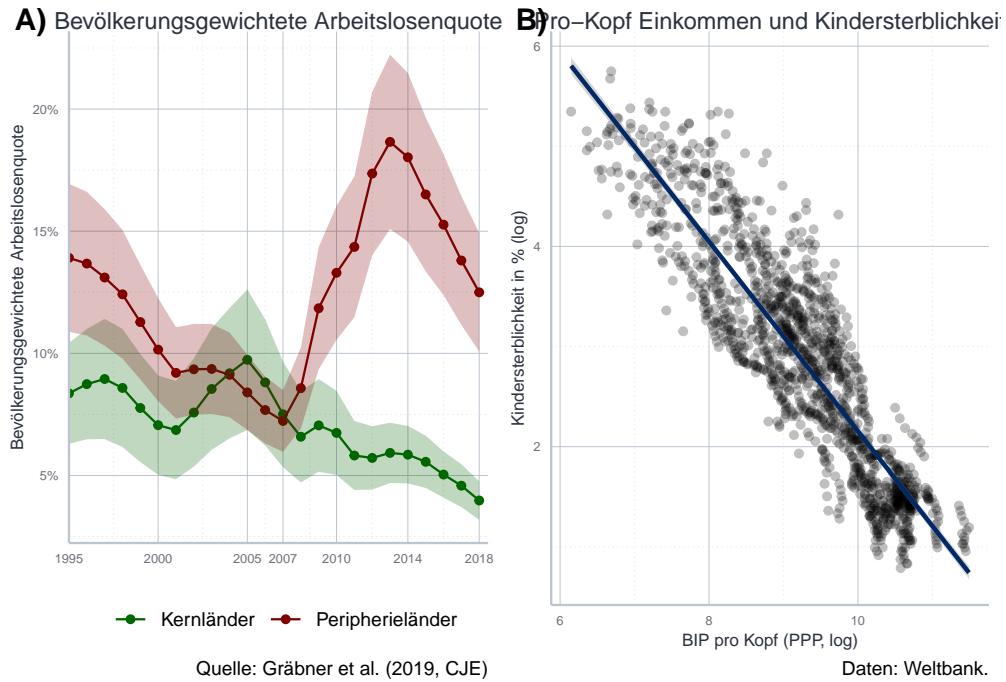
5.4.2 Mehrere Plots in einer Abbildung

Sehr häufig möchten wir in einer Grafik mehrere Plots unterbringen. Das ist mit dem Paket `ggpubr` (Kassambara, 2019) leicht zu machen. Dieses Paket bietet zahlreiche Gestaltungsmöglichkeiten. Für mehrere Plots ist die Funktion `ggpubr::ggarrange()` das Richtige. Sie akzeptiert zunächst einmal eine beliebige Anzahl an `ggplot2`-Objekten (oder eine Liste solcher Objekte über das Argument `plotlist`). Danach können noch einige optionale Argumente verwendet werden.

Die Argumente `ncol` bzw. `nrow` spezifizieren die Anzahl der Plots in einer Reihe, bzw. einer Spalte. Mit `labels` können Sie Anmerkungen wie 'a)', 'b)' hinzufügen und mit `font.label` die Schriftgröße und -art bestimmen. Mit `common.legend` können Sie angeben ob die Plots eine gemeinsame Legende haben sollen, oder in jedem Plot die plot-spezifische Legende abgebildet werden soll. Die Position der Legenden kann darüber hinaus über das Argument `legend` mit `top`, `bottom`, `left` oder `right` spezifiziert werden:

```
ggpubr::ggarrange(arbeitslosen_plot,
                  mort_rate_plot+ggplot2::geom_smooth(color="#002966", method = "lm"),
                  ncol = 2,
                  labels = c("A)", "B")),
                  font.label = list(face="bold"))
```

```
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



5.4.3 Mehr zu den Skalen: `ggplot2::expansion()` und Skalentransformation

Häufig möchten Sie Ihre Skalen transformieren.

Bei eigentlich jedem Plot stehen Sie vor der Frage wie Sie mit den hässlichen Rändern umgehen, die `ggplot2::ggplot` standardmäßig an beide Enden der Achsen hinzufügt. Wir haben oben zwar bereits gelernt, dass wir diese Ränder mit `expand=c(0, 0)` innerhalb der Funktion `ggplot2::scale_*_continuous()` abschalten können, aber manchmal wollen wir das nur an einer Seite machen. In diesem Fall können wir die Hilfsfunktion `ggplot2::expansion()` verwenden. Sie akzeptiert zwei Argumente, `mult` und `add`, die wie oben beschrieben funktionieren. Entsprechend sind die folgenden beiden Aufrufe äquivalent:

```
ggplot2::scale_y_continuous(expand = c(0, 0))
ggplot2::scale_y_continuous(expand = expansion(mult = 0, add = 0))
```

Allerdings kann `ggplot2::expansion()` auch jeweils einen Vektor mit zwei Elementen verarbeiten, wobei dann die erste Zahl für den unteren und die zweite für den oberen Rand steht:

```
ggplot2::scale_y_continuous(expand = expansion(mult = c(0, 0), add = c(0, 2)))
```

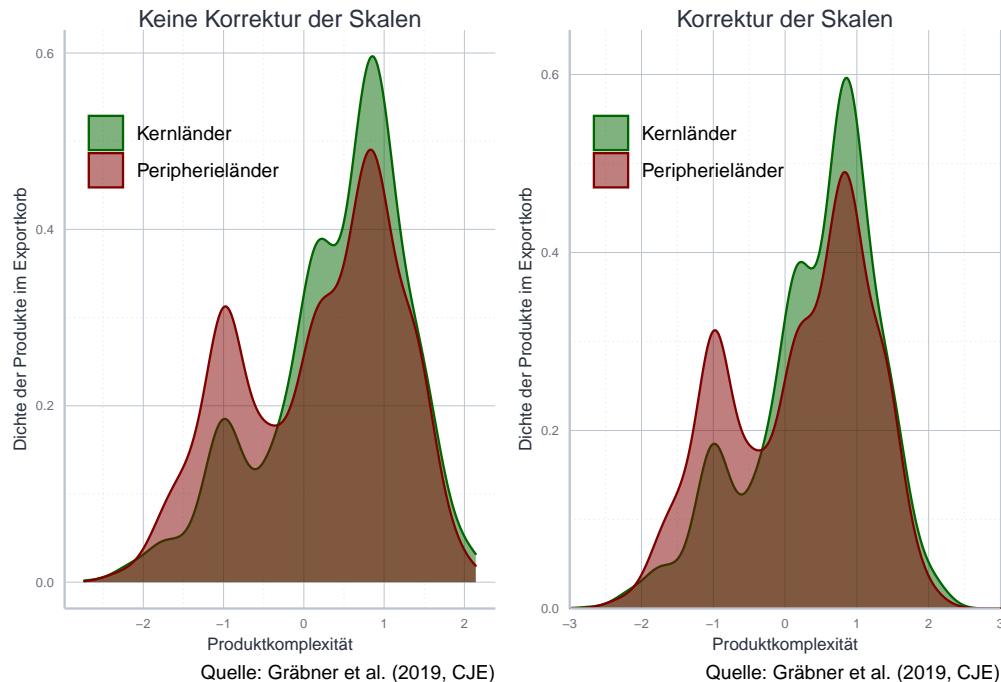
Letzterer Code verändert die y-Achse nur in der Länge. Das ist nützlich, wenn wir um den Nullpunkt keinen, aber nach außen einen kleinen Rand haben wollen und wir häufig bei Histogrammen benutzt:

```
dichte_1 <- ggplot2::ggplot(
  data = exportzusammensetzung,
  mapping = aes(
    x=pci,
    color=cgroup,
    fill=cgroup)
) +
  ggplot2::geom_density(
    mapping = aes(weight=exp_share),
    alpha=0.5
  ) +
  ggplot2::labs(
    title = "Keine Korrektur der Skalen",
    caption = "Quelle: Gräbner et al. (2019, CJE)"
  )
```

```
ggplot2::ylab("Dichte der Produkte im Exportkorb") +
  ggplot2::xlab("Produktkomplexität") +
  icaeDesign::scale_color_icae(palette = "mixed",
                               aesthetics = c("color", "fill")) +
  icaeDesign::theme_icae() +
  ggplot2::theme(legend.position = c(0.275, 0.8))

dichte_2 <- dichte_1 +
  ggplot2::ggtitle("Korrektur der Skalen") +
  ggplot2::scale_y_continuous(limits = c(0, 0.6),
                             expand = expansion(mult = c(0, 0),
                                                 add = c(0, 0.05))) +
  ggplot2::scale_x_continuous(limits = c(-3, 3),
                             expand = expansion(mult = c(0, 0),
                                                 add = c(0, 0)))

ggpubr::ggarrange(dichte_1, dichte_2, ncol = 2)
```



Auch werden Sie häufig die Labels auf Ihren Achsen ändern wollen. Gerade die Transformation hin zu Prozentwerten ist aber nicht immer ganz trivial. Am besten verwenden Sie die Funktion `percent_format()` aus dem Paket `scales` (Wickham, 2018) um das entsprechende Argument `labels` in `ggplot2::scale_*_continuous()` zu spezifizieren.

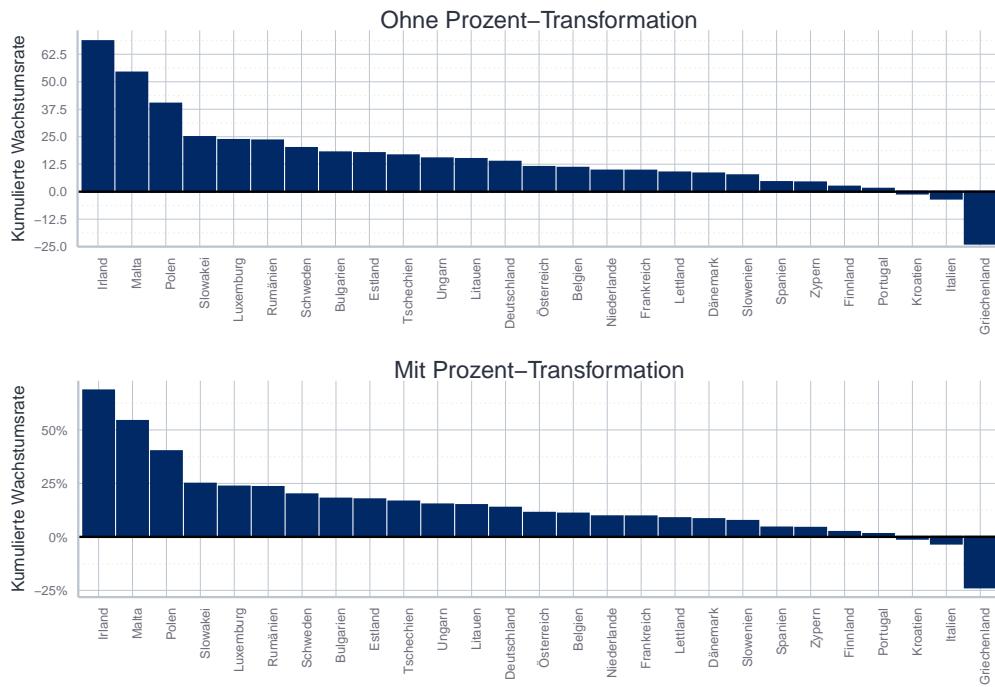
Die Funktion bedarf zweier Argumente `accuracy` und `scale`. Das Argument `accuracy` bezeichnet die Dezimalstelle auf die gerundet werden soll. Dies ist ein Einfallstor für viele Fehler, da die Funktion keine Fehler ausgibt wenn irreführende Werte angegeben werden. Vergleichen Sie immer die Skala vor und nach der Transformation um sicher zu gehen, dass sich keine Fehler eingeschlichen haben!

Das Argument `scale` bezeichnet die Skala in den Daten, also ob die Daten bereits in Prozent angegeben sind (in dem Falle wäre `scale=100`), oder ob der Wert 1 zu 100% korrespondiert (in diesem Falle wäre `scale=1`). Auch hier sollten Sie immer die Ache vor und nach der Transformation vergleichen.

Im Folgenden sehen sie ein Anwendungsbeispiel:

```
cum_growth_countries_full_percent <- cum_growth_countries_full +
  ggplot2::scale_y_continuous(
    labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1))
```

```
)  
  
ggpubr::ggarrange(cum_growth_countries_full + ggplot2::ggttitle("Ohne Prozent-Transformation"),  
                  cum_growth_countries_full_percent + ggplot2::ggttitle("Mit Prozent-Transformation"),  
                  nrow = 2  
)
```



Die weiteren Argumente sind relativ selbsterklärend und werden in der Regel nicht verwendet. Sie sind ähnlich zu den weiteren Formatierungsfunktionen in dem Paket. Überhaupt bietet das Paket `scales` noch viele weitere Hilfsfunktionen an. Wenn Sie Probleme mit Skalierungen haben lohnt sich ein Blick auf die Paket-Homepage.

5.4.4 Mehr zur Farbauswahl

Wie Sie bereits bemerkt haben können Sie in Ihren Abbildungen eine Vielzahl an Farben verwenden. Einen Überblick über alle in R definierten Farben finden Sie dabei leicht im Internet. Besonders attraktiv ist es jedoch, Farben durch ihren HEX Code anzugeben. Durch Angabe des HEX Codes können Sie quasi jede beliebige Farbe in R verwenden. Am einfachsten ist es, im Internet einen *Color Picker* zu verwenden und sich den HEX Code ausgeben zu lassen und diesen dann in R zu verwenden. Einen empfehlenswerten *Color Picker* finden Sie z.B. unter https://www.w3schools.com/colors/colors_picker.asp.

Wenn Sie mehrere Farben verwenden wollen, die gut zueinander passen empfiehlt sich die Verwendung einer Farbpalette. Dabei handelt es sich um eine ‘Sammlung’ von zueinander passenden Farben. Es zahlreiche vordefinierte Paletten im Internet und alle funktionieren ähnlich. Eine sehr bekannte und nützliche Palette ist die so genannte *Viridis*-Palette von Stefan van der Walt und Nathaniel Smith. In der Grundversion schaut sie folgendermaßen aus:



Wenn Sie die Farben Ihrer Ästhetiken gemäß der *Viridis*-Palette verwenden wollen geht dies durch vordefinierte Funktionen. Für Füllfarben gibt es z.B. die Funktion `scale_fill_viridis()` und für Linienfarben `scale_color_viridis()`. Das gleiche Schema funktioniert aber auch für die meisten anderen Paletten, die Sie im Internet finden können.

Sie können sich auch HEX-Farbcodes direkt ausgeben lassen. Für den Fall von *Viridis* geht das über die Funktion `viridis::viridis()`. Das einzige notwendige Argument ist `n`. Es spezifiziert die Anzahl der HEX-Codes.

```
viridis::viridis(n = 3) # Drei Farben aus der Viridis-Palette
```

```
#> [1] "#440154FF" "#21908CFF" "#FDE725FF"
```

Darüber hinaus können Sie noch die Transparenz (`alpha`), den Ausschnitt der Palette (`begin` und `end`) und die Richtung der Palette (`direction`) spezifizieren. Mit der Richtung ist gemeint, dass normalerweise eine Palette die Farben von Dunkel nach Hell sortiert, diese Richtung aber natürlich auch umgedreht werden kann. Im folgenden Beispiel sind die Farben zu 50 Prozent transparent und es wird nur die Mitte der Palette verwendet. Zudem wird die Richtung der Palette umgedreht, also die Farben von Hell nach Dunkel sortiert:

```
viridis::viridis(n = 3, begin = 0.25, end = 0.5, direction = -1)
```

```
#> [1] "#21908cff" "#2c728eff" "#3b528bff"
```

Gerade was die Wahl von Farben angeht empfiehlt sich das weitere Selbststudium und Ausprobieren anhand von Visualisierungsanleitungen und Blogs im Internet.

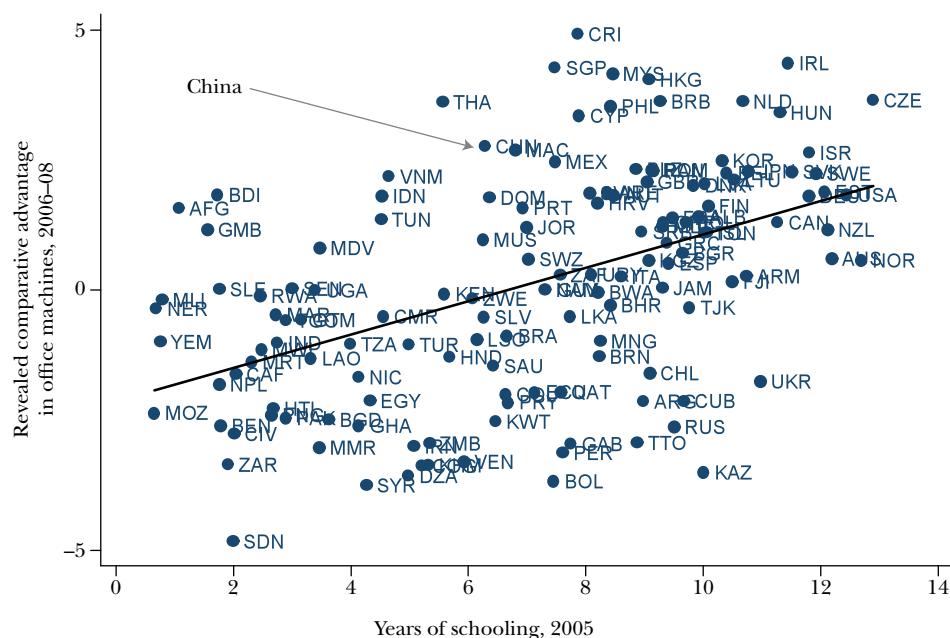
5.5 Typische Fehler in der Datenvisualisierung vermeiden

Hier implementieren wir einige der Beispiele aus Schwabish (2014). Eine wunderbare Seite mit typischen Visualisierungsfehlern und wie Sie sie vermeiden können finden Sie [hier](#).

5.5.1 Clutterplots und ihre Transformation zum beschrifteten Streudiagramm

Schauen wir zunächst auf die folgende Abbildung 5.2 aus Hanson (2012, S. 55):

Figure 4
Education and Exports of Office Machines



Source: Author's calculations using (World Bank) World Development Indicators and UN Comtrade.

Notes: Figure 4 plots countries' revealed comparative advantage in office machines—Standard International Trade Classification (SITC) industry 75—averaged over 2006 to 2008, against the average years of schooling of the adult population in 2005. Revealed comparative advantage in computers is defined as the log ratio of a country's share of world exports of SITC 75 to its share of world exports of all merchandise. The countries are indicated by their World Bank abbreviations.

Figure 5.2: Abbildung nach Hanson, 2012

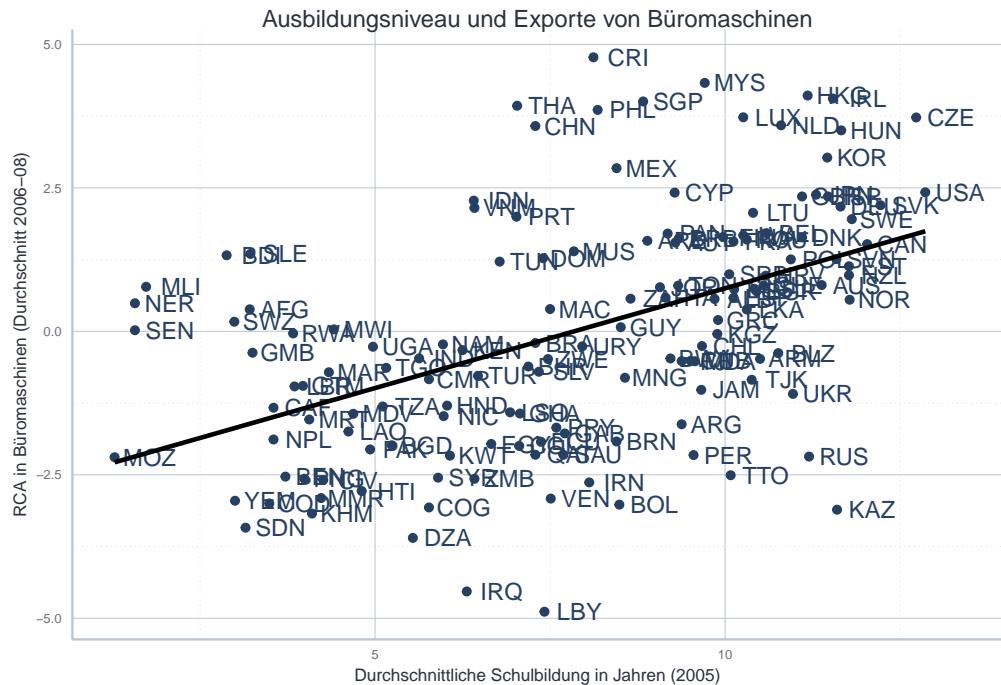
Da sich der Autor zusätzlich nicht erbarmt hat seinen Datensatz zu publizieren, müssen wir auch noch die der Abbildung zugrundeliegenden Daten selbst beschaffen - in diesen Momenten merken Sie wie wichtig es ist, zu jeder Publikation die Daten und den Code für die Abbildungen mit zu veröffentlichen. Zwar wurden die Datenquellen

einigermaßen dokumentiert,¹² da es aber leider nicht vollständig nachzuvollziehen ist auf welchen Weltbankdatensatz er sich mit ‘Average years of schooling of the adult population’ bezieht und die genaue Quelle für die Exportdaten auch nicht genannt wurde¹³ finden sich in der Replikation natürlich kleinere Abweichungen:

Zunächst replizieren wir das originale visuelle Verbrechen:

```
ggplot2::ggplot(data = hanson_data,
  mapping = aes(x=schooling, y=rca_purged)) +
  ggplot2::geom_point(color="#264062") +
  ggplot2::geom_text(aes(label=country), nudge_x = 0.5, color="#264062") +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color="black") +
  ggplot2::ggtitle("Ausbildungsniveau und Exporte von Büromaschinen") +
  ggplot2::scale_x_continuous(name = "Durchschnittliche Schulbildung in Jahren (2005)") +
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "RCA in Büromaschinen (Durchschnitt 2006-08)") +
  icaeDesign::theme_icae()

#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



Abgesehen davon, dass es einfach hässlich ist so viele Überlappungen zu haben, setzt dieser Graph voraus, dass Sie fließend die `iso3c`-Codes beherrschen und schnell die fünf Länder finden, um die es im Text geht. Das ist nicht sonderlich leser*innenfreundlich...

Wie [Schwabish \(2014\)](#) bilden wir zunächst einmal die Labels nur für die fünf uns interessierenden Länder ab. Das machen wir, indem wir die Funktion `ggplot2::geom_text()`, welche die Ländernamen abbildet, nicht den Standarddatensatz verwenden lassen, sondern einen reduzierten Datensatz übergeben. In diesem reduzierten Datensatz übersetzen wir die Ländernamen bereits ins Deutsche. Überhaupt ersetzen wir `ggplot2::geom_text()` besser mit `geom_label_repel()` aus dem Paket [ggrepel](#) ([Slowikowski, 2019](#)), welches quasi genauso funktioniert, aber den Text so verschiebt, dass es zu keinen Überschneidungen kommt.

Außerdem wählen wir eine stärkere Farbe für diese Namen aus. Damit es besser zu den Punkten passt, plotten wir die Punkte dieser Länder in der gleichen Farbe, und alle anderen Punkte in einem Grauton. Dazu verwenden wir einfach zwei unterschiedliche Layer, jeweils produziert durch `ggplot2::geom_point()`, aber mit unterschiedlichen Datensätzen.

¹²Wie die Daten nacherhoben wurden können Sie bei Interesse über die [Github Repo](#) des Skripts selbst nachlesen.

¹³Hier verweise ich Daten von The Growth Lab at Harvard University (2019), die hier abzurufen sind.

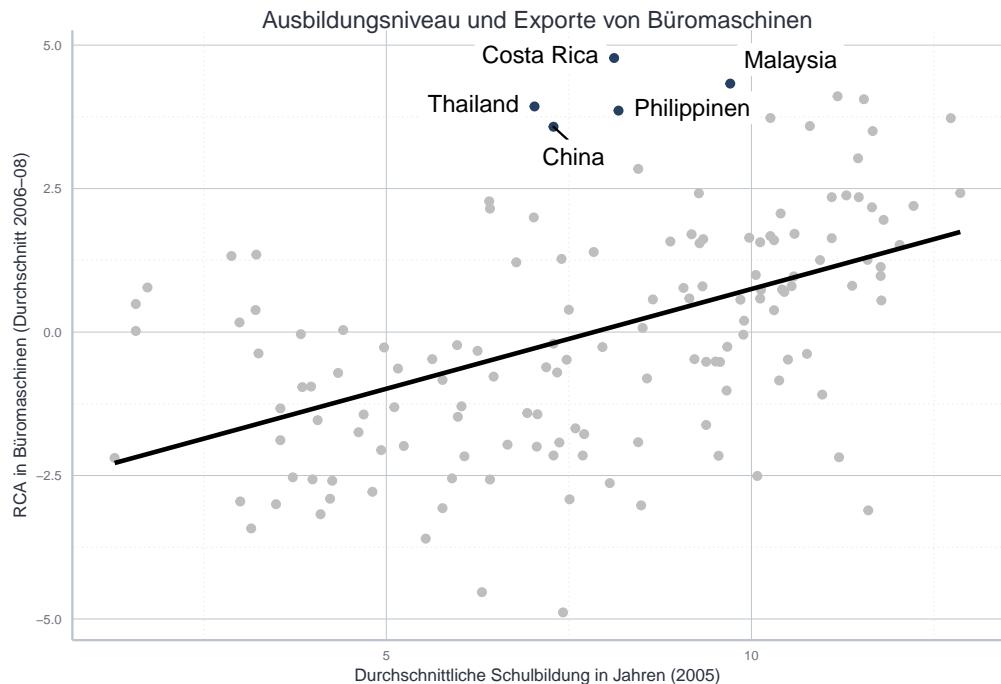
```

interessierende_laender <- countrycode(
  c("China", "Malaysia", "Costa Rica", "Philippines", "Thailand"),
  "country.name", "iso3c")

ggplot2::ggplot(data = hanson_data,
  mapping = aes(x=schooling, y=rca_purged)) +
  ggplot2::geom_point(
    data = filter(hanson_data,
      country %in% interessierende_laender),
    color="#264062") +
  ggplot2::geom_point(
    data = filter(hanson_data,
      !country %in% interessierende_laender),
    color="grey") +
  ggrepel::geom_label_repel(
    data = filter(hanson_data,
      country %in% interessierende_laender),
    aes(label=countrycode(country, "iso3c", "country.name.de")),
    color="black", label.size = NA
  ) +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color="black") +
  ggplot2::ggtitle("Ausbildungsniveau und Exporte von Büromaschinen") +
  ggplot2::scale_x_continuous(name = "Durchschnittliche Schulbildung in Jahren (2005)") +
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "RCA in Büromaschinen (Durchschnitt 2006-08)") +
  icaeDesign::theme_icae()

```

#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'



Wie Sie merken werden diese Farben außerhalb von `mapping` definiert. Denn die Farben sollen ja für alle Variablen gleich sein, es handelt sich hier also nicht um ein *aesthetic mapping*, welches ja die Farbe abhängig vom Variablenwert vergeben würde.

Dies ist wieder ein schönes Beispiel für eine Grafik, die sehr davon profitiert, wenn man die abgebildeten Punkte auf das wirklich Wesentliche reduziert.

5.5.2 Ein ‘unbalancierter’ Plot

An anderes schönes Beispiel ist die folgende Abbildung 5.3, die angeblich von der NY Times und der OECD verwendet wurde. Zwar funktionieren alle angegebenen Links nicht mehr und der genaue Datensatz, welcher der Abbildung zurundeliegt bleibt ebenfalls unerwähnt (Sie sehen die Verbesserungsmöglichkeiten), allerdings ist er ein schönes Negativbeispiel:

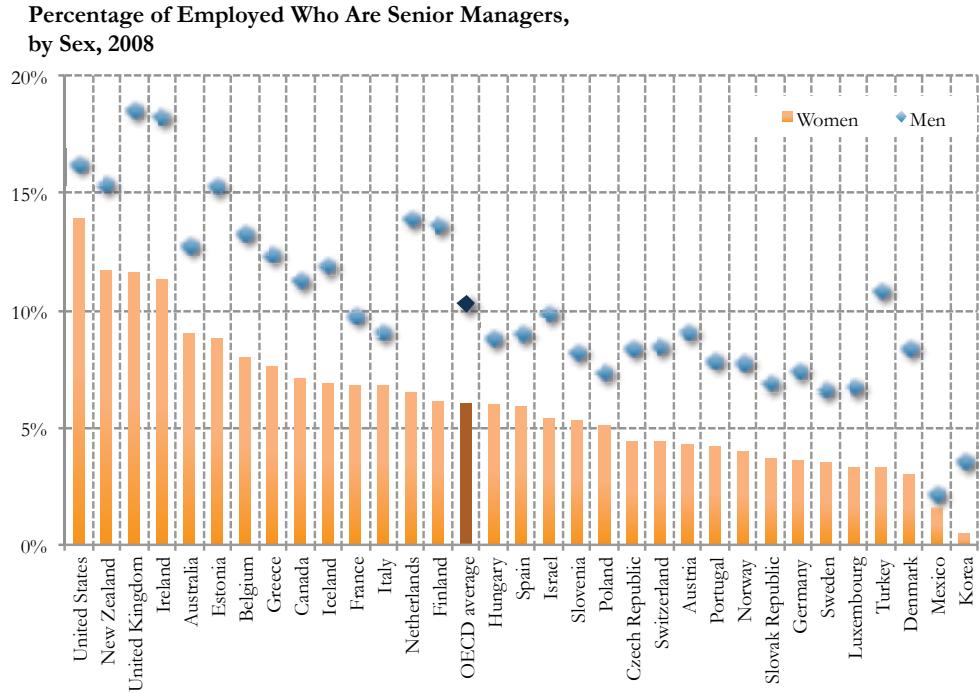


Figure 5.3: Beispiel für einen ‘unbalancierten’ Plot

Selbst mit der Beschreibung im Text ist schwer verständlich was uns diese Abbildung jetzt genau sagen soll. Wahrscheinlich versucht der Autor oder die Autorin zu zeigen, dass Frauen weniger in Führungspositionen vertreten sind als Männer. Warum dann allerdings die Werte für Frauen mit mehr Fläche dargestellt sind als die der Männer bleibt genauso schleierhaft wie die Begründung für die abartige Farbkombination und die übertriebenen Gitter. Zum Glück können wir die eigentlich wichtige Message viel besser darstellen!

Zuallererst geben wir mit [OECD \(2019\)](#) einmal die Quellen für unsere Daten korrekt an. Wie von [Schwabish \(2014\)](#) vorgeschlagen würde sich ein Balkendiagramm in dem die Balken von Männern und Frauen direkt nebeneinander liegen, gut anbieten. Hier nutzen wir aber die Change eine etwas exquisitere Darstellungsform kennen zu lernen, den [Lollipop-Graph](#).

Zuerst müssen jedoch die Daten in einen nutzbaren Zustand gebracht werden:

Diese Daten sehen im Rohzustand (nach Auswahl der relevanten Spalten) so aus:

```
head(oecd_data)
```

```
#>   COU   Sex Value
#> 1: AUT Men   6.2
#> 2: AUT Women 2.9
#> 3: BEL Men  10.4
#> 4: BEL Women 5.8
#> 5: CZE Men   6.8
#> 6: CZE Women 3.6
```

Wir wissen ja aus letztem Kapitel wie wir hiermit umzugehen haben:

```

oecd_data <- oecd_data %>%
  tidy::pivot_wider(names_from = "Sex",
                    values_from = "Value",
                    id_cols = "COU")
head(oecd_data)

#> # A tibble: 6 x 3
#>   COU      Men Women
#>   <chr> <dbl> <dbl>
#> 1 AUT      6.2   2.9
#> 2 BEL     10.4   5.8
#> 3 CZE      6.8   3.6
#> 4 DNK      3.4   1.4
#> 5 FIN      4.1   2.1
#> 6 FRA      9.3   4.6

```

Auch möchten wir die Ländernamen noch anpassen. Hier haben wir aber einen Fall in dem wir nicht einfach blind die Funktion `countrycode::countrycode()` verwenden können: zum einen enthält unser Datensatz das ‘Land’ OAVG, was der Durchschnitt aller OECD Länder ist. Diesen müssen wir separat übersetzen. Wir erledigen das mit der Funktion `ifelse()`. Diese Funktion erlaubt bedingte Befehle: wir formulieren als erstes Argument einen Test, als zweites Argument den Wert, den die Funktion ausgegeben soll, wenn der Test erfüllt wird und als drittes Argument den Wert wenn der Test nicht erfüllt ist, so wie in folgendem Beispiel:

```

x <- 2
ifelse(x>2, "x ist größer als 2!", "x ist nicht größer als 2!")

#> [1] "x ist nicht größer als 2!"

x <- 4
ifelse(x>2, "x ist größer als 2!", "x ist nicht größer als 2!")

#> [1] "x ist größer als 2!"

```

Zudem ist die offizielle Bezeichnung für Südkorea “Korea, Republik von”. Das macht sich in einer Abbildung nicht sonderlich gut, daher passen wir auch das manuell an:

```

oecd_data_plot <- oecd_data %>%
  dplyr::mutate(COU = ifelse(COU=="OAVG", "OECD Durchschnitt",
                             countrycode::countrycode(COU, "iso3c", "country.name.de")),
                COU = ifelse(COU=="Korea, Republik von", "Südkorea", COU))

```

Mit diesen erstellen wir den Lollipop-Graphen folgendermaßen:¹⁴

```

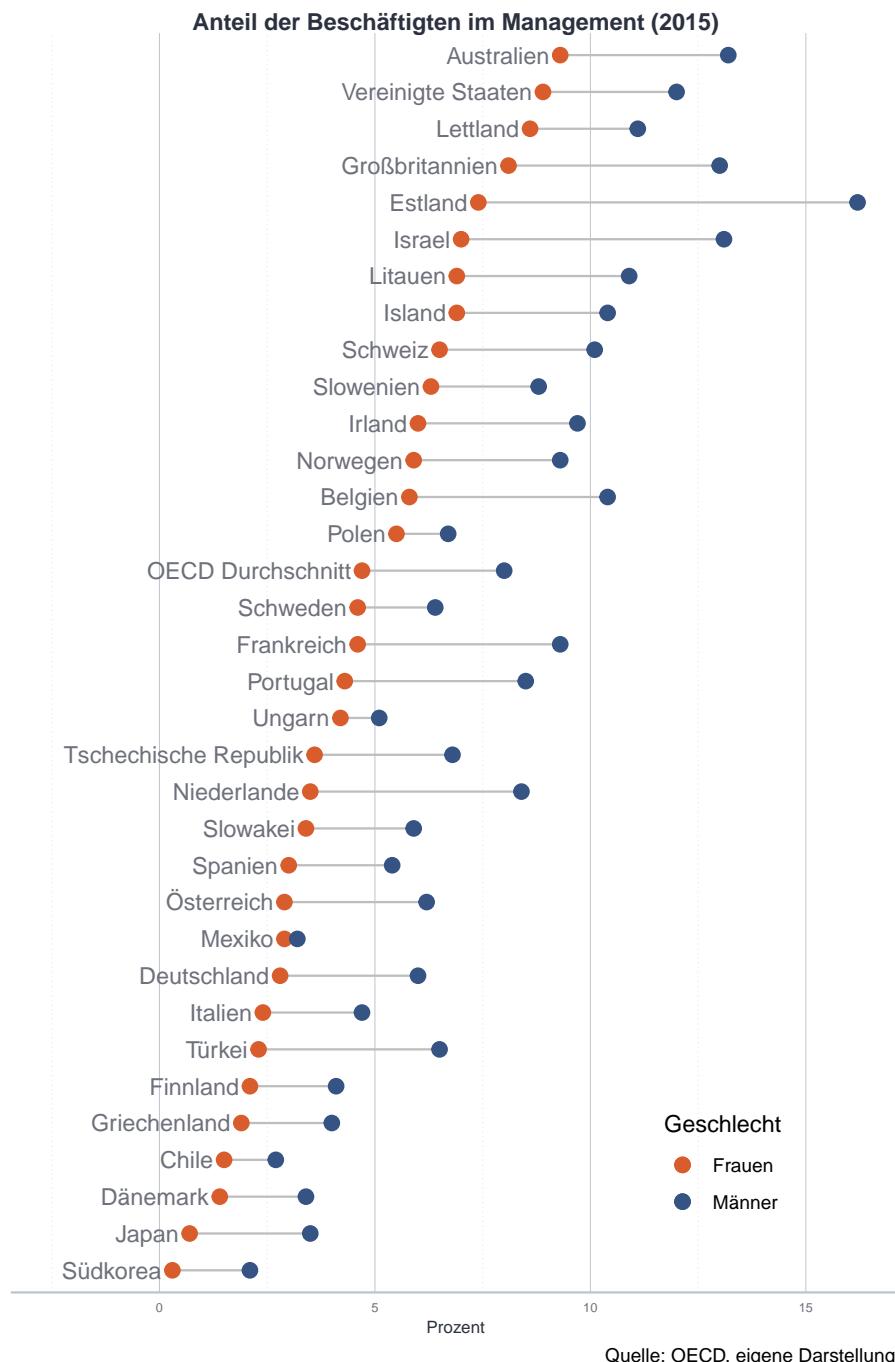
farbe_m <- "#355383"
farbe_w <- "#d95d2c"

ggplot2::ggplot(oecd_data_plot) +
  ggplot2::geom_segment(aes(x=reorder(COU, Women),
                            xend=COU,
                            y=Women,
                            yend=Men),
                        color="grey") +
  ggplot2::geom_point(
    aes(x=COU,
        y=Women,
        color="Frauen"),
    size=3 ) +
  ggplot2::geom_point(
    aes(x=COU,

```

¹⁴Die Farben haben wir wieder vorher auf https://www.w3schools.com/colors/colors_picker.asp herausgesucht.

```
y=Men,
  color="Männer"),
size=3 ) +
ggplot2::scale_color_manual(values = c("Männer"=farbe_m, "Frauen"=farbe_w), name="Geschlecht") +
ggplot2::geom_text(
  aes(x=COU, y=Women, label=COU),
  nudge_y = -0.25, hjust=1, color=rgb(110, 113, 123, maxColorValue = 255)
) +
ggplot2::scale_y_continuous(name = "Prozent",
                            expand = expansion(mult = c(0, 0),
                                                add = c(3.5, 1)))
) +
ggplot2::coord_flip() +
ggplot2::labs(title = "Anteil der Beschäftigten im Management (2015)",
             caption = "Quelle: OECD, eigene Darstellung.") +
icaeDesign::theme_icae() +
ggplot2::theme(
  panel.grid.major.y = element_blank(),
  panel.grid.minor.y = element_blank(),
  legend.position = c(0.8, 0.1),
  legend.title = element_text(),
  panel.border = element_blank(),
  axis.title.y = element_blank(),
  axis.line.y = element_blank(),
  axis.text.y = element_blank(),
  plot.title = element_text(face = "bold")
)
```



Quelle: OECD, eigene Darstellung.

Wie Sie sehen wird der Graph nicht durch eine eigene Funktion, sondern durch das sukzessive Hinzufügen von Strichen und Punkten erstellt. Besonders hervorzuheben am Code sind folgende Features:

- Wir verwenden die Funktion `reorder()` um die Werte auf der x-Achse nach Anteil der Frauen im Management zu ordnen
- Da wir mit der Funktion `ggplot2::coord_flip()` die Achsen umdrehen um eine horizontale Darstellung zu bekommen müssen wir bei allen Werten, die sich auf eine Achse beziehen umdenken
- Wir verwenden die Funktion `ggplot2::expansion()` wie oben eingeführt, da die x-Achse sonst nach links zu wenig Platz für die Länderbezeichnungen lassen würde
- Das Argument `hjust=1` innerhalb von `ggplot2::geom_text()` sorgt dafür, dass der Text genau bei dem y-Wert aus `ggplot2::aes()` aufhört, also linksbündig formatiert wird (`hjust=0` korrespondiert entsprechend zu rechtsbündigem, `hjust=0.5` zu mittig formatierem Text).
- Mit `ggplot2::scale_color_manual()` erstellen wir eine manuelle Tabelle, da wir die Farben für Männer und Frauen in unterschiedlichen Layer plaziert haben. Wichtig ist, dass die Farbzuschreibung als *aesthetic mapping*

definiert wird, da wir sonst keine Legende erstellen können. Die Syntax der Funktion ist dafür selbsterklärend.

5.6 Lügen mit grafischer Statistik

Grafiken können sehr leicht zur Manipulation der Betrachter*innen eingesetzt werden. Im Folgenden wollen wir das an zwei klassischen Beispielen verdeutlichen. Eine schöne Übersicht finden Sie ansonsten in Krämer (2015)

5.6.1 Klassiker 1: Kontraintuitiver ‘Nullpunkt’

Sie möchten einen Unterschied konstruieren, der eigentlich gar nicht da ist? In diesem Fall könnten Sie sich ein Beispiel an Fox News nehmen (siehe Abbildung 5.4).

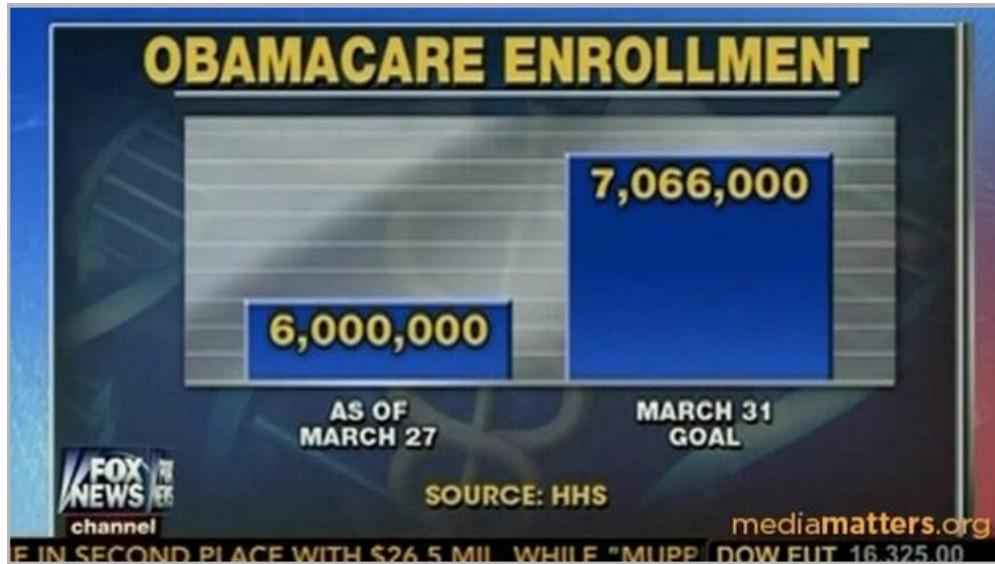


Figure 5.4: Quelle: <https://thenextweb.com/wp-content/blogs.dir/1/files/2015/05/viz3.jpg>

Die Autor*innen haben ihre Manipulation hier entsprechend clever versteckt indem sie einfach gar keine Werte auf die y-Achse geschrieben haben. Das geht natürlich gar nicht, da wir intuitiv die beiden Flächen, bzw. Höhen der Balken ins Verhältnis setzen und uns weniger durch die abstrakten Zahlen beeinflussen lassen. Daher ist es gerade bei Histogrammen und Balkendiagrammen immer wichtig bei dem absoluten Nullpunkt zu starten.¹⁵

Im Folgenden sehen wir die manipulierende und korrekte Grafik nebeneinander:

```
data_used <- data.frame(Werte=c(6000000, 7066000), Art=c("Zustand", "Ziel"))

normal <- ggplot2::ggplot(data = data_used,
                           mapping = aes(x=reorder(Art, Werte), y=Werte)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "identity", fill="#003366", alpha=0.75) +
  ggplot2::geom_text(aes(label=as.character(format(Werte, scientific = FALSE))),
                     size=6, vjust=1.75, color="#f2f2f2") +
  ggplot2::scale_y_continuous(
    name = "Anzahl von Nutzer*innen in Hunderttausend",
    breaks = seq(0, 8000000, 1000000),
    labels = seq(0, 80, 10),
    expand = expansion(c(0,0),
                       c(0, 500000)))
  ) +
  ggplot2::labs(title = "Nutzer*innen von Obamacare",
```

¹⁵Wir wissen schließlich aus dem letzten Kapitel, dass solche Verhältnisvergleiche nur für verhältnis-skalierte Daten Sinn machen und diese durch die Existenz eines absoluten Nullpunkts definiert sind!

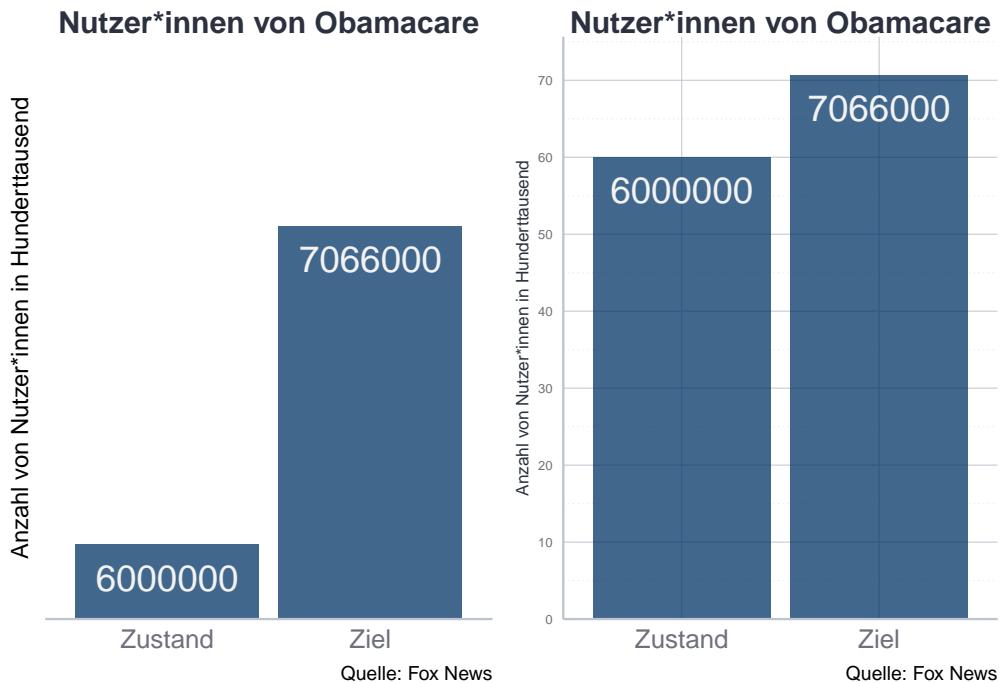
```

    caption = "Quelle: Fox News") +
icaeDesign::theme_icae() +
ggplot2::theme(
  axis.title.y = element_text(),
  axis.text.x = element_text(size = 12),
  axis.title.x = element_blank(),
  plot.title = element_text(size=14, face = "bold")
)

manipulativ <- normal +
ggplot2::coord_cartesian(ylim=c(5750000, 7200000)) +
ggplot2::theme(
  panel.grid = element_blank(),
  axis.title = element_blank(),
  axis.line.y = element_blank(),
  axis.text.y = element_blank()
)

ggpubr::ggarrange(manipulativ, normal, ncol = 2)

```



Eine beliebte Variante ist es, die y-Achse zwar im Nullpunkt starten zu lassen, aber einfach die Achse zwischendrin abzuschneiden. Das Prinzip bleibt aber das gleiche und so etwas ist in keinem Fall eine gute Idee!

5.6.2 Klassiker 2: Geschickt gewählter Zeitraum und clever gewählte Achsenabschnitte

Sie möchten eine Tendenz zum Ausdruck bringen, die es gar nicht gibt? Grundsätzlich bieten sich hier drei Vorgehen an:

1. Sie wählen aus den ganzen Beobachtungen den Zeitraum aus in dem die Tendenz besteht.
2. Sie machen die Zeitachse möglichst kurz, dann wirken Veränderungen größer.
3. Sie zoomen in die y-Achse rein, auch das lässt Veränderungen größer werden.

Sehr gut funktioniert das bei schwankenden Größen wie der Arbeitslosigkeit. Gerade der erste Punkt funktioniert bei Arbeitslosenstatistiken immer sehr gut:

```

agenda_daten <- dplyr::filter(al_daten, year>2000)

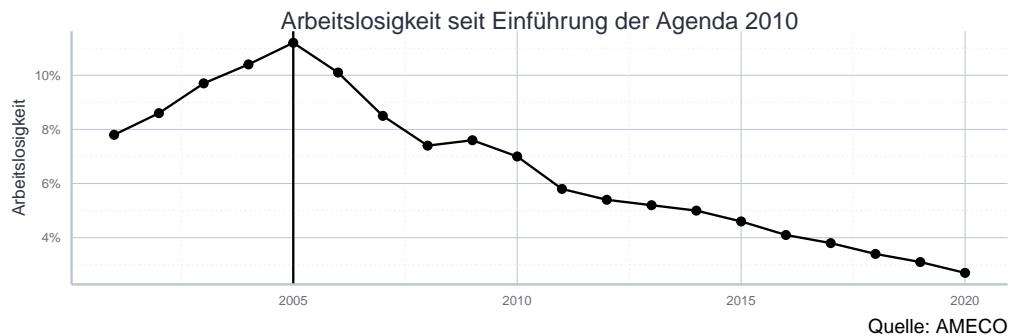
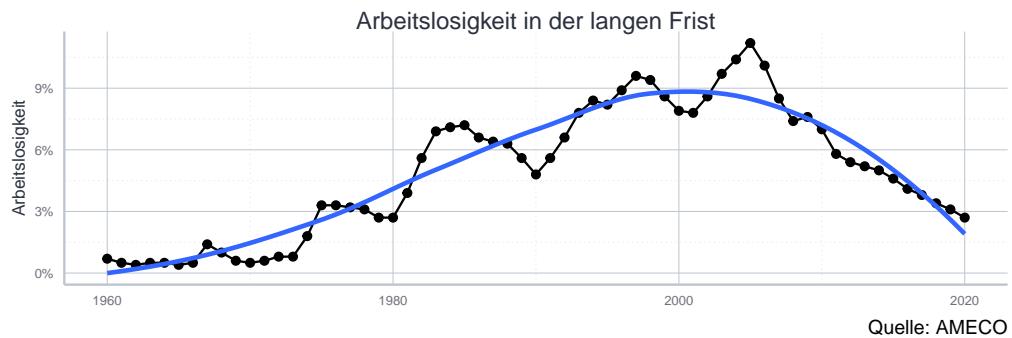
manipulativ <- ggplot2::ggplot(data = agenda_daten,
                               mapping = aes(x=year, y=unemp_rate)
                               ) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_line() +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = 2005) +
  ggplot2::scale_y_continuous(
    name = "Arbeitslosigkeit",
    labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
  ) +
  ggplot2::labs(title = "Arbeitslosigkeit seit Einführung der Agenda 2010",
               caption = "Quelle: AMECO") +
  icaeDesign::theme_icae() +
  ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank())

normal <- ggplot2::ggplot(data = al_daten,
                           mapping = aes(x=year, y=unemp_rate)
                           ) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_line() +
  ggplot2::geom_smooth(method = "loess", se = F) +
  ggplot2::scale_y_continuous(
    name = "Arbeitslosigkeit",
    labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
  ) +
  ggplot2::labs(title = "Arbeitslosigkeit in der langen Frist",
               caption = "Quelle: AMECO") +
  icaeDesign::theme_icae() +
  ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank())

ggpubr::ggarrange(normal, manipulativ, nrow=2)

```

```
#> `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



Selbstverständlich ist der obere Graph auch nicht ganz manipulationsfrei. Aber es wird deutlich, wie viel Spielraum Sie nur über die Darstellung von bestimmten Grafiken haben.

Die weiteren beiden Punkte lassen sich anhand der Staatsausgaben in Deutschland auch sehr schön illustrieren. Die Rohdaten stammen von der [AMECO Homepage](#) und sind dem Kapitel “General Government/excessive deficit procedure” entnommen. Sie sind ein schönes Beispiel für die weit verbreiteten ‘breiten’ Daten, die wir erst einmal in ein brauchbares Format bringen müssen:

```
ameco_data <- data.table:::fread(here::here("data/raw/AMECO16.TXT"), fill = T, header = T) %>%
  dplyr::filter(
    TITLE=="Total current expenditure: general government :- Excessive deficit procedure",
    COUNTRY=="Germany",
    UNIT %in% c("(Percentage of GDP at current prices (excessive deficit procedure))",
               "Mrd ECU/EUR")) %>%
  dplyr::select(-one_of("CODE", "COUNTRY", "SUB-CHAPTER", "TITLE", "V68")) %>%
  dplyr::mutate(UNIT=ifelse(UNIT=="Mrd ECU/EUR", "Abs", "PercGDP")) %>%
  tidyverse::pivot_longer(names_to = "Jahr", values_to = "Wert", cols = -UNIT) %>%
  dplyr::filter(Jahr>1990) %>%
  tidyverse::pivot_wider(names_from = UNIT, values_from = Wert)
```

Jetzt können wir die Daten visualisieren:

```
ameco_geier_version <- ameco_data %>%
  dplyr::filter(Jahr %in% seq(1991, 2021, 5))

manipulativ <- ggplot2::ggplot(data = ameco_geier_version,
                                aes(x=Jahr, y=Abs)) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_line() +
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "Staatsausgaben in Mrd. ECU/EUR",
                             limits = c(600, 1600)) +
  ggplot2::labs(title = "Geier Staat und die Gießkanne",
               subtitle = "Steigende Staatsausgaben seit 1991",
               caption = "Quelle: AMECO.") +
  icaeDesign::theme_icae() +
  ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank(),
```

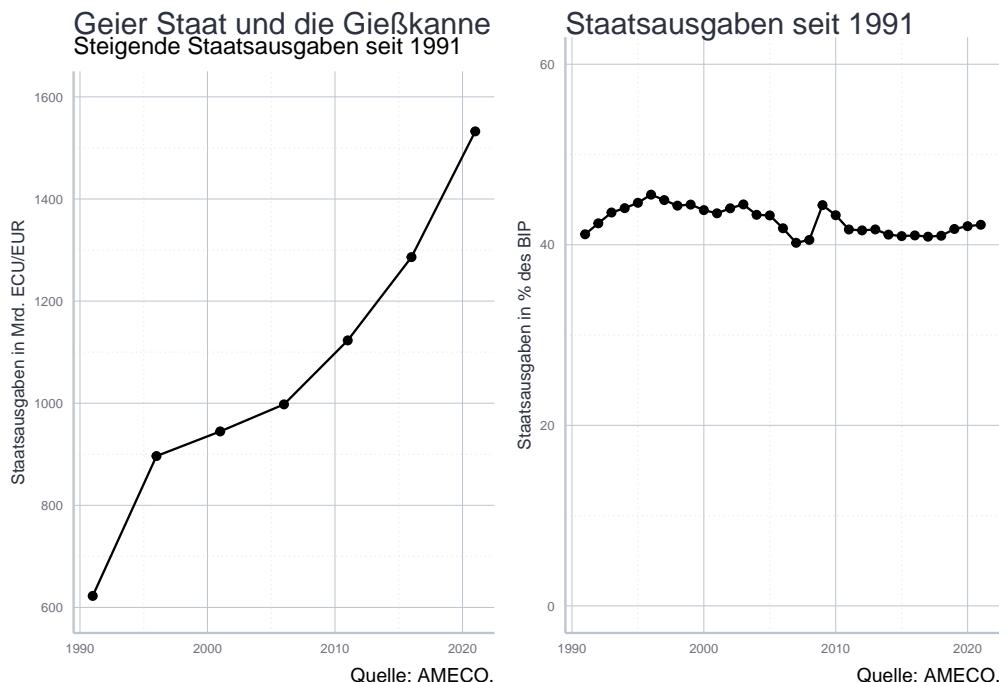
```

plot.title = element_text(hjust = 0, size = 14))

normal <- ggplot2::ggplot(data = ameco_data,
  aes(x=Jahr, y=PercGDP)) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_line() +
  ggplot2::scale_y_continuous(name = "Staatsausgaben in % des BIP",
    limits = c(0, 60)) +
  ggplot2::labs(title = "Staatsausgaben seit 1991",
    caption = "Quelle: AMECO.") +
  icaeDesign::theme_icae() +
  ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank(),
    plot.title = element_text(hjust = 0, size = 14))

ggpubr::ggarrange(manipulativ, normal, ncol = 2)

```



Falls Sie jetzt meinen: das ist ja eigentlich zu einfach um wirklich vorzukommen, dann schauen Sie mal in Abbildung 5.5 (bei der noch die Dummheit hinzukommt eine nominale Größe über die Zeit abzubilden),¹⁶ in Ihre Tageszeitung oder in den sozialen Medien. Sie werden (leider) feststellen, dass solche visuellen Tricksereien sowohl in Schund- als auch Qualitätsmedien, aber auch in der Wissenschaft sehr weit verbreitet sind. Aber Sie wissen das ja jetzt und brauchen sich nicht mehr aufs Glatteis führen zu lassen.

5.7 Links und weiterführende Literatur

Einen guten Überblick über viele häufig verwendeten Befehle bietet [dieser Schummelzettel](#).

Die Debatte ob nun `base` oder `ggplot2` ‘besser’ ist kennt natürlich unzählbar viele Beiträge - die meisten davon geschrieben von Menschen mit starker Meinung und schwachen Argumenten. Ein recht häufig zitierter [pro-base Blog](#) von Jeff Leek findet hier eine [pro-ggplot Antwort](#). Nathan Yau bezieht sich auf beide Beiträge und vollzieht hier einen [sehr pragmatisch geschriebenen Vergleich](#) Auch wenn er das Potenzial von `ggplot2` nicht auch nur im Ansatz ausnutzt ist es doch ein netter Vergleich mit in meinen Augen sinnvoller Conclusio: “There’s also no problem with using everything available to you. At the end of the day, it’s all R.”

¹⁶Gefunden habe ich die Bilder über [diesen Tweet](#).

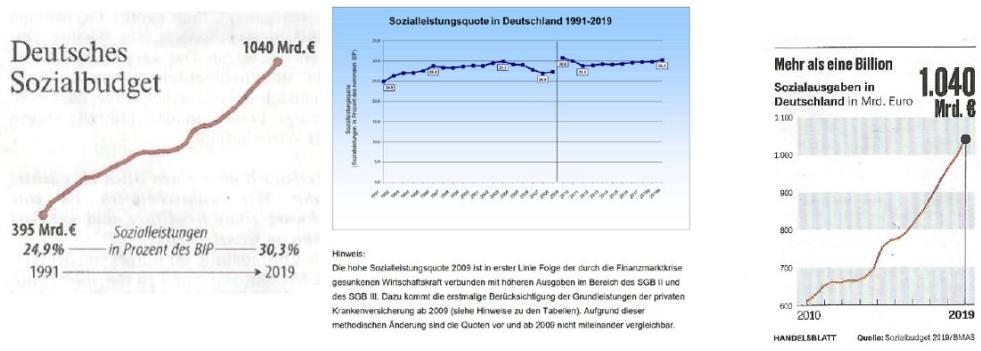


Figure 5.5: Quelle: FAZ vom 11. Juli 2020 (linkes Bild) und Bundesministerium für Arbeit und Soziales (mittleres Bild) und Handelsblatt vom 13. Juli 2020 (rechtes Bild).

Für alle die sich mit den theoretischen Grundlagen von `ggplot2` genauer befassen wollen: Die `ggplot2` zugrundeliegende Idee einer *grammar of graphics* geht, wie anfangs des Kapitels schon beschrieben, auf [Wilkinson \(1999\)](#) zurück und wird in [Wickham \(2010\)](#) theoretisch ausgeführt.

[Schwabish \(2014\)](#) wurde bereits erwähnt und ist eine konstruktive Auseinandersetzung mit typischen Visualisierungsfehlern, die auch tatsächlich in Top-Journalen gemacht wurden. Besonders wichtig: konstruktive Verbesserungsvorschläge sind gleich mit dabei.

[Krämer \(2015\)](#) ist eine klassische Sammlung manipulativer Grafiken und sicherlich empfehlenswert. Eine allgemeinere Diskussion von bestenfalls irreführenden Visualisierungen und ihre Implementierung in R findet sich [hier](#).

Falls Sie einen neuen Typ Grafik erstellen wollen ist es immer sinnvoll, sich Beispiele aus dem Internet anzuschauen, oder sogar bestehenden Code zu kopieren und für die eigenen Bedürfnisse anzupassen. Die [R Graph Gallery](#) ist dafür ein hervorragender Ausgangspunkt. Ansonsten bietet auch das [R Graphics Cookbook](#) zahlreiche sehr nützliche Ausgangsbeispiele.

Falls Sie geografische Daten visualisieren wollen finden Sie hier ein [wunderbares Eingangsbeispiel](#). Zur Visualisierung von Stromgrößen auf Karten finden Sie [hier](#) eine schöne Anleitung.

Teil II

Mathematische Grundlagen

Chapter 6

Formale Methoden der Sozioökonomie

Refusing to deal with numbers rarely serves the interest of the least well-off.

— Thomas Piketty

In diesem Kapitel werden ausgewählte formale Methoden, die in der sozioökonomischen Forschung besonders häufig verwendet werden, und ihre Implementierung in R eingeführt. Dabei gibt dieses Kapitel selbstverständlich nur einen ersten Einblick und die Auswahl ist notwendigerweise subjektiv.

Allerdings werden die in diesem Kapitel diskutierten Methoden Ihnen einen guten Einblick in die formale Forschung im Bereich der Sozioökonomik geben und Ihnen verdeutlichen wie vielseitig Sie R in Ihrer Forschungstätigkeit - auch abseits klassischer statistischer Anwendungen - verwenden können.

Zunächst werden wir uns mit der Berechnung von [Wachstumsraten](#) beschäftigen und dabei besonders die Verwendung von Logarithmen besprechen. Als nächstes werden Grundlagen der [Differentialrechnung](#) wiederholt und ihre Implementierung in R eingeführt. Besondere Beachtung findet dabei das Thema der Optimierung, das im Forschungsalltag eine besonders wichtige Rolle spielt.

Als nächstes illustrieren wir die Verwendung von Konzepten aus der [linearen Algebra](#), und werden anhand konkreter Beispiele noch einmal die Allgegenwärtigkeit der linearen Algebra verdeutlichen.

Den Schwerpunkt des Kapitels bildet dann der Abschnitt zu [Verteilungen](#). Die Analyse von Verteilungen spielt eine sehr wichtige Rolle in der Sozioökonomik, da Themen wie Einkommens- und Vermögensverteilung bzw. Ungleichheitsforschung traditionell ein wichtiges Kernthema der Sozioökonomik ausmachen.

Verwendete Pakete

```
library(here)
library(tidyverse)
library(data.table)
library(ggrepel)
library(ggpubr)
library(latex2exp)
library(matlib)
library(fitdistrplus)
library(moments)
library(ineq)
library(rmutil)
library(viridis)
library(optimx)
```

Hinweis: Das Paket [matlib](#) (Friendly et al., 2019) verwenden wir für einige Matrizenoperationen und zum Lösen linearer Gleichungssysteme. Streng genommen ist das Paket nicht dringend nötig, da anstatt

der Funktion `matlib::Solve()` auch die Funktion `base::solve()` verwendet werden kann. Der Output von `matlib::Solve()` ist aber schöner und etwas informativer.

6.1 Änderungsraten und die Rolle des Logarithmus

Die sozioökonomische Forschung beschäftigt sich häufig mit Veränderungen über die Zeit. Je nach Fragestellung sind dabei *absolute* oder *relative* Änderungen von Interesse.

Um die Änderungsrate einer Variable X zu berechnen wird folgende Formel verwendet:

$$\frac{X_t - X_{t-1}}{|X_{t-1}|} \cdot 100\% = \left(\frac{X_t}{|X_{t-1}|} - 1 \right) \cdot 100\%$$

Selbstverständlich können wir auch die Änderung über mehr als einen Zeitschritt berechnen. Für die **durchschnittliche Änderungsrate** verwenden wir:

$$\left(\left[\frac{X_t}{X_{t-s}} \right]^{\frac{1}{s}} - 1 \right) \cdot 100\%$$

Umgekehrt können wir den tatsächlichen Wert der Variable X berechnen wenn wir Informationen über die jährliche Änderungsrate x haben. Hierbei gilt:

$$X_{t+s} = X_t (1 + x)^s$$

Diese Formel kann auch durch Verwendung der *Eulerschen Zahl* e approximiert werden:

$$X_{t+s} = X_t (1 + x)^s \approx X_t \cdot e^{xs}$$

Diese Approximation wird später hilfreich werden, wenn wir Wachstumsraten in logarithmierter Form darstellen wollen.

Wenn $X_t = 4$, $s = 5$ und $x = 0.05$ ergibt sich für den Wert nach s Zeitschritten also $X_{t+s} = 4 \cdot 1.05^5 = 5.11$. Oder, unter Verwendung der vereinfachten Formel: $4 \cdot e^{0.05 \cdot 5} = 5.13$.

Natürlich können wir auch Änderungen von prozentualen Größen berechnen. Wenn die Inflation im Jahr 2010 bei 4% und 2011 bei 5% liegt können wir die Änderung folgendermaßen berechnen:

$$\frac{5\% - 4\%}{|4\%|} = 0.25 = 25\%$$

Hier von einer 25-prozentigen Änderung zu sprechen ist jedoch nicht eindeutig: damit könnte eine relative Änderung von 25% gemeint sein, oder aber eine absolute Änderung von 25%. Daher sprechen wir bei letzterem von einer Änderung in *Prozentpunkten*. Im Beispiel haben wir also eine absolute Änderung von einem Prozentpunkt, bzw. eine relative Änderung von 25%.

In R können wir die Funktionen `lag()` und `lead()` aus dem Paket `dplyr` (Wickham et al., 2019) verwenden um Änderungsraten zu berechnen.¹ Die Funktion `lag()` akzeptieren dabei zwei Argumente: den Vektor der Werte und die Anzahl der Schritte, die zurück bzw. vor gesprungen werden sollen.

Entsprechend können wir Änderungsraten folgendermaßen berechnen:

```
werte <- c(1, 2.2, 3.25, 0.5, 0.1, -0.1, 0.2)
rel_change <- (werte - dplyr::lag(werte)) / abs(dplyr::lag(werte)) * 100
rel_change
```

¹Der Funktionsname ‘lag’ und ‘lead’ wird leider in sehr vielen Paketen verwendet, u.a. auch in `data.table`. Deswegen ist es gerade bei diesen Funktionen besser den expliziten Aufruf `dplyr::lag()` und `dplyr::lead()` zu verwenden.

```
#> [1] NA 120.00000 47.72727 -84.61538 -80.00000 -200.00000 300.00000
```

Die gleiche Syntax können wir auch für die Arbeit mit einem `data.frame` verwenden. Hier müssen wir aber darauf achten, die Daten auch tatsächlich nach dem Beobachtungszeitpunkt zu sortieren, damit `data.frame::lag(x, 1)` auch den vorherigen Wert ausgibt. Dazu verwenden wir die Funktion `dplyr::arrange()`, welche die Zeilen eines `data.frame` gemäß einer oder mehrerer Variablen ordnet:

```
head(beispiel_daten_at, 4)

#>   country      BIP year
#> 1: Austria 37941.04 2018
#> 2: Austria 37140.79 2017
#> 3: Austria 36469.39 2016
#> 4: Austria 36129.03 2015

beispiel_daten_at <- beispiel_daten_at %>%
  dplyr::arrange(year)
head(beispiel_daten_at, 4)

#>   country      BIP year
#> 1: Austria 36123.43 2014
#> 2: Austria 36129.03 2015
#> 3: Austria 36469.39 2016
#> 4: Austria 37140.79 2017

beispiel_daten_at <- beispiel_daten_at %>%
  dplyr::mutate(BIP_Wachstum = (BIP-dplyr::lag(BIP))/abs(dplyr::lag(BIP))*100)
beispiel_daten_at

#>   country      BIP year BIP_Wachstum
#> 1: Austria 36123.43 2014          NA
#> 2: Austria 36129.03 2015  0.01550613
#> 3: Austria 36469.39 2016  0.94206769
#> 4: Austria 37140.79 2017  1.84100901
#> 5: Austria 37941.04 2018  2.15464100
```

Falls wir innerhalb des Datensatzes unterschiedliche Beobachtungsobjekte haben, z.B. verschiedene Länder, müssen wir den Datensatz vor Berechnung der Wachstumsrate gruppieren:

```
head(beispiel_daten, 4)

#>   country      BIP year
#> 1: Austria 37941.04 2018
#> 2: Germany 35866.00 2018
#> 3: Austria 37140.79 2017
#> 4: Germany 35477.89 2017

beispiel_daten <- beispiel_daten %>%
  dplyr::arrange(country, year) %>%
  dplyr::group_by(country) %>%
  dplyr::mutate(BIP_Wachstum = (BIP-dplyr::lag(BIP))/abs(dplyr::lag(BIP))*100) %>%
  dplyr::ungroup()
beispiel_daten

#> # A tibble: 10 x 4
#>   country      BIP year BIP_Wachstum
#>   <chr>     <dbl> <int>      <dbl>
#> 1 Austria 36123.    2014      NA
#> 2 Austria 36129.    2015     0.0155
#> 3 Austria 36469.    2016     0.942
#> 4 Austria 37141.    2017     1.84
```

```
#> 5 Austria 37941. 2018      2.15
#> 6 Germany 34077. 2014      NA
#> 7 Germany 34371. 2015      0.862
#> 8 Germany 34859. 2016      1.42
#> 9 Germany 35478. 2017      1.78
#> 10 Germany 35866. 2018     1.09
```

Häufig werden Wachstumsraten in ihrer logarithmierten Form präsentiert. Wir können nämlich die Formel zur Berechnung von Änderungsprozessen folgendermaßen approximieren:

$$\left(\left[\frac{X_t}{X_{t-s}} \right]^{\frac{1}{s}} - 1 \right) \approx \ln \left(\frac{X_t}{X_{t-s}} \right) / t = \frac{\ln(X_t) - \ln(X_{t-s})}{t}$$

Sie fragen sich vielleicht warum wir uns mit der Verwendung des Logarithmus überhaupt beschäftigen, wo durch die ‘Vereinfachung’ doch eine kleine Ungenauigkeit eingeführt wird? Tatsächlich ist die Verwendung des Logarithmus häufig hilfreich für die grafische Darstellung von Wachstumsraten.²

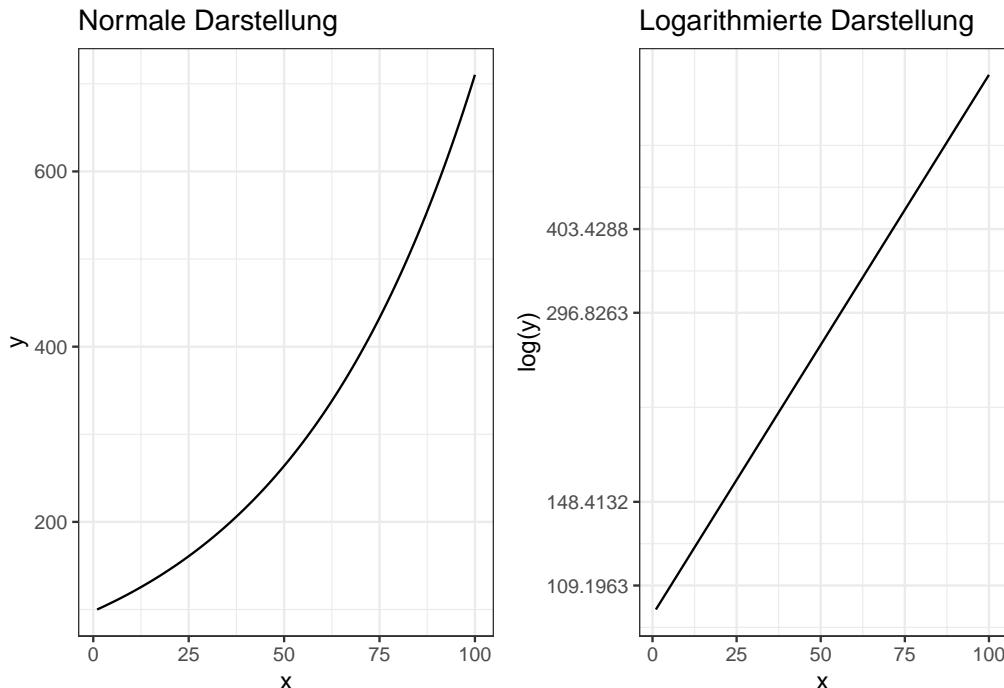


Figure 6.1: Vergleich normaler und logarithmierter Darstellung

In Darstellung 6.1 gilt: die Steigung im logarithmierten Plot gibt die *relative* Änderung der Variable an. Das bedeutet wenn wir im logarithmierten Plot eine lineare Steigung haben wächst die Variable konstant mit der gleichen Wachstumsrate über die Zeit - so wie im obigen Beispiel.

Diese Art der Darstellung ist zum Beispiel bei der langfristigen Betrachtung von Wachstumsraten und dem Vergleich zwischen Ländern sehr hilfreich, da, wie in Abbildung 6.2 Unterschiede in der logarithmierten Darstellung besser erkennbar sind.

Abbildung 6.3 zeigt wie wichtig eine solche Darstellung sein kann um Events, die zu sehr unterschiedlichen Zeitpunkten stattgefunden haben, vergleichbar zu machen:

Während die absoluten Zahlen die Volatilität während der Großen Depression verschwindend gering erscheinen lassen wird im unteren Graph von Abbildung 6.3 deutlich, dass die Volatilität damals tatsächlich noch größer war.

²Zur Transformation der y-Achse verwenden wir in ggplot2 die Funktion `scale_y_continuous()` und setzen das Argument `trans = "log"`.

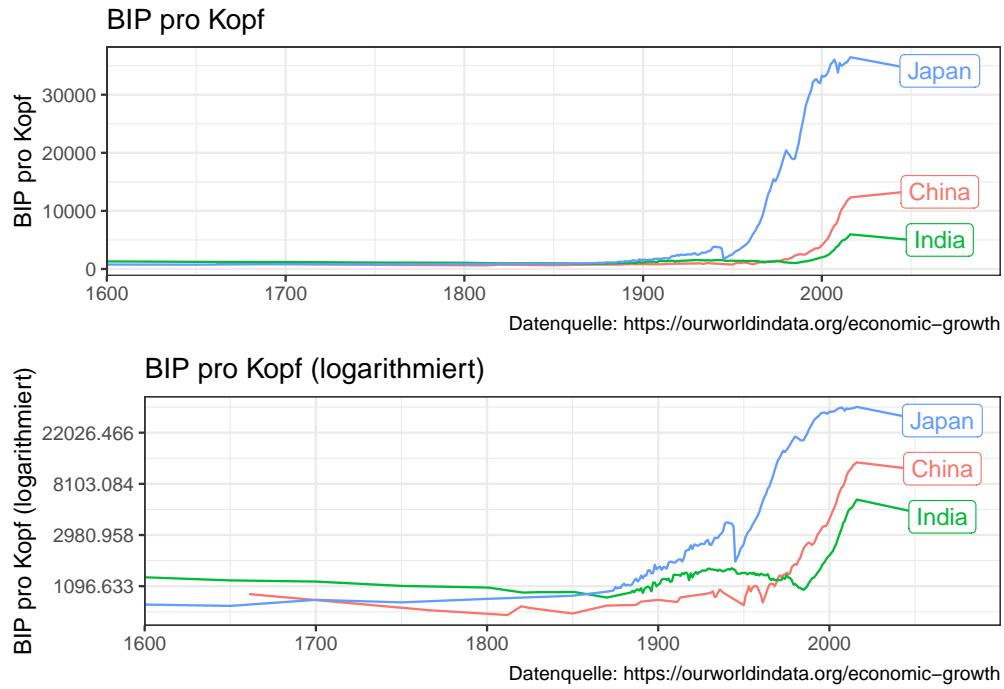


Figure 6.2: Vergleich normaler und logarithmierter Darstellung bei langfristiger vergleichender Betrachtung von Wachstumsraten

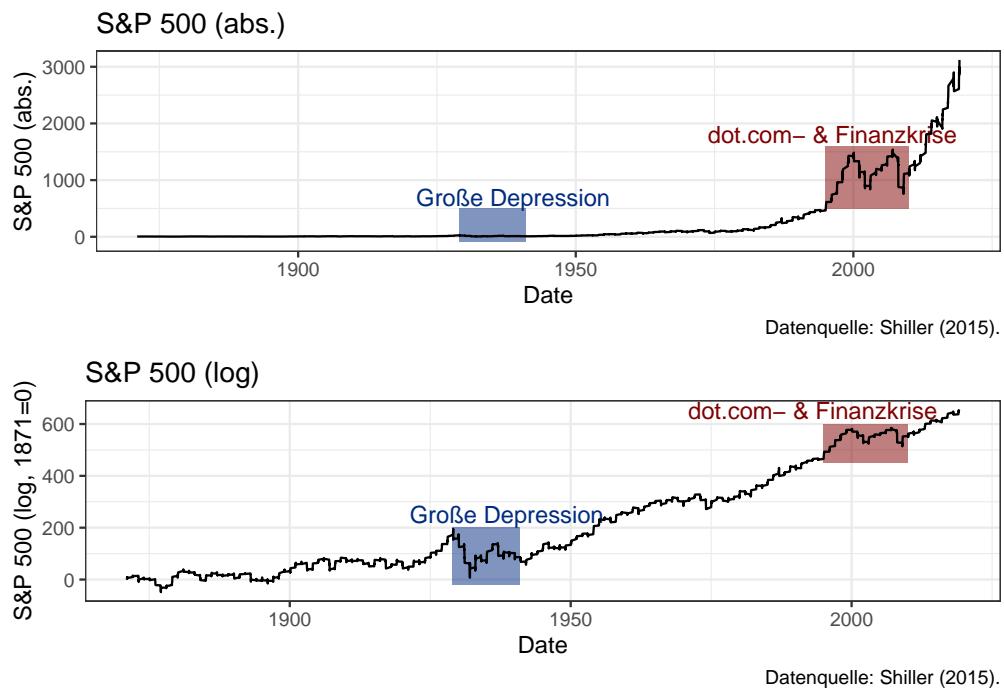


Figure 6.3: Vergleich normaler und logarithmierter Darstellung bei Events, die zu sehr unterschiedlichen Zeitpunkten stattgefunden haben

Um die Achsen intuitiver verständlich zu machen habe ich von allen Werten den Wert für 1871 (die erste Beobachtung) abgezogen und den Wert für 1871 somit auf Null normiert. Zudem habe ich die Werte mit 100 multipliziert, sodass eine Änderung von 1 auf der y-Achse zu einer einprozentigen Änderung des S&P Kurses korrespondiert.

Im Rahmen der Regressionsanalyse werden wir zudem lernen, dass die logarithmierte Form die Analyse von Wachstumsraten in linearen Regressionsmodellen deutlich vereinfacht (siehe Kapitel 11).

6.2 Grundlagen der Differentialrechnung

6.2.1 Einleitung: Differential- und Integralrechnung

Die Differentialrechnung ist eng verwandt mit der Integralrechnung: in beiden Bereichen studiert man die Veränderungen von Funktionen. Während die Differentialrechnung sich mit der lokalen Änderung einer Funktion beschäftigt, also vor allem versucht die Steigung der durch die Funktion definierten Kurven zu berechnen, studiert die Integralrechnung die Flächen und Volumina, die durch eine Funktion definiert sind. Grafisch bedeutet dies, dass wir bei der Integralrechnung an den Flächen unter einer bzw. zwischen mehreren Kurven interessiert sind.

Die beiden Bereiche sind eng miteinander verbunden. Besonders deutlich wird das in dem so genannten *Fundamentalsatz der Analysis* (auch: *Hauptsatz der Differential- und Integralrechnung*) deutlich. In der Differentialrechnung leiten wir Funktionen *ab* und in der Integralrechnung leiten wir Funktionen *auf*. Der Fundamentalsatz der Analysis zeigt, dass die beiden Vorgehensweise jeweils die Umkehrung des anderen Darstellen: Die Ableitung einer Aufleitung führt zur gleichen Ausgangsfunktion, genauso wie die Aufleitung der Ableitung ebenfalls wieder zur Ausgangsfunktion führt.

In der Ökonomik spielen beide Bereiche eine wichtige Rolle, der Fokus wird in diesem Kapitel jedoch auf der Differentialrechnung liegen, deren Anwendungsgebiet noch einmal breiter ist: wann immer Sie eine Funktion maximieren oder minimieren bedienen Sie sich Methoden der Differentialrechnung. Und Maximierung spielt nicht nur in den herkömmlichen Modellen, die auf dem *homo oeconomicus* aufbauen, eine wichtige Rolle. Auch in zahlreichen anderen Modellierungsparadigmen und genauso in der Ökonometrie spielt die Maximierung eine wichtige Rolle.

6.2.2 Wiederholung: Ableitungsregeln

Für einfache Funktionen gibt es unmittelbare Ableitungsregeln, die uns für jeden Ausdruck die entsprechende Ableitung geben. Komplexere Ausdrücke versucht man über entsprechende Regeln auf diese einfacheren Ausdrücke zurückzuführen und Ableitungen von komplexeren Funktionen somit ‘Stück für Stück’ durchzuführen. Bei den komplexeren Ableitungsregeln handelt es sich insbesondere um die Summen-, Produkt-, Quotienten- und Kettenregel. Vorher wollen wir uns aber mit den einfachen Grundregeln vertraut machen.

Die Ableitung der Funktion $f(x)$ wird als $f'(x)$ oder mit $\frac{\partial f(x)}{\partial x}$ bezeichnet. Letztere Formulierung ist besonders hilfreich wenn eine Funktion im Bezug auf verschiedene Variablen abgeleitet ist: durch diese Formulierung wird unter dem Bruchstrich noch einmal explizit angegeben nach welcher Variable die Funktion abgeleitet wird.

Grundsätzlich gilt, dass die Ableitung einer Konstanten gleich Null ist:

$$\frac{\partial a}{\partial x} = 0$$

Die Ableitung einer Potenz funktioniert folgendermaßen:

$$\frac{\partial x^n}{\partial x} = nx^{n-1}$$

Besteht unsere komplexere Funktion $f(x)$ aus der Summe von Teilfunktionen verwenden wir die **Summenregel**. Diese besagt, dass die Ableitung von $f(x) = u(x) + v(x)$ einfach die Summe der Ableitungen der Teilfunktionen u und v sind:

$$f'(x_0) = u'(x_0) + v'(x_0)$$

Wenn wir also die Funktion $f(x) = 3x^2 + 4x$ ableiten wollen geht dies nach der Summenregel folgendermaßen:

$$f'(x) = u'(x) + v'(x) \quad (6.1)$$

$$u(x) = 3x^2, u'(x) = 6x \quad (6.2)$$

$$v(x) = 4x, v'(x) = 4 \quad (6.3)$$

$$f'(x) = 6x + 4 \quad (6.4)$$

Die Summenregel funktioniert natürlich äquivalent auch für den Fall in dem die Teilfunktionen substrahiert werden.

Werden die Teilfunktionen nicht summiert sondern multipliziert verwenden wir die **Produktregel**. Gehen wir wieder davon aus, dass wir eine komplexe Funktion $f(x) = u(x)v(x)$ ableiten wollen. Ein Beispiel wäre $f(x) = (4 + x^2)(1 - x^3)$, wobei $u(x) = (4 + x^2)$ und $v(x) = (1 - x^3)$.

Insbesondere gilt hier:

$$f'(x_0) = u'(x_0) \cdot v(x_0) + u(x_0) \cdot v'(x_0)$$

Wir können die komplexere Gesamtfunktion also ableiten indem wir die einzelnen Teile separat ableiten und jeweils mit den Ausgangsfunktionen multiplizieren. Für unser Beispiel mit $f(x) = (4 + x^2)(1 - x^3)$ hätten wir also:

$$f'(x) = u'(x) \cdot v(x) + u(x) \cdot v'(x) \quad (6.5)$$

$$u(x) = (4 + x^2), u'(x) = 2x \quad (6.6)$$

$$v(x) = (1 - x^3), v'(x) = 3x \quad (6.7)$$

$$f'(x) = 2x(1 - x^3) + 3x(4 + x^2) = 2x - 2x^4 + 12x + 3x^3 = -2x^4 + 3x^3 + 14x \quad (6.8)$$

Wenn die beiden Teilfunktionen dagegen dividiert werden müssen wir die **Quotientenregel** anwenden. Hier gehen wir also von dem Fall $f(x) = \frac{u(x)}{v(x)}$ aus, z.B. von $f(x) = \frac{x^2}{2x}$.

In diesem Fall gilt:

$$f'(x_0) = \frac{u'(x_0) \cdot v(x_0) - u(x_0) \cdot v'(x_0)}{(v(x_0))^2}$$

Für unser Beispiel hätten wir dann:

$$f'(x) = \frac{u'(x) \cdot v(x) - u(x) \cdot v'(x)}{(v(x))^2} \quad (6.9)$$

$$u(x) = x^2, u'(x) = 2x \quad (6.10)$$

$$v(x) = 2x, v'(x) = 2 \quad (6.11)$$

$$f'(x) = \frac{2x \cdot 2 - x^2 \cdot 2}{(2x)^2} = \frac{2x - 2x^2}{(2x)^2} \quad (6.12)$$

Zuletzt betrachten wir noch die **Kettenregel**, die es uns erlaubt geschachtelte Funktionen abzuleiten. Darunter verstehen wir Funktionen wie $f(x) = u(x) \circ v(x) = u(v(x))$.

Hier gilt:

$$(u \circ v)'(x_0) = u'(v(x_0)) \cdot v'(x_0)$$

Man leitet also die ‘innere’ Funktion $v(x)$ normal ab und multipliziert diese Ableitung mit der Ableitung der ‘äußeren’ Funktion $u(v)$ an der Stelle $v(x_0)$. Am einfachsten ist das mit einem Beispiel nachzuvollziehen in dem $f(x) = (x^2 + 4)^2$, also $u(v) = v^2$ und $v(x) = x^2 + 4$.

Insgesamt bekommen wir also:

$$f'(x) = u' (v(x_0)) \cdot v'(x_0) \quad (6.13)$$

$$u(v) = v^2, u'(v) = 2v \quad (6.14)$$

$$v(x) = x^2 + 4, v'(x) = 2x \quad (6.15)$$

$$f'(x) = 2(x^2 + 4) \cdot 2x \quad (6.16)$$

6.2.3 Ableitungen in R

Sie müssen Ableitungen nicht händisch ausrechnen, sondern können die Funktionen auch in R direkt ableiten lassen. Dazu verwenden wir die Funktion `expression()` um unsere abzuleitende Funktion zu definieren und dann die Funktion `D()` um die Ableitung zu bilden.

Betrachten wir folgendes Beispiel:

$$f(x) = x^2 + 3x$$

Zunächst wird die Funktion in eine `expression` übersetzt:

```
f <- expression(x^2+3*x)
f
```

```
#> expression(x^2 + 3 * x)
```

Eine solche `expression` können Sie über die Funktion `eval()` für konkrete Werte ausrechnen lassen:

```
x <- 1:5
eval(f)
```

```
#> [1] 4 10 18 28 40
```

Zudem können wir mit der Funktion `D()` direkt die Ableitung einer `expression` berechnen:

```
D(f, "x")
```

```
#> 2 * x + 3
```

Wir haben also:

$$\frac{\partial f(x)}{\partial x} = 2x + 3$$

Wir können Aufrufe von `D()` auch verschachteln um höhere Ableitungen zu berechnen:

```
D(D(f, "x"), "x")
```

```
#> [1] 2
```

Für die zweite Ableitung erhalten wir also dementsprechend:

$$\frac{\partial f(x)}{\partial x^2} = 2$$

6.2.4 Maximierung: die analytische Perspektive

Eine der wichtigsten Anwendungen der Differentialrechnung ist die Berechnung von Minima und Maxima, so genannten Extrema, einer Funktion. Die interessierende Funktion wird in diesem Kontext in der Regel *Zielfunktion* genannt.

Die Differentialrechnung spielt hier eine wichtige Rolle, denn Extrema sind dadurch gekennzeichnet, dass die Ableitung einer Funktion an ihren Extrempunkten gleich Null ist. Weil die Nullstellen einer Funktion wiederum recht leicht zu finden sind, bietet es sich an, Extrema über die Ableitung einer Funktion zu suchen.

Die genauen Details des Verfahrens werden hier nicht besprochen, es gibt jedoch zahlreiche gute Lehrbücher. Hier soll es eher um die grundsätzliche Intuition gehen.

Wichtig ist die Unterscheidung zwischen *lokalen* und *globalen* Extremwerten. Das *globale Maximum* (*Minimum*) liegt an dem Punkt im Definitionsbereich einer Funktion, der zu dem größten (kleinsten) Wert im Wertebereich der Funktion führt. Das *lokale Maximum* (*Minimum*) ist für eine bestimmte Teilmenge des Definitionsbereichs der Funktion definiert und bezeichnet den Punkt mit dem größten (kleinsten) Wert *innerhalb dieser Teilmenge*.

Formal exakt können wir die Punkte folgendermaßen definieren, wenn wir von einer Funktion f mit Definitionsbereich $D \subseteq \mathbb{R}$ und Wertebereich \mathbb{R} , also $f : D \rightarrow \mathbb{R}$ ausgehen.

Dann hat f ein *lokales Minimum* im Intervall $I = (a, b)$ am Punkt $(x^*, f(x^*))$ wenn $f(x^*) \leq f(x) \forall x \in I \cap D$. Analog sprechen wir bei dem Punkt $(x^*, f(x^*))$ von einem *lokalem Maximum* im Intervall $I = (a, b)$ wenn $f(x^*) \geq f(x) \forall x \in I \cap D$.

Wir sprechen beim Punkt $(x^*, f(x^*))$ von einem *globalen Minimum* wenn $f(x^*) \leq f(x) \forall x \in D$ und von einem *globalen Maximum* wenn $f(x^*) \geq f(x) \forall x \in D$.

In Abbildung 6.4 sehen wir beispielhaft die Extremwerte der Funktion $f(x) = 8x^2 + 2.5x^3 - 4.25x^4 + 2$.

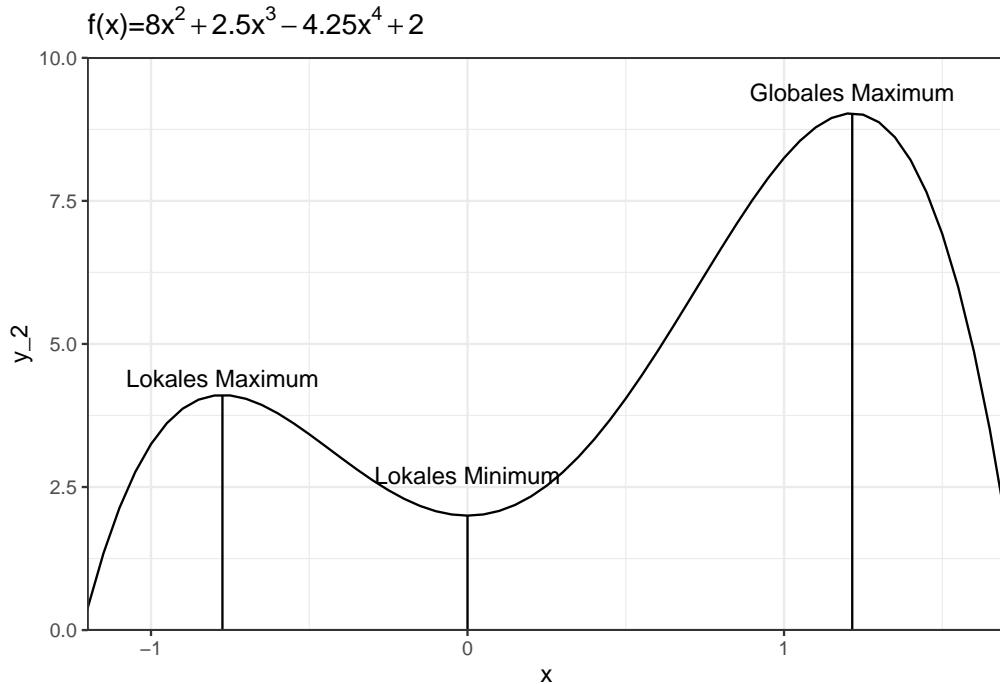


Figure 6.4: Beispiel für Extremwerte

Es kann gezeigt werden, dass eine **notwendige Bedingung** für die Existenz eines Extremwertes am Punkt x^* ist, dass $f'(x^*) = 0$. Daher ist der erste Schritt bei der analytischen Suche nach Extremwerten immer die Ableitung der Funktion und die Identifikation der Nullstellen. Als nächstes untersucht man die **hinreichenden Bedingungen**, die einem genauere Informationen über den Punkt geben.

Hierbei hat sich die in Tabelle 6.1 zusammengefasste Heuristik in der Praxis bewährt:³

³Diese Klassifizierung ist nicht erschöpfend und in einigen Fällen uneindeutig. Tatsächlich gilt Folgendes: sei $f^n(x)$ die n -te Ableitung von $f(x)$. Wenn $f'(x) = 0$ und die erste von Null verschiedene höhere Ableitung einer gerader Ordnung ist haben wir einen Extrempunkt, ansonsten einen Sattelpunkt. Ansonsten gilt auch, dass bei $f^n(x) > 0$ ein Minimum und bei $f^n(x) < 0$ ein Maximum vorliegt.

Table 6.1: Heuristik zur Untersuchung der hinreichenden Bedingung.

1. Ableitung	2. Ableitung	Ergebnis
$f'(x) = 0$	$f''(x) > 0$	Minimum
$f'(x) = 0$	$f''(x) < 0$	Maximum
$f'(x) = 0$	$f''(x) = 0$	Wendepunkt

Das Ganze funktioniert natürlich nur wenn eine Funktion auch tatsächlich eine Ableitung besitzt, es sich also um eine differenzierbare Funktion handelt. Daher wird das auch in vielen ökonomischen Modellen angenommen.

Um herauszufinden ob es sich um ein *globales* Extremum handelt müssen wir die Werte der Extrema vergleichen. Es gibt auch noch einige Heuristiken für besondere Sub-Klassen von Funktionen, die wir hier aber nicht genauer diskutieren wollen.

Wenn die Funktion unter bestimmten *Bedingungen* maximiert (minimiert) werden soll, sprechen wir von einer *Maximierung unter Nebenbedingung(en)*. Die Standard-Methode hier ist die sogenannte *Lagrange-Optimierung*. Details finden sich in zahlreichen Lehrbüchern, z.B. in [Wainwright and Chiang \(2005\)](#).

6.2.5 Maximierung: die algorithmische Perspektive

Bei vielen Funktionen wäre die analytische Berechnung von Extrema zu aufwendig oder gar nicht möglich. Daher verwendet man den Computer um die Extrema zu finden. Ironischerweise ist das gerade bei einfachen Funktionen kein großes Problem. Für die im linken Teil der Abbildung XX dargestellte Funktion kann der Computer einfach mit einem beliebigem Startwert x_0 beginnen und sich auf dem Definitionsbereich in Richtung steigender Funktionswerte fortbewegt bis er den Punkt $x_{globmax}^* = 0$ erreicht. Für Funktionen mit lokalen Extremwerten wie im rechten Teil von Abbildung funktioniert diese Strategie unter Umständen nicht mehr, da der Computer leicht auf lokalen Optima „steckenbleibt“. Im Beispiel in Abbildung 6.5 besteht bei einer unglücklichen Wahl des Startwertes die Gefahr, auf dem lokalen Extremum bei $x = 0.77$ hängen zu bleiben.

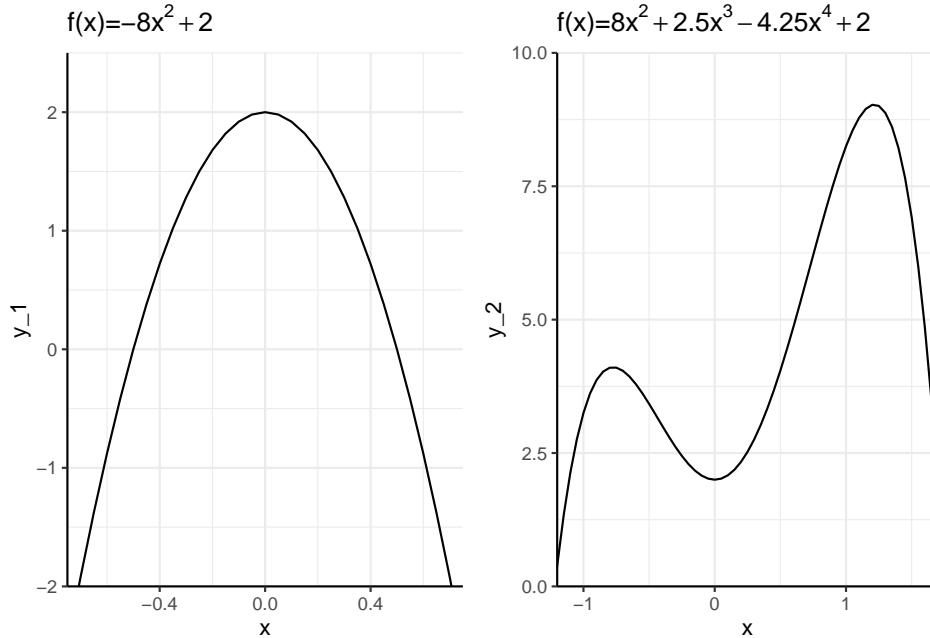


Figure 6.5: Beispiel für die Gefahr auf einem lokalen Extremum hängen zu bleiben (rechter Graph).

Um das zu vermeiden verwenden die Optimierungsalgorithmen einige Tricks. Für die R-Funktion `optim()` können Sie z.B. zwischen sieben solcher ausgefeilter Algorithmen wählen. Schauen Sie einmal in die Hilfefunktion wenn Sie

mehr Informationen über diese Algorithmen bekommen möchten.⁴

Wichtig zu unterscheiden ist die Art der zu optimierenden Funktion und der Nebenbedingungen. Grob können wir zwischen den folgenden drei Fällen unterscheiden:

1. **Lineares Programmieren (LP)**: Sowohl Zielfunktion als auch Nebenbedingungen sind linear. Beispiel:
 $\max s.t. Ax < b, x \geq 0$
2. **Quadratisches Programmieren (QP)**: Zielfunktion ist quadratisch, Nebenbedingungen sind linear. Beispiel: $\max s.t. Ax < b, x \geq 0$
3. **Nicht-lineares Programmieren (NLP)**: Die Zielfunktion oder zumindest eine Nebenbedingung ist nicht-linear.

Die Unterscheidung spielt eine ähnliche Rolle wie die Unterscheidung verschiedener Skalenstufen bei der Datenanalyse: je nach Art des Problems müssen wir andere Methoden anwenden. In diesem Fall bedeutet das, dass wir für unterschiedliche Arten von Funktionen andere Pakete verwenden müssen um Extremwerte zu finden. Zusätzlich gibt es aber auch noch ein paar *general-purpose*-Funktionen, die wir auf alle Klassen anwenden können - auf Kosten der Performance. Diese sind in Tabelle 6.2 zusammengefasst.⁵

Das Schöne ist, dass trotz der Vielzahl an Paketen alle Optimierungsfunktionen nach einem sehr ähnlichen Schema aufgebaut sind. Die ersten beiden Argumente sind immer die Zielfunktion und die Nebenbedingungen. Danach folgen Argumente mit denen Sie die Suchintervalle, den konkreten Algorithmus oder weitere Spezifika festlegen können. Für eine genauere Einführung bietet sich auch die Lektüre der Vignette für das allgemein gehaltene Paket `optimx` (Nash and Varadhan, 2011) an, die [hier](#) abgerufen werden kann.

Table 6.2: Generell anwendbare Optimierungsfunktionen.

Art	Optimierungsfunktion	Paket
Allgemein (eindimensional)	<code>optimize()</code>	<code>stats</code>
Allgemein (mehrdimensional)	<code>optimr()</code>	<code>optimx</code>
LP	<code>lp()</code>	<code>lpSolve</code>
QP	<code>solve.QP()</code>	<code>quadprog</code>
NLP	<code>optimize()</code>	<code>optimize</code>
NLP	<code>optimx()</code>	<code>optimx</code>

Im Folgenden wollen wir anhand einiger einfacher Beispiele sehen wie Sie Optimierungsprobleme in R lösen können. Für eine tiefergehende Auseinandersetzung verweisen wir auf die entsprechenden spezialisierten Einführungen.

Betrachten wir die folgende Zielfunktion:

$$f(x) = 8x^2 + 2.5x^3 - 4.25x^4 + 2 \quad (6.17)$$

In R:

```
f_1 <- function(x) 8*x^2 + 2.5*x**3 - 4.25*x**4 + 2
```

Die Funktion ist in Abbildung 6.6 dargestellt. Wie man sieht verfügt sie über ein lokales Maximum bei $x_a = -0.77$, ein lokales Minimum bei $x_b = 0$ und ein globales Maximum bei $x_c = 1.22$.

Da es sich hier um ein eindimensionales Problem handelt, können wir die allgemeine Funktion `optimize()` verwenden. Wir übergeben als Argument `f` die zu optimierende Funktion und geben über `interval` das Intervall an, in dem nach einem Minimum (oder Maximum) gesucht werden soll:

⁴Gerade bei komplexeren Methoden müssen Sie als Nutzer*in jedoch in der Regel nachhelfen und der Optimierungsfunktion weitere Hinweise zur Funktion angeben. Für unsere Anwendungsbeispiele ist das nicht weiter relevant, Sie sollten die Problematik jedoch im Hinterkopf behalten.

⁵Es gibt auch zwei Optimierungsfunktionen in `base`, allerdings sind diese mittlerweile ein wenig in die Jahre gekommen. Es wird daher empfohlen, anstatt `optim()` und `optimize()` die Funktion `optimx::optimr()` zu verwenden, die größtenteils aber auch die gleiche Syntax verwendet. Eine Übersicht über die meisten verfügbaren Funktionen finden Sie [hier](#).

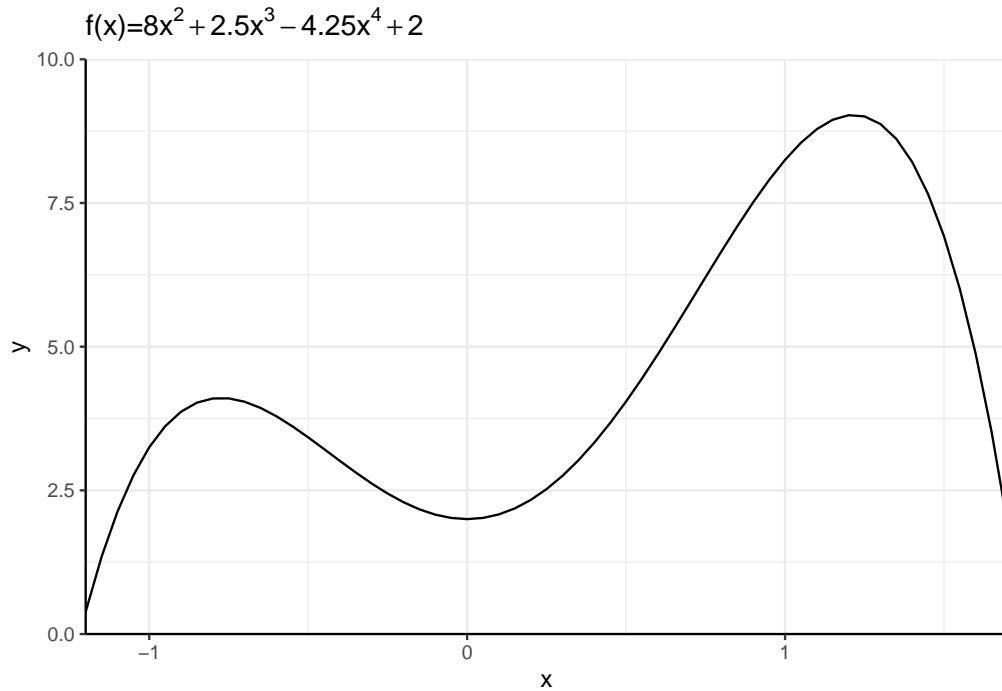


Figure 6.6: Graph der zu optimierenden Funktion.

```
opt_obj <- optimize(f = f_1, interval = c(-1.25, 1.75))
opt_obj
```

```
#> $minimum
#> [1] -7.54766e-06
#>
#> $objective
#> [1] 2
```

Das Ergebnis ist eine Liste mit zwei Elementen. Dem x-Wert des gesuchten Minimums:⁶

```
opt_obj[["minimum"]]
```

```
#> [1] -7.54766e-06
```

Und dem dazugehörigen Funktionswert:

```
opt_obj[["objective"]]
```

```
#> [1] 2
```

Falls wir ein Maximum suchen setzen wir `maximum=TRUE`:

```
opt_obj_max <- optimize(
  f = f_1, interval = c(-1.25, 1.75), maximum = TRUE)
opt_obj_max
```

```
#> $maximum
#> [1] 1.215492
#>
#> $objective
#> [1] 9.032067
```

⁶Minimale Rundungsfehler sind bei solchen numerischen Verfahren normal, daher wird Ihnen in diesem Fall nicht ‘exakt’ Null als Ergebnis angezeigt.

Falls wir den Suchbereich entsprechend einschränken finden wir das lokale Maximum auf der linken Seite:

```
opt_obj_max <- optimize(
  f = f_1, interval = c(-1.25, 0), maximum = TRUE)
opt_obj_max
```

```
#> $maximum
#> [1] -0.7743199
#>
#> $objective
#> [1] 4.108106
```

Wir sind übrigens nicht auf eindimensionale Funktionen beschränkt. Wir können z.B. auch die folgende Zielfunktion optimieren:

$$f(x, y) = (a - x)^2 + b(y - x^2)^2$$

```
f_2 <- function(x, a=1, b=100){
  (a - x[1])**2 + b*(x[2]-x[1]**2)**2
}
```

Bei dieser Funktion handelt es sich um die in der Optimierung sehr häufig als Benchmark verwendete [Rosenbrock Funktion](#). Grafisch können wir solche Funktionen mit Hilfe einer *Heatmap* darstellen, wobei wir in unserer Visualisierung in Abbildung 6.7 annehmen, dass $a = 1$ und $b = 100$. In einer Heatmap geben die beiden Achsen die Kombination der x und y-Werte an, der resultierende Funktionswert wird über die Farbe repräsentiert.

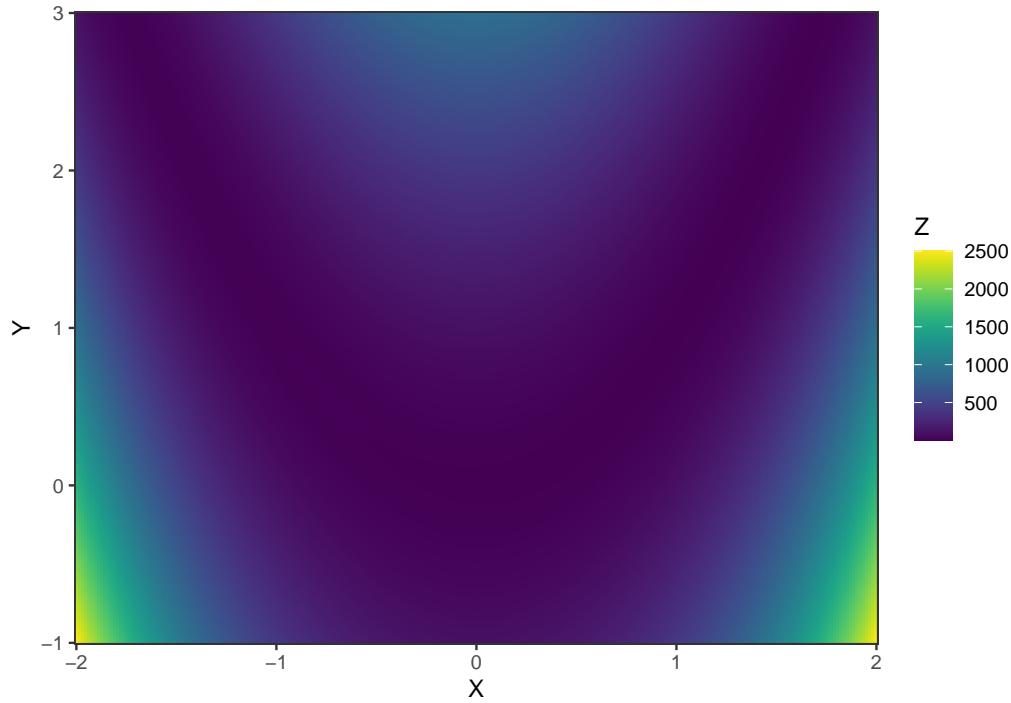


Figure 6.7: Darstellung einer Funktion als Heatmap

Da es sich jetzt um ein mehrdimensionales Problem handelt verwenden wir die Funktion `optimx::optimr()` anstatt von `optimize()`. Die Handhabung ist aber sehr ähnlich. Als erstes Argument übergeben wir `par` unsere ersten Vermutungen für das Extremum, also die Werte, mit der die Funktion ihre Suche beginnen soll. Danach als zweites Argument `fn` die zu optimierende Funktion. Falls diese Funktion noch weitere Argumente akzeptiert können wir die hier auch einfach hinzufügen. Für unseren Fall haben wir also:

```
opt_objekt <- optimx::optimr(
  par = c(1, 1),
  fn = f_2
)
```

Zunächst schauen wir ob der Algorithmus erfolgreich einen Extremwert gefunden hat. Bei erfolgreicher Suche hat der Listeneintrag `convergence` den Wert 0:

```
opt_objekt[["convergence"]] == 0
```

```
#> [1] TRUE
```

Die optimalen Argumente erhalten wir über den Listeneintrag `par`:

```
opt_objekt[["par"]]
```

```
#> [1] 1 1
```

Und den Wert der Zielfunktion im Extremum über den Listeneintrag `value`:

```
opt_objekt[["value"]]
```

```
#> [1] 0
```

Wenn wir `optimx::optimr()` übrigens zur Maximierung einsetzen wollen müssen wir nichts weiter tun als dem Argument `control` eine Liste mit dem Eintrag `fnscale=-1` zu übergeben:

```
opt_objekt <- optimx::optimr(
  par = c(1, 1),
  fn = f_2, control = list(fnscale=-1)
)
```

```
opt_objekt$convergence == 0
```

```
#> [1] TRUE
```

```
opt_objekt$par
```

```
#> [1] 3.661667e+76 -3.087043e+76
```

```
opt_objekt$value
```

```
#> [1] 1.797693e+308
```

6.2.6 Anwendungsbeispiel

Als Anwendungsbeispiel betrachten wir das klassische keynesianische Modell. Am geläufigsten ist dabei folgende Formulierung:

$$Y = C + I + G \quad (6.18)$$

$$C = c_0 + c_1 Y \quad (6.19)$$

In dem Modell geht man davon aus, dass sich die gesamtwirtschaftliche Güternachfrage Y aus dem Konsum C , den Investitionen I sowie den Staatsausgaben G ergibt. Die Konsumfunktion selbst wird als lineare Funktion modelliert, wobei c_0 den autonomen Konsum (also den vom Einkommen unabhängigen Konsum) und c_1 die marginale Konsumquote beschreibt.

Wir können nun die Notation leicht um T als die Steuerlast erweitern:

$$Y = \frac{c_0 + I + G}{1 - c_1(1 - T)} \quad (6.20)$$

Wenn wir nun wissen wollen wie Y auf eine Änderung der Staatsausgaben reagiert können wir diese Formel nach G ableiten. Dazu müssten wir gleich mehrere Regeln, die wir oben kennen gelernt haben, anwenden.

Aber natürlich können wir das Ganze ganz einfach in R lösen. Um die Ableitung herzuleiten verwenden wir dabei einfach wieder die Funktion `D()`:

```
keynes_model <- expression(Y=(c_0 + I + G) / (1 - c_1*(1-T)))
D(expr = keynes_model, name = "G")
#> 1/(1 - c_1 * (1 - T))
```

Es gilt also:

$$\frac{\partial Y}{\partial G} = \frac{1}{1 - c_1(1 - T)} \quad (6.21)$$

Nehmen wir einmal an die marginale Konsumquote c_1 läge bei 20% und der Steuersatz T bei 25%. Eine Erhöhung der Staatsausgaben würde dann Y über den Multiplikator $\frac{1}{1-0.2(1-0.25)} = 1.176471$ erhöhen.

Alternativ können wir das Ergebnis natürlich analytisch unter Zuhilfenahme der oben eingeführten Ableitungsregeln herleiten.

6.3 Lineare Algebra

Ebenfalls sehr häufig werden Sie mit Matrizen und den dazugehörigen Rechenoperationen ('Matrizenalgebra' genannt) in Kontakt kommen. Das Ziel dieses Abschnitts ist keine abschließende Einführung in Matrizen und Matrizenalgebra, sondern soll dazu dienen, einen groben Überblick über typische Rechenoperationen und deren Implementierung in R zu bekommen. Für eine ausführlichere Einführung verweisen wir auf [Wainwright and Chiang \(2005\)](#) oder [Aleskerov et al. \(2011\)](#).

Matrizen werden häufig im Kontext der *linearen Algebra* verwendet.⁷ Zahlreiche sozioökonomische Konzepte bedienen sich der linearen Algebra, in der Matrizen häufig verwendet werden, um lineare Gleichungssysteme dazustellen. Die Matrixdarstellung ist dabei nicht nur kompakter, sie erlaubt es uns auch relativ leicht zu überprüfen ob das System konsistent und lösbar ist. Die folgenden zwei Beispiele machen dies hoffentlich deutlich.

6.3.1 Einführungsbeispiele

Das erste Beispiel bezieht sich wieder auf das oben eingeführte klassischen Keynesianische Modell:

$$Y = C + I + G \quad (6.22)$$

$$C = c_0 + c_1 Y \quad (6.23)$$

Nehmen wir nun an, die Staatsausgaben und Investitionen wären exogen bekannt. Dann kann dieses Modell äquivalent in Matrixform geschrieben werden:

$$Ax = d \quad (6.24)$$

wobei $A = \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ -c_1 & 1 \end{pmatrix}$, $x = \begin{pmatrix} Y \\ C \end{pmatrix}$ und $d = \begin{pmatrix} I + G \\ c_0 \end{pmatrix}$, wobei die beiden Unbekannten in diesem Fall das Einkommen Y und der Konsum C sind.

⁷Das liegt daran, dass jede $n \times k$ -Matrix A , also eine Matrix mit n Zeilen und k Spalten, als eine Funktion $f(x) = Ax$ dargestellt werden kann, für die gilt: $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^k$. Diese Funktion ist immer *linear*. Tatsächlich gilt, dass jede Funktion f nur dann linear ist, wenn es eine Matrix A gibt, für die gilt $f(x) = Ax$.

Matrizen helfen uns solche Gleichungssysteme komprimiert darzustellen und zu analysieren, insbesondere um zu testen ob es Werte für die freien Parameter - hier Y und C - gibt sodass das gesamte System konsistent ist. Wir sehen unten wie genau wir solche Systeme in R recht einfach lösen können.

Ein weiteres Beispiel wo wir - vielleicht auch häufig unbewusst - Methoden der linearen Algebra verwenden ist in der Ökonometrie. So wird das einfache lineare Regressionsmodell für n Beobachtungen und p erklärenden Variablen häufig folgendermaßen beschrieben (siehe Kapitel 10):

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{i1} + \beta_2 x_{i2} + \dots + \beta_p x_{ip} + \epsilon, i = 1, \dots, n \quad (6.25)$$

Da wir in der Praxis regelmäßig mehr als eine erklärende Variable verwenden (also $p > 1$) werden Schätzgleichungen fast ausschließlich in Matrixform dargestellt, denn wir können explizit alle n Gleichungen untereinander schreiben:

$$\begin{aligned} Y_1 &= \beta_0 + \beta_1 x_{11} + \beta_2 x_{21} + \dots + \beta_p x_{1p} + e_1 \\ Y_2 &= \beta_0 + \beta_1 x_{21} + \beta_2 x_{22} + \dots + \beta_p x_{2p} + e_2 \\ &\vdots \\ Y_n &= \beta_0 + \beta_1 x_{n1} + \beta_2 x_{n2} + \dots + \beta_p x_{np} + e_n \end{aligned}$$

Und dann in Matrixform ausdrücken:

$$\begin{pmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \vdots \\ Y_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1p} \\ 1 & x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{np} \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \\ \vdots \\ \epsilon_n \end{pmatrix} \quad (6.26)$$

Und Letzteres wie folgt schreiben:

$$Y = X\beta + \epsilon \quad (6.27)$$

Dementsprechend können wir auch den OLS-Schätzer in Matrixform darstellen, was ab Kapitel 11 auch die standardmäßige Darstellungsform sein wird. Dies erlaubt einfachere und allgemeinere Beweise, und ist vor allem für die algorithmische Implementierung sehr wichtig. Auch wenn wir uns mit diesen Details nicht notwendigerweise genau auseinandersetzen müssen, sollte die grundlegende Rolle der linearen Algebra doch nicht unterschätzt werden. Wir werden das Beispiel des OLS-Schätzers unten noch genauer besprechen. Zunächst beginnen wir mit einer allgemeinen Einführung in den Umgang mit Matrizen in R.

6.3.2 Einführung von Matrizen

Technisch handelt es sich bei Matrizen um zweidimensionale Objekte mit Zeilen und Spalten, bei denen es sich jeweils um atomare Vektoren handelt.

In R werden Matrizen mit der Funktion `matrix()` erstellt. Diese Funktion nimmt als erstes Argument die Elemente der Matrix und dann die Spezifikation der Anzahl von Zeilen (`nrow`) und/oder der Anzahl von Spalten (`ncol`):

```
m_1 <- matrix(11:20, nrow = 5)
m_1
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    11   16
#> [2,]    12   17
#> [3,]    13   18
#> [4,]    14   19
#> [5,]    15   20
```

Wie können die Zeilen, Spalten und einzelne Werte folgendermaßen extrahieren und ggf. Ersetzungen vornehmen:

```
m_1[,1] # Erste Spalte
```

```
#> [1] 11 12 13 14 15
```

```
m_1[1,] # Erste Zeile
```

```
#> [1] 11 16
```

```
m_1[2,2] # Element [2,2]
```

```
#> [1] 17
```

Es gibt einige **besondere Matrizen**, die aufgrund ihrer speziellen Eigenschaften Eigennamen erhalten haben.

Eine Matrix mit der gleichen Anzahl von Zeilen und Spalten wird **quadratische Matrix** genannt.

$$\begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} \\ a_{41} & a_{42} & a_{43} & a_{44} \end{pmatrix} \quad (6.28)$$

Die Elemente auf der ‘Diagonalen’ einer quadratischen $n \times n$ -Matrix, also $\{a_{ii}\}_{i=1}^n$, werden die *Hauptdiagonale* dieser Matrix genannt.

Eine Matrix, die von Null verschiedene Einträge nur auf der Hauptdiagonale aufweist heißt **Diagonalmatrix**:

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 4 \end{pmatrix} \quad (6.29)$$

Bei der **oberen Dreiecksmatrix** befinden sich von Null verschiedene Einträge ausschließlich auf oder über der Hauptdiagonale, bei der **unteren Dreiecksmatrix** ist dies genau umgekehrt. Hier ein Beispiel für eine untere Dreiecksmatrix:

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 3 & 0 \\ 1 & 2 & 3 & 4 \end{pmatrix} \quad (6.30)$$

Bei der **Identitätsmatrix** (oder: ‘Einheitsmatrix’) handelt es sich um eine quadratische Matrix, die auf der Hauptdiagonalen nur 1er und neben der Haupdiagonalen nur 0er enthält. Sie wird mit \mathbb{I}_n bezeichnet, wobei n die Anzahl der Zeilen und Spalten angibt:

$$\mathbb{I}_4 = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (6.31)$$

Wird eine beliebige Matrix mit einer passenden Identitätsmatrix multipliziert, ist das Ergebnis die ursprüngliche Matrix selbst, daher der Name. Wir können \mathbb{I}_n in R mit `diag(n)` direkt erstellen.

6.3.3 Grundregeln der Matrizenalgebra

Matrizenalgebra spielt in vielen statistischen Anwendungen eine wichtige Rolle. Sie funktioniert aber ein wenig anders als die ‘herkömmliche’ Algebra, mit denen die meisten von Ihnen schon vertraut sein werden. Zum Glück ist es in R sehr einfach die typischen Rechenoperationen für Matrizen zu implementieren. Im Folgenden werden wir die wichtigsten Rechenregeln für Matrizen kurz einführen und dabei die folgenden Beispieldateien verwenden:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 6 \\ 5 & 3 \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} 0 & 2 \\ 4 & 8 \end{pmatrix} \quad (6.32)$$

```
matrix_a <- matrix(c(1,5,6,3), ncol = 2)
matrix_b <- matrix(c(0,4,2,8), ncol = 2)
```

Matrix-Transponierung

Die transponierte Matrix A' ergibt sich aus A indem die Spalten und Zeilen vertauscht werden. Im Folgenden ist unsere Beispieldatei und ihre Transponierung dargestellt:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 6 \\ 5 & 3 \end{pmatrix} \quad A' = \begin{pmatrix} 1 & 5 \\ 6 & 3 \end{pmatrix} \quad (6.33)$$

In R können wir eine Matrix mit der Funktion `t()` transponieren:

```
matrix_a

#>      [,1] [,2]
#> [1,]     1    6
#> [2,]     5    3

t(matrix_a)

#>      [,1] [,2]
#> [1,]     1    5
#> [2,]     6    3
```

Skalar-Addition

$$4 + A = \begin{pmatrix} 4 + a_{11} & 4 + a_{21} \\ 4 + a_{12} & 4 + a_{22} \end{pmatrix} \quad (6.34)$$

In R:

```
4 + matrix_a

#>      [,1] [,2]
#> [1,]     5   10
#> [2,]     9   7
```

Matrizen-Addition

$$A + B = \begin{pmatrix} a_{11} + b_{11} & a_{21} + b_{21} \\ a_{12} + b_{12} & a_{22} + b_{22} \end{pmatrix} \quad (6.35)$$

```
matrix_a + matrix_b

#>      [,1] [,2]
#> [1,]     1    8
#> [2,]     9   11
```

Skalar-Multiplikation

$$2 \cdot A = \begin{pmatrix} 2 \cdot a_{11} & 2 \cdot a_{21} \\ 2 \cdot a_{12} & 2 \cdot a_{22} \end{pmatrix} \quad (6.36)$$

```
2*matrix_a
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]     2   12
#> [2,]    10   6
```

Elementenweise Matrix Multiplikation (auch ‘Hadamard-Produkt’)

$$A \odot B = \begin{pmatrix} a_{11} \cdot b_{11} & a_{21} \cdot b_{21} \\ a_{12} \cdot b_{12} & a_{22} \cdot b_{22} \end{pmatrix} \quad (6.37)$$

```
matrix_a * matrix_b
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]     0   12
#> [2,]    20   24
```

Matrizen-Multiplikation

$$A \cdot B = \begin{pmatrix} a_{11} \cdot b_{11} + a_{12} \cdot b_{21} & a_{11} \cdot b_{21} + a_{12} \cdot b_{22} \\ a_{21} \cdot b_{11} + a_{22} \cdot b_{21} & a_{21} \cdot b_{12} + a_{22} \cdot b_{22} \end{pmatrix} \quad (6.38)$$

```
matrix_a %*% matrix_b
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    24   50
#> [2,]    12   34
```

Wir wissen von oben auch, dass $A\mathbb{I}_2 = A$:

```
matrix_a
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]     1   6
#> [2,]     5   3
```

```
matrix_a %*% diag(2)
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]     1   6
#> [2,]     5   3
```

Matrizen invertieren

Die Inverse einer Matrix A , A^{-1} , ist definiert sodass gilt

$$AA^{-1} = I \quad (6.39)$$

Sie kann in R mit der Funktion `inv()` aus dem Paket `matlib`⁸ identifiziert werden, wobei wir die Matrix als erstes Argument `X` an `inv()` übergeben:

⁸Alternativ können Sie auch die Funktion `solve()` aus `base` verwenden; hier ist das erste Argument `a` und der Output ist weniger informativ.

```
inv(X = matrix_a)

#>      [,1]      [,2]
#> [1,] -0.1111111 0.22222222
#> [2,]  0.1851852 -0.03703704

matrix_a %*% inv(matrix_a)

#>      [,1]      [,2]
#> [1,] 1e+00 -2e-08
#> [2,] 2e-08 1e+00
```

Die minimalen Abweichungen sind auf maschinelle Rundungsfehler zurückzuführen und treten häufig auf.

Gerade die letzte Operation ist zentral um zu verstehen wie wir mit Hilfe der Matrizenalgebra lineare Gleichungssysteme wie oben beschrieben lösen können. Denn diese Gleichungssysteme können - wie in der Einleitung beschrieben - in die Form

$$Ax = b \quad (6.40)$$

gebracht werden. In Anwendungsfällen ist A eine Matrix mit Koeffizienten, x ein Vektor von unbekannten Variablen und b ein Vektor mit Konstanten. Entsprechend ist unser Interesse in der Identifikation eines Vektors x sodass die Gleichung konsistent ist und mindestens eine Lösung hat. Wenn wir die Gleichung gemäß der gerade beschriebenen Regeln umformen bekommen wir:

$$A^{-1}Ax = A^{-1}b \quad (6.41)$$

$$x = A^{-1}b \quad (6.42)$$

In der Matrzenschreibweise korrespondiert die Lösung eines solchen Systems also zur Invertierung der Matrix A - daher auch der Name der R-Funktion `solve()` aus dem Paket `base`.

Nehmen wir also einmal folgenden Fall an: $A = \begin{pmatrix} 1 & 3 \\ -2 & 1 \end{pmatrix}$ und $b = \begin{pmatrix} 9 \\ 4 \end{pmatrix}$.

In diesem Fall können wir das Gleichungssystem in R lösen indem wir `Solve()` direkt die Matrix A (über das Argument `A`) und den Vektor b (über das Argument `b`) übergeben:

```
A <- matrix(c(1, -2, 3, 1), ncol = 2)
b <- matrix(c(9, -4), ncol = 1)
Solve(A = A, b = b)
```

```
#> x1     =  3
#> x2     =  2
```

Wir sehen also unmittelbar, dass das Gleichungssystem - und damit unser Modell - konsistent ist und eine eindeutige Lösung $x = \begin{pmatrix} 3 \\ 2 \end{pmatrix}$ aufweist.⁹ Dieses können wir folgendermaßen verifizieren:

```
x <- matrix(c(3, 2), ncol = 1)
A %*% x
```

```
#>      [,1]
#> [1,]     9
#> [2,]    -4
```

Wie erwartet erhalten wir hier also wieder unseren ursprünglichen Wert für b .

Wenn allerdings $A = \begin{pmatrix} -2 & 1 \\ -4 & 2 \end{pmatrix}$ und $b = \begin{pmatrix} 3 \\ 2 \end{pmatrix}$, dann würde Folgendes passieren:

⁹Wenn Sie die einzelnen Schritte zur Lösung nachverfolgen wollen, rufen Sie die Funktion mit dem Argument `verbose=TRUE` auf!

```
A <- matrix(c(-2, -4, 1, 2), ncol = 2)
b <- matrix(c(3, 2), ncol = 1)
Solve(A = A, b = b)

#> x1 - 0.5*x2  = -0.5
#>          0     =    2
```

Wir sehen also direkt, dass das System nicht lösbar wäre, denn das resultierende Gleichungssystem weist einen eindeutigen Widerspruch ($0=2$) auf. Der Grund ist, dass die Matrix A *singulär* ist, das heißt sie besitzt keine Inverse. Das können Sie unmittelbar überprüfen:

```
inv(A)
```

```
#> Error in Inverse(X, tol = sqrt(.Machine$double.eps), ...): X is numerically singular
```

Wir können also nur über die Analyse der Matrix Schlussfolgerungen bezüglich des gesamten Gleichungssystems ziehen. Das ist in der Praxis, in dem die Gleichungssysteme ungleich größer und komplexer sind, von enormer Bedeutung.

Ein dritter möglicher Fall tritt ein wenn $A = \begin{pmatrix} 1 & 3 \\ -2 & 1 \end{pmatrix}$ und $b = \begin{pmatrix} 9 \\ 4 \end{pmatrix}$:

```
A <- matrix(c(4, -2, -2, 1), ncol = 2)
b <- matrix(c(6, -3), ncol = 1)
Solve(A = A, b = b)

#> x1 - 0.5*x2  = 1.5
#>          0     =    0
```

In diesem Falle sehen wir keinen Widerspruch im Gleichungssystem, aber auch kein eindeutiges Ergebnis. Das Gleichungssystem hat also *unendlich viele* Lösungen.

Zur Vollständigkeit seien hier noch einmal die drei möglichen Ergebnisse einer solchen Matrizenanalyse kurz beschrieben:

1. Das Gleichungssystem hat *unendlich viele* Lösungen, wir können also auf Basis der Struktur keine genaue Vorhersage bezüglich der Parameter in x machen.
2. Das Gleichungssystem hat eine *eindeutige* Lösung, wir haben also ein konsistentes Modell, das eine eindeutige Vorhersage produziert.
3. Das Gleichungssystem hat *keine* Lösung, unser Modell ist also inkonsistent.

Im Folgenden werden wir uns das anhand der beiden Beispiele aus dem Abschnitt 6.3.1 genauer anschauen.

6.3.4 Anwendungsbeispiel 1: Das einfache Keynesianische Modell

In der Einleitung dieses Unterkapitels haben wir schon gesehen, dass wir das einfache Keynesianische Modell

$$Y = C + I + G \quad (6.43)$$

$$C = a + bY \quad (6.44)$$

auch in Matrzenschreibweise darstellen können:

$$Ax = d \quad (6.45)$$

wobei $A = \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ -b & 1 \end{pmatrix}$, $x = \begin{pmatrix} Y \\ C \end{pmatrix}$ und $d = \begin{pmatrix} I + G \\ a \end{pmatrix}$.

Der Vorteil ist, dass wir unmittelbar überprüfen können ob das System für bestimmte Werte konsistent ist und eine eindeutige Lösung für Y und C besitzt.

Sind z.B. die Staatsausgaben mit $G = 2$ und die Investitionen mit $I = 2$ bekannt, und die marginale Konsumneigung mit $b = 0.4$ und der einkommensunabhängige Konsum mit $a = 1$ gegeben, können wir direkt überprüfen ob das System konsistent ist und, da $x = \begin{pmatrix} Y \\ C \end{pmatrix}$ welche Werte für den Konsum und das Gesamteinkommen impliziert werden.

```
I_keynes <- 2
G_keynes <- 2
b_keynes <- 0.4
a_keynes <- 1

A_keynes <- matrix(c(1, -b_keynes, -1, 1), nrow = 2)
d_keynes <- matrix(c(I_keynes + G_keynes, a_keynes), ncol = 1)
Solve(A = A_keynes, b = d_keynes)

#> x1      =  8.33333333
#>   x2    =  4.33333333
```

In diesem Fall sehen wir, dass das System konsistent ist und eine eindeutige Lösung für das Einkommen $Y = 8\frac{1}{3}$ und den Konsum $C = 4\frac{1}{3}$ impliziert.

6.3.5 Anwendungsbeispiel 2: OLS-Regression

Aus der Einleitung dieses Unterkapitels wissen wir, dass wir das lineare Regressionsmodell mit n Beobachtungen von p Variablen

$$\begin{aligned} Y_1 &= \beta_0 + \beta_1 x_{11} + \beta_2 x_{12} + \dots + \beta_p x_{1p} + \epsilon_1 \\ Y_2 &= \beta_0 + \beta_1 x_{21} + \beta_2 x_{22} + \dots + \beta_p x_{2p} + \epsilon_2 \\ &\vdots \\ Y_n &= \beta_0 + \beta_1 x_{n1} + \beta_2 x_{n2} + \dots + \beta_p x_{np} + \epsilon_n \end{aligned}$$

auch folgendermaßen schreiben können:

$$Y = X\beta + \epsilon \tag{6.46}$$

Wobei Y eine $n \times 1$ -Matrix mit den Beobachtungen für die abhängige Variable, X eine $n \times p$ -Matrix in der jede Spalte zu einem Vektor mit allen n Beobachtungen einer der p erklärenden Variablen korrespondiert. ϵ schließlich ist die $n \times 1$ -Matrix der Fehlerterme.

Nehmen wir folgenden Datensatz an:

```
#>           Auto Verbrauch PS Zylinder
#> 1: Ford Pantera L     15.8 264     8
#> 2: Ferrari Dino     19.7 175     6
#> 3: Maserati Bora     15.0 335     8
#> 4: Volvo 142E        21.4 109     4
```

Dies können wir schreiben als:

$$\begin{aligned} y_1 &= \beta_0 + \beta_1 x_{11} + \beta_2 x_{12} + \epsilon_1 \\ y_2 &= \beta_0 + \beta_1 x_{21} + \beta_2 x_{22} + \epsilon_2 \\ y_3 &= \beta_0 + \beta_1 x_{31} + \beta_2 x_{32} + \epsilon_3 \\ y_4 &= \beta_0 + \beta_1 x_{41} + \beta_2 x_{42} + \epsilon_4 \end{aligned} \tag{6.47}$$

und mit Zahlen:

$$\begin{aligned}
 15.8 &= \beta_0 + \beta_1 264 + \beta_2 8 + \epsilon_1 \\
 19.7 &= \beta_0 + \beta_1 175 + \beta_2 6 + \epsilon_2 \\
 15.0 &= \beta_0 + \beta_1 335 + \beta_2 8 + \epsilon_3 \\
 21.4 &= \beta_0 + \beta_1 109 + \beta_2 4 + \epsilon_4
 \end{aligned} \tag{6.48}$$

Und als Matrix:

$$\begin{pmatrix} 1 & 264 & 8 \\ 1 & 175 & 6 \\ 1 & 335 & 8 \\ 1 & 109 & 4 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \beta_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \\ \epsilon_3 \\ \epsilon_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 15.8 \\ 19.7 \\ 15.0 \\ 21.4 \end{pmatrix}$$

Es gilt also, dass $\hat{\beta} = \begin{pmatrix} \hat{\beta}_0 \\ \hat{\beta}_1 \\ \hat{\beta}_2 \end{pmatrix}$, $X = \begin{pmatrix} 1 & 264 & 8 \\ 1 & 175 & 6 \\ 1 & 335 & 8 \\ 1 & 109 & 4 \end{pmatrix}$ und $y = \begin{pmatrix} 15.8 \\ 19.7 \\ 15.0 \\ 21.4 \end{pmatrix}$.

Es lässt sich allgemein zeigen, dass der gesuchte Schätzer $\hat{\beta} = \begin{pmatrix} \hat{\beta}_0 \\ \hat{\beta}_1 \\ \hat{\beta}_2 \end{pmatrix}$ für das unbekannte $\beta = \begin{pmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \beta_2 \end{pmatrix}$ die Lösung des folgenden Gleichungssystems darstellt:¹⁰

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1} X'Y \tag{6.49}$$

Das können wir wiederum in R lösen:

```

ols_X <- matrix(c(1, 264, 8, 1, 175, 6, 1, 335, 8, 1, 109, 4),
                  ncol = 3, byrow = T)
ols_y <- matrix(c(15.8, 19.7, 15.0, 21.4), ncol = 1)

solve(t(ols_X) %*% ols_X) %*% t(ols_X) %*% ols_y

```

```

#> [1,]
#> [1,] 26.37086491
#> [2,] -0.01783627
#> [3,] -0.68592421

```

Oder direkt mit lm():

```
lm(Verbrauch ~ PS + Zylinder, data = ols_beispiel)
```

```

#>
#> Call:
#> lm(formula = Verbrauch ~ PS + Zylinder, data = ols_beispiel)
#>
#> Coefficients:
#> (Intercept)          PS      Zylinder
#> 26.37086       -0.01784     -0.68592

```

¹⁰Die genaue Herleitung finden Sie im nächsten (optionalen) Abschnitt.

6.3.6 Optional: Herleitung des OLS-Schätzers

Mit dem bislang gewonnenen Verständnis von Matrizenalgebra ist es bereits möglich die Herleitung des OLS-Schätzers nachzuvollziehen. Diese Herleitung wird im Folgenden beschrieben.

Wir wissen bereits, dass die Residuen einer Schätzung gegeben sind durch:

$$e = Y - X\hat{\beta}$$

Wir können die Summe der quadrierten Residuen (RSS) in Matrixschreibweise schreiben als:

$$e'e = (e_1 \ e_2 \ \dots \ e_n)' \begin{pmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_n \end{pmatrix} = (e_1 \times e_1 \ e_2 \times e_2 \ \dots \ e_n \times e_n) \quad (6.50)$$

Wir können dann schreiben:¹¹

$$\begin{aligned} e'e &= (Y - X\hat{\beta})' (Y - X\hat{\beta}) \\ &= y'y - \hat{\beta}'X'y - y'X\hat{\beta} + \hat{\beta}'X'X\hat{\beta} \\ &= y'y - 2\hat{\beta}'X'y + \hat{\beta}'X'X\hat{\beta} \end{aligned}$$

Wir wollen diesen Ausdruck nun minimieren. Dazu leiten wir nach dem Vektor der zu schätzenden Koeffizienten $\hat{\beta}$ ab:

$$\frac{\partial e'e}{\partial \hat{\beta}} = -2X'y + 2X'X\hat{\beta} = 0 \quad (6.51)$$

Diese Gleichung können wir nun umformen zu:

$$\begin{aligned} 2X'X\hat{\beta} &= 2X'y \\ X'X\hat{\beta} &= X'y \end{aligned}$$

Da gilt, dass $(X'X)^{-1}(X'X) = I$ multiplizieren wir beide Seiten mit $(X'X)^{-1}$:¹²

$$\begin{aligned} (X'X)^{-1}X'X\hat{\beta} &= (X'X)^{-1}X'y \\ \hat{\beta} &= (X'X)^{-1}(X'y) \end{aligned} \quad (6.52)$$

Damit haben wir den Schätzer für $\hat{\beta}$ hergeleitet.

6.3.7 Weiterführende Literatur

Es gibt im Internet zahlreiche gute Überblicksartikel zum Thema Matrizenalgebra in R, z.B. [hier](#) oder in größerem Umfang [hier](#). Auch das Angebot an Lehrbüchern ist sehr groß, für die ökonomischen Grundlagen bietet sich [Wainwright and Chiang \(2005\)](#) sehr gut an.

¹¹Beachte dabei, dass $Y'X\hat{\beta} = (Y'X\hat{\beta})' = \hat{\beta}'X'Y$.

¹²Hier liegt übrigens auch der Grund für die OLS-Annahme, dass keine perfekte Multikollinearität besteht: denn in diesem Fall wäre eine Zeile der Matrix X eine lineare Kombination einer anderen Zeile und X wäre damit nicht mehr invertierbar, also X^{-1} würde nicht existieren und $\hat{\beta}$ wäre nicht mehr definiert.

6.4 Analyse von Verteilungen

Fragen nach Verteilungen stehen im Zentrum vieler sozioökonomischer Arbeiten. Verteilung von Einkommen und Vermögen, sozialem, kulturellem oder physischem Kapital, Firmenproduktivitäten oder natürlichen Ressourcen - in vielen Bereichen geht es um Verteilungen.

Gleichzeitig spielen Verteilungen in der technischen Literatur eine wichtige Rolle: in der Ökonometrie ist die Verteilung von Schätzern von zentraler Bedeutung, viele formale Konzepte setzen eine bestimmte Verteilung der Daten voraus und häufig bedarf es zur richtigen Wahl der quantitativen Methoden zumindest rudimentärer Kenntnis über die Verteilung der Daten.

Kurzum: Wissen über Verteilungen und deren Analyse ist für die sozioökonomische Forschungspraxis extrem hilfreich. Daher wollen wir uns im Folgenden mit verschiedenen Aspekten der Analyse von Verteilungen beschäftigen.

Wir steigen mit einer Erläuterung des (mathematischen) **Verteilungsbegriffs** ein und diskutieren den Zusammenhang zwischen Verteilungen und stochastischen Prozessen. Verteilungen sind nämlich immer dann zentral, wenn wir es mit probabilistischen Prozessen zu tun haben.

Als nächstes lernen wir **typische Kennzahlen** zur Beschreibung von Verteilungen kennen. Besonderes Augenmerk legen wir dabei auf Kennzahlen zur Streuung und Ungleichheit, wie die Standardabweichung oder den Gini Index.

Daraufhin lernen wir einige **grafische Methoden** kennen, um die wir die quantitativen Kennzahlen immer ergänzen sollten und schließen das Kapitel zuletzt mit einigen **abschließenden Bemerkungen** ab.

In diesem Abschnitt werden mehrere Konzepte aus der Stochastik vorausgesetzt. Wenn Sie sich damit noch unsicher fühlen empfiehlt sich vorher eine Lektüre von Kapitel 7.

6.4.1 Theoretische und empirische Verteilungen

Wenn wir über Verteilungen sprechen wird der Begriff (mindestens) in zwei verwandten aber unterschiedlichen Arten verwendet: im Sinne der **Verteilung einer Zufallsvariablen** und im Sinne einer **empirischen Beschreibung**.

Eine empirische Verteilung beschreiben wir in der Regel durch bestimmte Kennzahlen, wie den Mittelwert, die Standardabweichung oder den Gini-Index. Das erlaubt uns Informationen über die Daten in wenigen Zahlen zu kondensieren.¹³

Dennoch werden beide Perspektiven auch häufig kombiniert, vor allem wenn wir einen empirischen Datensatz mit einem parametrischen Wahrscheinlichkeitsmodell beschreiben wollen. Das bedeutet, dass wir die empirischen Daten als Realisierung einer theoretischen Zufallsvariablen (ZV) interpretieren und die für die theoretische ZV relevanten Parameter dann aus den Daten heraus schätzen.¹⁴

Anwendungsbeispiel

Stellen Sie sich vor Sie haben eine Stichprobe vor sich, welche die Verteilung in Abbildung 6.8 (linker Graph) aufweist.

Beachten Sie, dass die y-Achse die empirische Dichte der Beobachtungen auf der x-Achse angibt, wir haben hier also ein Maß für die relative Häufigkeit der Beobachtungen. Dies haben wir mit der Funktion `ggplot2::stat(density)` innerhalb von `ggplot2::geom_histogram()` erreicht.

Wenn wir die Daten so betrachten erscheint es naheliegend, sie als Realisierung einer Normalverteilung zu interpretieren: die Form ist grob glockenförmig und symmetrisch. Wir können diese Annahme plausibilisieren indem wir mit `ggplot2::geom_density()` die *empirische Dichtefunktion* der Verteilung schätzen und über die Daten legen, wie im rechten Graph der Abbildung 6.8.

```
Stichprobe <- ggplot2::ggplot(data = sample_data) +
  ggplot2::geom_histogram(
    mapping = aes(x=r, stat(density)),
    binwidth = 0.4) +
  ggplot2::scale_x_continuous(expand = c(0, 1)) +
  ggplot2::scale_y_continuous(expand = expansion(c(0, 0.05), c(0, 0))) +
```

¹³Wir sehen unten aber auch, dass solche Kennzahlen immer mit einer grafischen Darstellung kombiniert werden sollten.

¹⁴Ein "parametrisches Wahrscheinlichkeitsmodell" meint dabei eine ZV mit bestimmten Parametern.

```

ggplot2::theme_bw() +
  theme(panel.border = element_blank(),
        axis.line = element_line())

Dichtefunktion <- ggplot2::ggplot(data = sample_data) +
  ggplot2::geom_histogram(
    mapping = aes(x=r, stat(density)),
    binwidth = 0.4, alpha=0.4) +
  coord_cartesian(xlim = c(-6, 12)) +
  ggplot2::stat_density(mapping = aes(x=r),
                        color="blue",
                        geom="line") +
  ggplot2::scale_y_continuous(expand = expansion(c(0, 0.05),
                                                 c(0, 0))) +
  ggplot2::theme_bw() +
  theme(panel.border = element_blank(),
        axis.line = element_line())

ggpubr::ggarrange(Stichprobe, Dichtefunktion, ncol = 2)

```

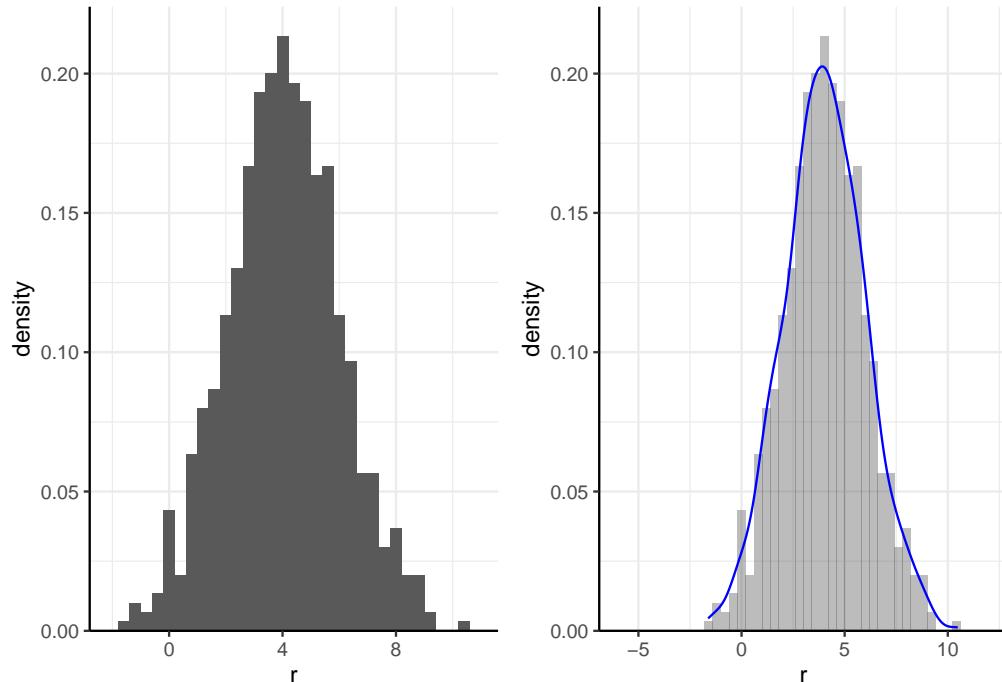


Figure 6.8: Stichprobe (linker Graph) und Stichprobe mit empirischer Dichtefunktion (rechter Graph)

Das bedeutet, dass wir unsere Daten mit Hilfe der Dichtefunktion (*probability density function* - PDF) der Normalverteilung beschreiben können. Die Formel an sich ist dabei weniger illustrativ, aber sie zeigt was wir mit einem *parametrischen* Wahrscheinlichkeitsmodell meinen:

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma^2} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}} \quad (6.53)$$

Wenn Sie die Formel genau anschauen finden sich darin zwei Parameter: ein Lageparameter μ und ein Streuparameter σ^2 . Das bedeutet, dass wir mit diesen beiden Werten die theoretische Normalverteilung vollständig charakterisieren können. Es wäre ja schön, wenn wir unsere Stichprobe oben ebenfalls mit solchen zwei Zahlen vollständig beschreiben könnten.

Das geht allerdings nicht. Unsere empirisch erhobenen Daten sind nie *komplett* identisch zu einer theoretischen Verteilung. Was wir daher machen können ist Folgendes: wir argumentieren, dass unsere Daten sinnvoll durch eine normalverteilte ZV *modelliert* werden können. Wir sagen dann, dass unsere Stichprobe *approximativ normalverteilt* ist. Dann müssen wir im nächsten Schritt nur noch die Werte für die beiden Parameter der Normalverteilung finden, sodass die Verteilung optimal zu unseren Daten passt. Das bedeutet wir ‘*fitten*’ die Verteilung zu unseren Daten. Abbildung 6.9 verdeutlicht die Fits verschiedener Normalverteilungen.

Was damit gemeint ist verdeutlicht die folgende Darstellung:

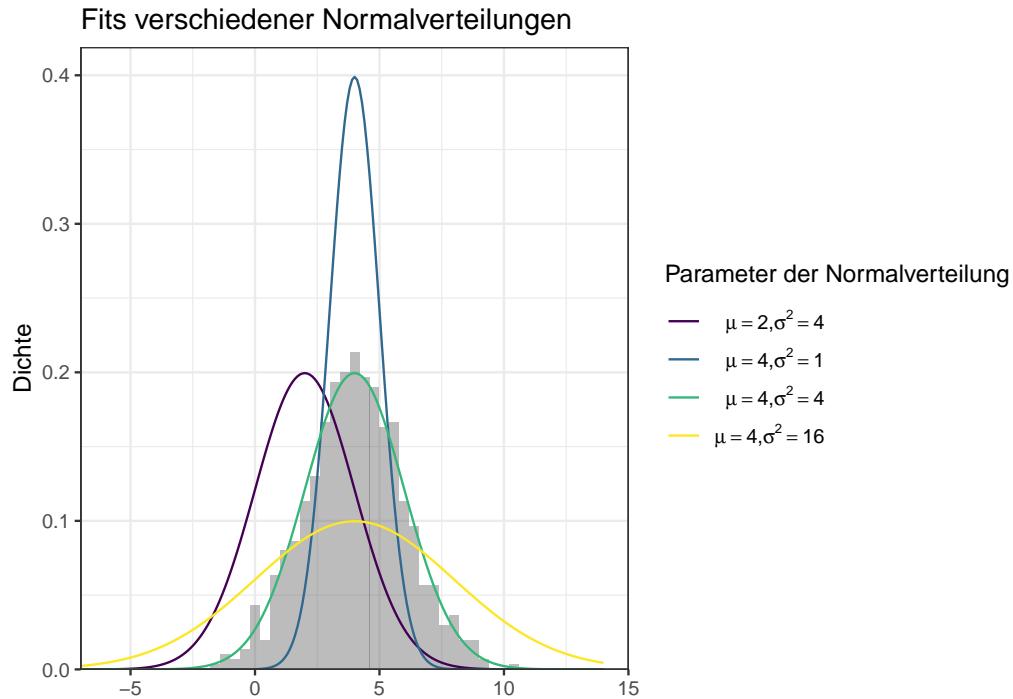


Figure 6.9: Beispiel zur Verdeutlichung von Fits verschiedener Normalverteilungen mit unterschiedlichen Parameterwerten

Die Normalverteilung mit $\mu = 4$ und $\sigma^2 = 4$ passt zu den Daten recht gut. Aber wie identifizieren wir diese Werte? In der Praxis müssen diese Werte geschätzt werden. Dazu gibt es verschiedene Verfahren.

Die bekannteste Variante ist die *Maximum Likelihood* Schätzung. Das Verfahren wird später genauer beschrieben, hier illustrieren wir es mit unserem aktuellen Beispiel.

Die Grundidee der *Maximum Likelihood*-Schätzung ist simpel: wählen Sie die Parameter der Verteilung so, dass die beobachtete Stichprobe die am wahrscheinlichsten zu beobachtende Stichprobe ist. In unserem Falle: wählen Sie $\mu = \mu^*$ und $\sigma^2 = \sigma^{2*}$ so, dass $\mathcal{N}(\mu^*, \sigma^{2*})$, die Normalverteilung ist, bei der die Wahrscheinlichkeit unsere Stichprobe zu bekommen am größten ist.

Bedenken Sie, dass das nichts darüber aussagt *wie* wahrscheinlich das ist: wenn Sie eine unpassende Verteilung mit Maximum Likelihood fitten, bekommen Sie selbst für die besten Parameter einen schlechten Fit.

In unserem Fall wollen wir nun eine Normalverteilung zu unseren Daten fitten. Dazu verwenden wir die Funktion `fitdist()` aus dem Paket `fitdistrplus` (Delignette-Muller and Dutang, 2015). Dieser Funktion geben wir über das Argument `data` unsere Stichprobe und über das Argument `distr` das Kürzel für die Verteilungsklasse, die wir annehmen.¹⁵

```
fit_dist <- fitdistrplus::fitdist(data = sample_data$r,
                                    distr = "norm")
fit_dist[["estimate"]]
```

```
#>      mean        sd
```

¹⁵ Die bekanntesten Verteilungen werden in Kapitel 7 beschrieben. Die vollständige Liste der Verteilungskürzel in R finden Sie [hier](#).

```
#> 4.023254 1.967130
```

Wir sehen also, dass die optimale Parametrisierung zu $\mu = 4.02$ und $\sigma^2 = 1.967$ korrespondiert. Das passt gut zu unserem grafischen Resultat von oben, bei dem uns $\mathcal{N}(4, 2)$ bereits als guter Fit ins Auge gesprungen ist.

Allerdings müssten Sie zusätzlich noch testen ob die Verteilungsannahme auch tatsächlich plausibel ist, wir testen also die Hypothese, dass die Daten aus einer $\mathcal{N}(4, 2)$ -Verteilung gezogen wurden. Für den Fall der Normalverteilung können wir dies z.B. mit einem [Shapiro-Wilk-Test](#) machen.

Hier testen wir die H_0 , dass die Daten tatsächlich durch eine Normalverteilung generiert wurden.¹⁶

```
shapiro_test <- shapiro.test(sample_data$r)
shapiro_test
```

```
#>
#> Shapiro-Wilk normality test
#>
#> data: sample_data$r
#> W = 0.99894, p-value = 0.9479
```

Da der $p > 0.1$ können wir die Nullhypothese einer Normalverteilung nicht ablehnen und wir können nun ein gutes Bild unserer Daten vermitteln: wann immer Sie hören, dass ein bestimmter Datensatz approximativ gemäß $\mathcal{N}(4, 2)$ verteilt ist, dann haben Sie ein sehr gutes Bild des Datensatzes erhalten.

Es gibt viele verschiedene Verteilungstests, je nach dem welche Verteilung Sie testen wollen. Dies ist ein komplexes Thema, das wir in diesem Kapitel nicht weitergehend behandeln. [Clauset et al. \(2009\)](#) ist ein sehr bekanntest Paper, das eine praktische Anleitung für den Fall der Pareto-Verteilung enthält, aber auch für andere Verteilungen verwendet werden kann.¹⁷ Ansonsten finden Sie [hier](#) oder [hier](#) praktische Anleitungen und Diskussionen.

6.4.2 Kennzahlen zur Beschreibung empirischer Verteilungen

Jede Beschreibung einer Verteilung mittels Kennzahlen sollte verschiedene Aspekte der Verteilung abdecken. Insbesondere sollten Aussagen zu **Lage**, zur **Streuung**, zur **Form** und zu möglichen Ausreißern und zu sonstigen **Besonderheiten** gemacht werden. Tabelle 6.3 listet die bekanntesten Kennzahlen in den jeweiligen Bereichen auf.

Table 6.3: Kennzahlen zur Beschreibung empirischer Verteilungen.

Kennzahl	Art	R-Funktion
Arithm. Mittel	Lage	mean()
Modus	Lage	NA
Median	Lage	median()
Quantile	Lage	quantile()
Varianz	Streuung	var()
Standardabweichung	Streuung	sd()
Variationskoeffizient	Streuung	sd()/mean()
IQR	Streuung	IQR()
Gini	Streuung	ineq::Gini()
Theil	Streuung	ineq::Theil()
Schiefe	Form	moments::skewness()
Steile	Form	moments::kurtosis()
Cook'sche Distanz	Sonst.	cooks.distance()

Für die folgenden Illustrationen nehmen wir an, dass wir es mit einem Datensatz mit N kontinuierlichen Beobachtungen x_1, x_2, \dots, x_n zu tun haben. Als Beispiel dient uns der Datensatz zu ökonomischen Journalen aus [Kleiber](#)

¹⁶Beachten Sie, dass ein solcher Test weniger gut geeignet ist, wenn Sie entscheiden wollen ob Ihre Daten normalverteilt ‘genug’ sind um bestimmte Methoden anzuwenden, die eine Normalverteilung voraussetzen. Dazu sollten Sie unbedingt auch grafische Methoden wie [QQ-Plots](#) verwenden. Für mehr Details schauen Sie mal in [diesen Blogartikel](#).

¹⁷Eine frei zugängliche Version des Papers findet sich [hier](#).

and Zeileis (2008):¹⁸

```
#> Kuerzel                               Titel
#> 1: APEL                  Asian-Pacific Economic Literature
#> 2: SAJoEH                South African Journal of Economic History
#> 3: CE                    Computational Economics
#> 4: MEPiTE MOCT-MOST Economic Policy in Transitional Economics
#> 5: JoSE                  Journal of Socio-Economics
#> 6: LabEc                 Labour Economics
#>                                         Verlag Society Preis Seitenanzahl Buchstaben_pS Zitationen
#> 1:          Blackwell      no    123     440      3822      21
#> 2: So Afr ec history assn   no     20     309      1782      22
#> 3:          Kluwer       no    443     567      2924      22
#> 4:          Kluwer       no    276     520      3234      22
#> 5:          Elsevier      no    295     791      3024      24
#> 6:          Elsevier      no    344     609      2967      24
#> Gruendung Abonnenten        Bereich
#> 1:    1986      14    General
#> 2:    1986      59  Economic History
#> 3:    1987      17  Specialized
#> 4:    1991       2  Area Studies
#> 5:    1972      96 Interdisciplinary
#> 6:    1994      15    Labor
```

Kennzahlen zur Lage der Verteilung

Die bekannteste Maßzahl zur Lage einer Verteilung ist das **arithmetische Mittel**. Es ist anwendbar wenn wir es mit kontinuierlichen und mindestens intervall-skalierten Daten zu tun haben und ist definiert als:

$$\bar{x} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i$$

In R wird das arithmetische Mittel mit der Funktion `mean()` berechnet:

```
avg_preis <- mean(journal_daten[["Preis"]])
avg_preis

#> [1] 417.7222
```

Der durchschnittliche Preis der Journale ist also 417.72 Dollar.

Das arithmetische Mittel ist sehr anfällig gegenüber Ausreißern. Ein robusteres Maß ist der Median: er ist definiert als der Wert $x_{0.5}$ bei dem 50% der Daten größer und 50% der Daten kleiner sind als $x_{0.5}$, genauer:

$$x_{0.5} = \begin{cases} \frac{1}{2} (x_{0.5 \cdot n} + x_{0.5 \cdot n + 1}) & \text{wenn } 0.5 \cdot n \text{ ganzzahlig} \\ \frac{1}{2} x_{\lfloor 0.5 \cdot n + 1 \rfloor} & \text{wenn } 0.5 \cdot n \text{ nicht ganzzahlig} \end{cases} \quad (6.54)$$

wobei wir annehmen, dass die Werte der Verteilung ihrer Größe nach geordnet sind, also $(x_1 \leq x_2 \leq x_3 \leq \dots \leq x_n)$ und $\lfloor x \rfloor$ die *Abrundungsfunktion* bezeichnet.¹⁹

In R wird der Median mit der Funktion `median()` berechnet:

```
med_preis <- median(journal_daten[["Preis"]])
med_preis
```

¹⁸Dieser Datensatz enthält Informationen über Preise, Seiten, Zitationen und Abonnenten von 180 Journalen aus der Ökonomik im Jahr 2004. Bei den hier verwendeten Daten handelt es sich um eine Übersetzung des Datensatzes *Journals* aus dem Paket *AER* (Kleiber and Zeileis, 2008).

¹⁹Eine Abrundungsfunktion runden eine Dezimalzahl auf die nächst-kleinere ganze Zahl ab. So ist z.B. $\lfloor 1.9 \rfloor = 1$ und $\lfloor 1.2 \rfloor = 1$.

```
#> [1] 282
```

Da es insgesamt 180 Journale gibt gilt, dass 90 Journale teurer und 90 Journale billiger als 282 Dollar sind.

Die Idee des Medians kann über den Begriff der **Quantile** verallgemeinert werden. Wir sprechen bei dem α -**Quantil** einer Verteilung von dem Wert, bei dem $\alpha \cdot 100\%$ der Datenwerte kleiner und $(1 - \alpha) \cdot 100\%$ der Datenwerte größer sind. Genauer:

$$x_\alpha = \begin{cases} \frac{1}{2}(x_{\alpha \cdot n} + x_{\alpha \cdot n + 1}) & \text{wenn } \alpha \cdot n \text{ ganzzahlig} \\ \frac{1}{2}x_{\lfloor \alpha \cdot n + 1 \rfloor} & \text{wenn } \alpha \cdot n \text{ nicht ganzzahlig} \end{cases} \quad (6.55)$$

In R können wir Quantile einfach mit der Funktion `quantile()` berechnen. Diese Funktion akzeptiert als erstes Argument einen Vektor von Daten und als zweites Argument ein oder mehrere Werte für α :

```
quantile(journal_daten[["Preis"]], c(0.25, 0.5, 0.75))
```

```
#> 25%    50%    75%
#> 134.50 282.00 540.75
```

Wie wir hier sehen ist der Median gleich dem 50%-Quantil.

Eine sehr flexible Kennzahl für die Lage einer Verteilung ist der **Modus**. Er bezeichnet den Wert, der am häufigsten in den Daten vorkommt. Daher ist der Modus auch schon für nominal-skalierte Daten verfügbar.

In R gibt es aber leider keine Funktion, die den Modus direkt berechnet. Vielleicht erinnern Sie sich aber, dass wir mit der Funktion `table()` eine Häufigkeitstabelle ausgeben können. Daher bekommen wir den Modus über folgenden Umweg:²⁰

```
names(table(journal_daten[["Preis"]]))
) [table(journal_daten[["Preis"]]) == max(table(journal_daten[["Preis"]]))]
```

```
#> [1] "90"
```

Kennzahlen zur Streuung einer Verteilung

Von besonderem Interesse in der sozioökonomischen Forschung ist die Analyse von Ungleichheiten. Dies bedeutet, dass Kennzahlen zur Beschreibung der *Streuung* von Verteilungen von besonderer praktischer Bedeutung sind.

Die am weitesten verbreiteten Streuungsmaße sind die **Varianz** Var und ihre Quadratwurzel, die **Standardabweichung**, s :

$$s_x = \sqrt{Var(x)} = \sqrt{\frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2} \quad (6.56)$$

Dabei ist zu beachten, dass die empirische Standardabweichung oft einfacher zu interpretieren ist, da sie in den gleichen Einheiten gemessen wird wie die Daten der Stichprobe. Der **Variationskoeffizient** ist eine einheitslose Variante und ist als Quotient der empirische Standardabweichung und dem arithmetischen Mittel definiert:

$$v_x = \frac{s_x}{\bar{x}} \quad (6.57)$$

In R können die drei Maße folgendermaßen berechnet werden:

```
var_preis <- var(journal_daten[["Preis"]])
var_preis
```

```
#> [1] 148868.3
```

²⁰Es gibt natürlich noch viele andere Möglichkeiten, siehe z.B. [hier](#).

```
sd_preis <- sd(journal_daten[["Preis"]])
sd_preis

#> [1] 385.8346

varcoef_preis <- sd(journal_daten[["Preis"]]) / mean(journal_daten[["Preis"]])
varcoef_preis

#> [1] 0.9236631
```

Ein ebenfalls häufig verwendetes Streuungsmaß ist der **Interquartilsabstand** (*inter-quantile-range, IQR), welcher als die Differenz zwischen dem 25%– und 75%-Quantil definiert ist:

$$IQR = x_{0.75} - x_{0.25}$$

Hierbei handelt es sich also um das Intervall, das die ‘mittlere Hälfte’ der Verteilung umfasst. In R können wir den IQR mit der Funktion `IQR` berechnen:

```
IQR(journal_daten[["Preis"]])
```

```
#> [1] 406.25
```

Ein weit verbreitetes Maß zur Messung der Streuung ist der **Gini-Index**. Dabei handelt es sich um ein relatives Verteilungsmaß, welches auf das Intervall (0, 1) normiert wird und den Wert 0 im Falle einer kompletten Gleichverteilung und den Wert 1 im Falle einer kompletten Konzentration, d.h. dem Fall, dass ein Beobachtungssubjekt alles und alle anderen nichts besitzen.

In R können wir den Gini-Index z.B. mit der Funktion `Gini()` aus dem Paket `ineq` (Zeileis, 2014) berechnen, wobei wir hier die Korrektur für Stichproben verwenden müssen indem wir das Argument `corr = TRUE` setzen:

```
test_data_equality <- rep(0.5, 5)
test_data_inequality <- c(rep(0, 4), 1)
ineq::Gini(test_data_equality, corr = T)

#> [1] 0
ineq::Gini(test_data_inequality, corr = T)

#> [1] 1
```

Um die Besonderheiten des Gini's zu verstehen wollen wir uns genauer mit der Berechnung des Indexes vertraut machen. Der Gini-Index ist eng mit dem Konzept der **Lorenz-Kurve** verknüpft.

Grafisch gesprochen resultiert die Lorenz-Kurve wenn wir auf der x-Achse den Anteil der Beobachtungssubjekte und auf der y-Achse ihren Anteil an den relevanten Ressource abbilden. Definieren wir p als den Anteil an der Population und $q = \mathcal{L}(p)$ als den Anteil an der Ressource, der von $p\%$ der Population gehalten wird. Daraus resultiert, dass wir bei volliger Gleichverteilung eine Gerade sehen würden, da $p\%$ der Population auch $q = p = \mathcal{L}(p)\%$ der Ressource halten würden. Die Lorenz-Kurve visualisiert nun die *Abweichung* von diesem idealtypischen Fall in dem $p = q$. Dies wird in Abbildung 6.10 deutlich, in der zwei mögliche Lorenz-Kurven dem hypothetischen Fall der perfekten Gleichverteilung gegenübergestellt werden:

Der Gini-Index \mathcal{G} misst diese Abweichung über die normierte Distanz zwischen p und q indem er einfach das Integral von $p - \mathcal{L}(p)$ berechnet. Da die Lorenz-Kurve innerhalb eines 1×1 -Quadrats definiert ist multiplizieren wir das Integral mit 2 um die Normierung zwischen 0 und 1 zu erreichen, sonst wäre das Maximum des Gini-Indices 0.5 (da über der 45-Grad Linie per definitionem keine Kurve verlaufen kann):

$$\mathcal{G} = 2 \cdot \int_0^1 (p - \mathcal{L}(p)) dp = 1 - 2 \cdot \int_0^1 (\mathcal{L}(p)) dp \quad (6.58)$$

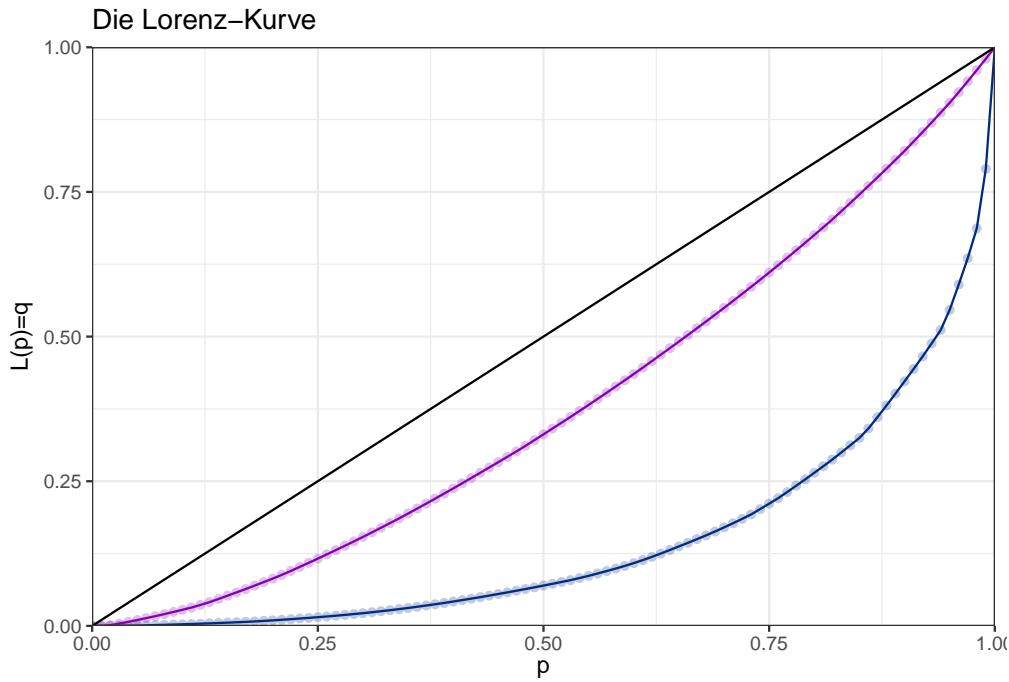


Figure 6.10: Vergleich zweier Lorenz-Kurven

Der Gini-Index ist ein recht hilfreiches Maß für Ungleichverteilung wenn wir es mit *symmetrischen* Verteilungen zu tun haben, wie die lila Kurve in der Abbildung oben. Es ist jedoch ein schwierigeres Maß sobald eine *assymmetrische* Verteilung vorliegt, wie bei der blauen Kurve oben. In letzterem Fall werden wir möglicherweise die gleichen Ginis für recht unterschiedliche Verteilungen erhalten. Da Vermögens- und Einkommensverteilungen in der Regel immer asymmetrisch sind stellt das durchaus eine Herausforderung für den Gini dar und man sollte andere Ungleichheitsmaße wie den Atkinson-Index oder den Zanardi-Index in Betracht ziehen.

Der Gini-Index reagiert relativ schwach auf Änderungen an den Extremen der Ressourcenverteilung. Wenn diese Änderungen von besonderem Interesse sind bietet sich die Verwendung des [Theil-Index](#) an. Er ist leider nicht so einfach zu interpretieren wie der Gini und eignet sich daher vor allem für Vergleiche über die Zeit.⁷[Der Theil-Index besitzt noch weitere attraktivere Eigenschaften. Insbesondere können die Beiträge von Ungleichheiten innerhalb verschiedener Subgruppen und die Ungleichheiten zwischen Gruppen als solchen aus dem Index abgeleitet werden.

Die Definition ist folgendermaßen:

$$\mathcal{T} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{x_i}{\bar{x}} \ln \frac{x_i}{\bar{x}} \quad (6.59)$$

wobei N die Anzahl der Personen, x_i die Ressourcenausstattung von Person i und \bar{x} das arithmetische Mittel der Ressourcenausstattung ist.

In R können wir den Theil Index mit der Funktion `Theil()` aus dem Paket `ineq` berechnen:

```
dist_expl <- rpareto(100, 3, 2.1)
ineq::Theil(dist_expl)

#> [1] 1.290735
```

Welches Verteilungsmaß für den jeweiligen Anwendungsfall am besten geeignet ist hängt auch von der Art der zugrundeliegenden Verteilung ab. So wird zwar häufig die Varianz als Streuungsmaß verwendet, wenn es sich bei der zu analysierenden Verteilung allerdings um eine bei Einkommen sehr häufig vorkommende Pareto-Verteilung handelt ist die Verwendung dieses Maßes ziemlich irreführend, da die Varianz für diese Verteilungen in vielen Fällen nicht sinnvoll definiert werden kann und wir mit der Formel für die Varianz indirekt unsere Stichprobengröße

messen (Yang et al., 2019). Das richtige Maß hängt also immer von unseren theoretischen Vorüberlegungen zur zugrundeliegenden Verteilung und unserem konkreten Erkenntnisinteresse ab.

In diesem Sinne ist vor allem die weite Verbreitung des Gini-Indexes als *dem* Verteilungsmaß schlechthin durchaus kritisch zu sehen. So reagiert der Gini-Index vor allem auf Änderungen in den mittleren Bereichen der Verteilung und weniger auf Änderungen an den Rändern. Wer Effekte von wachsender Vermögenskonzentration bei den reichsten Individuen messen möchte sollte also lieber ein anderes Maß verwenden. Sein Nutzen ist insofern auch von der zugrundeliegenden Forschungsfrage abhängig. Das gilt natürlich auch für alle anderen Indices. So eignet sich der Theil-Index vor allem bei der Analyse von Änderungen über die Zeit in der gleichen Gruppe, da er nicht normiert ist. Er reagiert deutlich besser auf Änderungen an den Extremen als der Gini-Index.

Für eine gute kritische Auseinandersetzung mit dem Gini-Index und einen konstruktiven Gegenvorschlag siehe z.B. Clementi et al. (2019).

Zahlreiche gängige Verteilungsmaße sind in dem Paket `ineq` von Zeileis (2014) implementiert.

Uni- und Multimodale Verteilungen

Die Unterscheidung zwischen uni- und multimodalen Verteilungen ist wichtig, weil viele Kennzahlen, wie die *Schiefe* oder *Steile* einer Verteilung (siehe unten) nur für unimodale Verteilungen intuitiv interpretiert werden können.

Ganz strikt genommen sprechen wir von einer **unimodalen** oder **eingipfligen** Verteilung wenn Sie nur einen Gipfel hat, also nur einen Modus Ansonsten sprechen wir von einer **multimodalen** oder **mehrgipfligen** (oder genauer *zweigipfligen*, *dreigipfligen*, ...) Verteilung.

In der Praxis haben viele Funktionen einen eindeutigen Modus, besitzen aber mehrere andere lokale Optima, also kleinere "Gipfel", sodass wir in der Regel von einer multimodalen Verteilung sprechen sobald es mehrere lokale Maxima gibt. Beispiele einer solch multimodalen Verteilung sind in Abbildung 6.11 dargestellt.

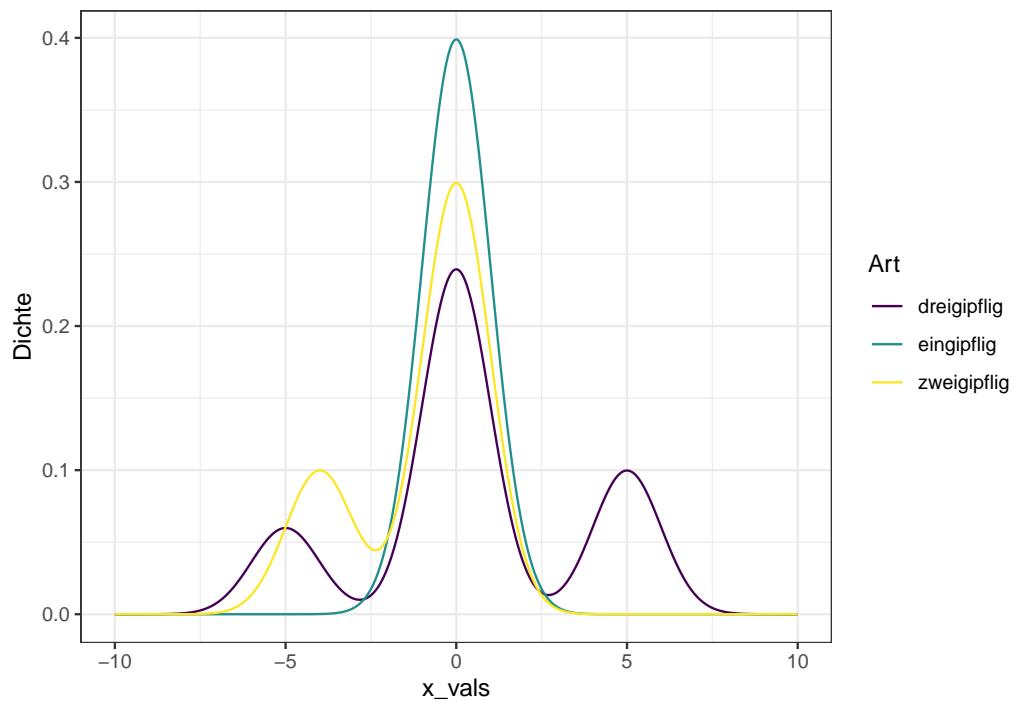


Figure 6.11: Beispiele multimodaler Verteilungen

Kennzahlen zur Form der Verteilung

Um die Form einer Verteilung besser zu beschreiben verwendet man häufig die **Schiefe** und **Steile** (auch: Kurtosis) einer Verteilung. Beide Kennzahlen sind zunächst einmal nur für *eingipflige/unimodale* Verteilungen sinnvoll.

Die Schiefe einer empirischen Verteilung ist definiert als:

$$\gamma_x = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s} \right)^3$$

wobei wir für die Schätzung wieder für die Reduktion der Freiheitsgrade korrigieren müssen, sodass die praktische Schätzfunktion gegeben ist durch:

$$\hat{\gamma}_x = \frac{1}{(n-1)(n-2)} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s} \right)^3$$

Hieraus ableiten können wir den Begriff der **Symmetrie** einer Verteilung. Wir nennen eine Verteilung *symmetrisch* wenn $\gamma_x = 0$, **links-schief** (oder *rechts-steil*) wenn $\gamma_x < 0$ und **rechts-schief** (oder *links-steil*) wenn $\gamma_x > 0$.

Woher diese Begriffe kommen können wir uns am besten mit Hilfe von Abbildung 6.12 verdeutlichen.

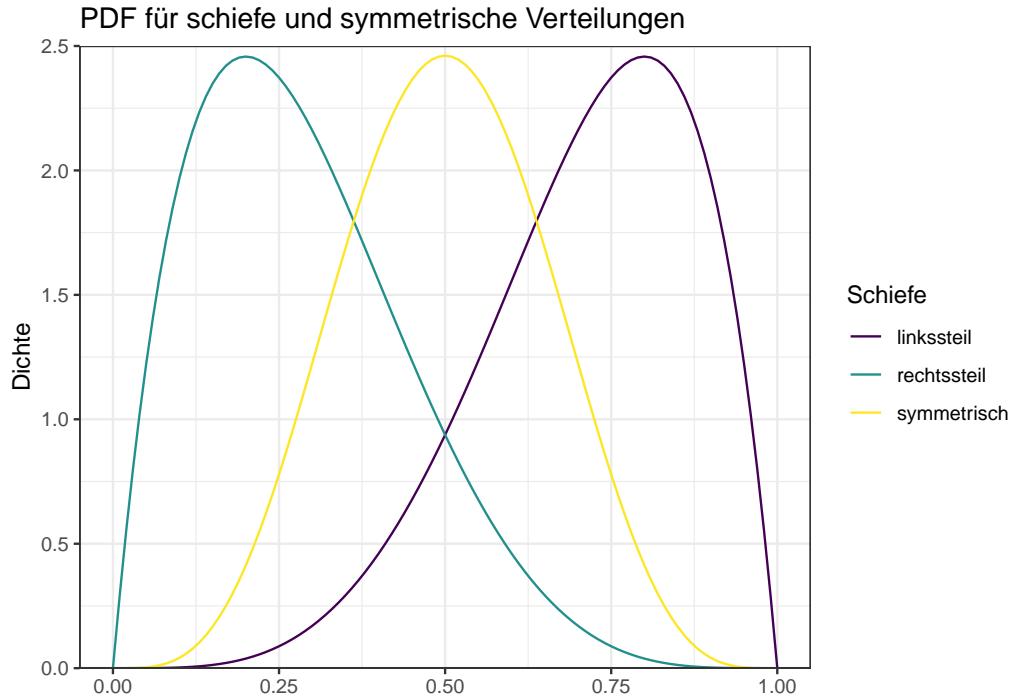


Figure 6.12: Beispiele für Verteilungen mit unterschiedlichen Schießen

In R können wir die Schiefe einer Verteilung mit der Funktion `skewness()` aus dem Paket `moments` (Komsta and Novomestky, 2015) berechnen:

```
moments::skewness(journal_daten[["Preis"]])
```

```
#> [1] 1.691223
```

Wir würden hier also von einer *rechts-schiefen* Verteilung der Preise sprechen. Das sehen wir hier auch grafisch in Abbildung 6.13.

Die **Steile** (auch: Kurtosis) ω_x einer Verteilung gibt ihre ‘Spitzgipfligkeit’ an. Je größer ω_x desto ‘schmäler’ wird die Verteilung und desto weniger extreme Werte hat sie. Die Steile ist folgendermaßen definiert:

$$\omega_x = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s_x} \right)^4$$

Wie bei der Schiefe müssen wir für die Schätzung wieder für die Reduktion der Freiheitsgrade korrigieren, sodass die praktische Schätzfunktion gegeben ist durch:

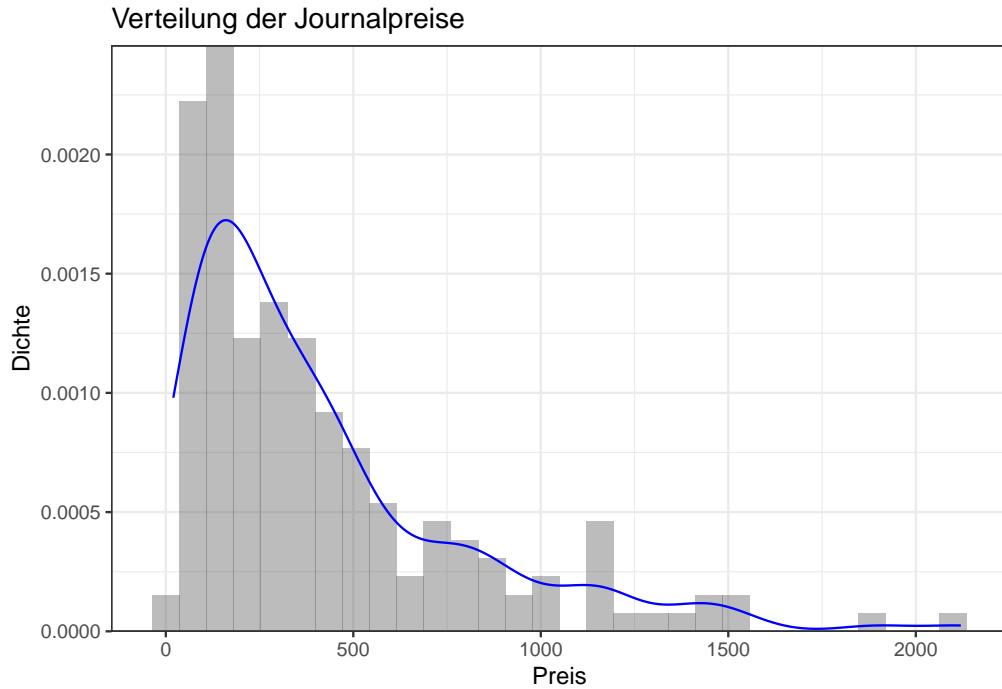


Figure 6.13: Rechts-schiefe Verteilung der Journalpreise

$$\hat{\omega}_x = \frac{1}{(n-1)(n-2)} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s_x} \right)^4$$

Wir können die Kurtosis einer Verteilung mit der Funktion `kurtosis()` aus dem Paket `moments` berechnen:

```
moments::kurtosis(journal_daten[["Preis"]])
```

```
#> [1] 5.992058
```

Da der Wert der Kurtosis $\hat{\omega}_x$ an sich nicht leicht zu interpretieren ist wird er häufig mit dem einer Standardnormalverteilung verglichen. Da deren Wert *per definitionem* 3 beträgt wird die *Exzess-Kurtosis* mit $\tilde{\omega}_x = \hat{\omega}_x - 3$ berechnet. Wir sprechen von einer *steilgipfligen* ('leptokurtischen') Verteilung wenn $\tilde{\omega}_x > 0$ und von einer *flachgipfligen* ('platykurtischen') Verteilung wenn $\tilde{\omega}_x < 0$. Für den Fall der Preisverteilung von Journalen haben wir es also mit einer steilgipfligen Verteilung zu tun, d.h. die Verteilung der Journalpreise ist 'schmäler' als eine Normalverteilung.

Zur Verdeutlichung des Konzepts bietet Abbildung 6.14 ein grafisches Beispiel.

Ausreißer und Schwanz-Eigenschaften

Ausreißer können einen großen Effekt auf Ihre Ergebnisse haben. Erinnern Sie sich daran, dass der Mittelwert eines Datensatzes sehr anfällig für Ausreißer, also besonders große oder kleine Werte, ist. Gleicher gilt für viele andere Maße.

Insofern stellen sich zwei wichtige Fragen: Erstens, was genau verstehen wir unter einem Ausreißer? Zweitens, wie sollten wir mit Ausreißern umgehen?

Im Kontext eines Boxplot wurde ein Ausreißer als ein Wert der außerhalb des Intervalls $(x_{0.25} - IQR \cdot 1.5, x_{0.75} + IQR \cdot 1.5)$ liegt definiert. Dies führt häufig zu einer zu recht restriktiven Definition von Ausreißern, ist aber ein guter erster Schritt. Wir können die Ausreißer hier einfach identifizieren indem wir den Datensatz entsprechend filtern, z.B.:

```
IQR_Grenzen <- quantile(journal_daten[["Preis"]], c(0.25, 0.75))
untere_grenze <- IQR_Grenzen["25%"] - 1.5*IQR(journal_daten[["Preis"]])
obere_grenze <- IQR_Grenzen["75%"] + 1.5*IQR(journal_daten[["Preis"]])
```

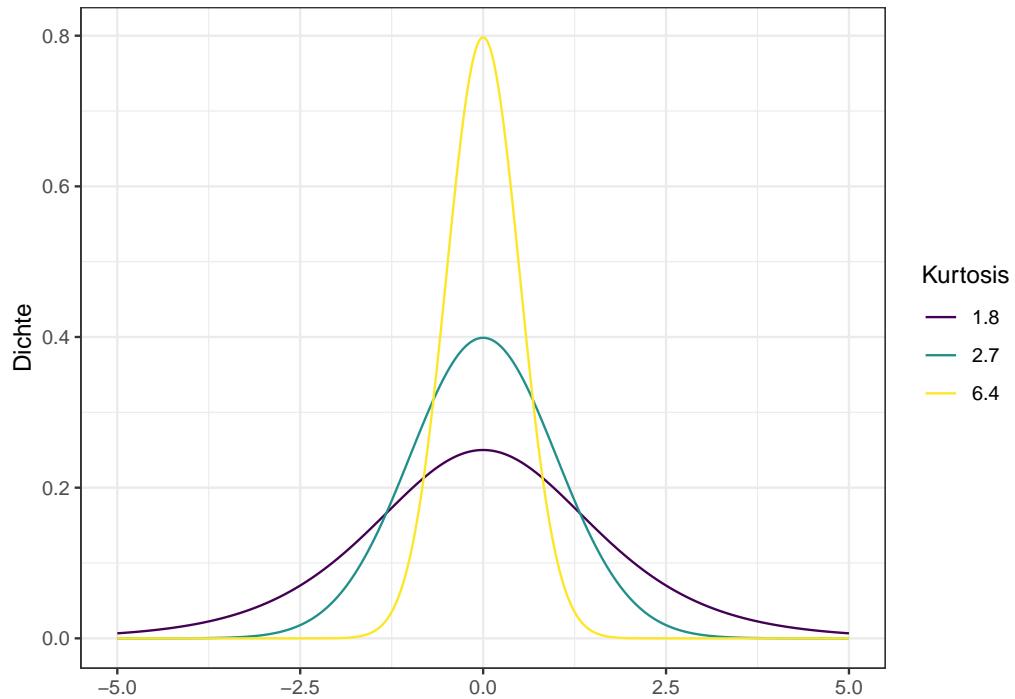


Figure 6.14: Beispiel von Verteilungen mit verschiedener Kurtosis

```

outlier_teuer <- journal_daten %>%
  dplyr::filter(Preis > obere_grenze)

outlier_billig <- journal_daten %>%
  dplyr::filter(Preis < untere_grenze)

dplyr::select(outlier_teuer, Titel, Preis)

#>                               Titel Preis
#> 1:                      Ecological Economics 1170
#> 2:                      Applied Economics 2120
#> 3: Journal of Banking and Finance 1539
#> 4: Journal of Economic Behavior & Organization 1154
#> 5:                      Research Policy 1234
#> 6:                      Economics Letters 1492
#> 7: European Economic Review 1154
#> 8:          World Development 1450
#> 9: Journal of Public Economics 1431
#> 10: Journal of Econometrics 1893
#> 11: Journal of Economic Theory 1400
#> 12: Journal of Financial Economics 1339

dplyr::select(outlier_billig, Titel, Preis)

#> Empty data.table (0 rows and 2 cols): Titel,Preis

```

Wir sehen hier, dass es nur Ausreißer nach oben, also nur besonders teure Journale gibt. Nun können/müssen wir uns für diese Fälle überlegen wie wir mit den Ausreißern umgehen wollen.

Manche Ausreißer sind die Folge von Messfehlern oder Fehlern in der Datenaufbereitung. Idealerweise würden wir solche Ausreißer aus dem Datensatz entfernen wollen.

Andere Ausreißer sind dagegen einfach besonders interessante Datenpunkte, die *auf gar keinen Fall* aus dem Datensatz entfernt werden sollten. So hat Luxenburg im Vergleich zu anderen Europäischen Ländern ein wahnsinnig hohes Einkommensniveau, aber das bedeutet nicht, dass wir Luxenburg aus allen Analysen herausnehmen sollten. Im Bereich der Finanzmarktanalyse sind extreme Preisausschläge häufig gerade besonders relevant. Sie dürfen auf gar keinen Fall ausgeschlossen werden, denn häufig sind sie Ausgangspunkt von Krisen.

Häufig werden solche Ausreißer eliminiert da die Daten ohne sie leicht durch eine Normalverteilung approximiert werden können. Rechnet man mit diesen Modellen unterschätzt man aber per definitionem die Wahrscheinlichkeit für Extremwerte in der Zukunft. Daher ist die beste Vorgehensweise, sich Ausreißer explizit anzuschauen, indem wir den Datensatz nach extremen Werten (oder Werten mit einer hohen Cook'schen Distanz) filtern und dann selbst entscheiden ob diese Werte eher Resultat eines Messfehlers oder ein besonders interessanter Wert sind. Es gilt jedoch: im Zweifel sollten die Datenpunkte immer im Datensatz gelassen werden. Ein Ausreißer darf nur eliminiert werden wenn es *wirklich sehr gute Gründe* dafür gibt.

Im Falle der Journale ist es fraglich ob es wirklich gute Gründe gibt, diese 12 Journale als Ausreißer zu eliminieren. Im vorliegenden Fall spricht wenig dafür und wir sollten uns eher überlegen wie diese besondere Stellung der Journale erklärt werden kann, z.B. über ihre Popularität.

In diesem Kontext macht es auch Sinn die Kategorie der *endlastigen* oder der *heavy-tailed* Verteilungen einzuführen. Darunter verstehen wir Verteilungen, die besonders viele Extremwerte aufweisen - oder technisch: deren Dichte sub-exponentiell abfällt, deren Extremevents also wahrscheinlicher sind als bei der Exponentialverteilung.

Einkommens- und Vermögensverteilungen sind in der Regel *heavy-tailed*: es gibt zwar sehr viele Menschen mit geringen, und nur wenige mit sehr hohen Einkommen, aber mehr Menschen mit hohen Einkommen als wir es bei einer Exponentialverteilung erwarten würden.

Eine alternative Definition von Ausreißern im Kontext der Regressionsanalyse ist die Berechnung der ‘Cook’schen Distanz’ für jeden Beobachtungswert. Die ‘Cook’sche Distanz’ wird immer im Hinblick auf ein bestimmtes Regressionsmodell berechnet und gibt den Einfluss einer jeden Variable auf das Endergebnis an. Dann kann man sich die einflussreichsten Variablen genauer anschauen und sich fragen wie mit diesen Datenpunkten umzugehen ist.

Die Grundidee der ‘Cook’schen Distanz’ ist für jede Beobachtung das Regressionsergebnis zu vergleichen mit dem hypothetischen Fall, dass diese Beobachtung ausgelassen worden wäre.

Wir können für ein bestimmtes Regressionmodell die Cook’sche Distanz mit der Funktion `cooks.distance()` berechnen. Zum Zwecke der Illustration regressieren wir in dem Journaldatensatz die Variable ‘Preis’ auf die Variablen ‘Seitenanzahl’ und ‘Zitationen’:

```
reg_objekt <- lm(Preis ~ Seitenanzahl + Zitationen,
                  data = journal_daten)
distanzen <- cooks.distance(reg_objekt)
```

Ab wann eine Beobachtung als Ausreißer im Sinne von der Cook’schen Distanz gilt ist nicht klar zu definieren. Als Daumenregel hat sich die Grenze $\frac{4}{n-k-1}$ etabliert, aber in der Praxis ergibt es immer Sinn einfach die Werte mit der größten Distanz genauer anzuschauen. Diese lassen sich aus Abbildung 6.15.

```
#> [1] "Managerial and Decision Econ"    "Applied Economics"
#> [3] "Journal of Banking and Finance"   "Economics Letters"
#> [5] "World Development"                 "Journal of Public Economics"
#> [7] "Journal of Economic Literature"     "Journal of Econometrics"
#> [9] "Journal of Economic Theory"        "Economic Journal"
#> [11] "Journal of Financial Economics"   "Journal of Finance"
#> [13] "Econometrica"
```

6.4.3 Grafische Komplemente zu klassischen Kennzahlen

Ein hilfreiches Mittel zur Beschreibung von Verteilungen ist der **Boxplot**. Bei dem Boxplot handelt es sich um eine grafischen Zusammenfassung einiger zentraler deskriptiver Kennzahlen, wie in Abbildung 6.16 zu sehen ist.

```
ggplot2::ggplot(data = wb_data,
                mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung))
```

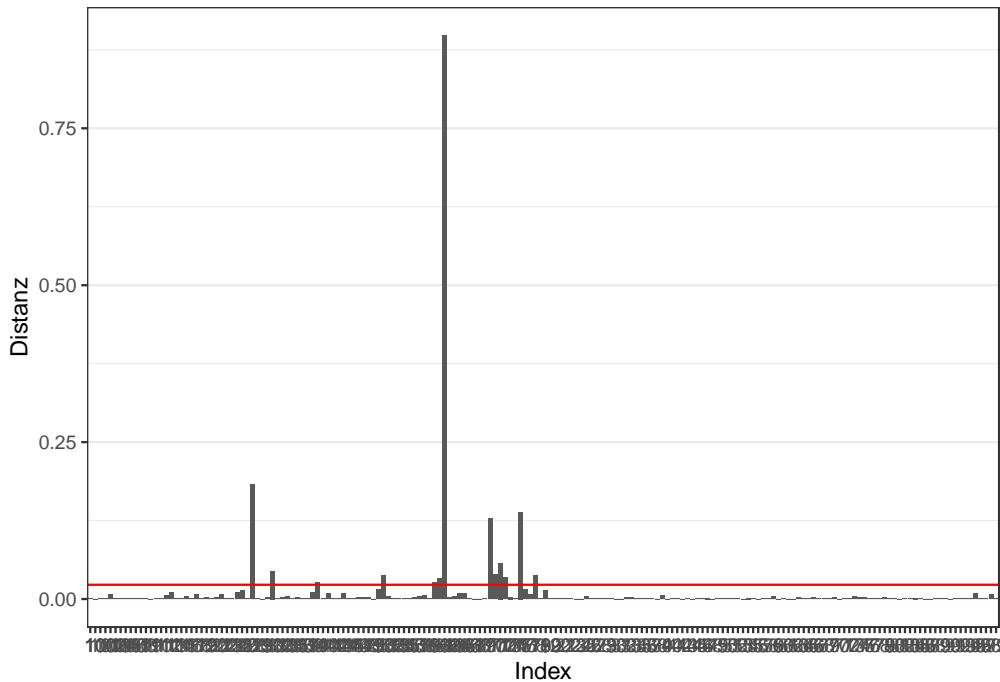


Figure 6.15: Betrachtung der Ausreißer nach der Cook'schen Distanz

```

) +
ggplot2::geom_boxplot() +
ggplot2::theme_bw() +
ggplot2::labs(title = "Lebenserwartungen in den Weltregionen",
             caption = "Quelle: Weltbank") +
ggplot2::theme(
  axis.title.x = element_blank(),
  axis.text.x = element_text(angle = 10, vjust = 0.65))

```

Im Boxplot werden mehrere relevante Kennzahlen zusammengefasst. Eine schöne Übersicht bietet Abbildung 6.17:

Die Box in der Mitte des Boxplots repräsentiert die IQR der Daten, der Median ist mit einem Strich innerhalb der Box dargestellt. Die Striche an der Box repräsentieren dann das Intervall bis zum größten bzw. kleinsten Wert, der nicht weiter als $1.5 \cdot IQR$ vom Median entfernt ist. Ausreißer, hier definiert als Werte außerhalb dieses Intervalls, werden dann durch einzelne Punkte visualisiert. Selbstverständlich können Sie das Aussehen noch weiter an Ihre Präferenzen anpassen. Die Parameter dazu sind in der Hilfunktion beschrieben. Sehr gute Anleitungen finden sich zudem [hier](#) und [hier](#).

In [diesem Post](#) werden auch die Nachteile dieser Visualisierungsform sehr gut beschrieben. Der größte Nachteil liegt zweifellos im Verstecken der eigentlichen Verteilung 'hinter der Box'. Es ist nicht klar, ob sich ein Großteil der Daten am oberen oder unteren Teil befindet oder ob die Daten eher gleichverteilt sind. Eine einfache Lösung für kleinere Datensätze liegt in der Ergänzung der einzelnen Beobachtungen durch `boxplot_jitter`, wobei sie hier die Transparenz durch `alpha=0.25` anpassen sollten, und den Boxplot zur besseren Lesbarkeit über die Beobachtungen plotten sollten. Für größere Datensätzen können Sie einfach einen [Violinenplot](#) verwenden, wie in Abbildung 6.18 gezeigt.

```

boxplot_classic <- ggplot2::ggplot(data = wb_data,
  mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung)
) +
ggplot2::geom_boxplot() +
ggplot2::theme_bw() +
ggplot2::labs(title = "Klassisch") +
ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank(),

```

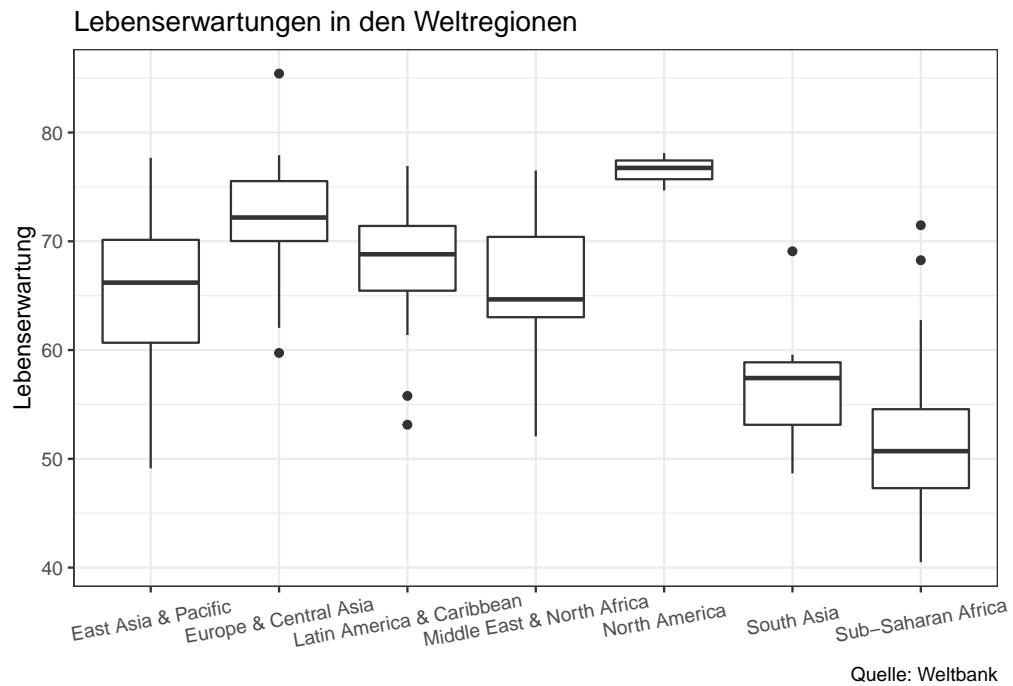


Figure 6.16: Darstellung der Lebenserwartungen in den Weltregionen anhand eines Boxplots

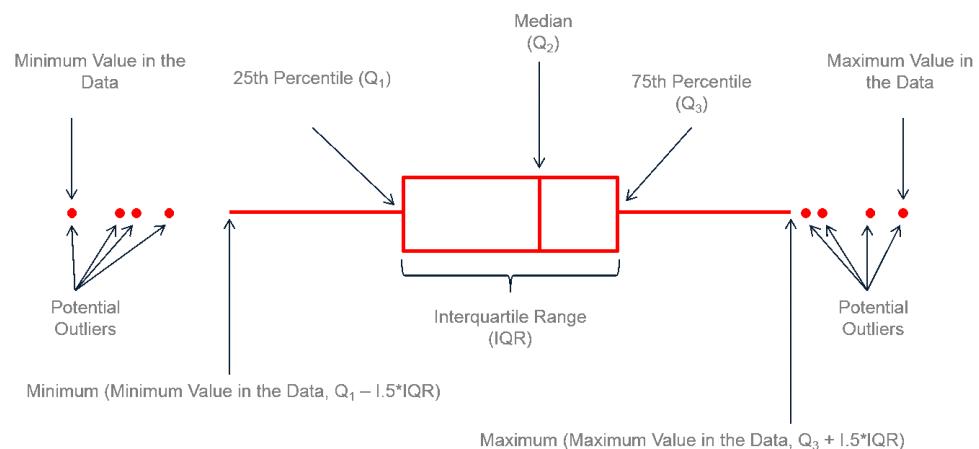


Figure 6.17: Boxplot Anatomie. Quelle: <https://www.leansigmacorporation.com/box-plot-with-minitab/>

```

axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1)

boxplot_jitter <- ggplot2::ggplot(data = wb_data,
  mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung)
) +
  ggplot2::geom_boxplot() +
  ggplot2::geom_jitter(alpha=0.25) +
  ggplot2::theme_bw() +
  ggplot2::labs(title = "Klassisch mit jitter") +
  ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank(),
  axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1))

violin_plot <- ggplot2::ggplot(data = wb_data,
  mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung)
) +
  ggplot2::geom_violin() +
  ggplot2::theme_bw() +
  ggplot2::labs(title = "Violinen-Plot") +
  ggplot2::theme(axis.title.x = element_blank(),
  axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1))

compare_plot <- ggpubr::ggarrange(
  boxplot_classic, boxplot_jitter, violin_plot,
  ncol = 3)

```

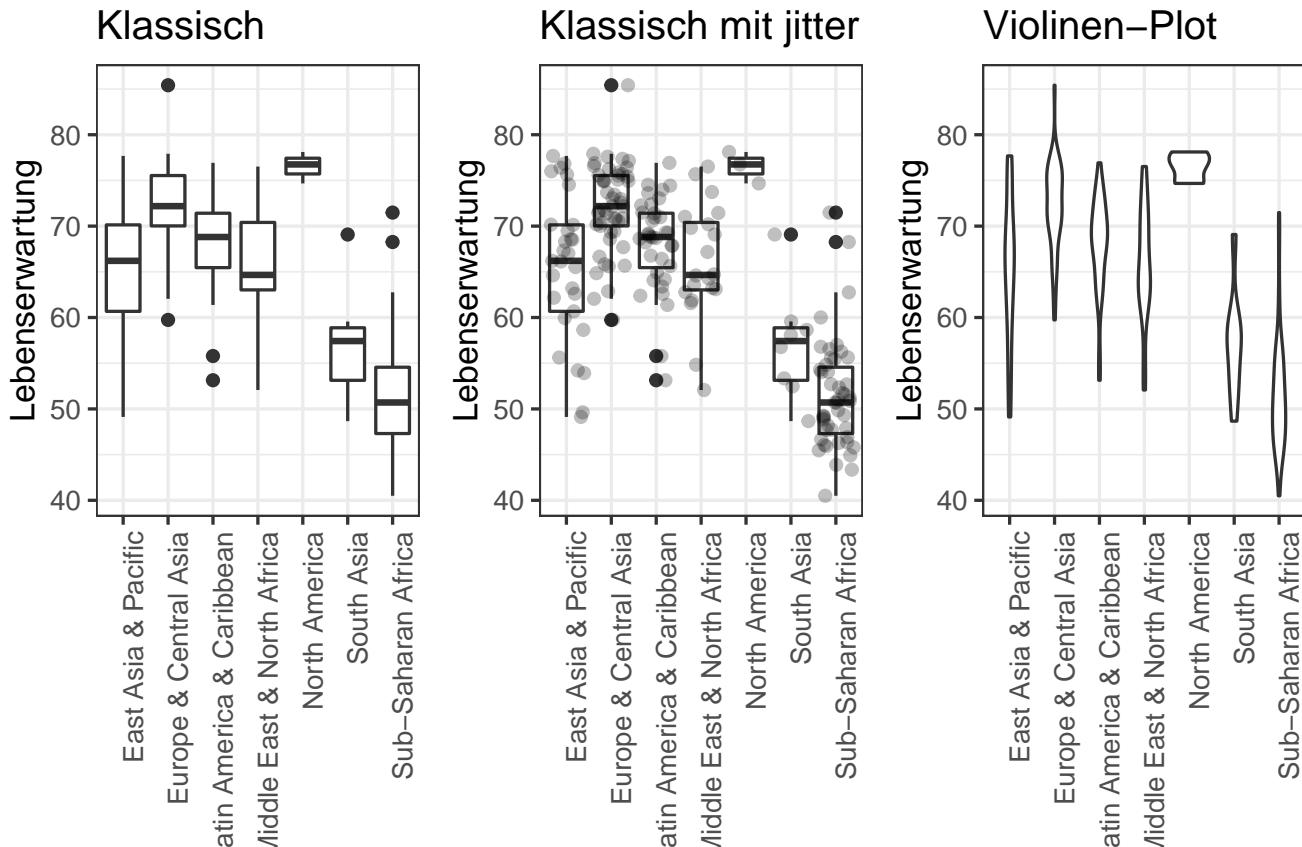


Figure 6.18: Vergleich von klassischen Darstellungen und dem Violinenplot

Beachten Sie, dass es immer wichtig ist, eine Verteilung nicht nur mit quantitativen Kennzahlen, sondern auch grafisch zu beschreiben und zu analysieren: andernfalls übersehen Sie leicht wichtige Strukturen in den Daten (siehe dazu auch Abschnitt 8.3 in Kapitel 8).

6.4.4 Abschließende Bemerkungen

Es ist wichtig, dass wir uns mit der Verteilung unserer Daten nicht nur theoretisch, sondern auch empirisch und praktisch auseinandersetzen. Für viele Verteilungen sind z.B. bestimmte Kennzahlen nicht definiert. So hat zum Beispiel die bei Vermögens- und Einkommensverteilungen häufig zu beobachtende Pareto-Verteilungen häufig keinen wohldefinierten Mittelwert und keine wohldefinierte Varianz. Daher haben aus Stichproben geschätzte Kennzahlen, die sich dieser Konzepte bedienen, keine wirkliche Aussagekraft. Eine exzellente Beschreibung der Probleme, möglicher Alternativen und ein gutes Anwendungsbeispiel findet sich z.B. in [Yang et al. \(2019\)](#).

Chapter 7

Grundlagen der Wahrscheinlichkeitstheorie

In diesem Kapitel werden einige grundlegende Konzepte der Wahrscheinlichkeitstheorie eingeführt, bzw. wiederholt. Die zentralen Themen auf die wir uns fokussieren werden sind dabei:

- Der Zusammenhang zwischen Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik
- Grundbegriffe der Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik
- Zufallsvariablen
- Diskrete und stetige Verteilungen einzelner und mehrerer Zufallsvariablen

Grundkonzepte der deskriptiven und schließenden Statistik (insb. Parameterschätzung, Hypothesentests und die Berechnung von Konfidenzintervallen) werden in den beiden folgenden Kapiteln zur deskriptiven und schließenden Statistik (siehe Kapitel 8 und Kapitel 9) behandelt.

Verwendete Pakete

```
library(here)
library(tidyverse)
library(ggpubr)
library(latex2exp)
library(data.table)
library(viridis)
```

7.1 Einleitung: Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik

Statistik und Wahrscheinlichkeitstheorie sind untrennbar miteinander verbunden. In der Wahrscheinlichkeitstheorie beschäftigt man sich mit Modellen von Zufallsprozessen, also Prozessen, deren Ausgang nicht exakt vorhersehbar ist. Häufig spricht man von *Zufallsexperimenten*.

Die Wahrscheinlichkeitstheorie entwickelt dabei Modelle, welche diese Zufallsexperimente und deren mögliche Ausgänge beschreiben und dabei den möglichen Ausgängen Wahrscheinlichkeiten zuordnen. Diese Modelle werden *Wahrscheinlichkeitsmodelle* genannt.

In der Statistik versuchen wir anhand von beobachteten Daten herauszufinden, welches Wahrscheinlichkeitsmodell gut geeignet ist, den die Daten generierenden Prozess (*data generating process - DGP*) zu beschreiben. Das ist der Grund warum man für Statistik auch immer Kenntnisse der Wahrscheinlichkeitstheorie braucht.

Kurz gesagt: in der Wahrscheinlichkeitstheorie wollen wir mit Hilfe von Wahrscheinlichkeitsmodellen Daten vorhersagen, in der Statistik mit Hilfe bekannter Daten Rückschlüsse auf die zugrundeliegenden Wahrscheinlichkeitsmodelle ziehen.

7.2 Grundbegriffe der Wahrscheinlichkeitstheorie

7.2.1 Wahrscheinlichkeitstheoretische Modelle

Ein wahrscheinlichkeitstheoretisches Modell besteht *immer* aus den folgenden drei Komponenten:

Ergebnisraum: diese Menge Ω enthält alle möglichen Ergebnisse des modellierten Zufallsexperiments. Das einzelne Ergebnis bezeichnen wir mit ω .

Beispiel: Handelt es sich bei dem Zufallsexperiment um das Werfen eines normalen sechseitigen Würfels, so gilt $\Omega = \{1, 2, 3, 4, 5, 6\}$. Wenn der Würfel gefallen ist, bezeichnen wir die oben liegende Zahl als das Ergebnis ω des Würfelwurfs, wobei hier gilt $\omega_1 = \text{"Der Würfel zeigt 1"}$, u.s.w.

Ereignisse: unter Ereignissen A, B, C, \dots verstehen wir die Teilmengen des Ergebnisraums. Ein Ereignis enthält ein oder mehrere Elemente des Ergebnisraums. Enthält ein Ereignis genau ein Element, sprechen wir von einem *Elementarereignis*.

Beispiel: "Es wird eine gerade Zahl gewürfelt" ist ein mögliches Ereignis im oben beschriebenen Zufallsexperiment. Das Ereignis - nennen wir es hier A - tritt ein, wenn ein Würfelwurf mit dem Ergebnis "2", "4" oder "6" endet. Also: $A = \{\omega_2, \omega_4, \omega_6\}$. Das Ereignis B "Es wird eine 2 gewürfelt" tritt nur ein, wenn das Ergebnis des Würfelwurfs eine 2 ist: $B = \{\omega_2\}$. Entsprechend nennen wir es ein *Elementarereignis*.

Da es sich bei Ereignissen um Mengen handelt können wir die typischen mengentheoretischen Konzepte wie 'Vereinigung', 'Differenz' oder 'Komplement' zu ihrer Beschreibung verwenden. Diese sind in Tabelle 7.1 zusammengefasst:

Table 7.1: Mengentheoretische Konzepte und ihre Übersetzungen.

Konzept	Symbol	Übersetzung
Schnittmenge	$A \cap B$	A und B
Vereinigung	$A \cup B$	A und/oder B
Komplement	A^c	Nicht A
Differenz	$A \setminus B = A \cap B^c$	A ohne B

Wahrscheinlichkeiten: jedem *Ereignis* A wird eine Wahrscheinlichkeit $\mathbb{P}(A)$ zugeordnet. Wahrscheinlichkeiten können aber nicht beliebige Zahlen sein. Vielmehr müssen sie im Einklang mit den drei *Axiomen von Kolmogorow* stehen:

1. Für jedes Ereignis A gilt: $0 \leq \mathbb{P}(A) \leq 1$
2. Das sichere Ereignis Ω umfasst den ganzen Ergebnisraum und es gilt entsprechend $\mathbb{P}(\Omega) = 1$.
3. Es gilt: $\mathbb{P}(A \cup B) = \mathbb{P}(A) + \mathbb{P}(B)$ falls $A \cap B = \emptyset$, also wenn sich A und B gegenseitig ausschließen.

Aus diesen Axiomen lassen sich eine ganze Menge Sätze heraus ableiten, auf die wir im Folgenden nicht weiter eingehen wollen. Die Grundidee ist aber, bestimmten Ereignissen von Anfang an bestimmte Wahrscheinlichkeiten zuzuordnen, und die Wahrscheinlichkeiten für andere Ereignisse dann aus den eben beschriebenen Regeln abzuleiten.

Je nach Art des Ergebnisraums Ω unterscheiden wir zwei grundsätzlich verschiedene Arten von Wahrscheinlichkeitsmodellen: ist Ω **abzählbar** handelt es sich um ein **diskretes Wahrscheinlichkeitsmodell**. Der Würfelwurf oder ein Münzwurf sind hierfür Beispiele: die Menge der möglichen Ergebnisse ist hier klar abzählbar.¹

Ist Ω **nicht abzählbar** handelt es sich dagegen um ein **stetiges Wahrscheinlichkeitsmodell**. Ein Beispiel hierfür wäre das Fallenlassen von Steinen und die Messung der Falldauer. Die einzelnen Ereignisse wären dann die Falldauer und da wir die Zeiten in immer kleineren Intervallen angeben können, es also allein zwischen den Messungen "1 Sekunde" und "2 Sekunden" unendlich viele Zwischenschritte gibt, würde gelten, dass $\Omega = \mathbb{R}^+$. Dabei handelt es sich um eine nicht abzählbare Menge.

Welches Modell für den konkreten Anwendungsfall vorzuziehen ist, muss auf Basis von theoretischen Überlegungen entschieden werden.

¹Wir nennen eine Menge abzählbar wenn sie mit Hilfe der ganzen Zahlen \mathbb{N} indiziert werden kann. Das bedeutet, dass auch unendlich große Mengen als abzählbar gelten können.

7.2.2 Stochastische Unabhängigkeit

Von Interesse ist häufig aus den Wahrscheinlichkeiten für zwei Ereignisse, A und B , die Wahrscheinlichkeit für $A \cap B$, also die Wahrscheinlichkeit, dass beide Ereignisse auftreten, zu berechnen. Leider ist das nur im Spezialfall der **stochastischen Unabhängigkeit** ohne Probleme möglich. Stochastische Unabhängigkeit kann immer dann sinnvollerweise angenommen werden, wenn zwischen den beteiligten Ereignissen kein kausaler Zusammenhang besteht. In diesem Fall gilt dann:

$$\mathbb{P}(A \cap B) = \mathbb{P}(A) \cdot \mathbb{P}(B)$$

Beispiel für stochastische Unabhängigkeit: Es ist plausibel anzunehmen, dass es keinen kausalen Zusammenhang zwischen zwei aufeinanderfolgenden Münzwürfen gibt. Entsprechend sind die Ereignisse A : "Zahl im ersten Wurf" und B : "Kopf im zweiten Wurf" stochastisch unabhängig und $\mathbb{P}(A \cap B) = \mathbb{P}(A) \cdot \mathbb{P}(B) = \frac{1}{4}$.

Beispiel für stochastische Abhängigkeit: Ein anderer Fall liegt vor, wenn wir die Ereignisse C : "Die Summe beider Würfe ist 6" und D : "Der erste Wurf zeigt eine 2." betrachten. Hier ist offensichtlich, dass ein kausaler Zusammenhang zwischen den beiden Würfen und den Ereignissen besteht. Es gilt: $\mathbb{P}(C \cap D) = \mathbb{P}(\{2, 4\}) = \frac{1}{36}$. Würden wir die Wahrscheinlichkeiten einfach multiplizieren erhalten wir allerdings $\mathbb{P}(C) \cdot \mathbb{P}(D) = \frac{5}{36} \cdot \frac{1}{6} = \frac{5}{216}$, wobei $\mathbb{P}(C) = \frac{5}{36}$.

7.2.3 Bedingte Wahrscheinlichkeiten

Ein weiteres wichtiges Konzept ist das der **bedingten Wahrscheinlichkeit**: die bedingte Wahrscheinlichkeit von A gegeben B , $\mathbb{P}(A|B)$, bezeichnet die Wahrscheinlichkeit für A , wenn wir wissen, dass B bereits eingetreten ist.

Es gilt dabei:²

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(B)}$$

Beispiel: Sei A : "Der Würfel zeigt eine 6" und B : "Der Würfelwurf zeigt eine gerade Zahl". Wenn wir bereits wissen, dass B eingetreten ist, ist $\mathbb{P}(A)$ nicht mehr $\frac{1}{6}$, weil wir ja wissen, dass 1, 3 und 5 nicht auftreten können. Vielmehr gilt $\mathbb{P}(A|B) = \frac{1/6}{1/2} = \frac{1}{3}$.

7.2.4 Der Satz von Bayes

Wenn wir aus der bedingten Wahrscheinlichkeit für A gegeben B die bedingte Wahrscheinlichkeit von B gegeben A berechnen wollen, also aus $\mathbb{P}(A|B)$ den Ausdruck $\mathbb{P}(B|A)$ ableiten möchten, dann müssen wir den **Satz von Bayes** anwenden - es gilt nämlich leider nicht notwendigerweise $\mathbb{P}(A|B) = \mathbb{P}(B|A)$. Vielmehr gilt nach dem *Satz von Bayes*:

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(B)} = \frac{\mathbb{P}(B|A)\mathbb{P}(A)}{\mathbb{P}(B)}$$

Beispiel für die Anwendung von Bayes' Theorem: Nehmen wir an, Claudius fährt an 70% der Tage mit dem Fahrrad in die Universität. Immer wenn Claudius mit dem Fahrrad fährt, ist er zu 80% pünktlich. Insgesamt ist er an 60% der Tage pünktlich. Wenn er nun heute pünktlich gekommen ist, wie hoch ist dann die Wahrscheinlichkeit, dass er mit dem Fahrrad gekommen ist? Um diese Frage zu beantworten können wir den Satz von Bayes verwenden. Sei A : "Claudius kommt mit dem Fahrrad" und B : "Claudius ist pünktlich". Dann gilt in jedem Falle $\mathbb{P}(A) = 0.7$, $\mathbb{P}(B) = 0.6$ sowie $\mathbb{P}(B|A) = 0.8$. Wir sind interessiert an $\mathbb{P}(A|B)$, also der Wahrscheinlichkeit, dass Claudius mit dem Fahrrad gefahren ist, wenn er pünktlich war. Das können wir nun mit der oben beschriebene Formel herausfinden:

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(B|A)\mathbb{P}(A)}{\mathbb{P}(B)} = \frac{0.8 \cdot 0.7}{0.6} \approx 0.93$$

²An der Formel wird noch einmal deutlich, dass wenn A und B stochastisch unabhängig sind wir nichts von B über A und umgekehrt lernen können, also gilt: $\mathbb{P}(A|B) = \mathbb{P}(A)$ und $\mathbb{P}(B|A) = \mathbb{P}(B)$.

Die Wahrscheinlichkeit, dass Claudius mit dem Fahrrad gekommen ist beträgt also ca. 93 Prozent!

Herleitung von Bayes' Theorem aus den Formeln für bedingte Wahrscheinlichkeiten Wir können Bayes' Theorem aus den oben beschriebenen Formeln für bedingte Wahrscheinlichkeiten recht einfach herleiten. Wir wissen, dass

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(B)}$$

Für $\mathbb{P}(A \cap B)$ im Zähler können wir äquivalent $\frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(A)} \cdot \mathbb{P}(A)$ schreiben. Daraus ergibt sich für die Formel oben:

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(A)} \cdot \mathbb{P}(A)}{\mathbb{P}(B)}$$

Gleichzeitig gilt aber auch:

$$\mathbb{P}(B|A) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(A)}$$

Das können wir nun im Zähler ersetzen und erhalten so den Satz von Bayes:

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(B|A) \cdot \mathbb{P}(A)}{\mathbb{P}(B)}$$

7.2.5 Das Gesetz der totalen Wahrscheinlichkeiten

Wenn wir die Wahrscheinlichkeiten für mehrstufige Zufallsexperimente berechnen wollen müssen wir oft Wahrscheinlichkeiten von verschiedenen Ebenen „aggregieren“. Das machen wir mit dem **Gesetz der totalen Wahrscheinlichkeit**, das in Beweisen im Bereich der Stochastik sehr häufig verwendet wird. Formal besagt das *Gesetz der totalen Wahrscheinlichkeit* folgendes: seien A_1, \dots, A_k Ereignisse, die sich nicht überschneiden und gemeinsam den kompletten Ereignisraum Ω abdecken, dann gilt:

$$\mathbb{P}(B) = \sum_{i=1}^k \mathbb{P}(B|A_i) \mathbb{P}(A_i)$$

Das sieht natürlich erst einmal sperrig aus, wie so oft ist es aber eigentlich ganz einfach. Das folgende Beispiel illustriert das.

Beispiel für die Anwendung vom Gesetz der totalen Wahrscheinlichkeit: Wir haben eine Urne mit drei weißen und sieben schwarzen Kugeln. Wir ziehen zweimal eine Kugel ohne sie dabei zurückzulegen - wir haben es also mit einem zweistufigen Zufallsexperiment zu tun. Wie hoch ist nun die Wahrscheinlichkeit, dass wir genau eine schwarze Kugel gezogen haben? Sei B : „Eine schwarze Kugel wird gezogen“ und $\$A$: \\$ „Eine weiße Kugel wird gezogen“. Wir addieren nun die Wahrscheinlichkeiten für aller Ergebnisse, die in Kombination zu unserem Gesamtereignis führen, also die Wahrscheinlichkeit erst eine weiße und dann eine schwarze und die Wahrscheinlichkeit erst eine schwarze und dann eine weiße Kugel zu ziehen:

$$\mathbb{P}(B = 1) = \frac{7}{9} \cdot \frac{3}{10} + \frac{3}{9} \cdot \frac{7}{10} = \frac{42}{90}$$

wobei $\mathbb{P}(B|A) = \frac{7}{9} \cdot \frac{3}{10}$ und $\mathbb{P}(A|B) = \frac{3}{9} \cdot \frac{7}{10}$. Die Wahrscheinlichkeit genau eine schwarze Kugel zu ziehen liegt also bei ca. 45.5 Prozent.

7.3 Diskrete Wahrscheinlichkeitsmodelle

Wenn wir die Wahrscheinlichkeit für das Eintreten eines Ereignisses A erfahren möchten können wir im Falle eines diskreten Ergebnisraums einfach die Eintrittswahrscheinlichkeiten für alle Ergebnisse, die zu A gehören, aufsummieren:

$$\mathbb{P}(A) = \sum_{\omega \in A} \mathbb{P}(\{\omega\})$$

Beispiel: Beim Werfen eines sechseitigen Würfels ist die Wahrscheinlichkeit für das Ereignis “Es wird eine gerade Zahl gewürfelt”: $\mathbb{P}(2) + \mathbb{P}(4) + \mathbb{P}(6) = \frac{1}{6} + \frac{1}{6} + \frac{1}{6} = \frac{1}{2}$.

7.3.1 Diskrete Zufallsvariablen

Bei Zufallsvariablen (ZV) handelt es sich um besondere *Funktionen*. Die Definitionsmenge einer Zufallsvariable ist immer der zugehörige Ergebnisraum Ω , die Zielmenge ist i.d.R. \mathbb{R} , sodass gilt:

$$X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}, \omega \mapsto X(\omega)$$

Im Kontext von ZV sprechen wir häufig nicht von dem zugrundeliegenden Ergebnisraum Ω , sondern - inhaltlich äquivalent - vom *Wertebereich von X* , bezeichnet als W_X . Produkte und Summen von ZV sind selbst wieder Zufallsvariablen. Man addiert bzw. multipliziert ZV indem man ihre Werte addiert bzw. multipliziert.

In der Regel bezeichnen wir Zufallsvariablen mit Großbuchstaben und die konkrete Realisation einer ZV mit einem Kleinbuchstaben, sodass $\mathbb{P}(X = x)$ die Wahrscheinlichkeit angibt, dass die ZV X den konkreten Wert x annimmt. Bei x sprechen wir von einer *Realisierung* der ZV X . Wir nehmen für die weitere Notation an, dass $W_X = \{x_1, x_2, \dots, x_K\}$ und bezeichnen das einzelne Element mit x_k mit $1 \leq k \leq K$.

Dies bedeutet streng genommen, dass die ZV selbst nicht als zufällig definiert wird. Zufällig ist nur der Input ω der entsprechenden Funktion $X : \Omega \rightarrow X(\omega)$, also z.B. ein Würfelwurf. Der funktionale Zusammenhang zwischen Funktionswert $X(\omega)$ und dem Input ω ist hingegen eindeutig und deterministisch.

Das impliziert, dass wenn ein Zufallsexperiment zweimal das gleiche Ergebnis ω hat, auch der Wert $X(\omega)$ der gleiche ist.

Das mag im Moment ein wenig nach ‘Pfennigfuchserei’ aussehen, die Unterscheidung zwischen dem nicht-zufälligem funktionalen Zusammenhang, aber einem zufälligen Input bei ZV ist wichtig, um den Sinn in vielen fortgeschrittenen Beiträgen im Bereich der Ökonometrie zu sehen.

Im Falle von diskreten ZV können wir eine Liste erstellen, die für alle möglichen Werte $x_k \in W_X$ die jeweilige Wahrscheinlichkeit $\mathbb{P}(X = x_k)$ angibt.³ Diese Liste nennen wir **Wahrscheinlichkeitsverteilung** von X und sie wird häufig visuell dargestellt. Um diese Liste zu erstellen verwenden wir die zu X gehörende **Wahrscheinlichkeitsfunktion** (*Probability Mass Function*, PMF), $p(x_k)$, die uns für jedes Ergebnis die zugehörige Wahrscheinlichkeit gibt.⁴

$$p(x_k) = \mathbb{P}(X = x_k)$$

Ebenfalls häufig verwendet wird die **kumulierte Wahrscheinlichkeitsfunktion** (*cumulative distribution function*, CDF):

$$F_X(a) = \mathbb{P}(X \leq a)$$

Die CDF einer diskreten ZV X gibt also die Wahrscheinlichkeit an, dass X sich als ein Wert kleiner gleich einem Schwellenwert realisiert. Daher auch der Name: sie kumuliert die Eintrittswahrscheinlichkeiten aller Events zwischen

³Aus den *Kolmogorow Axiomen* oben ergibt sich, dass die Summe aller dieser Wahrscheinlichkeiten 1 ergeben muss: $\sum_{k \geq 1} \mathbb{P}(X = x_k) = 1$.

⁴Zu jeder Wahrscheinlichkeitsverteilung gibt es eine eindeutige Wahrscheinlichkeitsfunktion und jede Wahrscheinlichkeitsfunktion definiert umgekehrt eine eindeutig bestimmte diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilung.

$-\infty$ und a . Für eine solche Funktion gilt wie für die PMF, dass $0 \leq F_X(a) \leq 1$. Zudem handelt es sich bei der CDF um eine wachsende Funktion ($F_X(a) \leq F(b) \leftrightarrow a \leq b$) und es gilt, dass $\lim_{a \rightarrow \infty} F_X(a) = 1$ sowie $\lim_{a \rightarrow -\infty} F_X(a) = 0$, d.h. für sehr große Werte von a geht F_X gegen 1 und für sehr kleine Werte gegen 0.

Wenn wir eine ZV analysieren tun wir dies in der Regel durch eine Analyse ihrer Wahrscheinlichkeitsverteilung. Zur genaueren Beschreibung einer ZV wird entsprechend häufig einfach die Wahrscheinlichkeitsfunktion angegeben.

Im Folgenden wollen wir einige häufig auftretende Wahrscheinlichkeitsverteilungen kurz einführen. Am Ende des Abschnitts findet sich dann ein tabellarischer Überblick. Doch vorher wollen wir uns noch mit den wichtigsten **Kennzahlen einer Verteilung** vertraut machen. Denn wie Sie sich vorstellen können sind Wahrscheinlichkeitsverteilungen als Listen, die alle möglichen Realisierungen einer ZV enthalten ziemlich umständlich zu handhaben. Daher beschreiben wir Wahrscheinlichkeitsverteilungen nicht indem wir eine Liste beschreiben, sondern indem wir bestimmte Kennzahlen zu ihrer Beschreibung verwenden. Die wichtigsten Kennzahlen einer ZV X sind der **Erwartungswert** $\mathbb{E}(x)$ als *Lageparameter* und die **Standardabweichung** $\sigma(X)$ als *Streuungsmaß*.

Der Erwartungswert ist definiert als die nach ihrer Wahrscheinlichkeit gewichtete Summe aller Elemente im Wertebereich von X und gibt damit die mittlere Lage der Wahrscheinlichkeitsverteilung an. Wenn W_X der Wertebereich von X ist, dann gilt:

$$\mathbb{E}(x) = \mu_X = \sum_{x_k \in W_X} p(x_k)x_k$$

Beispiel: Der Erwartungswert einer ZV X , die das Werfen eines fairen Würfels beschreibt ist: $\mathbb{E}(X) = \sum_{k=1}^6 k \cdot \frac{1}{6} = 3.5$.

Wie wir im Kapitel 9 sehen werden, wird der Erwartungswert in der empirischen Praxis häufig über den Mittelwert einer Stichprobe identifiziert.

Ein gängiges Maß für die Streuung einer Verteilung X ist die Varianz $Var(X)$ oder ihre Quadratwurzel, die Standardabweichung, $\sigma(X) = \sqrt{Var(X)}$. Letztere wird häufiger verwendet, weil sie die gleiche Einheit hat wie X :

$$Var(X) = \sum_{x_k \in W_X} [x_k - \mathbb{E}(X)]^2 p(x_k)$$

Beispiel: Die Standardabweichung einer ZV X , die das Werfen eines fairen Würfels beschreibt ist:
 $\sigma_X = \sqrt{\sum_k [x_k - \mathbb{E}(X)]^2 p(x_k)} = \sqrt{5.83} \approx 2.414$.

Im Folgenden wollen wir uns einige der am häufigsten verwendeten ZV und ihre Verteilungen genauer ansehen. Am Ende der Beschreibung jeder Funktion folgt ein Beispiel für eine Anwendung. Wenn Ihnen die theoretischen Ausführungen am Anfang etwas kryptisch erscheinen, empfiehlt es sich vielleicht erst einmal das Anwendungsbeispiel anzusehen.

7.3.2 Beispiel: die Binomial-Verteilung

Die vielleicht bekannteste diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilung ist die Binomialverteilung $\mathcal{B}(n, p)$. Mit ihr modelliert man Zufallsexperimente, die aus einer Reihe von Aktionen bestehen, die entweder zum ‘Erfolg’ oder ‘Misserfolg’ führen.

Die Binomialverteilung ist eine Verteilung mit zwei **Parametern**. Parameter sind Werte, welche die Struktur der Verteilung bestimmen. In der Statistik sind wir häufig daran interessiert, die Parameter einer Verteilung zu bestimmen. Im Falle der Binomialverteilung gibt es die folgenden zwei Parameter: p gibt die Erfolgswahrscheinlichkeit einer einzelnen Aktion an (und es muss daher gelten $p \in [0, 1]$) und n gibt die Anzahl der Aktionen an. Daher auch die Kurzschreibweise $\mathcal{B}(n, p)$.

Beispiel: Wenn wir eine faire Münze zehn Mal werfen, können wir das mit einer Binomialverteilung mit $p = 0.5$ und $n = 10$ modellieren.

Die *Wahrscheinlichkeitsfunktion* $p(x)$ der Binomialverteilung ist die Folgende, wobei x die Anzahl der Erfolge darstellt:

$$\mathbb{P}(X = x) = p(x) = \binom{n}{x} p^x (1-p)^{n-x}$$

Dies ergibt sich aus den grundlegenden Wahrscheinlichkeitsgesetzen: $\binom{n}{x}$ ist der **Binomialkoeffizient** und gibt uns die Anzahl der Möglichkeiten wie man bei n Versuchen x Erfolge erzielen kann. Dies multiplizieren wir mit der Wahrscheinlichkeit x -mal einen Erfolg zu erzielen und $n - x$ -mal einen Misserfolg zu erzielen.

Wenn die ZV X einer Binomialverteilung mit bestimmten Parametern p und n folgt, dann schreiben wir $P \propto \mathcal{B}(n, p)$ und es gilt, dass $\mathbb{E}(X) = np$ und $\sigma(X) = \sqrt{np(1-p)}$.⁵

In Abbildung 7.1 sehen wir eine Darstellung der Wahrscheinlichkeitsverteilung der Binomialverteilung für verschiedene Parameterwerte.

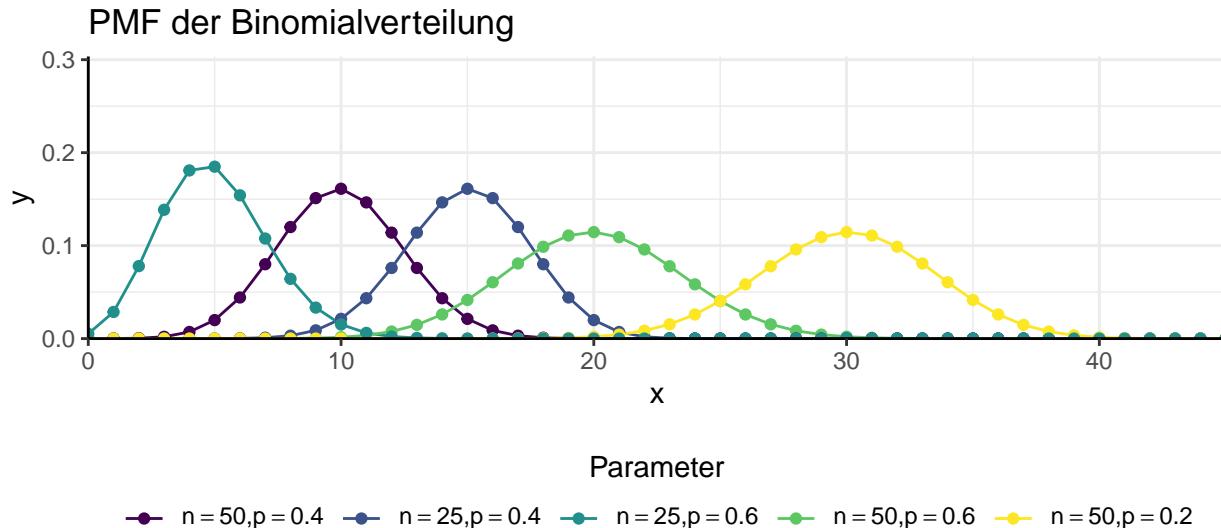


Figure 7.1: Wahrscheinlichkeitsverteilung der Binomialverteilung für verschiedene Parameterwerte.

R stellt uns einige nützliche Funktionen bereit, mit denen wir typische Rechenaufgaben einfach lösen können:

Möchten wir die Wahrscheinlichkeit berechnen, genau x Erfolge zu beobachten, also $\mathbb{P}(X = x)$ geht das mit der Funktion `dbinom()`. Die notwendigen Argumente sind `x` für den interessierenden x -Wert, `size` für den Parameter n und `prob` für den Parameter p :

```
dbinom(x = 10, size = 50, prob = 0.25)
```

```
## [1] 0.09851841
```

Das bedeutet, wenn $X \propto B(50, 0.25)$, dann: $\mathbb{P}(X = 10) = 0.09852$. Dies ist in Abbildung 7.2 illustriert.

Natürlich können wir an die Funktion auch einen atomaren Vektor als erstes Argument übergeben:

```
dbinom(x = 5:10, size = 50, prob = 0.25)
```

```
## [1] 0.004937859 0.012344647 0.025864974 0.046341412 0.072086641 0.098518410
```

Häufig sind wir auch an der **kumulierten Wahrscheinlichkeitsfunktion** interessiert. Während uns die Wahrscheinlichkeitsfunktion die Wahrscheinlichkeit für genau x Erfolge angibt, also $\mathbb{P}(X = x)$, gibt uns die **kumulierte Wahrscheinlichkeitsfunktion** die Wahrscheinlichkeit für x oder weniger Erfolge, also $\mathbb{P}(X \leq x)$.

Die entsprechenden Werte für die kumulierten Wahrscheinlichkeitsfunktion erhalten wir mit der Funktion `pbinom()`, welche quasi die gleichen Argumente benötigt wie `dbinom()`. Nur gibt es anstatt des Parameters `x` jetzt einen Parameter `q`:

```
pbinom(q = 10, size = 50, prob = 0.25)
```

⁵Die Herleitung finden Sie im Statistikbuch Ihres Vertrauens oder auf [Wikipedia](#).

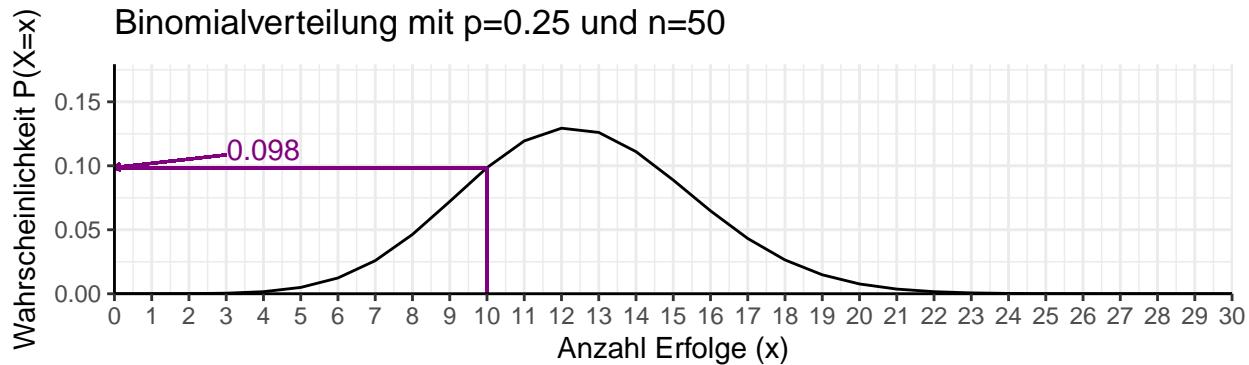


Figure 7.2: Beispiel einer Binomialverteilung mit $p=0.25$ und $n=50$.

```
## [1] 0.2622023
```

Die Wahrscheinlichkeit 10 oder weniger Erfolge bei 10 Versuchen und einer Erfolgswahrscheinlichkeit von 25% zu erzielen beträgt also 26.2%. Dies ist auch in Abbildung 7.3 ersichtlich.

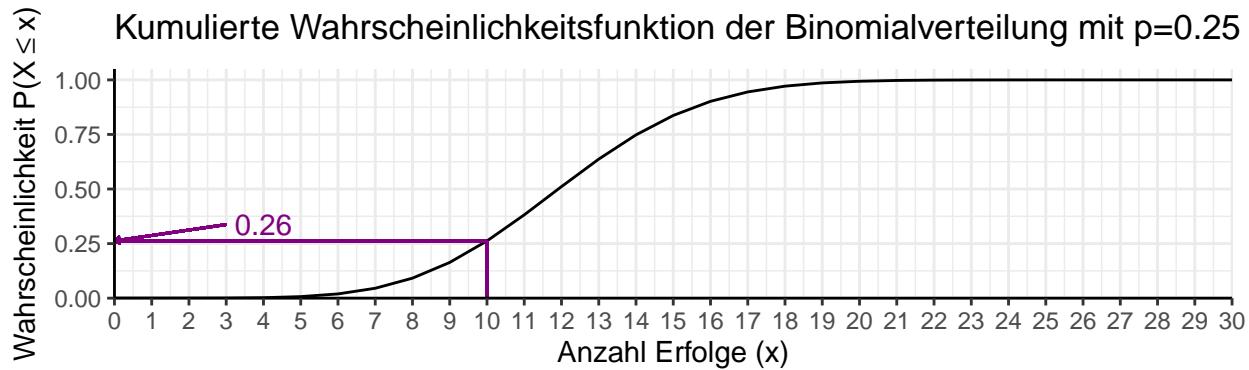


Figure 7.3: Kumulative Wahrscheinlichkeitsfunktion mit $p=0.25$ und $n=50$

Schlussendlich haben wir die Funktion `qbinom()`, welche als ersten Input eine Wahrscheinlichkeit p akzeptiert und dann den kleinsten Wert x findet, für den gilt, dass $\mathbb{P}(X = x) \geq p$.

Wenn wir also wissen möchten wie viele Erfolge mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% mindestens zu erwarten sind, dann schreiben wir:

```
qbinom(p = 0.5, size = 50, prob = 0.25)
```

```
## [1] 12
```

Es gilt also: $\mathbb{P}(X = 12) \geq p$.

Abbildung 7.4 verdeutlicht dies grafisch.

Möchten wir schließlich eine bestimmte Menge an **Realisierungen** aus einer Binomialverteilung ziehen geht das mit der Funktion `rbinom()`, welche auch wieder drei Argumente verlangt: `n` für die Anzahl der zu ziehenden Realisierungen, sowie `size` und `prob` als da Parameter n und p der Binomialverteilung:

```
sample_binom <- rbinom(n = 5, size = 10, prob = 0.4)
sample_binom
```

```
## [1] 5 4 4 4 2
```

Anwendungsbeispiel Binomialverteilung: Unser Zufallsexperiment besteht aus dem zehnmaligen Werfen einer fairen Münze. Unter 'Erfolg' verstehen wir das Werfen von 'Zahl'. Nehmen wir an, wir führen das Zufallsexperiment 10 Mal durch, werfen also insgesamt 100 Mal die Münze und schreiben jeweils auf, wie häufig wir dabei einen Erfolg verbuchen konnten. Wenn wir unsere Ergebnisse aufmalen,

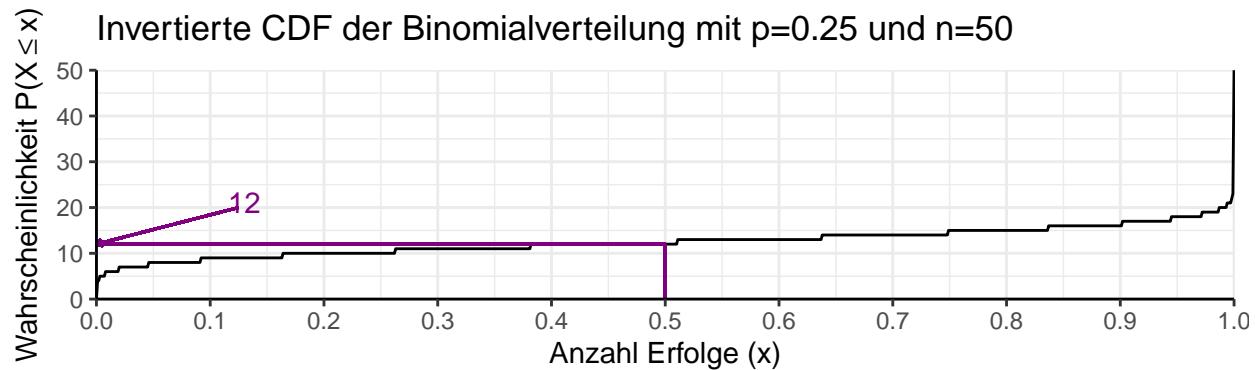
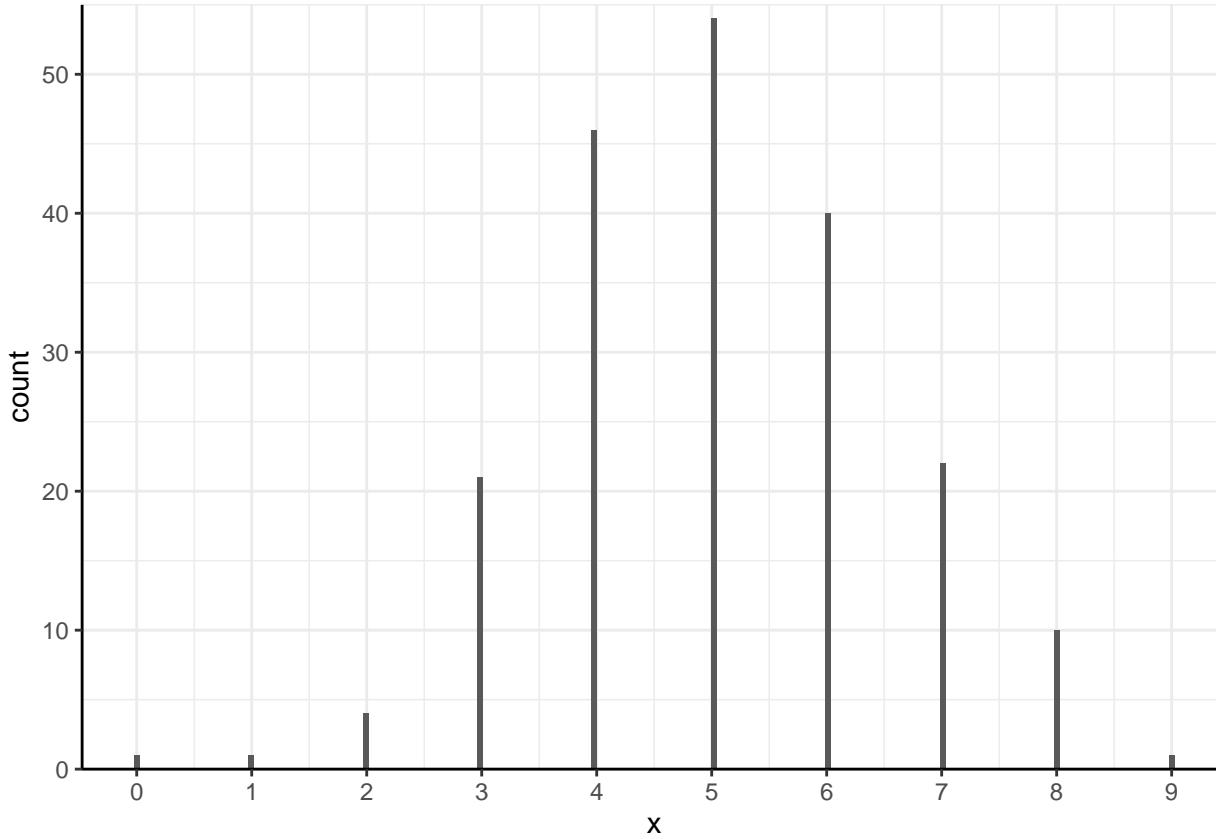


Figure 7.4: Graph der invertierten kumulierten Wahrscheinlichkeitsfunktion der Binomialverteilung mit $p = 0.25$ und $n = 50$

indem wir auf der x-Achse die Anzahl der Erfolge, und auf der y-Achse die Anzahl der Experimente mit genau dieser Anzahl an Erfolgen festhalten, erhalten wir ein Histogramm, das ungefähr so aussieht wie in Abbildung ??.



Aus der Logik der Konstruktion des Zufallsexperiments und der Inspektion unserer Daten können wir schließen, dass die Binomialverteilung eine sinnvolle Beschreibung des Zufallsexperiments und der daraus entstandenen Stichprobe von 100 Münzwurfergebnissen ist. Da wir eine faire Münze geworfen haben macht es Sinn für die Binomialverteilung $p = 0.5$ anzunehmen, und da wir in jedem einzelnen Experiment die Münze 10 Mal geworfen haben für $n = 10$. Wenn wir die mit $n = 10$ und $p = 0.5$ parametrisierte theoretische Binomialverteilung nehmen und ihre theoretische Verteilungsfunktion über die Aufzeichnungen unserer Ergebnisse legen, können wir uns in dieser Vermutung bestärkt fühlen, wie in Abbildung 7.5 ersichtlich ist.

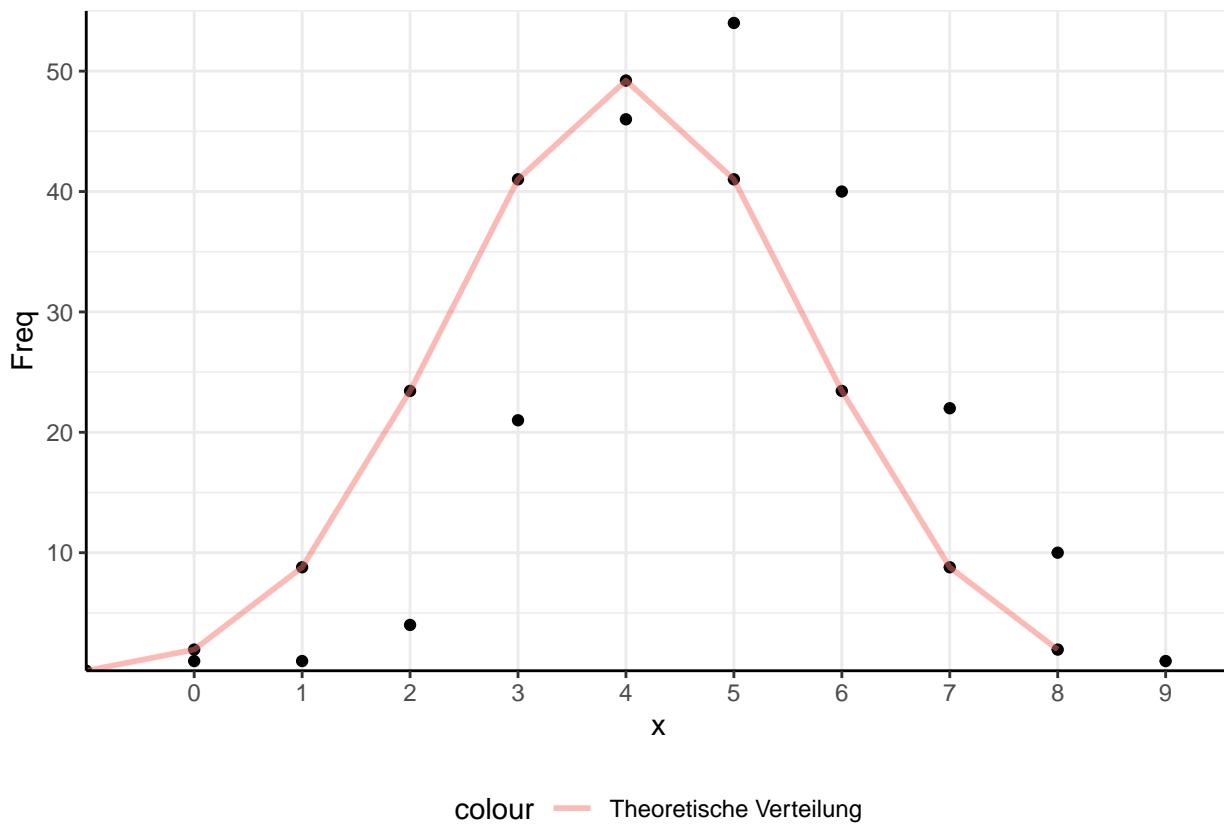


Figure 7.5: Vergleich der empirischen Stichprobe und der parametrisierten theoretischen Binomialverteilungsfunktion

7.3.3 Beispiel: die Poisson-Verteilung

Bei der Poisson-Verteilung handelt es sich um die Standardverteilung für unbeschränkte Zähldaten, also diskrete Daten, die kein natürliches Maximum haben.

Es handelt sich dabei zudem um eine **ein-parametrische** Funktion, deren einziger Parameter $\lambda > 0$ ist. λ wird häufig als die mittlere Ereignishäufigkeit interpretiert und ist **zugleich Erwartungswert als auch Varianz** der Verteilung: $\mathbb{E}(P_\lambda) = \text{Var}(P_\lambda) = \lambda$.

Ihre Definitionsmenge ist \mathbb{N} , also alle natürlichen Zahlen - daher ist sie im Gegensatz zur Binomialverteilung geeignet, wenn die Definitionsmenge der Verteilung keine natürliche Grenze hat.

Die **Wahrscheinlichkeitsfunktion** der Poisson-Verteilung hat die folgende Form:

$$p_\lambda(x) = \frac{\lambda^x}{x!} e^{-\lambda}$$

Abbildung 7.6 zeigt wie sich die Wahrscheinlichkeitsfunktion für unterschiedliche Werte von λ manifestiert.

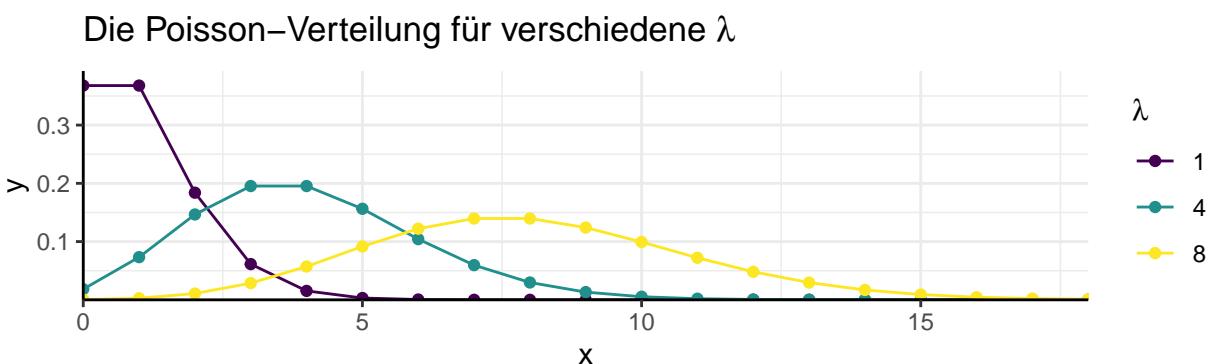


Figure 7.6: Poisson-Verteilung für verschiedene Parameter.

Wir können die Verteilung mit sehr ähnlichen Funktionen wie bei der Binomialverteilung analysieren. Nur die Parameter müssen entsprechend angepasst werden, da es bei der Poisson-Verteilung jetzt nur noch einen Parameter (`lambda`) gibt.

Möchten wir die Wahrscheinlichkeit berechnen, genau x Erfolge zu beobachten, also $\mathbb{P}(X = x)$ geht das mit der Funktion `dpois()`. Das einzige notwendige Argument ist `lambda` (siehe zudem Abbildung 7.7):

```
dpois(5, lambda = 4)
```

```
## [1] 0.1562935
```

Die Poisson-Verteilung für $\lambda = 4$

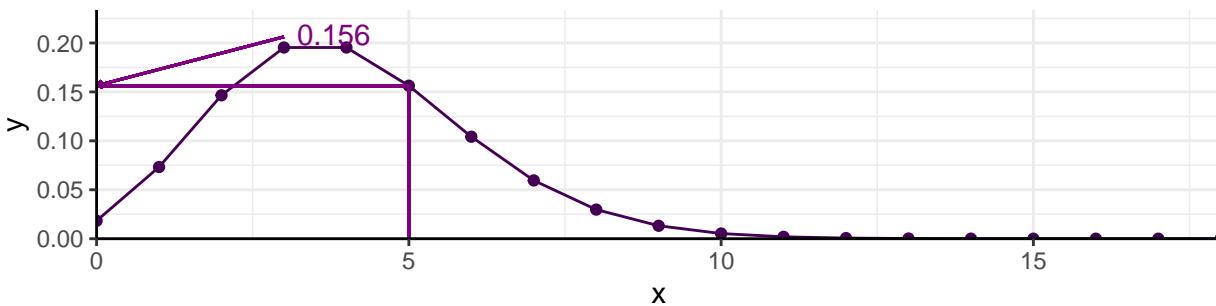


Figure 7.7: Poisson-Verteilung mit ausgewählten Parameterwerten.

Informationen über die CDF erhalten wir über die Funktion `ppois()`, die zwei Argumente, `q` und `lambda`, annimmt. Grafisch dargestellt ist dies in Abbildung 7.8.

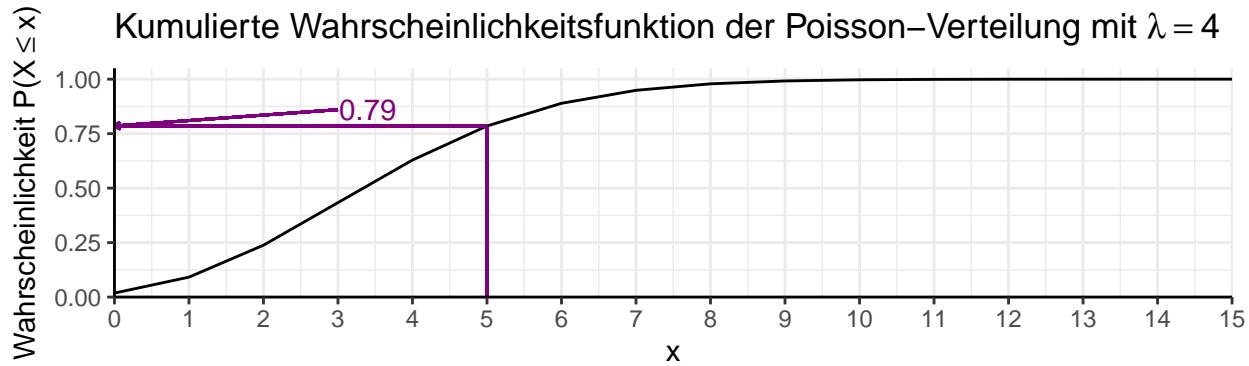


Figure 7.8: Kumulierte Wahrscheinlichkeitsfunktion der Poisson-Verteilung mit $\lambda = 4$

Mit der Funktion `qpois()` finden wir für eine Wahrscheinlichkeit p den kleinsten Wert x , für den gilt, dass $\mathbb{P}(X = x) \geq p$.

Wenn wir also wissen möchten wie viele Erfolge mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% mindestens zu erwarten sind, dann schreiben wir:

```
qpois(p = 0.5, lambda = 4)
```

```
## [1] 4
```

Es gilt also: $\mathbb{P}(X = 4) \geq 0.5$.

Wir können dies erneut grafisch verdeutlichen, wie in Abbildung 7.9 dargestellt.

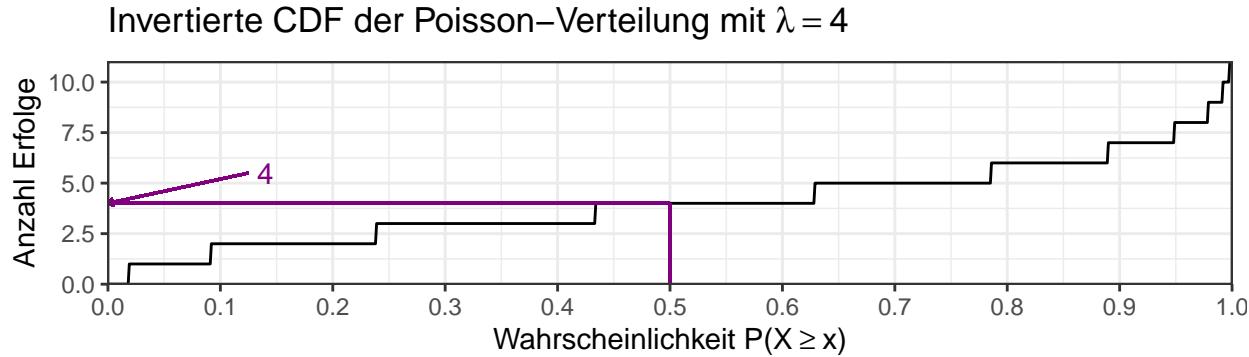


Figure 7.9: Invertierte CDF der Poisson-Verteilung mit $\lambda = 4$

Möchten wir schließlich eine bestimmte Menge an **Realisierungen** der ZV aus einer Poisson-Verteilung ziehen geht das mit `rpois()`, welches zwei notwendige Argumente annimmt: `n` für die Anzahl der Realisierungen und `lambda` für den Parameter λ :

```
pois_sample <- rpois(n = 5, lambda = 4)
pois_sample
```

```
## [1] 3 8 4 4 3
```

7.3.4 Hinweise zu diskreten Wahrscheinlichkeitsverteilungen

Wie Sie vielleicht bereits bemerkt haben sind die R Befehle für verschiedene Verteilungen alle gleich aufgebaut. Wenn `*` für die Abkürzung einer bestimmten Verteilung steht, können wir mit der Funktion `d*`() die Werte der Wahrscheinlichkeitsverteilung, mit `p*`() die Werte der kumulierten Wahrscheinlichkeitsverteilung und mit `q*`() die der Quantilsfunktion berechnen. Mit `r*`() werden Realisierungen von Zufallszahlen generiert. Für das Beispiel der Binomialverteilung, welcher die Abkürzung `binom` zugewiesen wurde, heißen die Funktionen entsprechend `dbinom()`, `pbinom()`, `qbinom()` und `rbinom()`.

Tabelle 7.2 gibt einen Überblick über gängige Abkürzungen und die Parameter der oben besprochenen diskreten Verteilungen.

Table 7.2: Überblick der besprochenen diskreten Verteilungen.

Verteilung	Abkürzung	Parameter
Binomialverteilung	<code>binom</code>	<code>size, prob</code>
Poisson-Verteilung	<code>pois</code>	<code>lambda</code>

7.4 Stetige Wahrscheinlichkeitsmodelle

7.4.1 Stetige ZV

In vorangegangen Abschnitt haben wir uns mit diskreten Wahrscheinlichkeitsmodellen beschäftigt. Die diesen Modellen zugrundeliegenden ZV hatten einen abzählbaren Wertebereich. Häufig interessieren wir uns aber für ZV mit einem nicht abzählbaren Wertebereich, z.B. \mathbb{R} oder $[0, 1]$.⁶

Bei stetigen Wahrscheinlichkeitsmodellen liegen zwischen zwei Punkten unendlich viele Punkte. Das hat bedeutende Implikationen für die Angabe von Wahrscheinlichkeiten. Im Gegensatz zu diskreten Wahrscheinlichkeitsmodellen hat demnach jeder einzelne Punkt im Wertebereich der ZV die Wahrscheinlichkeit 0:

$$\mathbb{P}(X = x_k) = 0 \quad \forall x_k \in W_X$$

wobei W_X für den Wertebereich von ZV X steht.

Als Lösung werden Wahrscheinlichkeiten bei stetigen ZV nicht als Punktwahrscheinlichkeiten, sondern als Intervallwahrscheinlichkeiten angeben. Aus $\mathbb{P}(X = x)$ im diskreten Fall wird im stetigen Fall also:

$$\mathbb{P}(a < X \leq b) = \int_a^b f(x)dx, \quad a < b$$

Entsprechend wird für stetige ZV eine etwas andere Notation als für diskrete ZV verwendet, wobei das Prinzip gleich bleibt. Zudem werden Sie merken, dass im stetigen Fall anstatt Summen immer Integrale verwendet werden. Informell kann man ja auch sagen, dass ein Integral nichts anderes ist als eine Summe über stetige Werte.

Wo wir bei diskreten ZV eine Wahrscheinlichkeitsfunktion (PMF) verwendet haben verwenden wir nun eine **Wahrscheinlichkeitsdichte** (*probability density function*, PDF). Aus der PMF $p_X(x) = \mathbb{P}(X = x_k)$ im diskreten Fall wird nun also die PDF $f_X(x)$, für die gilt, dass $\mathbb{P}(a < X \leq b) = \int_a^b f(x)dx$ für den stetigen Fall.

Für die PDF gilt äquivalent zum diskreten Fall, dass $f_X(x) \geq 0$ (keine negativen Werte) und $\int_{-\infty}^{\infty} f(x)dx = 1$ (das Integral (die ‘stetige Summe’) über den ganzen Wertebereich ergibt 1). Allerdings gibt es einen wichtigen Unterschied: im Gegensatz zur PMF $p_X(x)$ gibt die PDF $f_X(x)$ *keine* Wahrscheinlichkeiten an - daher auch nur die Restriktion $f_X(x) \geq 0$ und *nicht* $1 \geq f_X(x) \geq 0$. Wenn wir von Wahrscheinlichkeiten reden wollen, müssen wir die PDF integrieren:

$$\mathbb{P}((a, b]) = \int_a^b f(x)dx$$

da wir im stetigen Fall für einzelne Punkte keine von Null verschiedenen Wahrscheinlichkeiten haben.

Wen übrigens die unterschiedlichen Bezeichnungen “probability mass” und “probablity density” irritieren: tatsächlich ist die Verwendung dieser Bezeichnungen ganz analog zu den physikalischen Pendants “Masse” und “Dichte” in der Physik: wenn wir die Masse für einzelne Teile einer Stange haben bekommen wir die Gesamtmasse indem wir die Masse der Teile addieren - das ist genauso wie bei der PMF: wir bekommen die Gesamtwahrscheinlichkeit

⁶Die Intervallschreibweise $[0, 1]$ ist potenziell verwirrend. Es gilt: $[a, b] = \{x \in \mathbb{R} | a \leq x \leq b\}$ (geschlossenes Intervall), $(a, b) = \{x \in \mathbb{R} | a < x < b\}$ (offenes Intervall), $(a, b] = \{x \in \mathbb{R} | a < x \leq b\}$ (linksöffnetes Intervall) und $(a, b) = \{x \in \mathbb{R} | a \leq x < b\}$ (rechtsöffnetes Intervall).

indem wir die Wahrscheinlichkeiten für einzelne Events addieren und die Einzelgewichte indem wir uns die Masse der einzelnen Teile ansehen. Wenn wir jetzt eine Stange haben, die unterschiedlich dicht ist, bekommen wir die gesamte Masse indem wir über die Dichte integrieren. Wir können die Stange auch in kleinere Teile schneiden und deren Masse addieren. Wenn die Teile unendlich klein werden kommen wir zum gleichen Ergebnis wie bei der Integration.

Die **kumulative Verteilungsfunktion** (CDF) ist im stetigen Fall genauso definiert wie im diskreten Fall: $F_X(x) = \mathbb{P}(X \leq x)$, wobei immer gilt:

$$\mathbb{P}(a < X \leq b) = F(b) - F(a) = \int_a^b f(x)dx$$

Man sieht hier, dass die Dichtefunktion (PDF) einer ZV die Ableitung ihrer kumulativen Verteilungsfunktion (CDF) ist:

$$F'_X(x) = f_X(x)$$

Wie oben beschrieben können wir die Werte an einzelnen Punkten der PDF nicht als *absolute* Wahrscheinlichkeiten interpretieren, da die Wahrscheinlichkeit für einzelne Punkte immer gleich 0 ist und die PDF auch Werte größer 1 annehmen kann. Wir können aber die Werte der PDF an zwei oder mehr Punkten vergleichen um die *relative* Wahrscheinlichkeit der einzelnen Punkte zu bekommen.

Wie bei den diskreten ZV beschreiben wir eine ZV mit Hilfe von bestimmten Kennzahlen, wie dem **Erwartungswert**, der **Varianz** und den **Quantilen**. Diese sind quasi äquivalent zum diskreten Fall definiert, nur eben über Integrale (wir vergleichen alle folgenden Definitionen mit ihrem diskreten Pendant am Ende des Abschnitts). Für den Erwartungswert der ZV X gilt somit:

$$\mathbb{E}(X) = \int_{-\infty}^{\infty} xf(x)dx$$

Für die Varianz und die Standardabweichung entsprechend:

$$\begin{aligned} \text{Var}(X) &= \mathbb{E}(X - \mathbb{E}(X))^2 = \int_{-\infty}^{\infty} (x - \mathbb{E}(X))^2 f(x)dx \\ \sigma_X &= \sqrt{\text{Var}(X)} \end{aligned}$$

Und, schlussendlich, gilt für das α -Quantil $q(\alpha)$:

$$\mathbb{P}(X \leq q(\alpha)) = \alpha$$

In Abbildung 7.10 werden das 0.25 und 0.5-Quantil visuell dargestellt.

Tabelle 7.3 vergleicht noch einmal die Definitionen der Kennzahlen und charakteristischer Verteilungen für den stetigen und diskreten Fall.

Table 7.3: Vergleich der Kennzahlen charakteristischer Verteilungen im stetigen und im diskreten Fall.

Bezeichnung	Diskreter Fall	Stetiger Fall
Erwartungswert	$\mathbb{E}(x) = \sum_{x \in W_X} \mathbb{P}(X = x)x$	$\mathbb{E}(X) = \int_{-\infty}^{\infty} xf(x)dx$
Varianz	$\text{Var}(X) = \sum_{x \in W_X} [x - \mathbb{E}(X)]^2 \mathbb{P}(X = x)x$	$\text{Var}(X) = \mathbb{E}(X - \mathbb{E}(X))^2$
Standardabweichung	$\sqrt{\text{Var}(X)}$	$\sqrt{\text{Var}(X)}$

Bezeichnung	Diskreter Fall	Stetiger Fall
α -Quantil	$\mathbb{P}(X \leq q(\alpha)) = \alpha$	$\mathbb{P}(X \leq q(\alpha)) = \alpha$
Dichtefunktion (PDF)	NA	$f_X(x) = \mathbb{P}([a, b]) = \int_a^b f(x) dx$
Wahrsch's- funktion (PMF)	$p_X(x_k) = \mathbb{P}(X = x_k)$	NA
Kumulierte Verteilungsfunk- tion (CDF)	$\mathbb{P}(X \leq x)$	$F(x) = \mathbb{P}(X \leq x)$

Analog zum diskreten Fall wollen wir uns nun die am häufigsten vorkommenden stetigen Verteilungen noch einmal genauer anschauen. Vorher wollen wir jedoch die oben eingeführten Konzepte (statistische Unabhängigkeit, bedingte Wahrscheinlichkeiten, etc.) noch für den stetigen Fall formulieren - am Prinzip ändert sich hier nichts, nur an der Notation.

7.4.2 Beispiel: die Uniformverteilung

Die Uniformverteilung kann auch mit einem beliebigen Intervall $[a, b]$ mit $a < b$ definiert werden und ist dadurch gekennzeichnet, dass die Dichte über $[a, b]$ vollkommen konstant ist. Ihre einzigen Parameter sind die Grenzen des Intervalls, a und b .

Da bei stetigen Verteilungen die Dichte aller Werte außerhalb des Wertebereichs per definitionem gleich Null ist, haben wir folgenden Ausdruck für die Dichte der Uniformverteilung:

$$f(x) = \begin{cases} \frac{1}{b-a} & a \leq x \leq b \\ 0 & \text{sonst } (x \notin W_X) \end{cases}$$

Auch der Erwartungswert ist dann intuitiv definiert, er liegt nämlich genau in der Mitte des Intervalls $[a, b]$ und ist definiert als $\mathbb{E}(X) = \frac{a+b}{2}$. Die Varianz ist mit $Var(X) = \frac{(b-a)^2}{12}$ gegeben.

Die Dichtefunktion der Uniformverteilung für $[a, b] = [2, 4]$ ist in Abbildung 7.11 dargestellt:

Die Abkürzung in R für die Uniformverteilung ist `unif`. Entsprechend berechnen wir Werte für die Dichte mit `dunif()`, welches lediglich die Argumente `a` und `b` für die Grenzen des Intervalls benötigt:

```
dunif(seq(2, 3, 0.1), min = 0, max = 4)
```

```
## [1] 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25
```

Wie wir sehen erhalten wir hier immer den gleichen Wert $\frac{1}{b-a}$, was die zentrale Eigenschaft der Uniformverteilung ist. Hier wird auch deutlich, dass dieser Wert die *relative* Wahrscheinlichkeit angibt, da die absolute Wahrscheinlichkeit für jeden einzelnen Wert wie oben beschrieben bei stetigen ZV 0 ist.

Die CDF berechnen wir entsprechend mit `punif()`. Wenn $X \sim U(0, 4)$ erhalten wir $\mathbb{P}(X \leq 3)$ entsprechend mit:

```
punif(0.8, min = 0, max = 4)
```

```
## [1] 0.2
```

Abbildung 7.12 zeigt dies grafisch.

Auch ansonsten können wir die Syntax der diskreten Verteilungen mehr oder weniger übernehmen: `qunif()` akzeptiert die gleichen Parameter wie `punif()` und gibt uns Werte der inversen CDF. `runif()` kann verwendet werden um Realisierungen einer uniform verteilten ZV zu generieren:

```
uniform_sample <- runif(5, min = 0, max = 4)
uniform_sample
```

```
## [1] 3.5209862 1.4563675 1.1529571 0.6825809 0.6886870
```

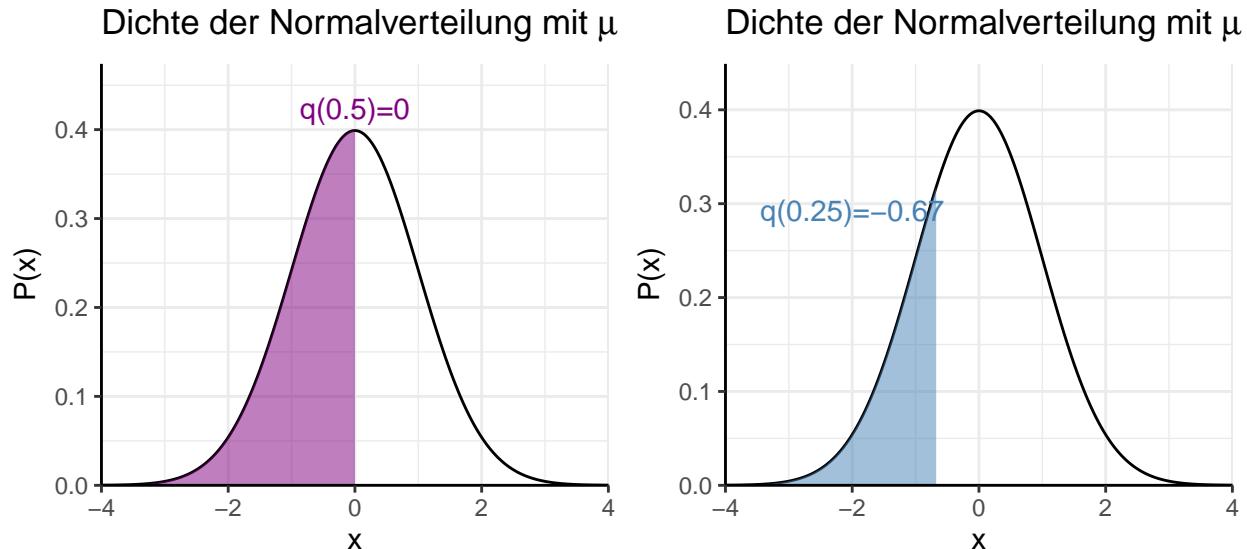
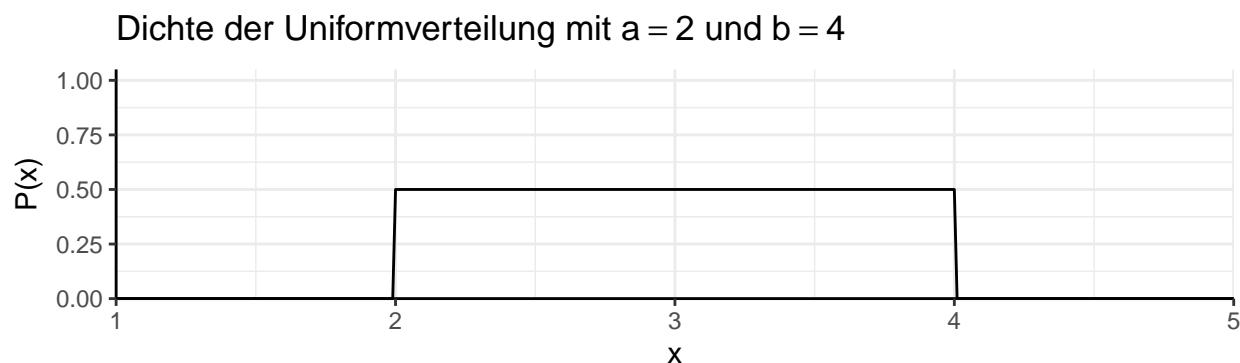
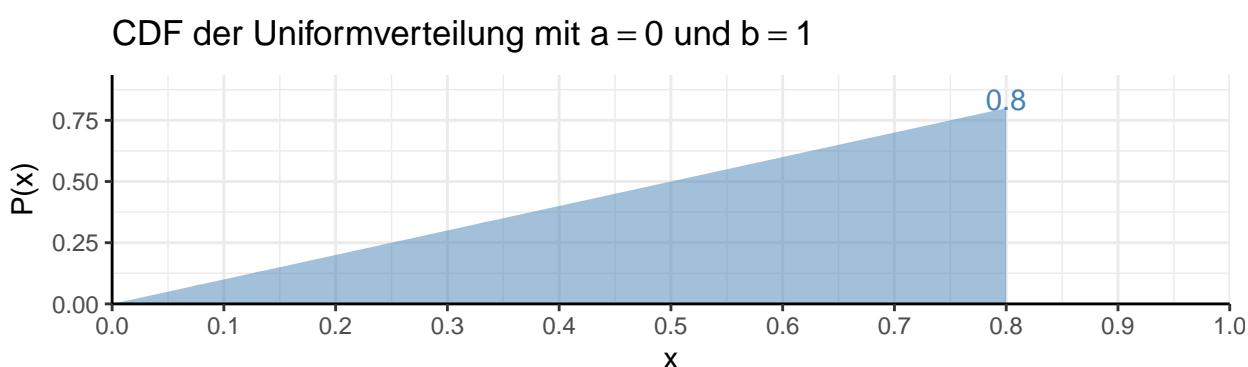


Figure 7.10: Vergleich des 0.25- und 0.5-Quantils

Figure 7.11: Dichte der Uniformverteilung mit $a = 2$ und $b = 4$ Figure 7.12: CDF der Uniformverteilung mit $a = 0$ und $b = 1$

7.4.3 Beispiel: die Normalverteilung

Die wahrscheinlich bekannteste stetige Verteilung ist die Normalverteilung. Das liegt nicht nur daran, dass viele natürliche Phänomene als die Realisierung einer normalverteilten ZV modelliert werden können, sondern auch weil es sich mit der Normalverteilung in der Regel sehr einfach rechnen lässt. Sie ist also häufig auch einfach eine bequeme Annahme.

Bei der Normalverteilung handelt es sich um eine **zwei-parametrische** Verteilung über den Wertebereich $W_X = \mathbb{R}$. Die beiden Parameter sind μ und σ^2 , welche unmittelbar als Erwartungswert ($\mathbb{E}(X) = \mu$) und Varianz ($Var(X) = \sigma^2$) gelten. Wir schreiben $X \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$ wenn für die PDF von X gilt:

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

Unter der **Standard-Normalverteilung** verstehen wir eine Normalverteilung mit den Paramtern $\mu = 0$ und $\sigma = 1$.⁷ Sie verfügt über die deutlich vereinfachte PDF:

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}x^2}$$

Die CDF der Normalverteilung ist analytisch nicht einfach darzustellen, die Werte können in R aber leicht über die Funktion `pnorm` (s.u.) abgerufen werden.

In Abbildung 7.13 sind die PDF und CDF für exemplarische Parameterkombinationen dargestellt.

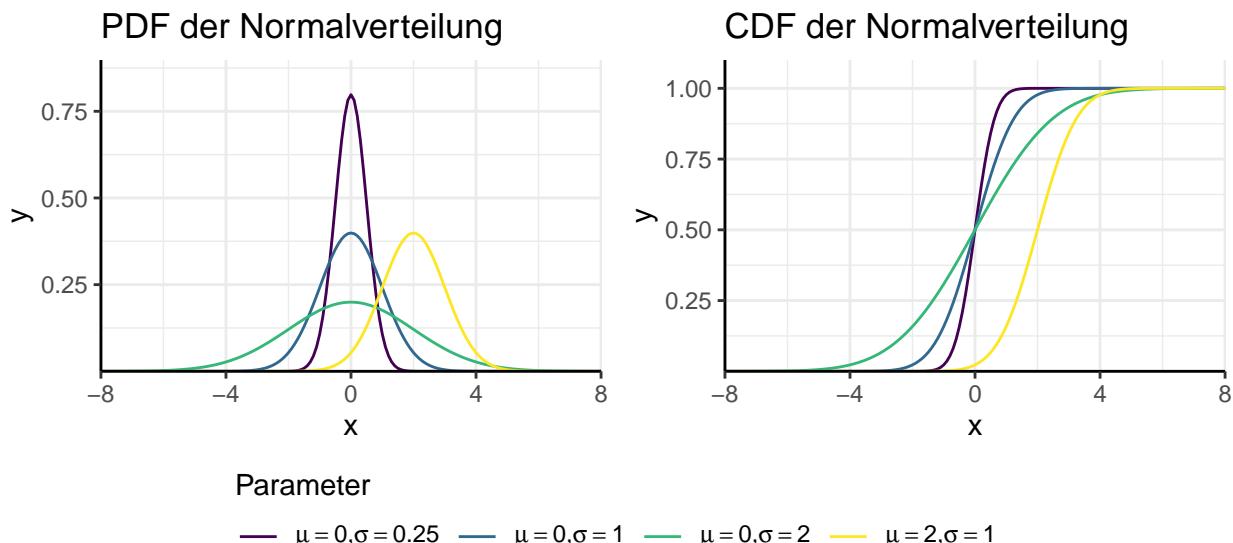


Figure 7.13: Beispielhafter Vergleich einer PDF und CDF bei Normalverteilung

Die Abkürzung in R ist `norm`. Alle Funktionen nehmen die Parameter μ und σ (nicht σ^2) über `mean` und `sd` als notwendige Argumente. Ansonsten ist die Verwendung äquivalent zu den vorherigen Beispielen:

```
dnorm(c(0.5, 0.75), mean = 1, sd = 2) # relative Wahrscheinlichkeiten über PDF
```

```
## [1] 0.1933341 0.1979188
```

```
pnorm(c(0.5, 0.75), mean = 1, sd = 2) # Werte der CDF
```

```
## [1] 0.4012937 0.4502618
```

⁷Viele Tabellen mit bestimmten Kennzahlen der Normalverteilung beziehen sich auf die Standard-Normalverteilung. Wenn man diese Werte verwenden will, muss man die tatsächlich verwendete Stichprobe ggf. erst [z-transformieren](#). Unter Letzterem versteht man die *Normalisierung* einer ZV sodass sie den Erwartungswert 0 und die Varianz 1 besitzt. Dies geht i.d.R. für jede ZV X recht einfach über die Formel $Z = \frac{X-\mu}{\sigma}$, wobei Z die standardisierte ZV, μ den Erwartungswert und σ die Standardabweichung von X bezeichnet

```
qnorm(c(0.5, 0.75), mean = 1, sd = 2) # Werte der I-CDF
## [1] 1.00000 2.34898
norm_sample <- rnorm(5, mean = 1, sd = 2) # 5 Realisierungen der ZV
norm_sample
## [1] 0.9099446 -0.5698089 -2.3358839 0.2395470 2.8379932
```

Beispiel zum Zusammenhang dnorm() und qnorm()

7.4.4 Beispiel: die Exponentialverteilung

Sehr häufig wird uns auch die Exponentialverteilung begegnen. Außerhalb der Ökonomik wird sie v.a. zur Modellierung von Zerfallsprozessen oder Wartezeiten verwendet, in der Ökonomik spielt sie in der Wachstumstheorie eine zentrale Rolle. Es handelt sich bei der Exponentialverteilung um eine **ein-parametrigie** Verteilung mit Parameter $\lambda \in \mathbb{R}^+$ und mit dem Wertebereich $W_X = [0, \infty]$.

Die PDF der Exponentialverteilung ist:

$$f(x) = \begin{cases} 0 & x < 0 \\ \lambda e^{-\lambda x} & x \geq 0 \end{cases}$$

wobei e die **Eulersche Zahl** ist. Die CDF ist entsprechend:

$$F(x) = \begin{cases} 0 & x < 0 \\ 1 - e^{-\lambda x} & x \geq 0 \end{cases}$$

Beide Verteilungen sind in Abbildung 7.14 dargestellt.

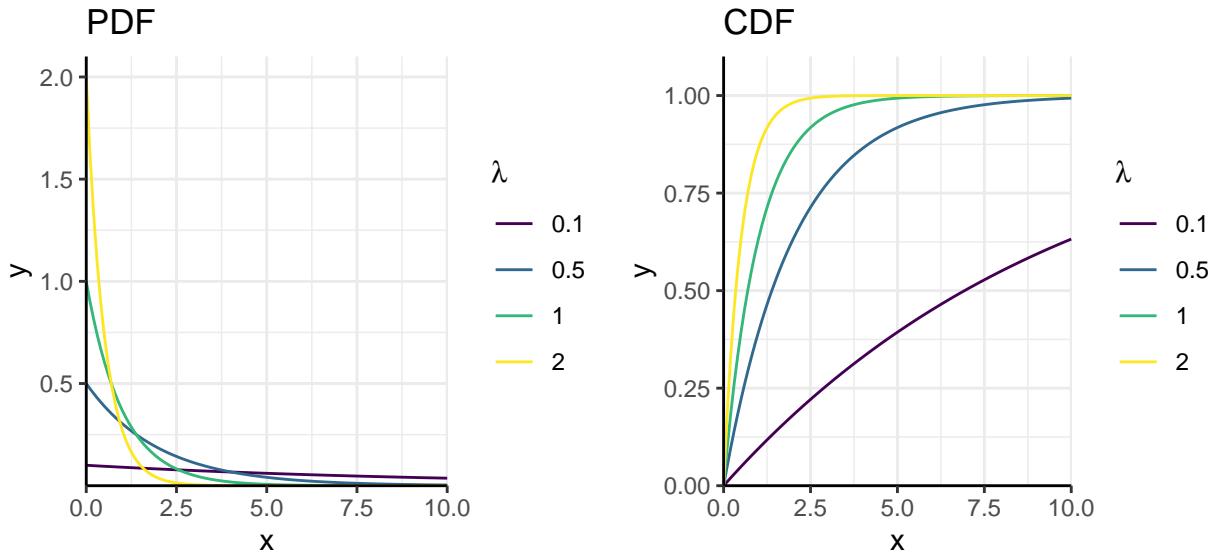


Figure 7.14: Beispielhafter Vergleich einer PDF und CDF bei Exponentialverteilung

Der Erwartungswert und die Varianz sind für die Exponentialverteilung äquivalent und hängen ausschließlich von λ ab: $\mathbb{E}(X) = \sigma_X = \frac{1}{\lambda}$.

Die Abkürzung in R ist `exp`. Alle Funktionen nehmen den Parameter λ über das Argument `rate` an:

```
dexp(c(0.5, 0.75), rate = 1) # relative Wahrscheinlichkeiten über PDF
```

```
## [1] 0.6065307 0.4723666
```

```

pexp(c(0.5, 0.75), rate = 1) # Werte der CDF
## [1] 0.3934693 0.5276334
qexp(c(0.5, 0.75), rate = 1) # Werte der I-CDF
## [1] 0.6931472 1.3862944
exp_sample <- rexp(5, rate = 1) # 5 Realisierungen der ZV
exp_sample
## [1] 0.8232605 0.4757590 3.4635949 1.2740277 1.0814852

```

Es gibt übrigens einen [wichtigen Zusammenhang](#) zwischen der stetigen Exponential- und der diskreten Poisson-Verteilung.

7.5 Zusammenfassung Wahrscheinlichkeitsmodelle für einzelne ZV

Tabelle 7.4 fasst noch einmal alle Wahrscheinlichkeitsmodelle zusammen, die wir bislang betrachtet haben.

Table 7.4: Überblick der Verteilungen und ihrer Parameter.

Verteilung	Art	Abkürzung	Parameter
Binomialverteilung	Diskret	<code>binom</code>	<code>size, prob</code>
Poisson-Verteilung	Diskret	<code>pois</code>	<code>lambda</code>
Uniform-Verteilung	Kontinuierlich	<code>unif</code>	<code>min, max</code>
Normalverteilung	Kontinuierlich	<code>norm</code>	<code>mean, sd</code>
Exponential-Verteilung	Kontinuierlich	<code>exp</code>	<code>rate</code>

In der statistischen Praxis sind das die Modelle, die wir verwenden, um die DGP (*data generating processes*) zu beschreiben - also die Prozesse, welche die Daten, die wir in unserer Forschung verwenden, generiert haben.

Deswegen sprechen Statistiker*innen auch häufig von *Populationsmodellen*. Am besten stellt man es sich mit Hilfe der `r*()` Funktionen vor: man nimmt an, dass es einen DGP gibt, und dass unsere Daten der Output der `r*()`-Funktion zum Ziehen von Realisierungen sind. Mit dem Begriff des Populationsmodells macht man dabei deutlich, dass unsere Stichprobe nur eine Stichprobe darstellt - und nicht die gesamte Population aller möglichen Realisierungen des DGP.

Nun wird auch deutlich, warum Kenntnisse in der Wahrscheinlichkeitsrechnung so wichtig sind: wenn wir statistisch mit Daten arbeiten, dann versuchen wir in der Regel über die Daten Rückschlüsse auf den DGP zu schließen. Dafür müssen wir zunächst einmal eine grobe Struktur für den DGP annehmen, und dafür brauchen wir Kenntnisse in der Wahrscheinlichkeitsrechnung und für den entsprechenden Anwendungsfall konkrete Vorannahmen. Dann können wir, gegeben unsere Daten, unsere Beschreibung des DGP verfeinern.

Das bedeutet, dass wir für den DGP ein bestimmtes Wahrscheinlichkeitsmodell annehmen und dann auf Basis unserer Daten die Parameter für dieses Modell schätzen. Dieses Vorgehen nennen wir *parametrisch*, weil wir hier vor allem Parameter schätzen wollen.⁸

7.6 Analyse mehrerer Zufallsvariablen: gemeinsame und marginale Verteilungen

Zum Abschluss dieses Kapitels wollen wir uns noch mit der Analyse von ZV beschäftigen, die ihrerseits aus der Kombination anderer ZV entstehen. Wir wissen ja bereits, dass die Summe oder das Produkt von ZV selbst wieder

⁸Die Alternative, *nicht-parametrische* Verfahren, nehmen kein konkretes Wahrscheinlichkeitsmodell an, sondern wählen das Modell auch auf Basis der Daten.

Table 7.5: Die gemeinsame Verteilung für das Werfen zweier Würfel.

X/Y	1	2	3	4	5	6
1	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$
2	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$
3	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$
4	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$
5	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$
6	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$

eine ZV ergibt.⁹ Und diese ‘neuen’ ZV sind genau das, was uns in diesem Abschnitt interessiert. Diese ‘kombinierten’ ZV sind in der Praxis häufig besonders relevant.

Die Verteilungen, die wir bislang kennengelernt haben beschreiben alle die Verteilung einer einzelnen ZV. Anhand der Konzepte der bedingten Wahrscheinlichkeit und der statistischen Unabhängigkeit konnten wir ja schon erahnen, dass es häufig von besonderem Interesse ist, wie mehrere ZV miteinander interagieren. Häufig sind wir daran interessiert, die Verteilung dieser neuen ZV zu charakterisieren. Wir nennen die Verteilung einer ZV, die sich aus mehreren ZV ergibt eine **gemeinsame Verteilung**. Eine gemeinsame Verteilung gibt uns Informationen über die Wahrscheinlichkeit von Ereignissen, die von allen beteiligten ZV abhängen.

Beispiel: Ein Beispiel für eine praktisch sehr relevante ‘kombinierte’ ZV wäre die gemeinsame Verteilung von Luftverschmutzung und Atemwegserkrankungen. Sowohl der Grad an Luftverschmutzung als auch das Auftreten einer Atemwegserkrankung kann jeweils als isolierte ZV modelliert werden, aber von besonderem Interesse ist natürlich deren gemeinsame Verteilung, bzw. die bedingten Wahrscheinlichkeiten (also für einen bestimmten Grad an Luftverschmutzung eine Atemwegserkrankung zu bekommen).

7.6.1 Gemeinsame Verteilungen für diskrete ZV

Nehmen wir einmal an wir haben es mit zwei diskreten ZV Variablen, X und Y , zu tun. X kann dabei die Werte $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ und Y die Werte $\{y_1, y_2, \dots, y_m\}$ annehmen. Die gemeinsame Verteilungsfunktion sollte nun Wahrscheinlichkeiten für alle möglichen Kombinationen $\{(x_1, y_1), (x_1, y_2), \dots, (x_n, y_m)\}$ angeben. Wir sprechen hier also von einer gemeinsamen PMF $p_{XY}(x_i, y_j)$ für die gilt:

$$p_{XY}(x_i, y_j) = \mathbb{P}(X = x_i, Y = y_j)$$

Eine solche gemeinsame PMF hat zwei Eigenschaften, ganz analog zur ‘normalen’ PMF:

1. $0 \leq p_{XY}(x_i, y_j) \leq 1$: die Wahrscheinlichkeiten für jede Kombination müssen zwischen 0 und 1 liegen;
2. $\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m p_{XY}(x_i, y_j) = 1$: die Summe aller Einzelwahrscheinlichkeiten ist 1.

Beispiel: das Werfen zweier Würfel Da wir den Wurf eines einzelnen Würfels als diskrete ZV repräsentieren können, können wir den Wurf zweier Würfel als eine gemeinsame diskrete ZV repräsentieren. Grafisch können wir die Wahrscheinlichkeiten recht anschaulich in einer Tabelle abbilden, wobei die einzelnen Zellen jeweils die Werte der gemeinsamen PMF enthalten (siehe Abbildung 7.5).

X und Y beschreiben dabei jeweils die ZV für den ersten und zweiten Würfel.

7.6.2 Gemeinsame Verteilungen für stetige ZV

Die Darstellung des stetigen Falles ist komplett äquivalent: nehmen wir an, X sei eine stetige ZV mit Wertebereich $[a, b]$ und Y eine stetige ZV mit Wertebereich $[c, d]$, dann ist der Wertebereich der gemeinsamen PDF $f_{XY}(x, y)$ gegeben durch $[a, b] \times [c, d]$. Auch für $f_{XY}(x, y)$ gilt analog zum einfachen Fall:

⁹Trivialerweise ist die Summe einer ZV und einer normalen Zahl ebenfalls eine ZV. Diese ZV folgt aber einfach der Verteilung der alten ZV, weil ihr anderer ‘Baustein’ rein deterministisch ist. Dieser Fall ist daher weniger interessant (oder problematisch, je nach Perspektive).

1. $p_{XY}(x_i, y_i) \geq 0$: die Wahrscheinlichkeitsdichte für jede Kombination muss größer Null sein;
2. $\int_c^d \int_a^b f_{XY}(x, y) = 1$: das Integral über den gesamten Wertebereich ist 1.

Grafisch könnten wir die gemeinsame PDF als Quadrat darstellen (siehe Abbildung 7.15).

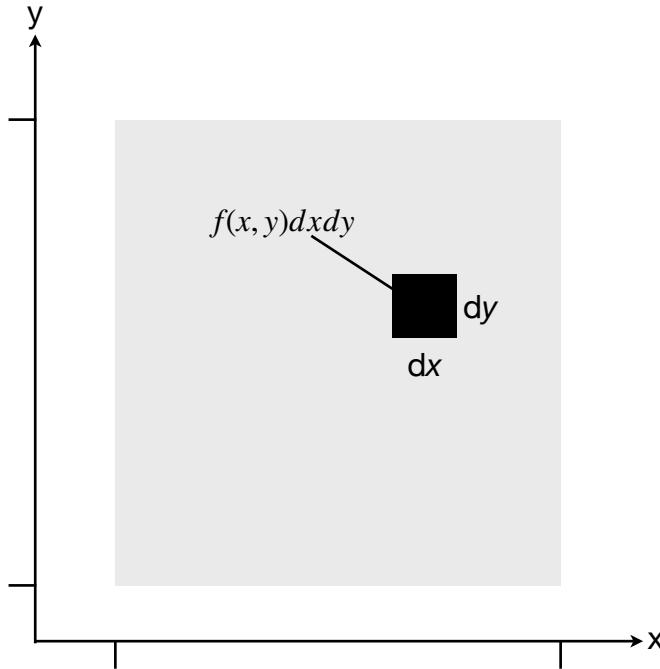


Figure 7.15: Gemeinsame Verteilung zweier stetiger ZV. Die Wahrscheinlichkeit eines Events korrespondiert zur Fläche.

7.6.3 Gemeinsame kumulative Verteilungen

Auch die kumulativen Verteilungen für mehrere ZV sind äquivalent zum einfachen Fall definiert. In der allgemeinen Schreibweise schreiben wir:

$$F_{XY}(x, y) = \mathbb{P}(X \leq x, Y \leq y).$$

Für den diskreten Bereich übersetzt sich das konkret in:

$$F_{XY}(x, y) = \sum_{x_i \leq x} \sum_{y_j \leq y} p(x, y)$$

Im kontinuierlichen Fall ist diese Funktion wieder für den Wertebereich $[a, b] \times [c, d]$ definiert als:

$$F_{XY}(x, y) = \int_c^d \int_a^b f(x, y) dx dy$$

Wenn wir aus der CDF die PDF herleiten wollen müssen wir die CDF nach beiden Variablen ableiten:

$$f(x, y) = \frac{\partial^2 F}{\partial x \partial y}(x, y)$$

Ansonsten sind die Eigenschaften der gemeinsamen CDF wieder vergleichbar zu denen der einfachen CDF (wachsend und für positive/negative Extremwerte von x und y geht der Wert gegen 0/1).

Table 7.6: Die gemeinsame Verteilung für das Werfen zweier Würfel.

X/Y	1	2	3	4	5	6	$p_X(x_i)$
1	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\sum_j p(1, y_j) = \frac{1}{6}$
2	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\sum_j p(2, y_j) = \frac{1}{6}$
3	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\sum_j p(3, y_j) = \frac{1}{6}$
4	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\sum_j p(4, y_j) = \frac{1}{6}$
5	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\sum_j p(5, y_j) = \frac{1}{6}$
6	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\frac{1}{36}$	$\sum_j p(6, y_j) = \frac{1}{6}$

7.6.4 Marginale Verteilungen

Häufig kennen wir die gemeinsame Verteilung von zwei oder mehr ZV und wollen aus dieser gemeinsamen Verteilung die Verteilungen der einzelnen ZV ableiten. Haben wir es z.B. mit einer gemeinsamen Verteilung $p_{XY}(x, y)$ zu tun wollen wir häufig die separaten Verteilungen $p_X(x)$ und $p_Y(y)$ ableiten. Wir sprechen in diesem Fall von der Herleitung einer *marginalen* Verteilung von X bzw. Y . Im Ergebnis ist eine marginale Verteilung eine ‘ganz normale’ Verteilung, so wie wir sie vor diesem Abschnitt besprochen haben - der Zusatz ‘marginal’ ergibt sich nur daraus, dass sie aus einer gemeinsamen Verteilung abgeleitet wurde.

Im diskreten Fall erhalten wir die marginalen Verteilungen durch das Aufsummieren bei Konstanthaltung der anderen Variablen. Im Falle der gemeinsamen Verteilung $p_{XY}(x, y)$ gilt dabei also:

$$p_X(x_i) = \sum_j p(x_i, y_j)$$

und

$$p_Y(y_i) = \sum_i p(x_i, y_j)$$

Beispiel: Für das oben beschriebene Beispiel des Werfens zweier Würfel können wir die marginale Verteilung des ersten Würfelwurfs (also von X) auf die in Abbildung 7.6 dargestellte Art und Weise erhalten. Hier wird auch deutlich, wo der Name ‘marginal’ herkommt: wir betrachten die aufsummierten Wahrscheinlichkeiten ‘am Rand’. Die marginale Verteilung im stetigen Fall hat genau die gleiche Bedeutung wie im diskreten Fall.

7.6.5 Bedingte Verteilungen und bedinge Momente

Die bedingte Verteilung einer ZV beschreibt die Verteilung einer ZV für den Fall dass eine andere ZV auf einen bestimmten Realisationswert bedingt ist. Die Definition ist analog zur allgemeinen bedingten Wahrscheinlichkeit, die wir schon weiter oben eingeführt haben. Daher betrachten wir hier nur ein Beispiel und zwar den folgenden Zusammenhang zwischen X und Y , wobei gilt, dass X : “Es schneit” und Y : “Es ist kalt”. Dann wäre eine solche gemeinsame Verteilung plausibel:

	Kalt ($X = 1$)	Warm ($X = 0$)
Schnee ($Y = 1$)	0.15	0.07
Kein Schnee ($Y = 0$)	0.15	0.63

Um aus dieser gemeinsamen Verteilung die bedingte Verteilung von Y abzuleiten verwenden wir die bereits oben eingeführte Formel:

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(B)}$$

und passen sie für unseren Verteilungsfall an:

$$\mathbb{P}(X = x|Y = y) = \frac{\mathbb{P}(X = x, Y = y)}{\mathbb{P}(Y = y)}$$

Ganz analog zur Verteilung können wir bedingte Momente (wie den Erwartungswert oder die Varianz) formulieren. Besonders häufig verwendet wird dabei der *bedingte Erwartungswert*. Ein in diesem Kontext häufig gebrauchtes Konzept ist das *Gesetz der wiederholten Erwartungen (law of iterated expectations)*, das einen Zusammenhang zwischen dem Erwartungswert und dem bedingten Erwartungswert herstellt:

$$\mathbb{E}(X) = \mathbb{E}[\mathbb{E}(X|Y)]$$

Im diskreten Fall können wir das Konzept noch leichter verdeutlichen. Hier gilt:

$$\mathbb{E}(X) = \mathbb{E}[\mathbb{E}(X|Y)] = \sum_i \mathbb{E}(X|Y=y_i) \cdot \mathbb{P}(Y=y) \quad (7.1)$$

Für den Fall zweier Würfe ist das nichts anderes aus das Summieren der Zeile, wobei jedes Event mit der Eintrittswahrscheinlichkeit gewichtet wird.

$$\begin{aligned} \mathbb{E}(X) &= \mathbb{E}[\mathbb{E}(X|Y)] = \mathbb{E}(X|Y=1) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X|Y=2) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X|Y=3) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X|Y=4) \cdot \frac{1}{6} + \\ &\quad \mathbb{E}(X|Y=5) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X|Y=6) \cdot \frac{1}{6} \end{aligned} \quad (7.2)$$

Für den Fall, dass wir am Erwartungswert für eine 6 beim ersten Würfel interessiert sind wäre das also:

$$\begin{aligned} \mathbb{E}(X=6) &= \mathbb{E}[\mathbb{E}(X=6|Y)] = \mathbb{E}(X=6|Y=1) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X=6|Y=2) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X=6|Y=3) \cdot \frac{1}{6} \\ &\quad + \mathbb{E}(X=6|Y=4) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X=6|Y=5) \cdot \frac{1}{6} + \mathbb{E}(X=6|Y=6) \cdot \frac{1}{6} \\ &= \mathbb{E}[\mathbb{E}(X=6|Y)] = \frac{1}{6} \cdot \frac{1}{6} + \frac{1}{6} \cdot \frac{1}{6} = \frac{1}{6} \end{aligned} \quad (7.3)$$

Im Falle der Würfel liegt übrigens ein Beispiel von *mean independence* vor, denn in diesem Fall gilt:

$$\mathbb{E}(X|Y) = \mathbb{E}(X)$$

Im Falle des doppelten Wüfelwurfes gilt nämlich, dass $\mathbb{E}(X=6|Y) = \mathbb{E}(X=6) = \frac{1}{6}$.

Das Gesetz der wiederholten Erwartungen funktioniert auch bei abhängigen ZV. Schauen wir noch einmal auf das Beispiel mit der Kälte und dem Schnee und berechnen wir die Erwartung, dass es schneit:

$$\mathbb{E}(Y=1) = \mathbb{E}[\mathbb{E}(Y=1|X)] = 0.15 \cdot 0.3 + 0.07 \cdot 0.7 = 0.094$$

Dabei liegt hier *keine mean independence* vor, denn: $\mathbb{E}(Y=1) = \mathbb{E}(X=1, Y=1) + \mathbb{E}(X=0, Y=1) = 0.22$, aber $\mathbb{E}(Y=1|X=0) = 0.07$ und $\mathbb{E}(Y=1|X=1) = 0.15$. Sie können sich leicht merken, dass für abhängige ZV nie, und für unabhängige ZV immer *mean independence* bevorliegt (der umgekehrte Fall gilt jedoch nicht!).

Wir werden später im Kontext der Regressionsanalyse noch sehr häufig auf dieses Gesetz und die Konzepte der marginalen und bedingten Verteilungen zurückkommen.

Chapter 8

Wiederholung: Deskriptive Statistik

Bevor wir uns im folgenden Kapitel 9 mit dem Schluss von den Daten auf die Parameter des zugrundeliegenden Wahrscheinlichkeitsmodells beschäftigen, wollen wir uns im Folgenden noch mit Methoden der deskriptiven Statistik beschäftigen: denn zum einen setzt dieser Rückschluss der Daten auf das Populationsmodell voraus, dass wir uns überhaupt mit den Daten auseinandersetzen haben, zum anderen sollte die Wahl des zugrundeliegenden Populationsmodell und der Art der Schätzung auf Basis der Daten erfolgen - und auch dafür benötigen wir Methoden der deskriptiven Statistik.

Die Methoden der deskriptiven Statistik helfen uns die Daten, die wir erhoben haben möglichst gut zu *beschreiben*. Die *deskriptive* Statistik grenzt sich von der *induktiven* Statistik davon ab, dass wir keine Aussagen über unseren Datensatz hinaus treffen wollen: wenn unser Datensatz also z.B. aus 1000 Schüler*innen besteht treffen wir mit den Methoden der deskriptiven Statistik nur Aussagen über genau diese 1000 Schüler*innen. Mit Methoden der *induktiven* Statistik würden wir versuchen Aussagen über Schüler*innen im Allgemeinen, zumindest über mehr als diese 1000 Schüler*innen zu treffen. Das ist genau der im Kapitel 7 angesprochene Schluss von den Daten auf den *data generating process* (DGP).

In diesem Abschnitt beschäftigen wir uns zunächst nur mit der deskriptiven Statistik. Das ist konsistent mit dem praktischen Vorgehen: bevor wir irgendwelche Methoden der induktiven Statistik anwenden müssen wir immer zunächst unsere Daten mit Hilfe deskriptiver Statistik besser verstehen.

Verwendete Pakete und Datensätze

```
library(here)
library(tidyverse)
library(data.table)
library(ggpubr)
library(latex2exp)
library(MASS)
```

Für die direkte Anwendung in R verwenden wir einen Datensatz zu ökonomischen Journalen, mit dem wir bereits in Kapitel 6 gearbeitet haben:

```
journal_daten <- fread(here("data/tidy/journaldaten.csv"))
head(journal_daten)
```

## Kuerzel	Titel
## 1: APEL	Asian-Pacific Economic Literature
## 2: SAJoEH	South African Journal of Economic History
## 3: CE	Computational Economics
## 4: MEPiTE	MOCT-MOST Economic Policy in Transitional Economics
## 5: JoSE	Journal of Socio-Economics
## 6: LabEc	Labour Economics

```
##          Verlag Society Preis Seitenanzahl Buchstaben_pS Zitationen
## 1:      Blackwell    no   123     440      3822       21
## 2: So Afr ec history assn    no    20     309      1782       22
## 3:           Kluwer    no   443     567      2924       22
## 4:           Kluwer    no   276     520      3234       22
## 5:      Elsevier    no   295     791      3024       24
## 6:      Elsevier    no   344     609      2967       24
##   Gruendung Abonnenten            Bereich
## 1:      1986        14      General
## 2:      1986        59 Economic History
## 3:      1987        17 Specialized
## 4:      1991        2  Area Studies
## 5:      1972        96 Interdisciplinary
## 6:      1994        15      Labor
```

Dieser Datensatz enthält Informationen über Preise, Seiten, Zitationen und Abonnementen von 180 Journals aus der Ökonomik im Jahr 2004.¹

8.1 Kennzahlen zur Lage und Streuung der Daten

Die am häufigsten verwendeten Kennzahlen der deskriptiven Statistik sind das **arithmetische Mittel**, die **Standardabweichung** und die **Quantile**. Für die folgenden Illustrationen nehmen wir an, dass wir es mit einem Datensatz mit N kontinuierlichen Beobachtungen x_1, x_2, \dots, x_n zu tun haben.

Das **arithmetische Mittel** ist ein klassisches Lagemaß und definiert als:

$$\bar{x} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i$$

In R wird das arithmetische Mittel mit der Funktion `mean()` berechnet:

```
avg_preis <- mean(journal_daten[["Preis"]])
avg_preis
```

```
## [1] 417.7222
```

Der durchschnittliche Preis der Journale ist also 417.7222222.

Die **Standardabweichung** ist dagegen ein Maß für die Streuung der Daten und wird als die Quadratwurzel der **Varianz** definiert:²

$$s_x = \sqrt{Var(x)} = \sqrt{\frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2}$$

Wir verwenden in R die Funktionen `var()` und `sd()` um Varianz und Standardabweichung zu berechnen:

```
preis_var <- var(journal_daten[["Preis"]])
preis_sd <- sd(journal_daten[["Preis"]])
cat(paste0(
  "Varianz: ", preis_var, "\n",
  "Standardabweichung: ", preis_sd
))

## Varianz: 148868.335816263
## Standardabweichung: 385.834596448094
```

¹Bei den hier verwendeten Daten handelt es sich um eine Übersetzung des Datensatzes `Journals` aus dem Paket `AER` (Kleiber and Zeileis, 2008).

²Man beachte den im Vergleich zur Varianzformel für theoretische Modelle modifizierten Nenner $N - 1$!

Das α -**Quantil** eines Datensatzes ist der Wert, bei dem $\alpha \cdot 100\%$ der Datenwerte kleiner und $(1 - \alpha) \cdot 100\%$ der Datenwerte größer sind. In R können wir Quantile einfach mit der Funktion `quantile()` berechnen. Diese Funktion akzeptiert als erstes Argument einen Vektor von Daten und als zweites Argument ein oder mehrere Werte für α :

```
quantile(journal_daten[["Preis"]], 0.5)

## 50%
## 282

quantile(journal_daten[["Preis"]], c(0.25, 0.5, 0.75))

##    25%    50%    75%
## 134.50 282.00 540.75
```

Diese Werte können folgendermaßen interpretiert werden: 25% der Journale kosten weniger als 134.5 Dollar, 50% der Journale kosten weniger als 282 Dollar und 75% kosten weniger als 540.75 Dollar.

Dabei wird das 0.5-Quantil auch **Median** genannt. Wie beim Mittelwert handelt es sich hier um einen Lageparameter, der allerdings robuster gegenüber Extremwerten ist, da es sich nur auf die Reihung der Datenpunkte bezieht, nicht auf ihren numerischen Wert.³

Wie im Kapitel 3 für `mean()` und `sd()` erklärt, akzeptieren auch die Funktionen `mean()`, `var()`, `sd()` und `quantile()` das optionale Argument `na.rm`, mit dem fehlende Werte vor der Berechnung eliminiert werden können:

```
test_daten <- c(1:10, NA)
quantile(test_daten, 0.75)

## Error in quantile.default(test_daten, 0.75): missing values and NaN's not allowed if 'na.rm' is FALSE
quantile(test_daten, 0.75, na.rm = T)

## 75%
## 7.75
```

Ein häufig verwendetes Steuungsmaß, das im Gegensatz zu Standardabweichung und Varianz robust gegen Ausreißer ist, ist die **Quartilsdifferenz**:

```
quantil_25 <- quantile(journal_daten[["Preis"]], 0.25, names = F)
quantil_75 <- quantile(journal_daten[["Preis"]], 0.75, names = F)
quart_differenz <- quantil_75 - quantil_25
quart_differenz

## [1] 406.25
```

Das optionale Argument `names=FALSE` unterdrückt die Benennung der Ergebnisse. Wenn wir das nicht machen würde, würde `quart_differenz` verwirrenderweise den Namen 75% tragen.

8.2 Korrelationsmaße

Wie wir am Beispiel der Journale in diesem Kapitel gesehen haben, erheben wir für einzelne Untersuchungsobjekte in der Regel mehr als eine Ausprägung. Im vorliegenden Falle haben wir das einzelne Journal z.B. Informationen unter anderem über Preis, Dicke und Zitationen. Häufig möchten wir wissen wie diese verschiedene Ausprägungen miteinander in Beziehung stehen. Zum Beispiel möchten wir wissen, ob dickere Journale tendenziell teurer sind. Neben der wichtigen grafischen Inspektion der Daten, welche wir in Kapitel 5 kennengelernt haben, gibt es dafür wichtige quantitative Maße, die häufig in den Bereich der Korrelationsmaße fallen.

Das einfachste Korrelationsmaß ist die empirische **Kovarianz**, die für zwei stetige Ausprägungen x und y folgendermaßen definiert ist:

$$s_{xy} = \frac{1}{N-1} \sum_{n=1}^N (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})$$

³Wenn das teuerste Journal sich im Preis verdoppelt erhöht dies den Mittelwert beträchtlich, ändert den Median aber nicht.

Wenn wir die empirische Kovarianz für den Bereich $[-1, 1]$ normieren erhalten wir die **empirische Korrelation** dieser Ausprägungen Handelt es sich bei den beiden Ausprägung um stetige Ausprägungen nennen wir das resultierende Maß den **Pearson-Korrelationskoeffizienten**:

$$\rho_{x,y} = \frac{s_{xy}}{s_x s_y}, \quad \rho \in [-1, 1]$$

wobei s_{xy} die Kovarianz der Ausprägungen x und y und s_x und s_y deren Standardabweichung bezeichnet.

Der so definierte Korrelationskoeffizient informiert uns über die Richtung und die Stärke des **linearen Zusammenhangs** zwischen x und y . Wenn $\rho_{x,y} > 0$ liegt ein positiver linearer Zusammenhang vor, d.h. größere Werte von x_i treten in der Tendenz mit größeren Werten von y_i auf. Hierbei gilt, dass $\rho_{x,y} = 1 \leftrightarrow y_i = a + bx_i$ für $a \in \mathbb{R}$ und $b > 0$. Umgekehrt gilt, dass wenn $\rho_{x,y} < 0$ ein negativer linearer Zusammenhang vorliegt und $\rho_{x,y} = -1 \leftrightarrow y_i = a + bx_i$ für $a \in \mathbb{R}$ und $b < 0$. Bei $\rho_{x,y} = 0$ liegt **kein linearer** Zusammenhang zwischen den Ausprägungen vor.

Wie wir unten sehen werden, enthält ρ keine Informationen über nicht-lineare Zusammenhänge zwischen x und y . Vorsicht bei der Interpretation ist also angebracht.

In unserem Datensatz haben wir z.B. Informationen über die Seitenzahl (Spalte **Seiten**) und den Preis von Journalen (Spalte **Preis**). Wir könnten uns nun fragen, ob dickere Journale tendenziell teurer sind. Dazu können wir, wenn wir uns nur für den linearen Zusammenhang interessieren, den Pearson-Korrelationskoeffizienten mit der Funktion **cor()** berechnen:

```
cor(journal_daten[["Preis"]], journal_daten[["Seitenanzahl"]],
  method = "pearson")
```

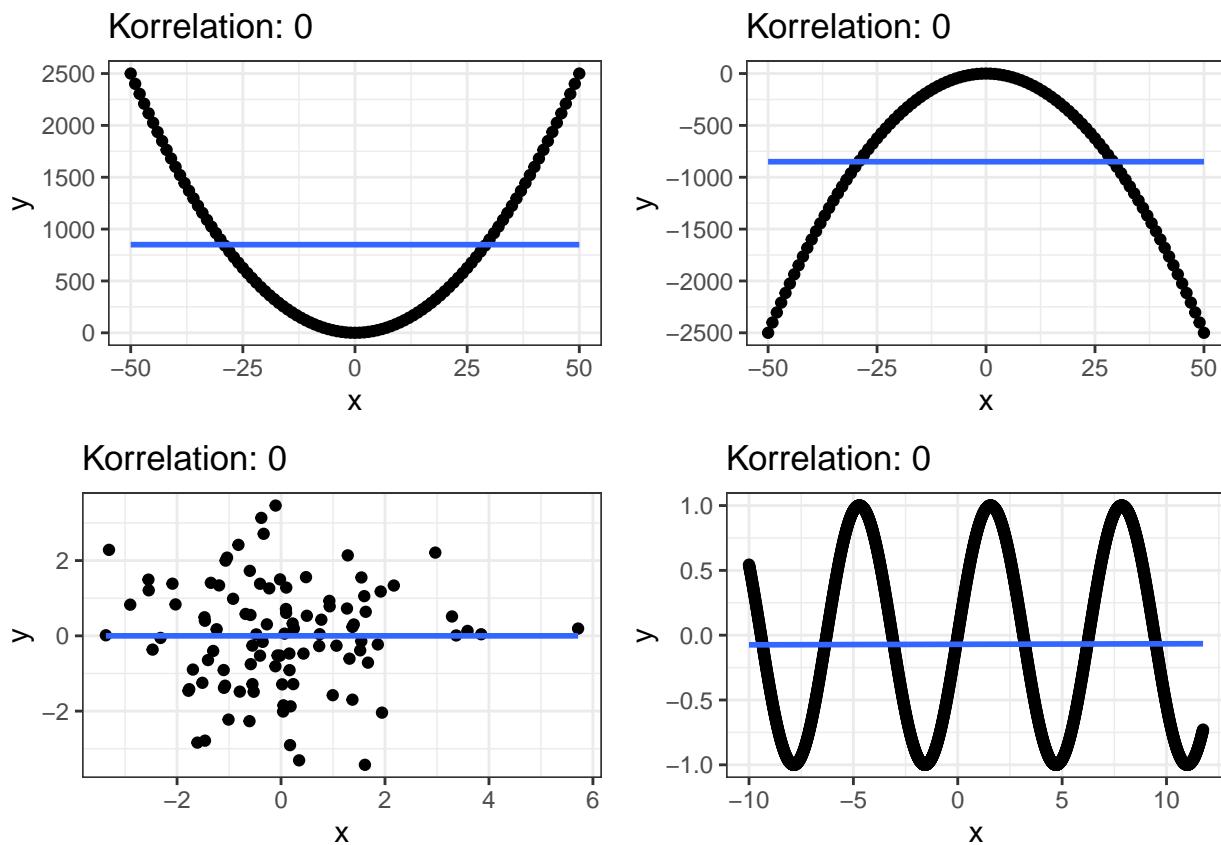
[1] 0.4937243

Wir sehen also, dass es tatsächlich einen mittleren positiven linearen Zusammenhang zwischen Preis und Seitenzahl zu geben scheint.

Über das Argument **method** der Funktion **cor()** können auch andere Korrelationsmaße berechnet werden: Der **Spearman-Korrelationskoeffizient** (**method='spearman'**) oder der **Kendall-Korrelationskoeffizient** (**method='kendall'**) sind beides Maße, die nur die Ränge der Ausprägungen und nicht deren numerische Werte berücksichtigen. Dies macht sie immun gegen Ausreißer und wir müssen keine Annahme über die Art der Korrelation machen wie beim Pearson-Korrelationskoeffizient, der nur lineare Zusammenhänge quantifiziert. Gleichzeitig gehen uns natürlich auch viele Informationen verloren. Das richtige Maß ist wie immer kontextabhängig und muss entsprechend theoretisch begründet werden.

Darüber hinaus erlaubt die Funktion **cor()** über das Argument **use** noch den Umgang mit fehlenden Werten genauer zu spezifizieren. Wenn Sie an der (nicht-standartisierten) Kovarianz interessiert sind, können Sie diese über die Funktion **cov()** berechnen, die analog zu **cor()** funktioniert.

In jedem Fall ist bei der Interpretation von Korrelationen Vorsicht angebracht: da der Korrelationskoeffizient nur die Stärke des *linearen* Zusammenhangs misst, können dem gleichen Korrelationskoeffizienten sehr unterschiedliche nicht-lineare Zusammenhänge zugrunde liegen. Figure ?? illustriert vier verschiedene nicht-lineare Zusammenhänge, welche allerdings je einen Korrelationskoeffizienten von 0 ergeben würden.



Daher ist es immer wichtig die Daten auch visuell zu inspizieren, etwa mit den Methoden die wir in Kapitel 5 kennengelernt haben.

8.3 Hinweise zur quantitativen und visuellen Datenbeschreibung

Wie das Beispiel der Korrelationsmaße gerade demonstriert hat, ist bei der Verwendung von quantitativen Maßen zur Beschreibung von Datensätzen immer große Vorsicht geboten. Diese sollten daher *immer* gemeinsam mit grafischen Darstellungsformen, wie Streudiagrammen oder Histogrammen verwendet werden.

Eine schöne Illustration ist Anscombe's Quartett (Anscombe, 1973).

Dabei handelt es sich um vier Datensätze, die alle (fast exakt) gleiche deskriptive Statistiken aufweisen, jedoch offensichtlich sehr unterschiedlich sind. Diese offensichtlichen Unterschiede werden aber nur durch grafische Inspektion deutlich.

Der Datensatz ist in jeder R Installation vorhanden:

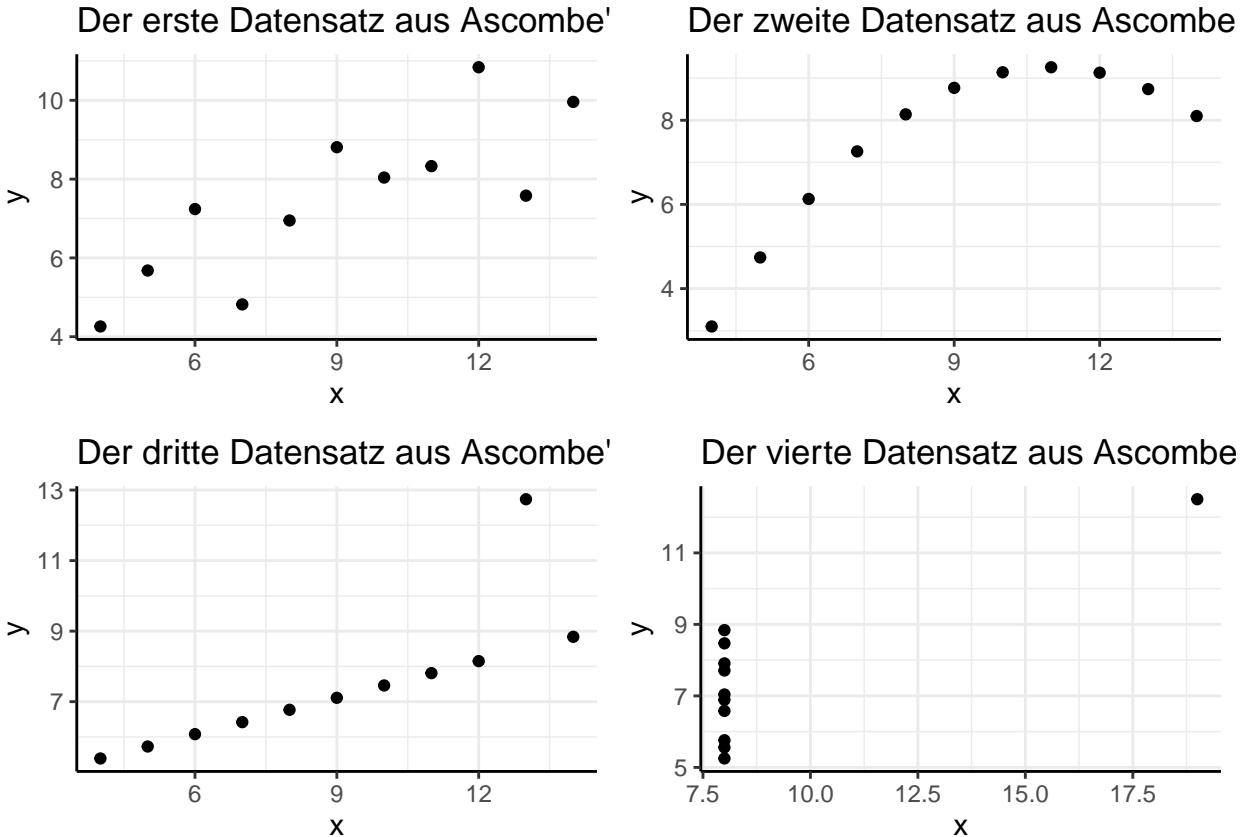
```
data("anscombe")
head(anscombe)

##   x1 x2 x3 x4   y1   y2   y3   y4
## 1 10 10 10  8 8.04 9.14  7.46 6.58
## 2  8  8  8  8 6.95 8.14  6.77 5.76
## 3 13 13 13  8 7.58 8.74 12.74 7.71
## 4  9  9  9  8 8.81 8.77  7.11 8.84
## 5 11 11 11  8 8.33 9.26  7.81 8.47
## 6 14 14 14  8 9.96 8.10  8.84 7.04
```

Die folgende Tabelle gibt die Werte der quantitativen Kennzahlen an:

Kennzahl	Wert
Mittelwert von x	9
Mittelwert von y	7.5
Varianz von x	11
Varianz von y	4.13
Korrelation zw. x und y	0.82

Die grafische Inspektion zeigt, wie unterschiedlich die Datensätze tatsächlich sind:



Interessanterweise ist bis heute nicht bekannt wie [Anscombe \(1973\)](#) seinen Datensatz erstellt hat. Für neuere Sammlungen von Datensätzen, die das gleiche Phänomen illustrieren siehe z.B. [Chatterjee and Firat \(2007\)](#) oder [Matejka and Fitzmaurice \(2017\)](#). Eine sehr schöne Illustration der Idee findet sich auch auf [dieser Homepage](#), die vom Autor von [Matejka and Fitzmaurice \(2017\)](#) gestaltet wurde.

8.4 Zusammenfassung

In Tabelle 8.2 wollen wir noch einmal die hier besprochenen Funktionen für den Themenbereich ‘Deskriptive Statistik’ zusammenfassen.

Table 8.2: Zusammenfassung der Kennzahlen deskriptiver Statistik.

Maßzahl	Funktion	Beschreibung
Mittelwert	<code>mean()</code>	Wichtiges Lagemaß; arithmetisches Mittel der Daten
Varianz	<code>var()</code>	Maß für die Streuung; Einheit oft schwer interpretierbar
Standardabweichung	<code>sd()</code>	Üblichstes Maß für die Streuung
α -Quantil	<code>quantile()</code>	$\alpha \cdot 100\%$ der Werte sind kleiner α

Maßzahl	Funktion	Beschreibung
Median	<code>quantile(0.5)</code>	Robustes Lagemaß; die Hälfte der Daten sind größer/kleiner
Kovarianz (num. Daten)	<code>cov(method = 'pearson')</code>	Nicht-normierter linearer Zusammenhang
Kovarianz (Ränge)	<code>cov(method = 'kendall')</code>	Ko-Varianz der Ränge nach der Kendall-Methode
Kovarianz (Ränge)	<code>cov(method = 'spearman')</code>	Ko-Varianz der Ränge nach der Spearman-Methode
Pearson	<code>cor(method = 'pearson')</code>	In $[-1, 1]$ normierter linearer Zusammenhang
Korrelationskoeffizient		
Spearman-	<code>cor(method = 'kendall')</code>	Korrelation der Ränge nach der Kendall-Methode
Korrelationskoeffizient		
Kendall-	<code>cor(method = 'spearman')</code>	Korrelation der Ränge nach der Spearman-Methode
Korrelationskoeffizient		

Chapter 9

Wiederholung: Drei Verfahren der schließenden Statistik

In diesem Kapitel werden wir drei zentrale Verfahren der schließenden Statistik wiederholen. Dabei schließen wir unmittelbar an die beiden vorangegangenen Kapitel zur [Wahrscheinlichkeitstheorie](#) und [deskriptiven Statistik](#) an. Mit Hilfe der Wahrscheinlichkeitstheorie beschreiben wir mögliche Prozesse, die unsere Daten generiert haben könnten (*DGP - data generating processes*). Mit Hilfe der deskriptiven Statistik beschreiben wir unsere Daten und wählen auf dieser Basis Kandidaten für den DGP und sinnvolle Schätzverfahren aus. In der *schließenden Statistik* geht es nun genau um diese Schätzverfahren, die es uns erlauben von unseren Daten Rückschlüsse auf die DGP zu ziehen. Eine andere Art dies auszudrücken ist: mit Hilfe der schließenden Statistik wollen wir durch Analyse unserer Stichprobe auf die Gesamtpopulation, aus der die Stichprobe gezogen wurde, schließen - und dabei möglichst die Unsicherheit, die diesem Schließprozess inhärent ist, genau quantifizieren.

Natürlich ist wie immer Vorsicht geboten: wie bei der deskriptiven Statistik suggerieren viele der quantitativen Methoden der schließenden Statistik eine Genauigkeit und Exaktheit, die in der Wirklichkeit an der Korrektheit vieler Annahmen hängt. Man darf daher nicht den Fehler machen, den ‘genauen’ Ergebnissen der schließenden Statistik unhinterfragt zu glauben. Gleichzeitig darf man sie auch nicht verteufeln, denn viele Annahmen kann man mit ein wenig formalem Geschick und theoretischen Kenntnissen auch sinnvoll hinsichtlich ihrer Angemessenheit überprüfen.

Dafür ist es wichtig, die Grundlagen der schließenden Statistik gut verstanden zu haben. In diesem Kapitel wiederholen wir diese Grundlagen grob und kombinieren die Wiederholung mit einer Einführung in die entsprechenden Befehle in R.

Wie oben bereits angekündigt gehen wir in der Regel davon aus, dass die von uns beobachteten Daten das Resultat eines gewissen Zufallsprozesses ist, den wir mit Hilfe der Wahrscheinlichkeitstheorie mathematisch beschreiben können. Da wir den DGP aber nicht direkt beobachten können, müssen wir auf Basis von empirischen Hinweisen und theoretischem Wissen entscheiden, welches Wahrscheinlichkeitsmodell wir unserer Analyse zugrunde legen. Sobald wir das getan haben, versuchen wir die Parameter, die für das von uns ausgewählte wahrscheinlichkeitstheoretische Modell relevant sind, so zu wählen, dass sie die Daten möglichst gut erklären können. Man nennt derlei Ansätze in der Statistik **parametrische Verfahren**, weil man mit den Daten die Parameter eines Modells bestimmen will, das man vorher selbst ausgewählt hat. Alternativ gibt es auch **nicht-parametrische Verfahren**: hier wird auch das Modell auf Basis der Daten bestimmt. Hier beschäftigen wir uns jedoch nur mit den parametrischen Verfahren.

In diesem Kontext sind drei Vorgehen in der statistischen Analyse besonders gängig:

1. **Punktschätzung**
2. **Statistische Tests**
3. **Konfidenzintervalle**

Wir wollen die verschiedenen Vorgehensweisen anhand eines Beispiels durchspielen: Nehmen wir an wir haben

einen Datensatz und wir nehmen an, dass diese Daten von einer *Binomialverteilung* stammen.¹ Wir wissen, dass die Binomialverteilung durch zwei Parameter spezifiziert wird: n als die Anzahl der Versuche und p als die Erfolgswahrscheinlichkeit für den einzelnen Versuch. Wir sind nun daran interessiert auf Basis von unseren Daten Aussagen über den Parameter p der zugrundeliegenden Binomialverteilung zu treffen. Die Annahme, dass die Daten *überhaupt* von einer Binomialverteilung stammen wird hier nicht in Frage gestellt. Das ist genau die Vor-Annahme, die wir bei parametrischen Verfahren treffen müssen.

Wenn wir einen konkreten Wert für p herausbekommen wollen müssen wir ein Verfahren der *Punktschätzung* wählen. Wenn wir wissen wollen ob ein bestimmter Wert für p gegeben der Daten plausibel ist, dann sollten wir mit *statistischen Tests* (oder ‘*Hypothesentests*’) arbeiten. Wenn wir schließlich ein Intervall für p spezifizieren wollen, das mit den Beobachtungen kompatibel ist, dann suchen wir nach einem *Konfidenzintervall* für p .

Im Folgenden werden die drei Verfahren in größerem Detail besprochen.

Verwendete Pakete

```
library(here)
library(tidyverse)
library(ggpubr)
library(latex2exp)
library(AER)
library(MASS)
```

9.1 Punktschätzung

Bei der Punktschätzung geht es darum auf Basis der Daten konkrete Werte für die Parameter der den Daten zugrundeliegenden Verteilung zu schätzen. In der Regel bezeichnet man den Parameter, den man schätzen möchte, mit dem Symbol θ . Der Grund ist Faulheit und bessere Lesbarkeit: man kann dann nämlich die selbe Notation verwenden, egal welche zugrundeliegende Verteilung man vorher ausgewählt hat.

Im vorliegenden Fall wollen wir also einen konkreten Wert für θ auf Basis der Daten schätzen. Dabei ist ganz wichtig zu beachten, dass wir den wahren Wert von θ in der Regel nicht kennen und auch nie genau kennen werden.

Um zwischen dem wahren, für uns nicht zugänglichen Wert von θ und dem Schätzer für θ in unserer Notation unterscheiden zu können, verwenden wir das $\hat{\cdot}$ -Symbol. Entsprechend bezeichnet $\hat{\theta}$ einen **Schätzer** für θ .

Ein Schätzer ist dabei eine Funktion, die als Input unsere Daten nimmt, und als Output einen Wert ausgibt, der eine möglichst gute Schätzung für θ darstellt. Entsprechend können wir für eine Stichprobe vom Umfang n schreiben:

$$\hat{\theta} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}, \quad \hat{\theta} = \hat{\theta}(x_1, \dots, x_n)$$

Damit ist auch klar, dass es sich bei einem Schätzer um eine Zufallsvariable (ZV) handelt: Funktionen von ZV sind selbst ZV und unsere Daten x_1, \dots, x_n interpretieren wir ja als Realisierungen von ZV X_1, \dots, X_n . Der unbekannte wahre Wert θ ist dagegen keine ZV.

Hinweis: Schätzer vs. geschätzter Wert Die Unterscheidung zwischen einem Schätzer (*estimator*) und einem geschätzten Wert (*estimate*) ist in der Statistik zentral: der Schätzer beschreibt die Prozedur einen geschätzten Wert zu bekommen. Er nimmt in der Regel die Form einer Formel oder eines Algorithmus an. Der *geschätzte Wert* ist für einen konkreten Anwendungsfall der Wert, den der Schätzer liefert.

Die Konstruktion von Schätzern ist keine einfache Aufgabe. In der Geschichte haben sich verschiedene Methoden, wie die *Momentenmethode* und die *Maximum-Likelihood Methode* entwickelt und alle haben ihre Vor- und Nachteile. Einige dieser Methoden werden wir in späteren Kapiteln (u.a. Kapitel 10, 11 und 12) noch genauer kennen lernen.

¹Wenn Sie nicht mehr wissen, was eine Binomialverteilung ist, dann lesen Sie nochmal das Kapitel 7 zur Wahrscheinlichkeitstheorie.

9.2 Hypothesentests

Wir verwenden statistische Tests um Fragen der folgenden Art zu beantworten: gegeben der Daten die wir sehen und der Annahmen, die wir treffen, ist ein bestimmter Wert für Parameter θ plausibel?

Beispiel: Das klassische Beispiel ist die Frage, ob eine Münze manipuliert wurde oder nicht. Wenn wir beim Ereignis ‘Zahl’ von Erfolg sprechen, dann können wir n Münzwürfe als Binomialverteilung mit $B(n, p)$ modellieren. Bei einer nicht manipulierten Münze wäre $p = 0.5$: die Wahrscheinlichkeit, dass wir das Ereignis ‘Zahl’ erleben liegt beim einzelnen Wurf bei 50%. Nennen wir das unsere Ausgangs-, oder *Nullhypothese*. Zur Überprüfung dieser Hypothese werfen wir die Münze nun 100 mal. Nehmen wir nun an, dass wir das Ereignis ‘Zahl’ in 60 von 100 Würfen beobachten. Bedeutet das, dass unsere Nullhypothese von $p = 0.5$ plausibel ist? Um diese Frage zu beantworten fragen wir uns, wie wahrscheinlich es bei $p = 0.5$ wäre, tatsächlich 60 mal Zahl zu beobachten. Diese Wahrscheinlichkeit können wir berechnen, aus Tabellen auslesen oder von R bestimmen lassen (die genaue Verwendung der Funktion `binom.test()` wird unten genauer besprochen):

```
b_test_object <- binom.test(x = 60, n = 100, p = 0.5)
b_test_object[["p.value"]]

## [1] 0.05688793
```

Die Wahrscheinlichkeit liegt also bei 5.7 %. Dies ist der so genannte p-Wert. In der Regel lehnt man eine Hypothese ab, wenn $p < 0.1$ oder $p < 0.05$. Im vorliegenden Falle ist unsere Hypothese einer fairen Münze aber kompatibel mit der Beobachtung von 60 mal Zahl.

Wir wollen nun das Vorgehen aus dem Beispiel generalisieren und das standardmäßige Vorgehen bei einem statistischen Test zusammenfassen:²

1. Schritt: Aufstellen eines wahrscheinlichkeitstheoretischen Modells Zunächst müssen wir eine Annahme über den Prozess treffen, welcher der Generierung unserer Daten zugrunde liegt. Im Beispiel oben haben wir eine Binomialverteilung $B(n, p)$ angenommen. Diese Entscheidung muss auf Basis von theoretischen und empirischen Überlegungen getroffen werden. Für diskrete Daten ergibt es z.B. keinen Sinn eine stetige Verteilung anzunehmen und umgekehrt.

2. Schritt: Formulierung der Nullhypothese Die Hypothese, die wir mit unseren Daten testen wollen wird **Nullhypothese** genannt. Wir wollen also immer fragen, ob H_0 gegeben der Daten plausibel ist. Die Formulierung von H_0 wird also durch unser Erkenntnisinteresse bestimmt. In der Regel formulieren wir eine Hypothese, die wir verwerfen wollen als H_0 .³ Wenn wir also die Hypothese bezüglich eines Parameters θ testen wollen, dass $\beta \neq 0$, dann formulieren wir $H_0 : \theta = 0$. Anders formuliert: wir möchten andere mit den Daten überzeugen, dass H_0 falsch ist.

Aus der Nullhypothese und unserem Erkenntnisinteresse ergibt sich die **Alternativhypothese** H_1 . Sie umfasst alle interessierenden Ereignisse, die H_0 widersprechen. Je nachdem wie wir H_1 formulieren unterscheiden wir folgende Arten von Hypothesentests:

$H_0 : \theta = 0$ und $H_1 : \theta \neq 0$: hier sprechen wir von einem **zwei-seitigen Test**, denn wir machen keine Aussage darüber ob die Alternative zu H_0 entweder in $\theta > 0$ oder $\theta < 0$ liegt. Gemeinsam decken H_0 und H_1 hier alle möglichen Ereignisse ab.

$H_0 : \theta = 0$ und $H_1 : \theta > 0$: Hier sprechen wir von einem **einseitigen Test nach oben**. Wir fragen uns hier nur ob θ größer ist als 0. Der Fall, dass $\theta < 0$, wird nicht beachtet. Natürlich können wir den einseitigen Test auch andersherum formulieren als $H_0 : \theta = 0$ und $H_1 : \theta < 0$. Dann sprechen wir von einem **einseitigen Test nach unten**.

²Wir beschränken uns hier auf so genannte *parametrische* Tests. Das bedeutet, dass wir zunächst ein bestimmtes Modell für den Datengenerierungsprozess annehmen. Im Beispiel war dieses Modell die Binomialverteilung. Es gibt auch Tests, die ohne eine solche Annahme auskommen. Sie werden *nicht-parametrisch* genannt, aber im Rahmen dieses Buches nicht behandelt. Eine eingängige Einführung findet sich z.B. in Wasserman (2006).

³An manchen Stellen der sozial- und wirtschaftswissenschaftlichen Literatur wird anstelle von “verwerfen” auch das Wort “falsifizieren” benutzt um die Zurückweisung der Null-Hypothese zu umschreiben. Diese Wortwahl ist allerdings vor dem Hintergrund der Verwendung von “falsifizieren” im kritischen Rationalismus’ Karl Poppers potenziell irreführend, da hier nicht Aussagen aus einer Theorie widerlegt werden, die einen gewissen Zusammenhang behaupten. Im Gegensatz wird die Hypothese zurückgewiesen, dass der vermutete Zusammenhang eben nicht besteht - die zu Grunde gelegte Theorie wird also durch die Zurückweisung der Null-Hypothese im Normalfall nicht widerlegt sondern vielmehr bestätigt.

Beispiel: Wenn wir unser Münzbeispiel von oben betrachten können wir die drei verschiedenen Testarten folgendermaßen konkretisieren: beim *zweiseitigen Test* wäre $H_0 : p = 0.5$ und $H_1 : p \neq 0.5$ und wir würden ganz allgemein fragen ob die Münze manipuliert ist. Beim **einseitigen Test nach oben** würden wir $H_0 : p = 0.5$ und $H_1 : p > 0.5$ testen und damit fragen ob die Münze *zugunsten von Zahl* manipuliert wurde. Wir lassen dabei die Möglichkeit, dass die Münze zugunsten von Kopf manipuliert wurde völlig außen vor. Beim **einseitigen Test nach unten** wäre es genau umgekehrt: $H_0 : p = 0.5$ und $H_1 : p < 0.5$.

3. Schritt: Berechnung einer Teststatistik Wir überlegen nun welche Verteilung unserer Daten wir erwarten würden *wenn die Nullhypothese korrekt wäre*. Wenn wir im ersten Schritt also eine Binomialverteilung mit $n = 100$ angenommen haben und $H_0 : p = 0.5$, dann würden wir vermuten, dass unsere Daten gemäß $B(n, 0.5)$ verteilt sind. In der Praxis wird die Berechnung der Teststatistik durch eine R Funktion in einem der nächsten Schritte übernommen, aber es macht Sinn, sich das grundsätzliche Vorgehen dennoch in dieser Sequenz bewusst zu machen. Diese theoretische Verteilung können wir dann mit den tatsächlichen Daten vergleichen und fragen, wie wahrscheinlich es ist diese Daten tatsächlich so beobachten zu können wenn H_0 wahr wäre. Abbildung 9.1 veranschaulicht dies.

Theoretische Verteilung unter H_0

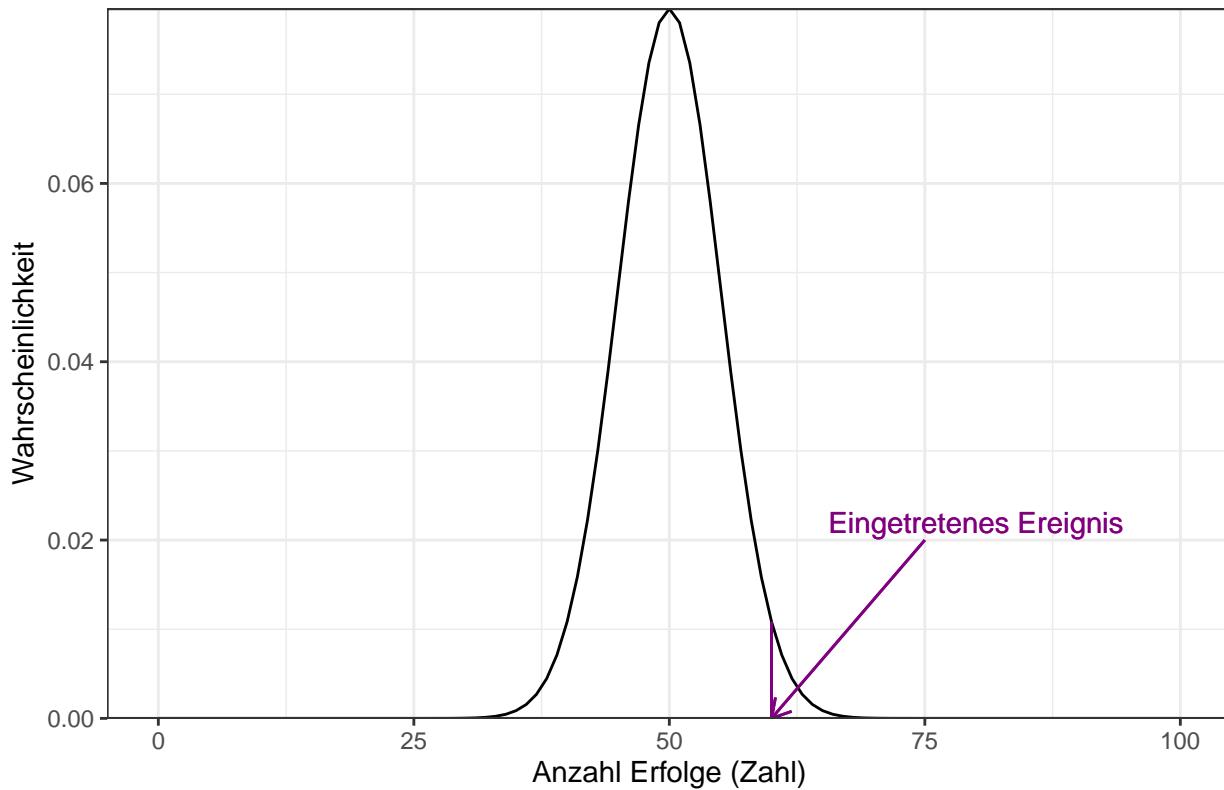


Figure 9.1: Vergleich unseres eingetretenen Ereignisses mit der theoretischen Verteilung unter H_0 .

4. Schritt: Festlegung des Signifikanzniveaus: Wir müssen nun festlegen welches Risiko wir bereit sind für den Fall einzugehen, unsere Nullhypothese H_0 zu verwerfen, obwohl sie eigentlich richtig ist. Die maximale Wahrscheinlichkeit für dieses unglückliche Ereignis bezeichnen wir mit α uns sie bestimmt unser Signifikanzniveau. Typischweise nimmt man als Standardwert $\alpha = 0.05$, d.h. wir konstruieren unsere Test so, dass die Wahrscheinlichkeit, dass wir H_0 fälschlicherweise verwerfen maximal $\alpha = 0.05$ beträgt. Mit anderen Worten, wir legen hier die Wahrscheinlichkeit für einen **Fehler 1. Art** explizit fest. Wir sprechen von einem *Fehler 1. Art* wenn wir auf Basis eines Tests H_0 verwerfen obwohl sie eigentlich richtig ist. Von einem *Fehler 2. Art* sprechen wir, wenn wir H_0 nicht verwerfen, obwohl H_0 eigentlich falsch ist.

Aus dem gewählten Signifikanzniveau ergibt sich dann der **Verwerfungsbereich** für unsere Nullhypothese. Wenn unsere beobachteten Daten im Verwerfungsbereich liegen wollen wir H_0 als verworfen betrachten.⁴

⁴Zu beachten ist allerdings, dass wir nicht davon sprechen, H_1 (H_0) anzunehmen, wenn H_0 (H_1) abgelehnt wurde. Es geht hier nur

Es ergibt sich logisch aus dem vorher Gesagten, dass ein höheres α mit einem größeren Verwerfungsbereich einhergeht.

Der Verwerfungsbereich für das oben darstellte Beispiel mit $H_0 : \theta = 0$ und $H_1 : \theta \neq 0$ ergibt sich für $\alpha = 0.05$ wie in Abbildung 9.2 dargestellt.

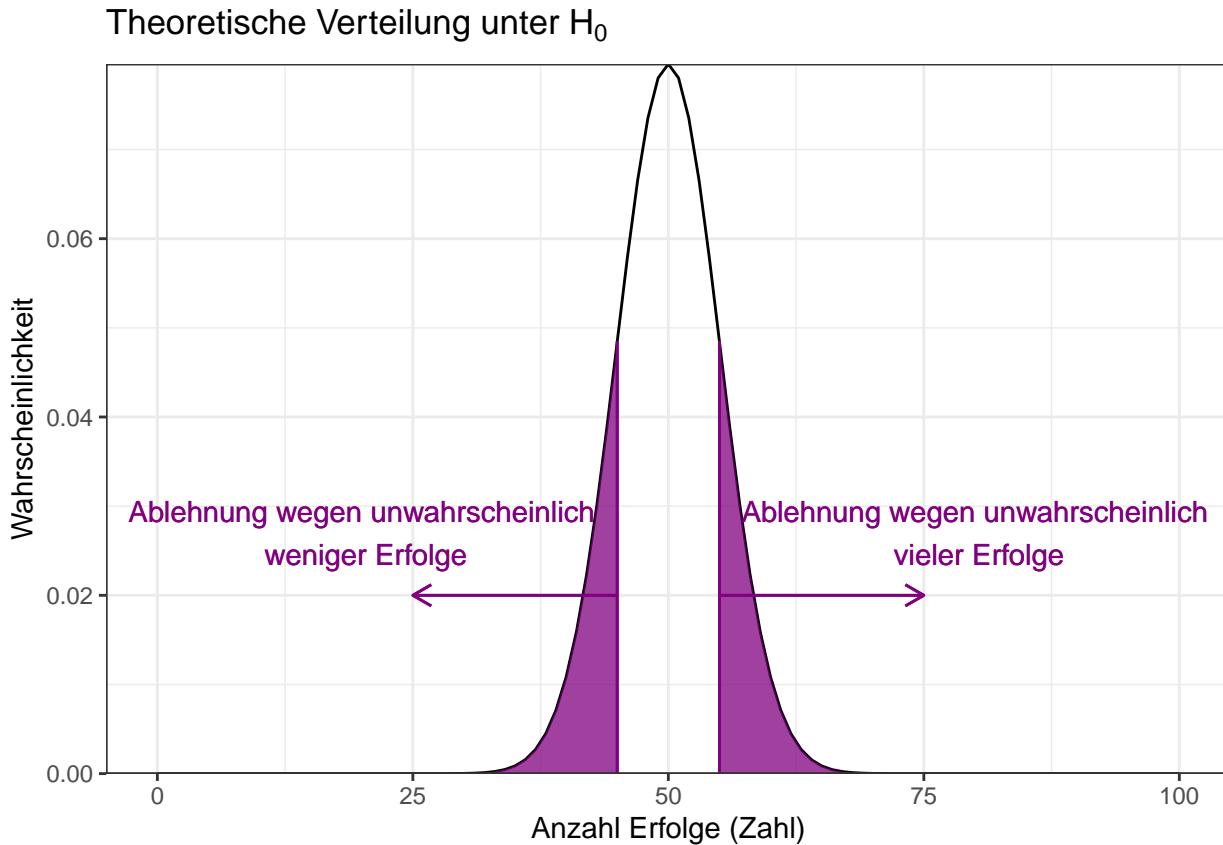


Figure 9.2: Verwerfungsbereich der theoretischen Verteilung unter H_0 für $\alpha = 0.05$.

5. Schritt: Die Entscheidung Wenn sich die beobachtbaren Daten im Verwerfungsbereich befinden wollen wir H_0 verwerfen und die Nullhypothese entsprechend als verworfen ansehen. Falls nicht kann die Nullhypothese nicht verworfen werden - was aber nicht bedeutet, dass sie *verifiziert* wurde. Letzteres ist mit statistischen Tests nicht möglich.

In R werden die gerade besprochenen Tests in der Regel in einer Funktion zusammengefasst. Die Wahl der Funktion wird dabei von der im ersten Schritt angenommenen Verteilung bestimmt. Im Falle der Binomialverteilung verwenden wir die Funktion `binom.test()`, welche eine Liste mit relevanten Informationen über den Test erstellt. Es macht Sinn, dieser Liste einen Namen zuzuweisen und dann die relevanten Informationen explizit abzurufen:

```
b_test_object <- binom.test(x = 60, n = 100, p = 0.5, alternative = "two.sided")
typeof(b_test_object)
```

```
## [1] "list"
```

Bevor wir uns mit dem Ergebnis befassen wollen wir uns die notwendigen Argumente von `binom.test()` genauer anschauen (eine gute Erläuterung liefert wie immer `help(binom.test)`).

Über das Argument `x` informieren wir R über die tatsächlich beobachtete Anzahl von Erfolgen (in unserem Fall hier 60). Das Argument `n` spezifiziert die Anzahl der Beobachtungen. Mit `p` geben wir den unter H_0 angenommenen Wert für die Erfolgswahrscheinlichkeit an. Mit dem Argument `alternative` informieren wir R schließlich darüber ob wir einen zweiseitigen (`alternative = "two.sided"`), einen einseitigen Test nach oben (`alternative = "greater"`) oder einen einseitigen Test nach unten (`alternative = "less"`) durchführen wollen.

um das Verwerfen von Hypothesen.

Wenn wir einen Überblick über die Ergebnisse bekommen wollen können wir das Objekt direkt aufrufen. Die Liste wurde innerhalb der Funktion `binom.test` so modifiziert, dass uns die Zusammenfassung visuell ansprechend aufbereitet angezeigt wird:

```
b_test_object
```

```
##  
## Exact binomial test  
##  
## data: 60 and 100  
## number of successes = 60, number of trials = 100, p-value = 0.05689  
## alternative hypothesis: true probability of success is not equal to 0.5  
## 95 percent confidence interval:  
## 0.4972092 0.6967052  
## sample estimates:  
## probability of success  
## 0.6
```

Die Überschrift macht deutlich was für ein Test durchgeführt wurde und die ersten beiden Zeilen fassen noch einmal die Daten zusammen. In der zweiten Zeile findet sich zudem der **p-Wert**. Der p-Wert gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der die beobachteten Daten unter H_0 tatsächlich beobachtet werden können. Wir können den p-Wert aus der theoretischen Verteilung von oben auf der y-Achse ablesen, wenn wir den beobachteten Wert auf der x-Achse suchen. Dies ist in Abbildung 9.3 aufgezeigt.

Theoretische Verteilung unter H_0

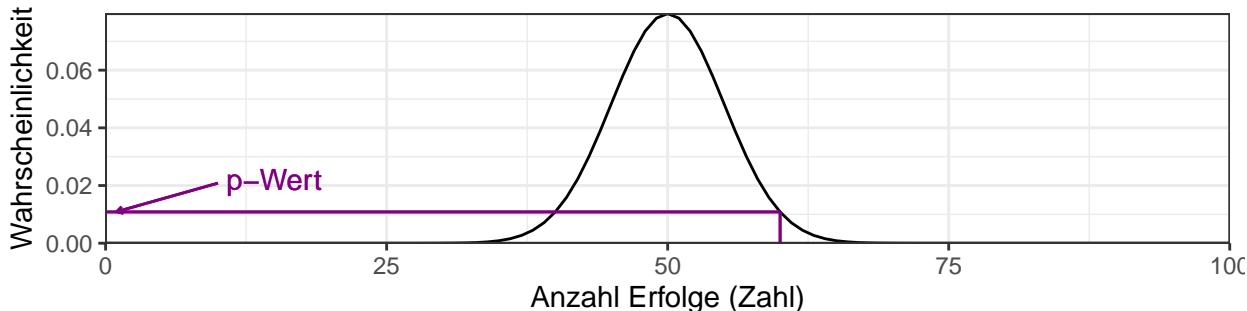


Figure 9.3: Ablesen des p-Werts aus der theoretischen Verteilung.

Die nächste Zeile formuliert dann die Alternativhypothese aus (und hängt entsprechend vom Argument `alternative` ab). Die Zeilen danach geben das 95%-Intervall an (mehr dazu im nächsten Abschnitt) und den Punktschätzer für den zu testenden Parameter (siehe vorheriger Abschnitt).

Wenn wir wissen wollen welche Informationen die so erstellte Liste sonst noch für uns bereit hält, bzw. wie wir uns diese Informationen direkt ausgeben lassen können, sollten wir uns die Struktur der Liste genauer ansehen:

```
str(b_test_object)
```

```
## List of 9
## $ statistic : Named num 60
##   ..- attr(*, "names")= chr "number of successes"
## $ parameter : Named num 100
##   ..- attr(*, "names")= chr "number of trials"
## $ p.value    : num 0.0569
## $ conf.int   : num [1:2] 0.497 0.697
##   ..- attr(*, "conf.level")= num 0.95
## $ estimate   : Named num 0.6
##   ..- attr(*, "names")= chr "probability of success"
## $ null.value : Named num 0.5
##   ..- attr(*, "names")= chr "probability of success"
```

```
## $ alternative: chr "two.sided"
## $ method      : chr "Exact binomial test"
## $ data.name   : chr "60 and 100"
## - attr(*, "class")= chr "htest"
```

Wir sehen hier, dass wir viele der Werte wie bei Listen üblich direkt anwählen können, z.B. den p-Wert:

```
b_test_object[["p.value"]]
```

```
## [1] 0.05688793
```

Oder den Punktschätzer für p :

```
b_test_object[["estimate"]]
```

```
## probability of success
##                  0.6
```

Wenn wir eine andere Verteilung annehmen, verwenden wir auch eine andere Testfunktion, das Prinzip ist aber sehr ähnlich. Wollen wir z.B. für einen beobachtbaren Datensatz die Hypothese testen, ob der Datensatz aus einer Normalverteilung mit dem Erwartungswert $\mu = 0.5$ stammen könnte, würden wir die Funktion `t.test()` verwenden.

Zum Abschluss dieses Abschnitts wollen wir kurz auf die *Macht von statistischen Tests* (engl: *Power*) und auf die *Wahl zwischen einseitigen und zweiseitigen Tests* eingehen.

Die Macht eines Tests und Fehler 1. und 2. Art:

Wie oben bereits beschrieben sprechen wir von einem *Fehler 1. Art* wenn wir auf Basis eines Tests H_0 verwerfen obwohl sie eigentlich richtig ist. Von einem *Fehler 2. Art* sprechen wir, wenn wir H_0 nicht verwerfen, obwohl H_0 eigentlich falsch ist.

In der Wissenschaft hat es sich ergeben, dass man vor allem auf den Fehler 1. Art schaut. Denn man möchte auf gar keinen Fall eine Nullhypothese verwerfen, obwohl sie eigentlich richtig ist. In der Praxis würde dies bedeuten, eine Aussage zu vorschnell zu treffen. Deswegen wählt man in den empirischen Studien das Signifikanzniveau so, dass die Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 1. Art sehr klein ist, in der Regel 5%.

Leider geht damit eine vergleichsweise hohe Wahrscheinlichkeit für einen *Fehler 2. Art* einher, denn die beiden Fehler sind untrennbar miteinander verbunden: reduzieren wir bei gleichbleibender Stichprobengröße die Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 1. Art, erhöhen wir damit die Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 2. Art und umgekehrt.

Dennoch ist auch ein Fehler 2. Art relevant. Die Wahrscheinlichkeit für einen solchen Fehler ist invers mit der **Macht** (engl: *power*) eines Tests verbunden, die definiert ist als:

$$\text{Macht} = 1 - \mathbb{P}(\text{Fehler 2. Art})$$

Die Abwägung zwischen den beiden Fehlern ist eine schwierige Aufgabe. Aus Konvention (und vielleicht auch der Furcht, eine Hypothese fälscherlicherweise zu verwerfen) wird in der Wissenschaft vor allem auf den Fehler erster Art geschaut. Diese Konvention ist jedoch durchaus kontrovers, siehe z.B. [Ioannidis et al. \(2017\)](#).

Die Wahl zwischen einseitigen und zweiseitigen Tests:

Wir haben oben am Beispiel der potenziell manipulierten Münze folgendermaßen zwischen einseitigen und zweiseitigen Tests unterschieden: Beim zwei-seitigen Test testen wir $H_0 : p = 0.5$ gegen $H_1 : p \neq 0.5$. Wir überprüfen also ob die Münze entweder zugunsten oder zulasten von Zahl manipuliert wurde.

Beim einseitigen Test testen wir nur gegen eine Alternative: $H_0 : p = 0.5$ bleibt gleich, allerdings ist die Alternativhypothese nun entweder $H_1 : p < 0.5$ oder $H_1 : p > 0.5$. Im ersten Fall überprüfen wir also nur ob die Münze zugunsten von Zahl manipuliert wurde, im zweiten Fall nur ob die Münze zugunsten von Kopf manipuliert wurde.

Man mag sich nun fragen wo der Vorteil von einseitigen Tests liegt, erscheint der zweiseitige Test doch allgemeiner. Letzteres ist zwar richtig, allerdings ist die Macht des zweiseitigen Tests im Vergleich zum einseitigen Tests deutlich geringer. Das bedeutet, dass wenn möglich immer der einseitige Test verwendet werden soll. Die Beurteilung ob ein einseitiger oder zweiseitiger Test angemessen ist, muss auf Basis von Vorwissen getroffen werden, und häufig spielen theoretische Überlegungen oder Kontextwissen eine wichtige Rolle.

9.3 Berechnung von Konfidenzintervallen

Konfidenzintervalle für einen Parameter geben eine Antwort auf die Frage: “*Welche Werte für den interessierenden Parameter sind mit unseren Daten kompatibel?*” Wie bei Hypothesentests müssen wir zur Berechnung von Konfidenzintervallen ein Signifikanzniveau α festlegen. Das liegt daran, dass zwischen Konfidenzintervallen und Hypothesentests eine enge Verbindung besteht: ein Konfidenzintervall I_α besteht aus allen Parameterwerten, die bei einem zweiseitigen Hypothesentest zum Signifikanzniveau α als Nullhypothese nicht verworfen werden können.

Wir haben oben auch schon gesehen, dass das Konfidenzintervall ganz leicht aus den typischen Test-Funktionen in R ausgelesen werden kann. Für das Beispiel der Binomialverteilung schreiben wir daher nur:

```
b_test_object <- binom.test(x = 60, n = 100, p = 0.5, alternative = "two.sided")
b_test_object[["conf.int"]]
```

```
## [1] 0.4972092 0.6967052
## attr(", "conf.level")
## [1] 0.95
```

Die Interpretation dieses Intervalls ist dabei die Folgende: wenn der zugrundeliegende Datengenerierungsprozess sehr häufig wiederholt werden würde, dann würde 95% der jeweils berechneten 95%-Konfidenzintervalle diesen wahren Wert enthalten. Wir können **auf gar keinen Fall** behaupten, dass ein bestimmtes Konfidenzintervall den wahren Parameterwert mit einer Wahrscheinlichkeit von 95% enthält. Eine solche Aussage macht auch keinen Sinn: der wahre Wert ist - wie eingangs beschrieben - keine Zufallsvariable.⁵

⁵Diese Interpretation ist etwas sperrig und das hängt mit dem frequentistischen Wahrscheinlichkeitsbegriff zusammen, den wir hier verwenden. Einen philosophisch attraktiveren Weg stellt der bayessche Wahrscheinlichkeitsbegriff, auf dem die die Bayesianische Statistik aufbaut. Letztere werden wir hier allerdings nicht behandeln können

Teil III

Grundlagen der Regressionsanalyse in R

Chapter 10

Lineare statistische Modelle in R

10.1 Einleitung und Überblick

10.1.1 Einführung in die lineare Regression

Zentrales Lernziel dieses Kapitels ist der Umgang mit einfachen linearen Regressionsmodellen in R. Dabei werden die Inhalte der Kapitel zu Wahrscheinlichkeitstheorie sowie deskriptiver und schließender Statistik als bekannt vorausgesetzt (Kapitel 7, 8 und 9). Schauen Sie als erstes in diesen Kapiteln nach wenn Sie ein hier verwendetes Konzept nicht verstehen und konsultieren Sie ansonsten ein Statistiklehrbuch (und freundliche Kommiliton*innen) Ihrer Wahl.

In diesem Kapitel werden die folgenden R Pakete verwendet:

```
library(here)
library(tidyverse)
library(data.table)
library(latex2exp)
library(icaeDesign)
library(ggpubr)
```

Ziel solcher Modelle ist es, ausgehend von einem Datensatz ein lineares Modell zu schätzen. Ein solches lineares Modell hat in der Regel die Form

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \dots + \beta_n x_n + \epsilon_i$$

und soll uns helfen den linearen Zusammenhang zwischen den Variablen in x_i und Y_i zu verstehen. Dazu müssen wir die Parameter β_i schätzen, denn β_i gibt uns Informationen über den Zusammenhang zwischen x_i und Y_i .

Sobald wir konkrete Werte für β_i geschätzt haben, können wir im Optimalfall von unseren Daten auf eine größere Population schließen und Vorhersagen für zukünftiges Verhalten des untersuchten Systems treffen. Damit das funktioniert, müssen jedoch einige Annahmen erfüllt sein, und in diesem Kapitel geht es nicht nur darum, die geschätzten Werte $\hat{\beta}_i$ zu identifizieren, sondern auch die der Regression zugrundeliegenden Annahmen zu überprüfen.

Bevor wir uns Schritt für Schritt mit der Regression auseinandersetzen, wollen wir uns noch ein konkretes Beispiel anschauen.

10.1.2 Einführungsbeispiel

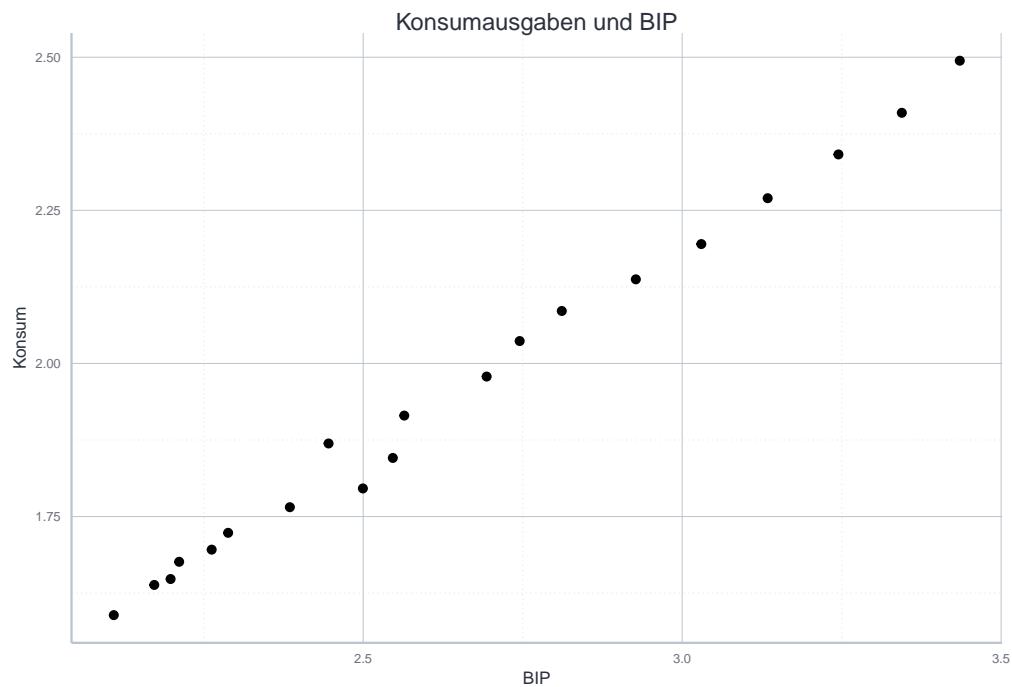
Beispiel: Konsum und Nationaleinkommen Wir sind daran interessiert wie zusätzliches Einkommen auf die Konsumausgaben in einer Volkswirtschaft auswirken.¹ Daher stellen wir folgendes Modell

¹Dabei handelt es sich natürlich um ein eher stilisiertes Beispiel: Der Konsum ist ja Teil der Definition des BIP, weswegen ein starker Zusammenhang keine Überraschung und eine lineare Regression in diesem Kontext sogar sehr irreführend wäre - mehr dazu in Kapitel 11. Zusammenhänge, die in der Forschung betrachtet werden, sind oft weit weniger trivial und so gut wie immer steht auf der rechten Seite mehr als eine Variable. Alles was Sie für die *einfache* lineare Regression lernen gilt aber fast genauso für die *multiple* lineare

auf:

$$C_i = \beta_0 + \beta_1 Y_i + \epsilon_i$$

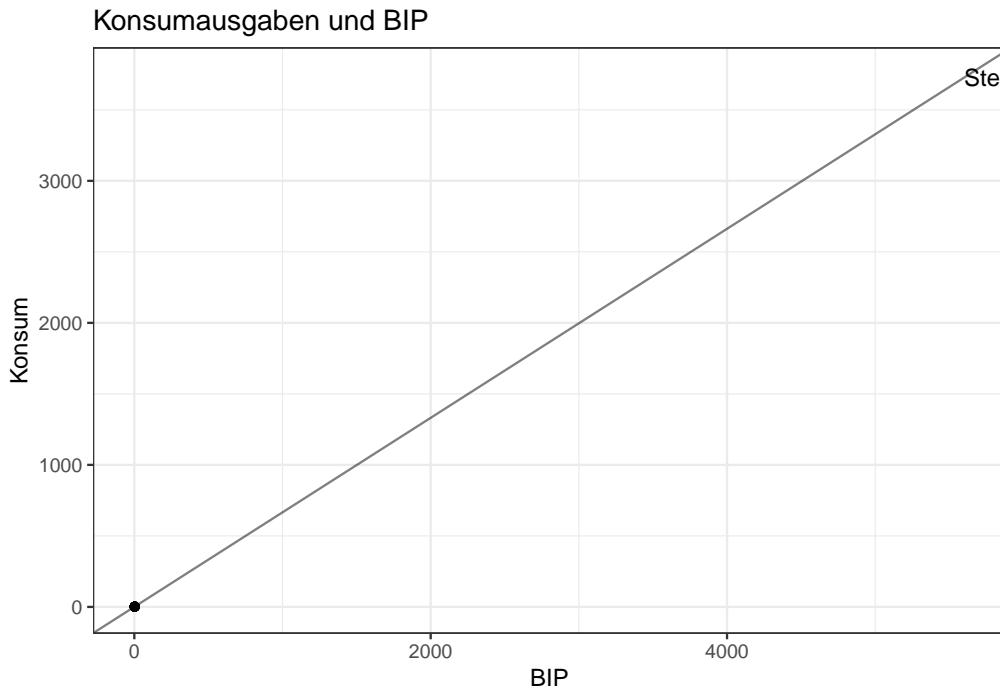
wobei C_i für die Konsumausgaben und Y_i für das BIP steht. Diese Gleichung stellt unser statistisches Modell dar. Es hat zwei Parameter, β_0 und β_1 , die wir mit Hilfe unserer Daten schätzen möchten. Wir laden uns also Daten zum Haushaltseinkommen und zum BIP aus dem Internet herunter und inspizieren die Daten zunächst visuell:



Der Zusammenhang scheint gut zu unserem linearen Modell oben zu passen, sodass wir das Modell mit Hilfe der Daten schätzen um konkrete Werte für β_0 und β_1 zu identifizieren:

```
#>
#> Call:
#> lm(formula = Konsum ~ BIP, data = bip_daten)
#>
#> Coefficients:
#> (Intercept)      BIP
#>     0.1902      0.6655
```

Regression, die wir dann später in Abschnitt 10.4 kennen lernen werden.



In dieser Abbildung korrespondiert β_0 zum Achensabschnitt und β_1 zur Steigung der Konsumgerade. Wir können β_0 als die Konsumausgaben interpretieren, wenn das BIP Null betragen würde, und β_1 als die marginale Konsumquote, also den Betrag, um den die Konsumausgaben steigen, wenn das BIP um einen Euro steigt. Die geschätzten Werte für β_0 und β_1 sind hier -184 und 0.7 . Auf dieser Basis können wir auch ausrechnen, wie hoch die Konsumausgaben in einer Volkswirtschaft mit einem BIP von 8000 wären, indem wir uns einfach an der geschätzten Geraden bis zu diesem Betrag fortbewegen.

```
beta_0 <- schaetzung_bip[["coefficients"]][1]
beta_1 <- schaetzung_bip[["coefficients"]][2]
unname(beta_0 + beta_1*8000)
```

```
#> [1] 5324.363
```

Im aktuellen Beispiel wären das also `r round(unname(beta_0 + beta_1*8000), 2)` Euro.

10.1.3 Überblick über die Inhalte des Kapitels

Im Folgenden werden wir uns zunächst mit den [formalen Grundlagen](#) der linearen Einfachregression, also der Regression mit einer x -Variable, und ihrer Implementierung in R beschäftigen. Insbesondere wird die Methode der kleinsten Quadrate (OLS) und die dafür notwendigen Annahmen eingeführt.

Danach werden wir typische [Kennzahlen einer Regression](#) diskutieren und lernen, wie wir die Güte einer Regression beurteilen können. Dieser Abschnitt enthält Aufführungen zum R^2 , Standardfehlern von Schätzern, Konfidenzintervallen. Vieles ist eine Anwendung der in Kapitel 9 beschriebenen Konzepte zu schließender Statistik.

Nachdem wir den [Ablauf einer Regressionsanalyse](#) kurz zusammengefasst haben, generalisieren wir das Gelernte noch für den [multiplen Fall](#), also den Fall wenn wir mehr als eine x -Variable in unserem Modell verwenden.

10.2 Grundlagen der einfachen linearen Regression

10.2.1 Grundlegende Begriffe

Wir betrachten zunächst den Fall der einfachen linearen Regression, das heißt wir untersuchen den Zusammenhang zwischen zwei Variablen, sodass unser theoretisches Modell folgendermaßen aussieht:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i$$

Alles was auf der linken Seite vom $=$ steht bezeichnen wir als die LHS (engl. *left hand side*), alles auf der rechten Seite als RHS (engl. *right hand side*).

Wir bezeichnen Y_i als die **abhängige Variable** (auch: *Zielvariable* oder *erklärte Variable*). Das ist die Variable, die wir typischerweise erklären wollen. Im Eingang Beispiel waren das die Konsumausgaben.

Wir bezeichnen x_i als die **unabhängige Variable** (auch: *erklärende Variable*). Das ist die Variable, mit der wir die abhängige Variable erklären wollen. Im Eingangs Beispiel war das das BIP, denn wir wollten über das BIP erklären wie viel Geld in einem Land für Konsum ausgegeben wird.

Dabei ist nicht davon auszugehen, dass unser Modell den Zusammenhang zwischen den betrachteten Größen vollständig korrekt beschreibt - wie immer bei Modellen werden bestimmte Aspekte des untersuchten Systems nicht explizit berücksichtigt und unsere Fähigkeit, dass System in einem (hier sogar nur linearen) Modell abzubilden, ist unvollkommen. Um der Tatsache Rechnung zu tragen, dass der Zusammenhang zwischen x_i und Y_i nicht exakt ist, führen wir auf der rechten Seite der Gleichung noch die **Fehlerterme** ϵ_i ein.

Wir müssen für unser Modell annehmen, dass die Fehlerterme nur einen nicht-systematischen Effekt auf Y_i haben, ansonsten müssten wir sie explizit in unser Modell als erklärende Variable aufnehmen (dazu später mehr). Sie absorbieren quasi alle Einflüsse auf Y_i , die nicht über x_i wirken. Damit wir die Funktion richtig schätzen können nehmen wir für die Fehler ein bestimmtes Wahrscheinlichkeitsmodell an. In der Regel nimmt man an, die Fehler seien i.i.d. (identically and independently distributed)² normalverteilt mit Erwartungswert 0: ϵ_i i.i.d. $\propto \mathcal{N}(0, \sigma^2)$.

Nun ergibt auch die Groß- und Kleinschreibung in der Gleichung mehr Sinn: die x_i nehmen wir als beobachtete Größen hin und behandeln sie nicht als Zufallsvariablen (ZV).³ Die ϵ_i sind als ZV definiert und da wir Y_i als eine Funktion von x_i und ϵ_i interpretieren sind die Y_i auch ZV - und dementsprechend groß geschrieben. Die Fehlerterme werden per Konvention nie groß geschrieben - wahrscheinlich weil sich das für Fehler nicht gehört. Wer es ganz genau nehmen würde, müsste sie aber auch groß schreiben, denn sie sind als ZV definiert und diese werden eigentlich groß geschrieben.

Die Annahme von $\mathbb{E}(\epsilon_i) = 0$, also die Annahme, dass der Erwartungswert für jeden Fehler gleich Null ist, ist neben der Annahme, dass wir einen linearen Zusammenhang modellieren zentral: wir gehen davon aus, dass unser Modell im Mittel stimmt. Unter dieser Annahme gibt es keine *systematischen* Abweichungen der Y_i von der über β_0 und β_1 definierten Regressionsgeraden. Das ist allerdings nur der Fall, wenn bestimmte Annahmen erfüllt sind (dazu später mehr).

10.2.2 Schätzung mit der Kleinste-Quadrat-Methode

Nachdem wir unser Modell aufgestellt haben, möchten wir nun die Parameter β_0 und β_1 schätzen. Wir schätzen diese Werte, denn sie sind für uns nicht unmittelbar beobachtbar: Wir brauchen also einen *Schätzer*. Ein Schätzer ist eine Funktion, die uns für die Daten, die wir haben, den optimalen Wert für den gesuchten Parameter gibt.⁴ Wir suchen also nach den Werten für β_0 und β_1 sodass die resultierende Gerade möglichst nahe an allen Y_i Werten ist, wie in Abbildung 10.1 aufgezeigt.

Wenn wir das händisch machen würden, könnten wir versuchen die Abstände zwischen den einzelnen Y_i und der Regressionsgerade zu messen und letztere so lange herumschieben, bis die Summe der Abstände möglichst klein ist. In gewisser Weise ist das genau das, was wir in der Praxis auch machen. Nur arbeiten wir nicht mit den Abständen als solchen, denn dann würden sich positive und negative Abstände ja ausgleichen. Daher quadrieren wir die Abstände, bevor wir sie summieren. Daher ist die gängigste Methode, Werte für β_0 und β_1 zu finden auch als **Kleinste-Quadrat Methode** (engl. *ordinary least squares* - OLS) bekannt.⁵ Die dadurch definierten Schätzer $\hat{\beta}_0$ und $\hat{\beta}_1$ sind entsprechend als *OLS-Schätzer* bekannt.

Wir bezeichnen die Abweichung von Y_i zu Regressionsgeraden als *Residuum* e_i . Wie in der Abbildung zu sehen ist, gilt für die Abweichung von der Regressionsgeraden für die einzelnen Y_i : $e_i = (Y_i - \hat{\beta}_0 - \hat{\beta}_1 x_i)$. Wir suchen also nach den Werten für $\hat{\beta}_0$ und $\hat{\beta}_1$, für die die Summe aller Residuen minimal ist:

²d.h. die Fehler sind unabhängig voneinander und folgen alle der gleichen Verteilung.

³Wenn Sie Schwierigkeiten mit dem Konzept einer ZV haben, schauen Sie doch noch einmal in Kapitel ??stat-stoch) nach.

⁴Wenn Ihnen das Konzept eines Schätzers sehr fremd ist, schauen Sie noch mal in das Kapitel 9 zu schließender Statistik.

⁵Warum summiert man nicht die Absolutwerte der Abweichungen, sondern ihre quadrierten Werte? Das hat technische Gründe: mit quadrierten Werten lässt sich einfacher leichter rechnen als mit Absolutwerten.

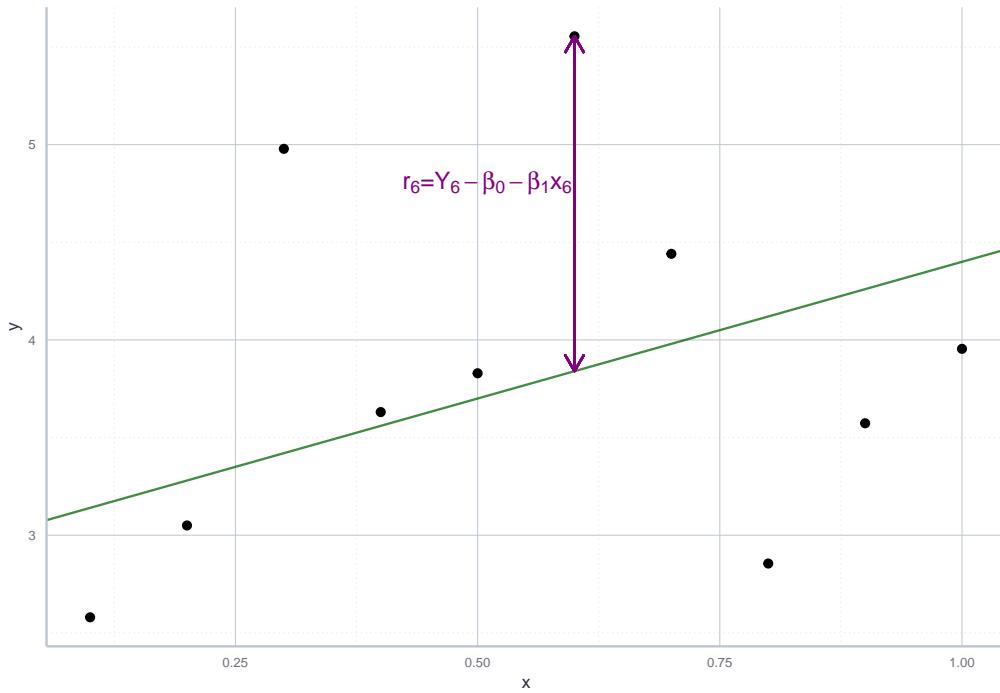


Figure 10.1: OLS Gerade als jene Gerade, welche den Abstand zu den quadrierten Residuen minimiert.

$$\hat{\beta}_0, \hat{\beta}_1 = \operatorname{argmin}_{\beta_0, \beta_1} \sum_{i=1}^n (Y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i)^2$$

Dabei bedeutet $\operatorname{argmin}_{\beta_0, \beta_1}$: wähle die Werte für β_0 und β_1 , welche den nachfolgenden Ausdruck minimieren.

Diesen Ausdruck kann man analytisch so lange umformen bis gilt:⁶

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}$$

und

$$\hat{\beta}_0 = \bar{y} - \hat{\beta}_1 \bar{x}$$

Zum Glück gibt es in R die Funktion `lm()`, welche diese Berechnungen für uns übernimmt. Wir wollen dennoch anhand eines Minimalbeispiels die Werte selber schätzen, um unser Ergebnis dann später mit dem Ergebnis von `lm()` zu vergleichen.

Dazu betrachten wir folgenden (artifiziellen) Datensatz:

`datensatz`

```
#>      x      y
#> 1 0.1 2.58
#> 2 0.2 3.05
#> 3 0.3 4.98
#> 4 0.4 3.63
#> 5 0.5 3.83
```

⁶Jede*r Interessierte findet die genaue Herleitung im Kapitel zu [linearen Algebra](#).

Zuerst berechnen wir $\hat{\beta}_1$:

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}$$

Dazu brauchen wir zunächst \bar{x} , das ist in diesem Fall 0.3, und \bar{y} , in unserem Fall 3.614. Dann können wir bereits rechnen:

$$\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y}) = (0.1 - 0.3)(2.58 - 3.614) + (0.2 - 0.3)(3.05 - 3.614) + (0.3 - 0.3)(4.98 - 3.614) + (0.4 - 0.3)(3.63 - 3.614) + (0.5 - 0.3)(3.69 - 3.614)$$

und

$$\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 = (0.1 - 0.3)^2 + (0.2 - 0.3)^2 + (0.3 - 0.3)^2 + (0.4 - 0.3)^2 + (0.5 - 0.3)^2 = 0.1$$

Daher:

$$\hat{\beta}_1 = \frac{0.308}{0.1} = 3.08$$

Entsprechend ergibt sich für $\hat{\beta}_0$:

$$\hat{\beta}_0 = \bar{y} - \hat{\beta}_1 \bar{x} = 3.614 - 3.08 \cdot 0.3 = 2.69$$

In R können wir für diese Rechnung wie gesagt die Funktion `lm()` verwenden. In der Praxis sind für uns vor allem die folgenden zwei Argumente von `lm()` relevant: `formula` und `data`.

Über `data` informieren wir `lm` über den Datensatz, der für die Schätzung verwendet werden soll. Dieser Datensatz muss als `data.frame` oder vergleichbares Objekt vorliegen.

Über `formula` teilen wir `lm` dann die zu schätzende Formel mit. Die LHS und RHS werden dabei mit dem Symbol `~` abgegrenzt. Wir können die Formel entweder direkt als `y~x` an `lm()` übergeben, oder wir speichern sie vorher als `character` und verwenden die Funktion `as.formula()`. Entsprechend sind die folgenden beiden Befehle äquivalent:

```
lm(y~x, data = datensatz)
reg_formel <- as.formula("y~x")
lm(reg_formel, data = datensatz)
```

Der Output von `lm()` ist eine Liste mit mehreren interessanten Informationen:

```
schaetzung <- lm(y~x, data = datensatz)
typeof(schaetzung)
```

```
#> [1] "list"
schaetzung

#>
#> Call:
#> lm(formula = y ~ x, data = datensatz)
#>
#> Coefficients:
#> (Intercept)          x
#>       2.69            3.08
```

Die von `lm()` produzierte Liste enthält also die basalsten Informationen über unsere Schätzung. Wir sehen unmittelbar, dass wir vorher richtig gerechnet haben, da wir die gleichen Werte herausbekommen haben.

Wenn wir noch genauer wissen wollen, wie die Ergebnisliste aufgebaut ist, können wir die Funktion `str()` verwenden:

```
str(schaetzung)
```

Da die Liste aber tatsächlich sehr lang ist, wird dieser Code hier nicht ausgeführt. Es sei aber darauf hingewiesen, dass wir die geschätzten Werte auf folgende Art und Weise direkt ausgeben lassen können:

```
schaetzung[["coefficients"]]
```

```
#> (Intercept)          x
#>       2.69        3.08
```

Dies ist in der Praxis häufig nützlich, z.B. wenn wir wie in der Einleitung Werte mit Hilfe unseres Modell vorhersagen wollen. Zum Abschluss sehen wir in Abbildung 10.2 die Daten mit der von uns gerade berechneten Regressionsgeraden.

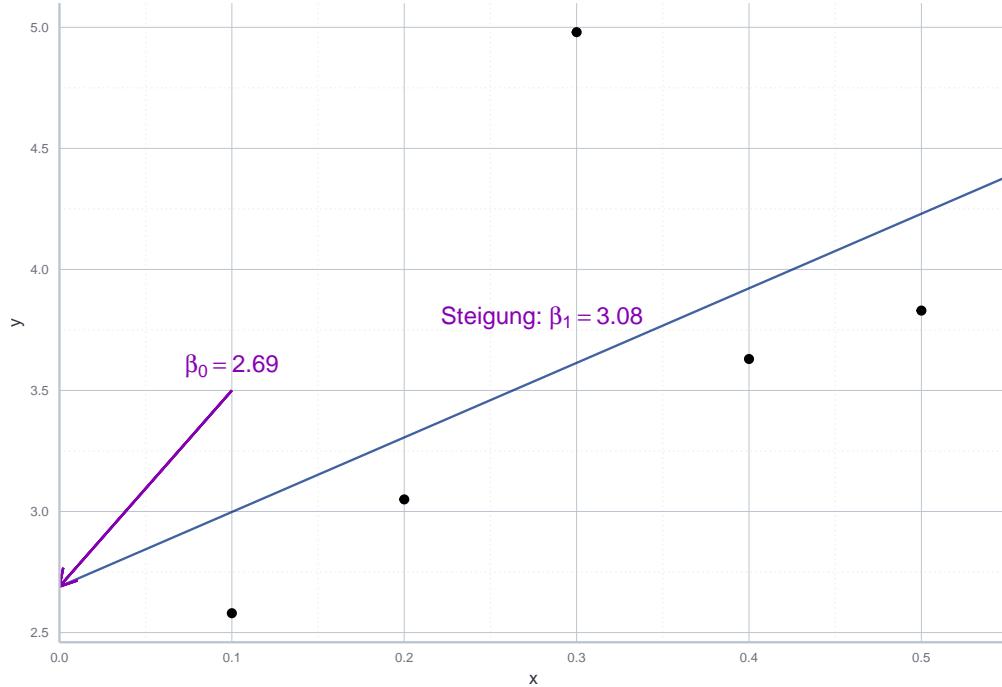


Figure 10.2: Regressionsgerade mit den berechneten Parameterwerten.

Zwar wissen wir jetzt, wie wir eine einfache lineare Regression schätzen, allerdings hört die Arbeit hier nicht auf! Unsere bisherige Tätigkeiten korrespondieren zu der in Kapitel 9 beschriebenen *Parameterschätzung*. Wir wollen aber auch noch die anderen beiden Verfahren, Hypothesentests und Konfidenzintervalle, abdecken und lernen, wie wir die Güte unserer Schätzung besser einschätzen können.

Zuvor wollen wir aber noch einmal genauer überprüfen, welche Annahmen genau erfüllt sein müssen, damit die OLS-Prozedur auch funktioniert.

10.2.3 Annahmen für den OLS Schätzer

Das lineare Regressionsmodell wird sehr häufig in der sozioökonomischen Forschung verwendet. Wie jedes statistische Modell basiert es jedoch auf bestimmten Annahmen, aus denen sich der sinnvolle Anwendungsbereich des Modells ergibt. Wann immer wir die lineare Regression verwenden sollten wir daher kritisch prüfen ob die entsprechenden Annahmen für den Anwendungsfall plausibel sind.

Um die Annahmen des linearen Regressionsmodell mathematisch wirklich exakt und hilfreich darzustellen müssen wir die Schätzer in Matrizenbeschreibweise formulieren. Das Arbeiten mit Matrizen wird in Kapitel 6 genauer einge-

führt und das aktuelle Kapitel versucht ohne diese Konzepte auszukommen. Daher wollen wir an dieser Stelle noch in einer ‘lockeren’ verbalen Beschreibung der Annahmen verbleiben. Eine exakte Darstellung, die sich der Sprache der Matrizenalgebra bedient, sowie die genauen Methoden zum grafischen und statistischen Testen der Annahmen finden Sie dann in Kapitel 11.

Eine zentrale Annahme des linearen Modells ist, dass der Erwartungswert der Fehlerterme ϵ gleich Null ist:

$$\mathbb{E}(\epsilon = 0)$$

Diese Annahme setzt voraus, dass ϵ keine Struktur hat und im Mittel gleich Null ist. Würden wir Informationen über eine Struktur in ϵ haben, bedeutet das, dass wir eine weitere erklärende Variable in das Modell aufnehmen könnten, welche diese Struktur explizit macht. Wenn wir also eine wichtige Variable vergessen, dann ist diese Annahme verletzt und es kommt zu einem so genannten *Omitted Variable Bias* (siehe Kapitel 11). Genauso impliziert die Annahme auch, dass der Zusammenhang zwischen der erklärenden und erklärenden Variablen auch tatsächlich linear ist. Wenn der Zusammenhang tatsächlich nichtlinear wäre, können wir nicht erwarten, dass unsere Fehler einen Erwartungswert von Null haben. In einem solchen Fall führt die Anwendung des OLS Schätzers zu irreführenden Ergebnissen.

Insgesamt kann man die Annahme vielleicht auch einfach so (sehr grob) zusammenfassen: wir nehmen an, dass wir unser Modell clever spezifiziert haben. Dabei ist wichtig zu beachten, dass wir hier eine Annahme über eine unbeobachtbare Größe der Population treffen, nämlich die Fehlerterme ϵ , und **nicht** über die Residuen e_i unserer Regression. Die Residuen e_i können wir beobachten, die echten Fehler ϵ_i nicht. Entsprechend gibt es auch keinen abschließenden ‘Test’ dieser ersten Annahme.

Neben dieser zentralen ersten Annahme, nehmen wir des Weiteren an, dass es keinen systematischen Zusammenhang zwischen den Fehlern und den erklärenden Variablen gibt. Die Annahme wäre zum Beispiel verletzt, wenn für größere Werte von x die Messgenauigkeit drastisch in eine Richtung hin abnehmen würde. Auch bei dieser Annahme gilt, dass unsere Schätzer systematisch verzerrt werden sobald die Annahme nicht mehr erfüllt ist.

Zwei weitere Annahmen beziehen sich auf die Struktur der Fehlerterme: zu einen nehmen wir an, dass die Varianz der Fehlerterme konstant ist (‘Homoskedastizität’): $Var(\epsilon_i) = \sigma^2 \forall i$. Zum anderen nehmen wir an, dass die Fehler nicht untereinander korreliert sind: $Cov(\epsilon_i, \epsilon_j) = 0 \forall i, j$. Letzteres kann vor allem ein Problem sein, wenn die gleichen erklärenden Variablen zu unterschiedlichen Zeitpunkten gemessen werden. Bei diesen beiden Annahmen führt eine Verletzung zum Glück nicht mehr dazu, dass unser Schätzer systematisch verzerrt ist - er wird aber deutlich ungenauer.⁷

Gleiches gilt auch für die Annahme, dass keine der erklärenden Variablen eine lineare Transformation einer anderen erklärenden Variable ist, also $\nexists a, b : x_i = q + b \cdot x_j \forall i, j$. Praktisch tritt dieser Fall, den man auch als ‘perfekte Multikollinearität’ bezeichnet, nur selten auf. Würde tatsächlich perfekte Multikollinearität herrschen, wäre $\hat{\beta}$ schlicht nicht definiert. Praktisch relevant wird die Annahme allerdings deswegen, weil schon eine starke Korrelation zwischen den erklärenden Variablen die Schätzung deutlich ungenauer macht. Als generellen *take-away* können wir im Bezug auf diese Annahme als mitnehmen, dass wir in den erklärenden Variablen möglichst wenig Redundanz haben sollten.

Sind alle diese Annahmen erfüllt, dann gilt das so genannte **Gauss-Markov-Theorem** (GMT). Dieses Theorem ist ein wichtiger Grund für die Popularität der OLS-Methode: nach dem GMT ist der OLS-Schätzer für lineare Modelle der beste erwartungstreue Schätzer, den wir finden können. Oder cooler ausgedrückt: OLS ist der BLUE - der *Best Linear Unbiased Estimator*.

Mit “erwartungstreuer” ist dabei gemeint, dass die Schätzer bei vielen Schätzversuchen im Mittel den wahren Wert β_i treffen, also der Erwartungswert jedes Schätzers $\hat{\beta}_i$ der wahre Wert β ist. Mit “der beste” meinen wir “den effizientesten” im Sinne einer minimalen Varianz. Was mit der Varianz eines Schätzers gemeint wird, wird ausführlich in Kapitel 11 erläutert.

Es gibt auch Varianten von OLS mit denen man die Abhängigkeit von den gerade aufgeführten Kernannahmen reduzieren kann. Das bedeutet aber auch, dass wann immer eine oder mehrere Annahmen verletzt ist, wir unseren Ergebnissen nur bedingt vertrauen können und einige Ergebnisse und Kennzahlen unserer Regression möglicherweise

⁷Was das genau bedeutet wird im Detail in Kapitel 11 erläutert.

irreführend sind. An dieser Stelle ist es wichtig darauf hinzuweisen, dass wir eine Regression mit OLS schätzen können und keine Fehlermeldungen bekommen, auch wenn die Annahmen für OLS nicht erfüllt sind. Daher ist es immer wichtig, die Korrektheit der Annahmen selbst zu überprüfen und weitere Kennzahlen der Regression zu betrachten um die Ergebnisse unserer Schätzung besser einschätzen zu können. Während die Methoden zum Test der Annahmen in Kapitel 11 eingeführt werden, betrachten wir im Folgenden schon einmal generelle Gütezahlen für eine lineare Schätzung, die Sie bei jeder Anwendung von OLS zu Rate ziehen sollten.

10.3 Kennzahlen in der linearen Regression

10.3.1 Erklärte Varianz und das R^2

Als erstes wollen wir fragen, ‘wie gut’ unser geschätztes Modell unsere Daten erklären kann. In der ökonometrischen Praxis können wir dazu fragen, wie viel ‘Variation’ der abhängigen Variable Y_i durch die Regression erklärt wird. Als Maß für die Variation wird dabei die Summe der quadrierten Abweichungen von Y_i von seinem Mittelwert verwendet, auch TSS (für engl. *Total Sum of Squares* - ‘Summe der Quadrate der Totalen Abweichungen’) genannt:

$$TSS = \sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2$$

In R:

```
tss <- sum((datensatz$y - mean(datensatz$y))**2)
tss
#> [1] 3.30012
```

Diese Werte sind in Abbildung 10.3 für unseren Beispieldatensatz von oben grafisch dargestellt:

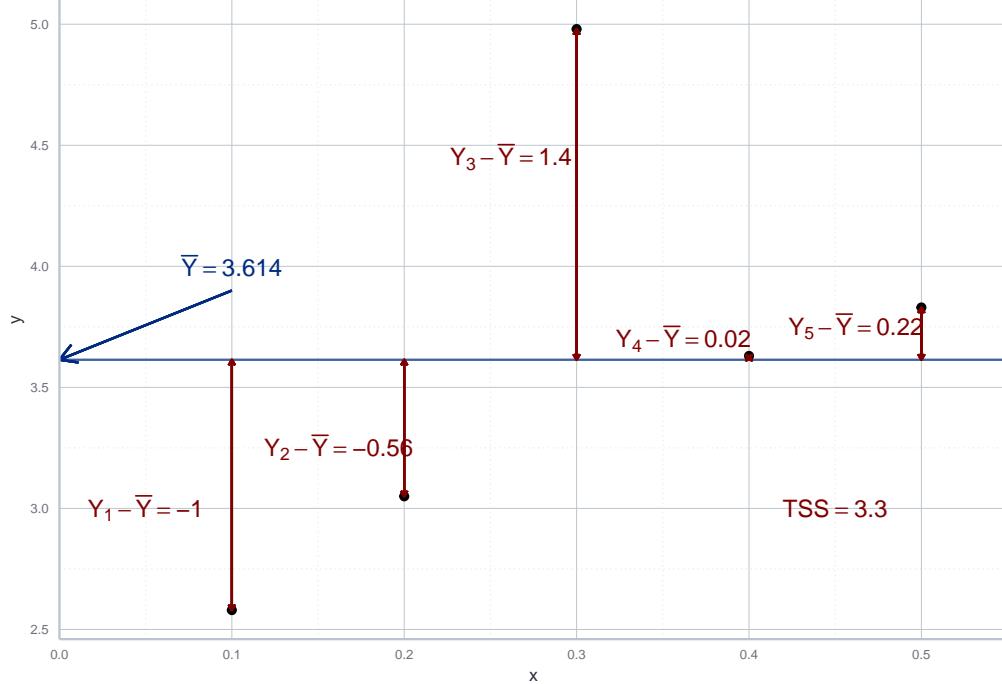


Figure 10.3: Werte für die Summe der totalen Abweichungen (TSS).

Die TSS wollen wir nun aufteilen in eine Komponente, die in unserer Regression erklärt wird, und eine Komponente, die nicht erklärt werden kann. Bei letzterer handelt es sich um die Abweichungen der geschätzten Werte \hat{Y}_i und den tatsächlichen Werten Y_i , den oben definierten Residuen e_i . Entsprechend definieren wir die *Residual Sum of Squares (RSS)* (dt.: *Residuenquadratsumme*) als:

$$RSS = \sum_i^n e_i^2$$

In R:

```
rss <- sum(schaetzung[["residuals"]]**2)
rss
```

```
#> [1] 2.35148
```

Diese sehen wir in Abbildung 10.4.

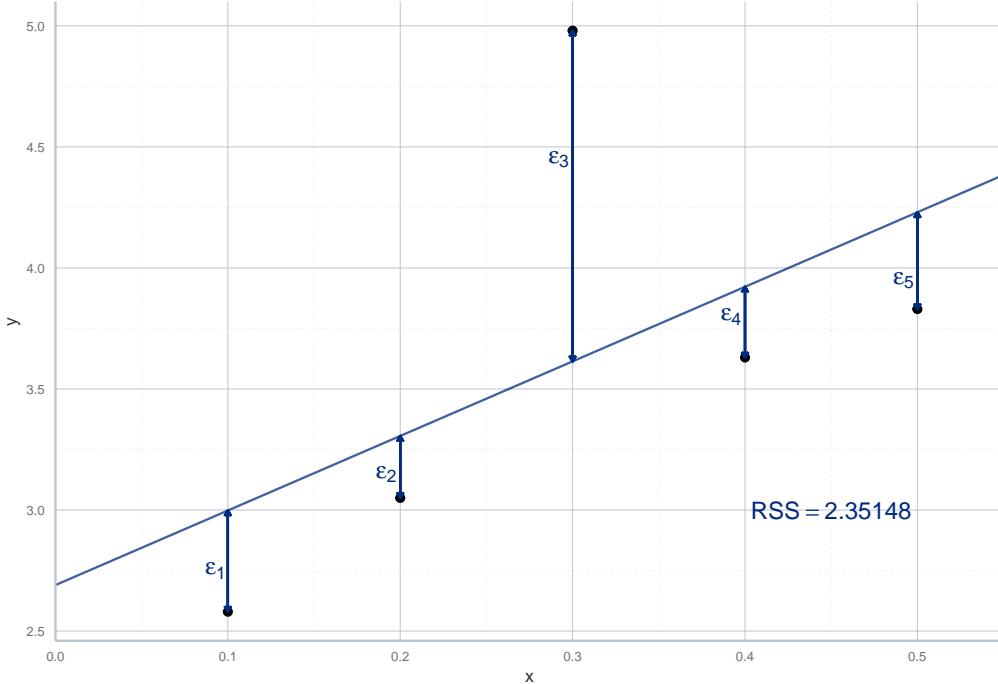


Figure 10.4: Abweichungen der geschätzten Werten und den tatsächlichen Werten, i.e. den Residuen (RSS).

Was noch fehlt sind die *Explained Sum of Squares (ESS)* (dt. *Summe der Quadrate der Erklärten Abweichungen*), also die Variation in der abhängigen Variable, die durch die Regression erklärt wird. Dabei handelt es sich um die quadrierte Differenz zwischen \bar{Y} und den geschätzten Werten \hat{Y} :

$$ESS = \sum_{i=1}^n (\hat{Y}_i - \bar{Y})^2$$

Diese ergibt sich in R als:

```
ess <- sum((schaetzung[["fitted.values"]] - mean(datensatz$y))**2)
ess
```

```
#> [1] 0.94864
```

Und grafisch wie in Abbildung 10.5 beschrieben.

Für die drei gerade eingeführten Teile der Gesamtvarianz gilt im Übrigen:

$$TSS = ESS + RSS$$

Aus diesen Werten können wir nun das **Bestimmtheitsmaß R^2** berechnen, welches Informationen darüber gibt, welchen Anteil der Variation in Y_i durch unser Modell erklärt wird:

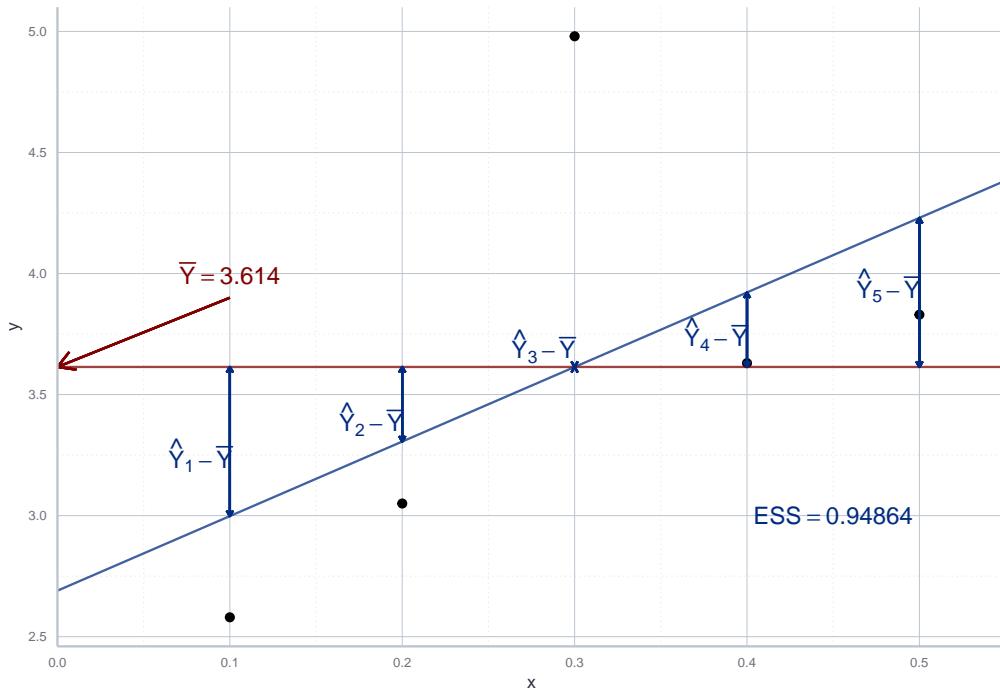


Figure 10.5: Variation in der abhängigen Variable, die durch die Regression erklärt wird (ESS).

$$R^2 = \frac{ESS}{TSS} = 1 - \frac{RSS}{TSS}$$

Wir können das für unseren Anwendungsfall natürlich händisch berechnen:

```
r_sq_manual <- ess / tss
r_sq_manual
```

```
#> [1] 0.2874562
```

Leider wird diese Größe im Output von `lm()` direkt nicht ausgegeben. Wir können aber einen ausführlicheren Output unserer Regression mit der Funktion `summary()` erstellen, dort ist das R^2 dann auch enthalten:

```
info_schaetzung <- summary(schaetzung)
info_schaetzung[["r.squared"]]
```

```
#> [1] 0.2874562
```

In unserem Fall erklärt unser Modell also ca. 29 Prozent der Gesamtvarianz der erklärten Variable.

In einer sozialwissenschaftlichen Anwendung wäre das nicht so wenig, denn aufgrund der vielen Faktoren, die hier eine Rolle spielen, darf man keine zu hohen Werte für R^2 erwarten. Vielmehr legen sehr hohe Werte eine gewisse Skepsis nahe, ob nicht eher ein tautologischer Zusammenhang geschätzt wurde.

Ein großer Nachteil vom R^2 ist, dass es größer wird sobald wir einfach mehr erklärende Variablen in unsere Regression aufnehmen. Warum? Eine neue Variable kann unmöglich TSS verändern (denn die erklärenden Variablen kommen in der Formel für TSS nicht vor), aber erhöht immer zumindest ein bisschen die ESS . Wenn unser alleiniges Ziel also die Maximierung von R^2 wäre, dann müssten wir einfach ganz viele erklärenden Variablen in unser Modell aufnehmen. Das kann ja nicht Sinn sozioökonomischer Forschung sein!

Zur Lösung dieses Problems wurde das adjustierte R^2 entwickelt, was bei Regressionen auch standardmäßig angegeben wird. Hier korrigieren wir das R^2 mit Hilfe der **Freiheitsgrade** (engl. *degrees of freedom*). Die Freiheitsgrade sind die Differenz zwischen Beobachtungen und Anzahl der zu schätzenden Parameter und werden in der Regel mit df bezeichnet.

Das adjustierte R^2 , häufig als \bar{R}^2 bezeichnet, ist definiert als:

$$\bar{R}^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n \epsilon_i^2 / (N - K - 1)}{\sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2 / (N - 1)}$$

In unserem Fall hier ist $N = 5$ und $K = 2$, da mit β_0 und β_1 zwei Parameter geschätzt werden. Um dieses Maß aus unserem Ergebnisobjekts auszugeben schreiben wir:

```
info_schaetzung[["adj.r.squared"]]
```

```
#> [1] 0.04994162
```

Leider hat es keine so eindeutige Interpretation wie das R^2 , aber es sollte immer gemeinsam mit letzterem beachtet werden. Häufig vergleicht man das \bar{R}^2 vor und nach der Inklusion einer weiteren erklärenden Variable. Wenn \bar{R}^2 steigt geht man häufig davon aus, dass sich die Inklusion auszahlt, allerdings sind das 'nur' Konventionen. Man sollte nie eine Variabel ohne gute theoretische Begründung aufnehmen! Zudem bietet sich \bar{R}^2 an, wenn man zwei Modelle des gleichen Untersuchungsgegenstandes miteinander vergleichen will - in diesem Fall geht es nur darum, welches Modell das höhere \bar{R}^2 hat, weniger um den konkreten Wert.

10.3.2 Hypothesentests und statistische Signifikanz

Wie sicher können wir uns mit den geschätzten Parametern für β_0 und β_1 sein? Wenn z.B. $\hat{\beta}_1 > 0$, bedeutet das wirklich, dass wir einen positiven Effekt gefunden haben? Immerhin sind ja unsere Fehler ZV und vielleicht haben wir einfach zufällig eine Stichprobe erhoben, wo der Effekt von x_1 positiv erscheint, tatsächlich aber kein Effekt existiert? Um die Unsicherheit, die mit der Parameterschätzung einhergeht, zu quantifizieren können wir uns die Annahme, dass unsere Fehler normalverteilt sind, zu Nutze machen und testen wie plausibel die tatsächliche Existenz eines Effekts ist.

Wir verlassen nun also das Gebiet der reinen Parameterschätzung und beschäftigen uns mit Hypothesentests und Konfidenzintervallen für unsere Schätzer $\hat{\beta}_0$ und $\hat{\beta}_1$. Das ist analog zu den in Kapitel 9 zur schließenden Statistik besprochenen Herangehensweisen.

Wir wissen bereits, dass es sich bei unseren Schätzern $\hat{\beta}_0$ und $\hat{\beta}_1$ um ZV handelt. Aber welcher Verteilung folgen sie? Da wir im Rahmen des OLS Modells annehmen, dass der Erwartungswert der Fehler gleich null ist (siehe Abschnitt 10.2.3), können wir schreiben:

$$\hat{\beta}_0 \sim \mathcal{N}\left(\beta_0, \sigma^2 \left(\frac{1}{n} + \frac{\bar{x}^2}{SS_X}\right)\right), \quad SS_X = \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \hat{\beta}_1 = \mathcal{N}\left(\beta_1, \frac{\sigma^2}{SS_X}\right)$$

Da $\mathbb{E}(\hat{\beta}_i) = \beta_i$ sagen wir, dass die Schätzer *erwartungstreu* sind - wir also erwarten, dass Sie im Mittel den wahren Wert für den Parameter schätzen.

Es ist dann plausibel die *Genauigkeit* oder *Effizienz* eines Schätzers durch seine Varianz zu messen: wenn ein Schätzer eine große Varianz hat bedeutet das, dass wir bei dem einzelnen Schätzwert eine große Unsicherheit haben, ob der Schätzer tatsächlich nahe an seinem Erwartungswert liegt. Am besten kann man das an einem simulierten Beispiel illustrieren.

Beispiel: Die Varianz von $\hat{\beta}_1$: Im Folgenden kreieren wir einen künstlichen Datensatz, bei dem wir den wahren datengenerierenden Prozess kennen. Diesen beschreiben wir durch folgende Gleichung:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i, \quad \epsilon_i \sim \mathcal{N}(0, 5)$$

Wenn wir nun mit diesem Prozess mehrere Datensätze kreieren, sieht natürlich jeder Datensatz anders aus. Schließlich sind die ϵ_i zufällig. Dennoch wissen wir, dass, da unsere Schätzer erwartungstreu sind, sie im Mittel die wahren Werte von β_0 und β_1 treffen sollten. Aber wie sehr streuen die geschätzten Werte um diesen wahren Wert? Zunächst erstellen wir den künstlichen Datensatz. Dazu spezifizieren wir zunächst die Grundstruktur des datengenerierenden Prozess:

```
set.seed(123)
true_DGP <- function(x, b0, b1){
  y <- b0 + b1*x + rnorm(length(x), 0, 5)
  return(y)
}
beta_0_wahr <- 3
beta_1_wahr <- 2
sample_size <- 100
x <- runif(sample_size, 0, 10)
```

Nun erstellen wir mit Hilfe einer Schleife 1000 Realisierungen der Daten. Wir können uns das wie 1000 Erhebungen vorstellen. Für jede dieser Realisierungen schätzen wir dann die lineare Regressionsgleichung von oben:

```
set.seed(123)
n_datensaetze <- 1000
beta_0_estimates <- rep(NA, n_datensaetze)
beta_1_estimates <- rep(NA, n_datensaetze)

for (i in 1:n_datensaetze){
  daten_satz <- data.frame(
    x = x,
    y = true_DGP(x, beta_0_wahr, beta_1_wahr)
  )
  schaetzung_2 <- lm(y~x, data = daten_satz)
  beta_0_estimates[i] <- schaetzung_2[["coefficients"]][1]
  beta_1_estimates[i] <- schaetzung_2[["coefficients"]][2]
}
```

Nun können wir die Streuung der Schätzer in Abbildung 10.6 ablesen.

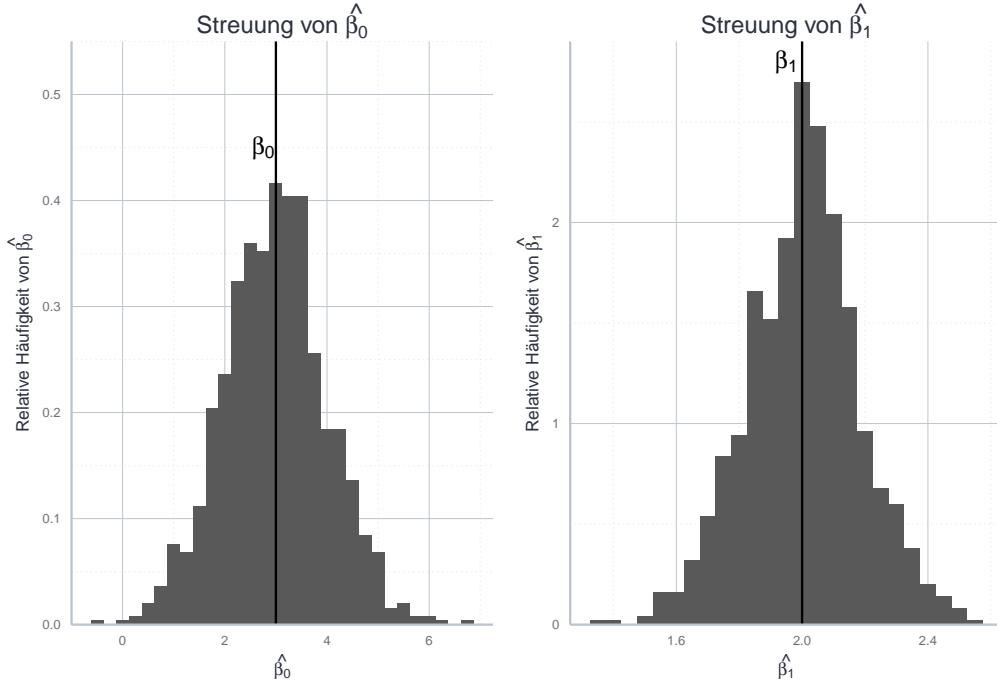


Figure 10.6: Vergleich der Effizienz zweier Schätzer über ihre jeweilige Streuung.

Wie wir sehen, treffen die Schätzer im Mittel den richtigen Wert, streuen aber auch. Die Varianz gibt dabei die Breite des jeweiligen Histogramms an und je stärker die relativen Häufigkeiten des geschätzten

Wertes um den wahren Wert konzentriert sind, also desto geringer die Varianz, desto genauer und somit effizienter ist der Schätzer.

Ein Maß für die Genauigkeit eines Schätzers ist sein **Standardfehler**. Für $\hat{\beta}_1$ ist dieser wie oben beschrieben definiert als $\frac{\sigma}{\sqrt{SS_X}}$. Da σ (die Varianz der Fehler) nicht bekannt ist, müssen wir sie aus den Daten schätzen. Das geht mit $\frac{1}{n-2} \sum_{i=1}^n e_i^2$, wobei die detaillierte Herleitung hier nicht diskutiert wird. Grundsätzlich handelt es sich hier um die empirische Varianz. Das $n - 2$ kommt von den um zwei reduzierten Freiheitsgraden dieser Schätzung.

Dieser Standardfehler ist ein erstes Maß für die Genauigkeit des Schätzers. Er wird aufgrund seiner Wichtigkeit auch in der Summary jeder Schätzung angegeben. Hier betrachten wir die Schätzung aus dem einführenden Beispiel:

```
summary(schaetzung_bip)
```

```
#>
#> Call:
#> lm(formula = Konsum ~ BIP, data = bip_daten)
#>
#> Residuals:
#>      Min       1Q   Median       3Q      Max
#> -0.057813 -0.007137 -0.002679  0.015034  0.051435
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept)  0.19021   0.03478  5.468 3.41e-05 ***
#> BIP          0.66552   0.01296 51.341 < 2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 0.02353 on 18 degrees of freedom
#> Multiple R-squared:  0.9932, Adjusted R-squared:  0.9928
#> F-statistic: 2636 on 1 and 18 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Sie sind hier unter **Std. Error** zu finden. Wir können diese Information jedoch noch weiter verwenden und Hypothesen im Zusammenhang mit den Schätzern testen. Eine besonders relevante Frage ist immer ob ein bestimmter *Schätzer* signifikant von 0 verschieden ist. Dazu können wir fragen: "Wie wahrscheinlich ist es, gegeben der Daten, dass β_1 gleich Null ist?".

Das ist die klassische Frage für einen Hypothesentest⁸ mit $H_0 : \beta_0 = 0$ und $H_1 : \beta_0 \neq 0$.

Für einen Hypothesentest brauchen wir zunächst eine Teststatistik, also die Verteilung für den Schätzer wenn H_0 wahr wäre. Da wir annehmen, dass die Fehlerterme in unserem Fall normalverteilt sind, ist das in unserem Falle eine *t*-Verteilung mit $n - 2$ Freiheitsgraden.⁹ Damit können wir überprüfen wie wahrscheinlich unser Schätzwert unter der H_0 wäre. Wenn er sehr unwahrscheinlich wäre, würden wir H_0 verwerfen.

Die Wahrscheinlichkeit, dass wir unseren Schätzer gefunden hätten, wenn H_0 wahr wäre wird durch den *p*-Wert des Schätzers angegeben. Dieser findet sich in der Spalte **Pr(>|t|)**. In unserem Fall mit $\hat{\beta}_1$ ist dieser Wert mit $2 \cdot 10^{-16}$ extrem klein. Das bedeutet, wenn $H_0 : \beta_1 = 0$ wahr wäre, würden wir unseren Wert für $\hat{\beta}_1$ mit einer Wahrscheinlichkeit nahe Null beobachten. Es erscheint daher sehr unplausibel, dass $\beta_1 = 0$. Tatsächlich würden wir diese Hypothese auf quasi jedem beliebigen Signifikanzniveau verwerfen. Daher ist der Schätzer in der Zusammenfassung mit drei Sternen gekennzeichnet:

```
summary(schaetzung_bip)
```

```
#>
#> Call:
```

⁸Lesen Sie noch einmal im Kapitel @ref(#stat-rep) zur schließenden Statistik nach, wenn Sie nicht mehr wissen was ein Hypothesentest ist.

⁹Warum jetzt genau eine *t*-Verteilung und keine Normalverteilung? Das liegt daran, dass wir die Varianz unserer Fehler σ nicht beobachten können und durch $\hat{\sigma}$ geschätzt haben. Das führt dazu, dass die resultierende Teststatistik nicht mehr normalverteilt ist. Mit zunehmendem Stichprobenumfang wird die Abweichung immer irrelevanter, jedoch ist die *t*-Verteilung so einfach zu handhaben, dass man sie eigentlich immer benutzen kann.

```
#> lm(formula = Konsum ~ BIP, data = bip_daten)
#>
#> Residuals:
#>    Min         1Q     Median        3Q       Max
#> -0.057813 -0.007137 -0.002679  0.015034  0.051435
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept)  0.19021   0.03478   5.468 3.41e-05 ***
#> BIP          0.66552   0.01296  51.341 < 2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 0.02353 on 18 degrees of freedom
#> Multiple R-squared:  0.9932, Adjusted R-squared:  0.9928
#> F-statistic:  2636 on 1 and 18 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Grundsätzlich gilt, dass wir $H_0 : \beta_i = 0$ auf dem α -Signifikanzniveau verwerfen können wenn $p < 1 - \alpha$. Wenn wir $H_0 : \beta_i$ auf dem Signifikanzniveau von mindestens $\alpha = 0.05$ verwerfen können, sprechen wir von einem signifikanten Ergebnis. In unserem Beispiel der Konsumfunktion sind also sowohl die Schätzer $\hat{\beta}_0$ und $\hat{\beta}_1$ hochsignifikant und wir können, unter den oben getroffenen Annahmen, mit großer Sicherheit davon ausgehen, dass beide von Null verschieden sind.

Dabei ist jedoch wichtig darauf hinzuweisen, dass *statistische Signifikanz* nicht mit *sozioökonomischer Relevanz* zu tun hat: ein Effekt kann hochsignifikant, aber extrem klein sein. Dennoch ist die Signifikanz eine wichtige und häufig verwendete Kennzahl für jede lineare Regression. Gleichzeitig ist die wissenschaftliche Praxis, nur Studien mit signifikanten Ergebnissen ernst zu nehmen, sehr problematisch, Stichwort [p-Hacking](#).

10.3.3 Konfidenzintervalle für die Schätzer

Ausgehend von den Überlegungen zur Signifikanz können wir nun **Konfidenzintervalle** für unsere Schätzer konstruieren. Wie im Kapitel 9 zur schließenden Statistik genauer erläutert besteht ein Konfidenzintervall I_α aus allen geschätzten Parameterwerten, für die wir bei einem zweiseitigen Hypothesentest zum Signifikanzniveau α die Nullhypothese $\beta_i = 0$ nicht verwerfen können.

Um diese Intervalle für eine Schätzung in R zu konstruieren verwenden wir die Funktion `confint`, die als erstes Argument das geschätzte Modell und als Argument `level` das Signifikanzniveau $1 - \alpha$ akzeptiert:

```
confint(schaetzung_bip, level=0.95)
```

```
#>              2.5 %    97.5 %
#> (Intercept) 0.1171319 0.2632874
#> BIP          0.6382880 0.6927551
```

Für $\hat{\beta}_1$ ist das 95%-Konfidenzintervall also $[0.69, 0.72]$. Das bedeutet, wenn der zugrundeliegende Daten-generierungsprozess sehr häufig wiederholt werden würde, dann würden 95% der so für $\hat{\beta}_1$ berechneten 95%-Konfidenzintervalle β_1 enthalten.

10.3.4 Zur Rolle der Stichprobengröße

Um die Rolle der Stichprobengröße besser beurteilen zu können, verwenden wir hier einen künstlich hergestellten Datensatz für den wir die ‘wahren’ Werte β_0 und β_1 kennen:¹⁰

```
set.seed(123)
wahres_b0 <- 3
wahres_b1 <- 1.4
```

¹⁰Die Befehle sollten Ihnen weitgehen bekannt sein. Die Funktion `set.seed()` verwenden wir um den Zufallszahlengenerator von R so zu kalibrieren, dass bei jedem Durchlaufen des Skripts die gleichen Realisierungen der ZV gezogen werden und die Ergebnisse somit reproduzierbar sind.

```

stichproben_n <- 50
x <- 1:stichproben_n * 0.1
fehler <- rnorm(stichproben_n, mean = 0, sd = 3)
y <- rep(NA, stichproben_n)

for (i in 1:stichproben_n){
  y[i] <- wahres_b0 + wahres_b1*x[i] + fehler[i]
}

datensatz <- data.frame(
  x = x,
  y = y
)

```

Wie wir in Abbildung 10.7 sehen ist die geschätzte Gerade nicht exakt deckungsgleich zur ‘wahren’ Gerade, aber doch durchaus nahe dran.

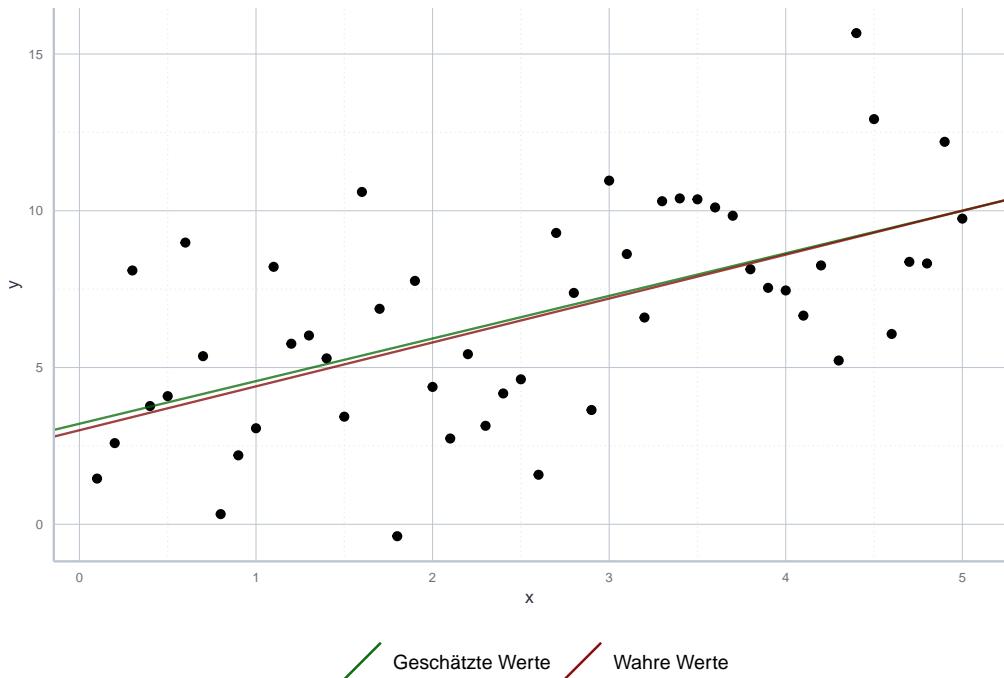
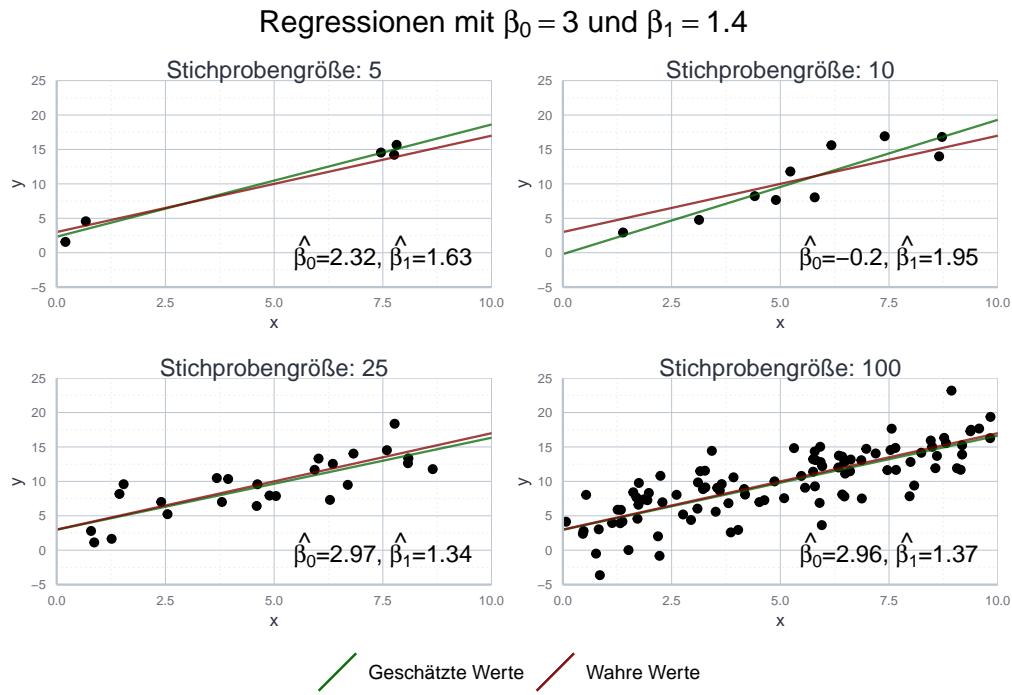


Figure 10.7: Vergleich der geschätzten und wahren Gerade unserer Stichprobe.

Grundsätzlich gilt, dass die erwartete Deckung der beiden dann höher ist wenn (1) die Annahmen für die einfache lineare Regression erfüllt sind und (2) die Stichprobe groß ist. Im Moment sind wir in einer Luxussituation, da wir die ‘wahre’ Gerade kennen: wir haben ja den Datensatz, für den wir die Gerade schätzen, selbst erstellt. In der Praxis bleibt uns nichts anderes üblich als (1) so gut es geht zu überprüfen und die restliche Unsicherheit so gut es geht zu quantifizieren. Im Folgenden wollen wir uns genauer anschauen welche Methoden uns dafür zur Verfügung stehen. Vorher wollen wir uns aber noch in Abbildung ?? ansehen, wie eine größere Stichprobe die Schätzgenauigkeit beeinflusst.



10.4 Multiple lineare Regression

Zum Abschluss wollen wir noch das bislang besprochene für den Fall von mehreren erklärenden Variablen generalisieren. In der Praxis werden Sie nämlich so gut wie immer mehr als eine erklärende Variable verwenden. Zwar sind die resultierenden Plots häufig nicht so einfach zu interpretieren wie im Fall der einfachen Regression, das Prinzip ist jedoch quasi das gleiche. Zudem ist die Implementierung in R nicht wirklich schwieriger.

Im Folgenden wollen wir den uns bereits aus früheren Kapiteln bekannten Beispieldatensatz verwenden, in dem Informationen über die Preise von ökonomischen Journals gesammelt sind:

```
journal_data <- fread("data/tidy/journaldaten.csv") %>%
  select(Titel, Preis, Seitenanzahl, Zitationen)
head(journal_data)
```

```
#>
#>   Titel      Preis Seitenanzahl
#> 1: Asian-Pacific Economic Literature 123      440
#> 2: South African Journal of Economic History 20      309
#> 3: Computational Economics 443      567
#> 4: MOCT-MOST Economic Policy in Transitional Economics 276      520
#> 5: Journal of Socio-Economics 295      791
#> 6: Labour Economics 344      609
#> 
#>   Zitationen
#> 1: 21
#> 2: 22
#> 3: 22
#> 4: 22
#> 5: 24
#> 6: 24
```

In einer einfachen linearen Regression könnten wir z.B. folgendes Modell schätzen:

$$PREIS_i = \beta_0 + \beta_1 SEITEN + \epsilon$$

Das würden wir mit folgendem Befehl in R implementieren:

```

reg <- lm(Preis~Seitenanzahl, data=journal_data)
summary(reg)

#>
#> Call:
#> lm(formula = Preis ~ Seitenanzahl, data = journal_data)
#>
#> Residuals:
#>      Min       1Q   Median       3Q      Max
#> -1157.56  -190.54   -40.72  179.59 1329.30
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 56.74315  53.85199  1.054   0.293
#> Seitenanzahl  0.43610   0.05757  7.575 1.89e-12 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 336.5 on 178 degrees of freedom
#> Multiple R-squared:  0.2438, Adjusted R-squared:  0.2395
#> F-statistic: 57.38 on 1 and 178 DF,  p-value: 1.888e-12

```

Allerdings ergibt es auch Sinn anzunehmen, dass beliebte Journale teurer sind. Daher würden wir gerne die Anzahl der Zitationen in das obige Modell als zweite erklärende Variable aufnehmen. In diesem Fall würden wir mit einem *multiplen* linearen Modell arbeiten:

$$PREIS_i = \beta_0 + \beta_1 SEITEN + \beta_2 ZITATE + \epsilon$$

Tatsächlich ist die einzige Änderungen, die wir auf der technischen Seite machen müssen, die Inklusion der neuen erklärenden Variable in die Schätzgleichung:

```
reg <- lm(Preis~Seitenanzahl + Zitationen, data=journal_data)
```

Hierbei ist zu beachten, dass das + nicht im additiven Sinne gemeint ist, sondern in der Logik einer Regressionsgleichung.

Wenn wir uns die Zusammenfassung dieses Objekts anschauen, sehen wir einen sehr ähnlichen Output wie für den einfachen linearen Fall, nur dass wir eine weitere Zeile für die neue erklärende Variable haben:

```

summary(reg)

#>
#> Call:
#> lm(formula = Preis ~ Seitenanzahl + Zitationen, data = journal_data)
#>
#> Residuals:
#>      Min       1Q   Median       3Q      Max
#> -1346.70  -173.48   -38.83  138.32 1259.00
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) -3.72002  52.80969 -0.070   0.944
#> Seitenanzahl  0.59413   0.06477  9.173 < 2e-16 ***
#> Zitationen   -0.10872   0.02393 -4.544 1.02e-05 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 319.3 on 177 degrees of freedom

```

```
#> Multiple R-squared:  0.3228, Adjusted R-squared:  0.3151
#> F-statistic: 42.18 on 2 and 177 DF,  p-value: 1.049e-15
```

Zwei Punkte sind bei der multiplen Regression zu beachten: Erstens sind die geschätzten Effekte als **isolierte Effekte** zu interpretieren, also in einer Situation in der alle anderen erklärenden Variablen fix gehalten werden. Das ist die berühmte *ceteris paribus* Formel.

Der geschätzte Wert für **Seitenanzahl** sagt uns dementsprechend: “*Ceteris paribus*, also alle anderen Einflussfaktoren fix gehalten, geht ein um eine Seite dickeres Journal mit einem um 0.6 Dollar höherem Abo-Preis einher.” Beachten Sie den relevanten Unterschied zur einfachen Regression, die sehr wahrscheinlich unter dem oben angeprochenen *omitted variable bias* gelitten hat.

Der zweite zu beachtende Aspekt bezieht sich auf die Korrelation der verschiedenen erklärenden Variablen. Die Annahmen für OLS schließen an sich nur so genannte *perfekte Kollinearität* (siehe Abschnitt 10.2.3) aus. Das heißt die Situation in der eine erklärende Variable eine perfekte lineare Transformation einer anderen erklärenden Variable ist. Problematisch sind aber auch schon geringere, aber immer noch hohe Korrelationen: denn je stärker die erklärenden Variablen untereinander korrelieren, desto größer werden die Standardfehler unserer Schätzer. Mit diesem Problem werden wir uns im folgenden Kapitel noch genauer auseinandersetzen.

10.5 Zum Ablauf einer Regression

Insgesamt ergibt sich aus den eben beschriebenen Schritten also folgendes Vorgehen bei einer Regression:

1. Aufstellen des statistischen Modells
2. Erheben und Aufbereitung der Daten
3. Schätzen des Modells
4. Überprüfung der Modellannahmen (dazu mehr im Kapitel 11)
5. Inspektion der relevanten Kennzahlen wie R^2 und der statistischen Signifikanz der geschätzten Werte; falls relevant: Angabe von Konfidenzintervallen

Chapter 11

Fortgeschrittene Themen der linearen Regression

In diesem Kapitel werden wir auf den formalen Konzepten des Kapitels 6 aufbauen, insbesondere auf den Regeln zur Matrizenalgebra. Damit werden wir die Annahmen und Funktionsweise des OLS-Schätzers genauer untersuchen. Der OLS-Schätzer, den wir bereits im vorigen Kapitel kennengelernt haben, ist das am weitesten verbreitete Schätzverfahren für die lineare Regression. In diesem Kapitel werden wir sehen, dass dies an seinen attraktiven Eigenschaften wie *Erwartungstreue*, *Effizienz* und *Konsistenz* liegt.

Wie alle Schätzverfahren baut der OLS-Schätzer jedoch auf bestimmten Annahmen auf und es muss uns immer klar sein, dass der OLS-Schätzer seine attraktiven Eigenschaften nur hat, wenn diese Annahmen erfüllt sind. Für die Praxis sind also die folgenden vier Fragen relevant:

1. Was sind die relevanten Annahmen des OLS-Schätzers?
2. Was passiert mit dem OLS-Schätzer wenn die Annahmen nicht erfüllt sind?
3. Wie können wir überprüfen ob diese Annahmen erfüllt sind?
4. Was sind mögliche Lösungsstrategien wenn die Annahmen unseres Schätzers *nicht* erfüllt sind?

Diese Fragen zu beantworten ist die zentrale Herausforderung in diesem Kapitel. Die erste Frage haben wir dabei im vorigen Kapitel bereits angefangen, verbal zu diskutieren. Diese Diskussion soll nun weiter formalisiert, vertieft und schließlich erweitert werden.

Der Fokus des Hauptkapitels liegt dabei auf der zugrundeliegenden Intuition. Daher werden wir uns nicht mit den mathematischen Beweisen beschäftigen, sondern das Verhalten des OLS-Schätzers anhand von Simulationen illustrieren. Für alle Interessierten gibt es jedoch am Ende des Kapitels einen Überblick zu allen relevanten Theoremen und ihren mathematischen Beweisen (siehe [Anhang zu Theoremen und Beweisen](#)).

In diesem Kapitel werden die folgenden R Pakete verwendet:

```
library(here)
library(tidyverse)
library(data.table)
library(latex2exp)
library(icaeDesign)
library(ggpubr)
library(lmtest)
library(sandwich)
library(MASS)
```

11.1 Annahmen und Eigenschaften des einfachen OLS Modells

In diesem Abschnitt werden wir zunächst unser Wissen über Matrixnotation aus dem Kapitel 6 verwenden um die uns bereits bekannten Annahmen des OLS Modells aus Kapitel 10 in Matrixschreibweise auszudrücken. Das wird

sich als enorm hilfreich erweisen da alle modernen Texte und fortgeschrittenen Lehrbücher die Matrixschreibweise verwenden und alle relevanten Beweise und Herleitung sich dieser Notation bedienen.

Danach werden wir uns mit den wichtigen Eigenschaften *Erwartungstreue*, *Effizienz* und *Konsistenz* von Schätzern beschäftigen. Alles drei sind erstrebenswerte Eigenschaften, über die der OLS Schätzer verfügt wenn die Annahmen für das OLS Modell erfüllt sind. Allerdings kann er diese Eigenschaften verlieren wenn einzelne Annahmen verletzt sind. Um die Konsequenzen verletzter Annahmen zu illustrieren verwenden wir häufig die Methode der *Monte Carlo Simulation*, die wir am Ende dieses Abschnitts einführen werden.

11.1.1 Annahmen im Matrixschreibweise

An dieser Stelle werden wir die uns aus [diesem Abschnitt](#) bekannten verbal formulierten Annahmen für die OLS Schätzung in Matrixschreibweise ausdrücken und ihre Reihenfolge an die in der Literatur typische Reihenfolge anpassen.

Zu diesem Zweck betrachten wir das folgende Modell:

$$y = x_1\beta_1 + \dots + x_k\beta_k + \epsilon$$

in dem y der $1 \times n$ Vektor mit den n Beobachtungen der abhängigen Variable ist. Für jede der k unabhängigen Variablen haben wir die Beobachtungen in einem $1 \times n$ Vektor $x_i (i \in k)$ gesammelt.

Diese k Vektoren werden häufig in der $n \times k$ Matrix X zusammengefasst, sodass die folgende kompakte Schreibweise verwendet werden kann:

$$y = X\beta + \epsilon$$

β ist der Vektor der (unbeobachtbaren) Modellparameter β_0, \dots, β_k , die wir schätzen wollen, und ϵ ist der Vektor der (ebenfalls unbeobachtbaren) Fehlerterme.

Der OLS Schätzer $\hat{\beta}$ für β ist durch folgende Gleichung definiert (für die Herleitung siehe [hier](#)):

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1}(X'y)$$

Unter bestimmten Annahmen hat dieser Schätzer die attraktiven Eigenschaften *Erwartungstreue* und *Effizienz* unabhängig der Stichprobengröße und in großen Stichproben zudem die Eigenschaft der *Konsistenz*. Die relevanten Annahmen sind dabei die folgenden:

A1: Der Zusammenhang zwischen abhängigen und unabhängigen Variablen ist linear

Diese Annahme ergibt sich unmittelbar aus der Formulierung: $y = X\beta + \epsilon$. Ein Beispiel für einen solchen Zusammenhang findet sich an Abbildung 11.1a.

Wenn der Zusammenhang zwischen abhängigen und unabhängigen Variablen nicht linear ist können wir das klassische OLS Modell in der Regel nicht verwenden. Häufig können wir aber die Daten so transformieren, dass wir deren Verhältnis als linearen Zusammenhang darstellen können. So ist z.B. der folgende Zusammenhang nicht linear:

$$y = x_1^{\beta_1} + e^\epsilon \tag{11.1}$$

Wir können aber einfach die Variablen logarithmieren und erhalten somit die folgende lineare Gleichung, die wir dann mit OLS schätzen können:

$$\ln(y) = \ln(x_1)\beta_1 + \epsilon$$

Ein Beispiel für einen solchen Zusammenhang findet sich an Abbildung 11.1b und c.

Insgesamt hat das lineare Regressionsmodell kein Problem mit nichtlinearen Transformationen für die abhängigen Variablen wie $\ln(x_i)$. Nur der funktionale Zusammenhang muss linear sein. Auch die folgende Spezifikation ist dementsprechend kompatibel mit A1, da nur die abhängigen Variablen in einer nichtlinearen Transformation vorkommen:¹

$$y = x_1\beta_1 + x_2^2\beta_2 + \epsilon$$

Daher sprechen wir häufig davon, dass mit OLS zu schätzende Zusammenhänge *linear in den Parametern* sein müssen - nicht notwendigerweise linear per se. Ein Beispiel für einen nichtlinearen Zusammenhang, den wir auch nicht durch eine entsprechende Transformation linearisieren könnten wäre dagegen z.B. durch folgende Gleichung gegeben:

$$y = x_1\beta_1 + x_2^{\beta_2} + \epsilon$$

Ein Beispiel für einen solchen Zusammenhang findet sich an Abbildung 11.1. Wir werden uns später im Kapitel mit der Frage beschäftigen welche funktionalen Transformationen besonders hilfreich sind, nichtlineare Zusammenhänge in die lineare Form zu bringen.

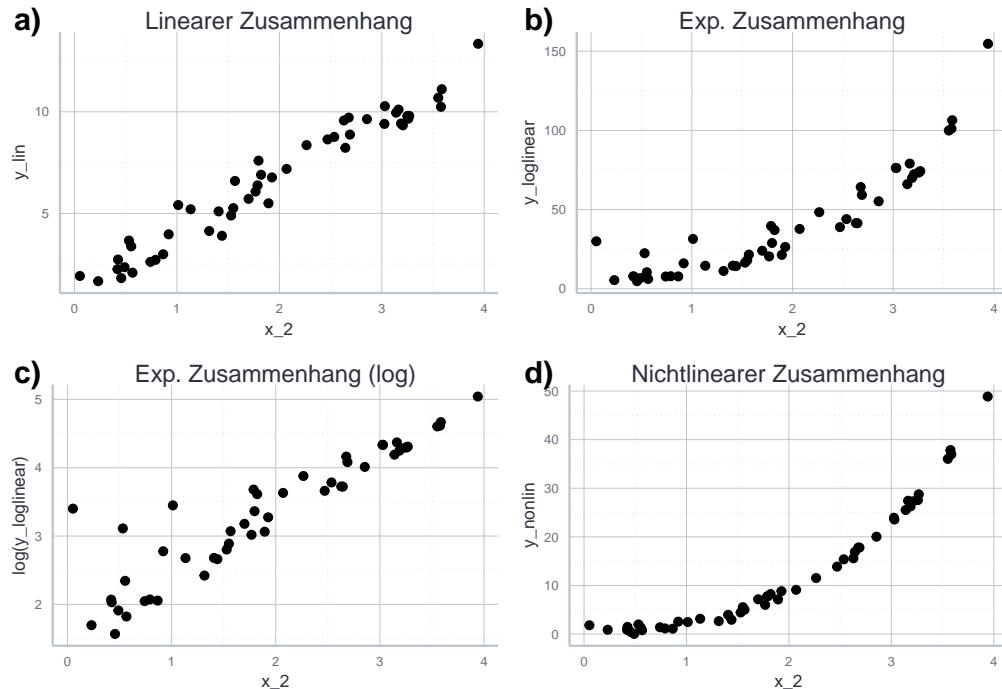


Figure 11.1: Lineare und nichtlineare Zusammenhänge.

A2: Exogenität der unabhängigen Variablen

Die Annahme kombiniert die beiden Annahmen, die wir im vorigen Kapitel unter dem Titel “Unabhängigkeit der Fehler mit den erklärenden Variablen” und “Erwartungswert der Fehler gleich Null” kennen gelernt haben. In der fortgeschrittenen Literatur ist die Referenz zur Exogenität der unabhängigen Variablen gebräuchlicher. Formal können wir schreiben:

$$\mathbb{E} [\epsilon|x] = 0$$

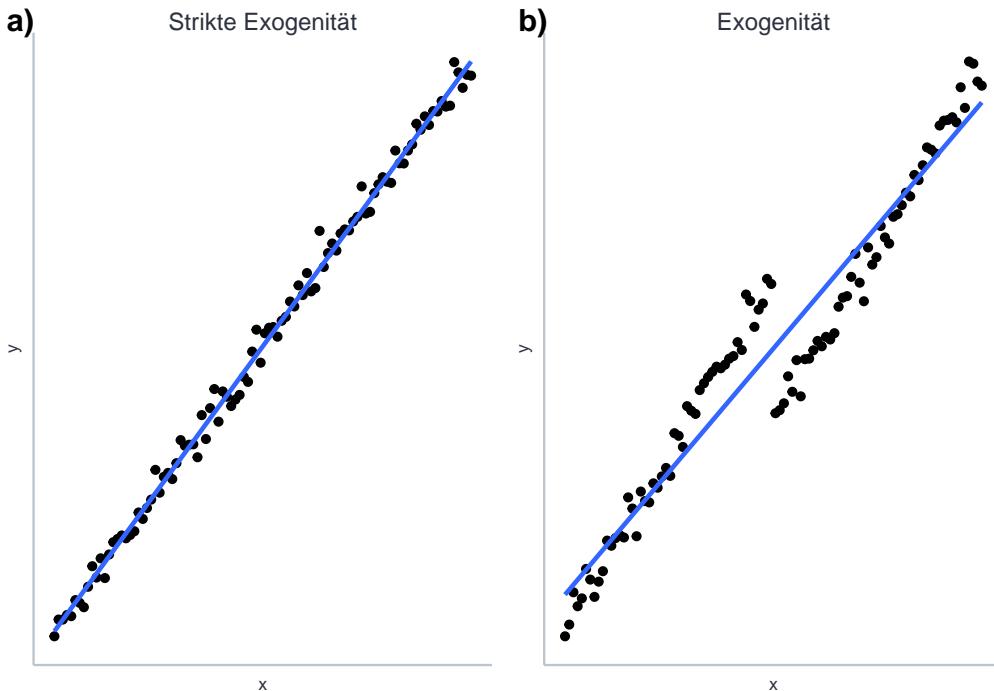
Daher kommt der Begriff “Exogenität”: Die unabhängigen Variablen enthalten keine Informationen über die Fehlerterreine. Mit Informationen über x können wir die Fehler des Modells also nicht vorhersagen - denn x ist *exogen*. Man

¹Das ist insofern auch logisch, da wir ja einfach eine neue Variable $z = x_2^2$ erstellen und diese dann als unabhängige Variable in der Regression verwenden könnten. Dann würde noch nicht einmal der Anschein der Nichtlinearität erweckt obwohl die Werte der unabhängigen Variablen die gleichen wären.

kann übrigens formal zeigen, dass $\mathbb{E}[\epsilon|x] = 0$ auch impliziert dass $\mathbb{E}[\epsilon] = 0$.² Der bedingte Erwartungswert von Null impliziert also den unbedingten Erwartungswert von Null - aber nicht umgekehrt.

Manchmal wird daher auch eine noch strengere Annahme verwendet: *strikte Exogenität*. Darunter verstehen wir die Annahme, dass $\mathbb{E}[\epsilon_i|X] = 0$ bzw. für alle ϵ_i : $\mathbb{E}[\epsilon|X] = 0$. Hier nehmen wir sogar an, dass jeder einzelne Fehlerterm auch mit den unabhängigen Variablen für andere Beobachtungen nicht korreliert. Das impliziert, dass $\text{Cov}(\epsilon_i, x) = 0 \forall i$.

Bedingter vs. unbedingter Erwartungswert der Fehler Auf den ersten Blick klingt es komisch, dass der bedingte Erwartungswert der Fehler von Null, $\mathbb{E}[\epsilon|x] = 0$, den unbedingten Erwartungswert von Null, $\mathbb{E}[\epsilon] = 0$, impliziert, aber nicht andersherum. Abbildung ?? illustriert dieses Problem.



In Plot a) in Abbildung ?? haben wir einen bedingten Erwartungswert von Null, also $\mathbb{E}[\epsilon|x] = 0$: für jede beliebige Beobachtung in x ist der Erwartungswert der Fehler Null. Entsprechend ist der Erwartungswert für alle Fehler zusammen auch Null: $\mathbb{E}[\epsilon] = 0$. In Plot b) aus Abbildung ?? ist der bedingte Erwartungswert nicht Null: $\mathbb{E}[\epsilon|x] \neq 0$ für die untere Hälfte der Beobachtungen in x ist der Erwartungswert 1, für die obere Hälfte der Beobachtungen ist der Erwartungswert -1 . Für die gesamten Daten ergibt sich dabei auch ein Erwartungswert von 0, also $\mathbb{E}[\epsilon] = 0$, allerdings eben *nicht* für jede einzelne Beobachtung. Häufig tritt diese Problem bei quadratischen Zusammenhängen auf.

Wichtig ist festzuhalten, dass dies eine Annahme über nicht zu beobachtende Größen darstellt: die tatsächlichen Fehlerterme ϵ können wir in der Praxis nicht beobachten. Wir sprechen daher auch von einer Annahme über die *Population*. Alles was wir aus der Population direkt beobachten können ist eine Stichprobe. Und innerhalb der Stichprobe können wir als Annäherung der Fehlerterme ϵ die Residuen e berechnen. Die ‘echten’ Fehlerterme können wir aber nicht beobachten.

A3: Keine perfekte Multikollinearität

Die Annahme, dass die unabhängigen Variablen nicht linear voneinander abhängig sind ist notwendig damit der OLS Schätzer $\hat{\beta} = (X'X)^{-1}(X'Y)$ überhaupt berechnet werden kann. Denn wären zwei oder mehrere unabhängige Variablen linear abhängig könnten wir von X keine Inverse X^{-1} bilden und der OLS Schätzer von β wäre nicht *identifizierbar*. Häufig wird diese Annahme auch in ‘Matrzensprache’ formuliert. Dann sprechen wir von der Annahme, dass die Matrix X *vollen Rang* hat. Damit ist aber das gleiche gemeint. Die Annahme impliziert zudem, dass $n \geq k$ und dass es eine gewisse Variation in den unabhängigen Variablen gibt. All das ist in der Praxis aber

²Wen der Beweis interessiert wird in Greene (2018) fündig.

immer erfüllt - nur mit dem Problem der nicht perfekten Multikollinearität - also der Situation wo die abhängigen Variablen stark miteinander korrelieren - müssen wir uns häufig herumschlagen. Doch dazu später mehr.

A4: Konstante Varianz und keine Autokorrelation der Fehlerterme

Vorher hatten wir diese beiden Annahmen als separate Annahmen formuliert. In der Literatur werden sie jedoch oft zusammengefasst, weil sich beide Annahmen um die Struktur der *Varianz-Kovarianz-Matrix* einer Schätzung drehen. Für eine Schätzung mit n Beobachtungen handelt es sich dabei um eine $n \times n$ -Matrix, auf deren Hauptdiagonalen die Varianzen der Fehlerterme und in den sonstigen Elementen die Kovarianzen der einzelnen Fehlerpaare gesammelt sind. Für den Fall von zwei unabhängigen Variablen hätten wir also folgende Varianz-Kovarianz Matrix:

$$\begin{pmatrix} \text{Var}(\epsilon_1|X) & \text{Cov}(\epsilon_1, \epsilon_2|X) \\ \text{Cov}(\epsilon_2, \epsilon_1|X) & \text{Var}(\epsilon_2|X) \end{pmatrix}$$

Die Annahme der konstanten Varianz - oder "Homoskedastizität" - bezieht sich also auf die Hauptdiagonale der Varianz-Kovarianz-Matrix und sagt:

$$\text{Var}(\epsilon_i|X) = \sigma^2 \quad \forall i$$

Die Annahme nichtautokorrelierter Fehler bezieht sich dann auf die Elemente außerhalb der Hauptdiagonalen der Varianz-Kovarianz-Matrix und sagt:

$$\text{Cov}(\epsilon_i, \epsilon_j|X) = 0 \quad \forall i \neq j$$

Bei den Fehlertermen ϵ_i handelt es sich ja im Zufallsvariablen. Aufgrund der Definition der Varianz und A2, gemäß derer gilt, dass $\mathbb{E}(\epsilon|X) = 0$, bekommen wir für die Varianz der Fehler:

$$\begin{aligned} \text{Var}(\epsilon_i|X) &= \mathbb{E} [(\epsilon_i - \mathbb{E}(\epsilon_i|X))^2 | X] \\ &= \mathbb{E} [\epsilon_i^2 - 2\epsilon_i \mathbb{E}(\epsilon_i|X) + \mathbb{E}(\epsilon_i|X)^2 | X] \\ &= \mathbb{E} [\epsilon_i^2 | X] = \mathbb{E} [\epsilon_i \epsilon_i | X] \end{aligned}$$

Die zweite Zeile ergibt sich dabei aus der *zweiten binomischen Formel*. Für die Kovarianz gilt entsprechend:

$$\begin{aligned} \text{Cov}(\epsilon_i, \epsilon_j|X) &= \mathbb{E} [(\epsilon_i - \mathbb{E}(\epsilon_i|X)) (\epsilon_j - \mathbb{E}(\epsilon_j|X)) | X] \\ &= \mathbb{E} [(\epsilon_i \epsilon_j - \epsilon_i \mathbb{E}(\epsilon_j|X) - \epsilon_j \mathbb{E}(\epsilon_i|X) + \mathbb{E}(\epsilon_j|X) \mathbb{E}(\epsilon_i|X)) | X] \\ &= \mathbb{E} [\epsilon_i \epsilon_j | X] \end{aligned}$$

Hier haben wir in der zweiten Zeile die *dritte binomische Formel* verwendet.

Daher kann die Annahme von Homoskedastizität und keiner Autokorrelation auch folgendermaßen ausgedrückt werden:

$$\mathbb{E}(\epsilon \epsilon' | X) = \begin{pmatrix} \mathbb{E}(\epsilon_1 \epsilon_1 | X) & \mathbb{E}(\epsilon_1 \epsilon_2 | X) & \dots & \mathbb{E}(\epsilon_1 \epsilon_n | X) \\ \mathbb{E}(\epsilon_2 \epsilon_1 | X) & \mathbb{E}(\epsilon_2 \epsilon_2 | X) & \dots & \mathbb{E}(\epsilon_2 \epsilon_n | X) \\ \vdots & & & \\ \mathbb{E}(\epsilon_n \epsilon_1 | X) & \mathbb{E}(\epsilon_n \epsilon_2 | X) & \dots & \mathbb{E}(\epsilon_n \epsilon_n | X) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma^2 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sigma^2 & \dots & 0 \\ \vdots & & & \\ 0 & 0 & \dots & \sigma^2 \end{pmatrix}$$

oder zusammengefasst:

$$\mathbb{E}(\epsilon \epsilon' | X) = \sigma^2 I$$

Alternativ wird die Annahme auch mit Referenz auf die Varianz-Kovarianz-Matrix Ω angegeben: $\Omega = \sigma^2 I$.

A5: Normalverteilung der Fehlerterme:

Die letzte typischerweise gemachte Annahme ist die der Normalverteilung der Fehlerterme, bedingt wie immer auf die unabhängigen Variablen:

$$\epsilon|X \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$$

Diese Annahme ist weniger zentral als die anderen Annahmen, weswegen sie häufig als ‘optional’ bezeichnet wird. Der Grund dafür ist, dass die gleich eingeführten Eigenschaften des OLS-Schätzers der *Erwartungstreue*, *Effizienz* und *Konsistenz* nicht von der Korrektheit von A5 abhängen. Vielmehr erleichtert diese Annahme die Durchführung der Hypothesentests, die dem Konzept der statistischen Signifikanz zugrunde liegen (siehe Abschnitt 10.3.2 in Kapitel 10).

11.1.2 Erwartungstreue, Effizienz und Konsistenz

Unter den oben beschriebenen Annahmen weist der Schätzer $\hat{\beta}$ drei wichtige Eigenschaften auf: (1) er ist *erwartungstreu* und (2) er ist *effizient*, auch in kleinen Stichproben. In großen Stichproben ist er zudem (3) *konsistent*. Alle Eigenschaften beziehen sich auf die *Verteilung* von $\hat{\beta}$ (wie im [einführenden Kapitel](#) beschrieben handelt es sich bei $\hat{\beta}$ ja um eine Zufallsvariable).

Ohne die Konzepte schon formal eingeführt zu haben wollen dennoch bereits an dieser Stelle festhalten, dass für die Erwartungstreue nur A1 und A2 relevant sind. Annahmen A4 und A5 sind nur für Inferenz und Standardfehler sowie die Effizienz von Bedeutung. A3 ist wie oben beschrieben notwendig, damit der OLS Schätzer überhaupt identifizierbar ist.

Unter **Erwartungstreue** verstehen wir die Eigenschaft, dass der Schätzer im Mittel den ‘wahren Wert’ β trifft, also $E(\hat{\beta}) = \beta$. Der Schätzvorgang ist also nicht systematisch verzerrt. Das bedeutet natürlich nicht, dass dies für eine *einzelne* Schätzung gilt $\hat{\beta} = \beta$, aber dass β der wahrscheinlichste Wert für $\hat{\beta}$ ist. Oder technisch: das Mittel unendlich vieler Schätzungen mit $\hat{\beta}$ ist gleich β .

Diese Eigenschaft des OLS-Schätzers wird in Abbildung 11.2 illustriert.

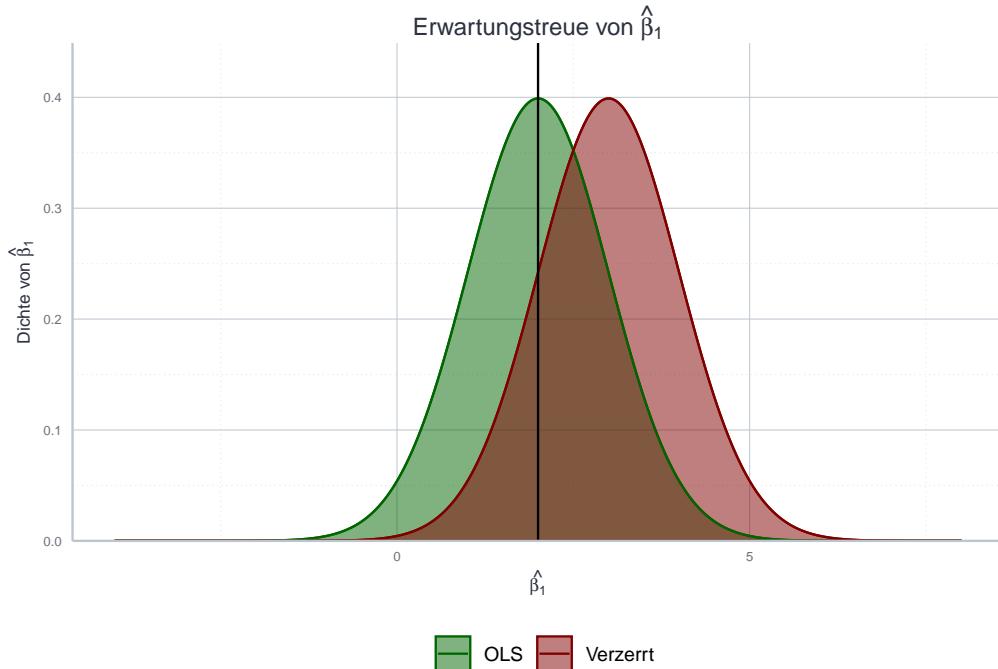


Figure 11.2: Erwartungstreue von $\hat{\beta}$ unter Annahmen 1 bis 3.

Wir können beweisen, dass $\hat{\beta}$ unter Annahmen A1, A2 und A3 erwartungstreu ist. Dies gilt unabhängig der Stichprobengröße und unabhängig davon ob Annahmen A4 und A5 erfüllt sind. Der mathematische Beweis findet

sich im Anhang 11.10 (siehe Theorem 11.10.1).

Wie oben bereits erwähnt resultiert daraus natürlich nicht, dass für jede einzelne Schätzung der Wert des Schätzers $\hat{\beta}$ gleich dem wahren Wert β ist. Jede Schätzung ist aufgrund der Fehler immer mit Unsicherheit behaftet. Diese Unsicherheit können wir über die Varianz des Schätzers $\hat{\beta}$ messen: je größer die Varianz desto größer die Unsicherheit für die einzelne Schätzung. Wir können die Varianz einer Schätzung auch ausrechnen und als Standardfehler der Schätzer angeben. R gibt uns diese Werte immer automatisch mit aus. Wie die Schätzer hergeleitet und geschätzt werden können Sie über Theorem 11.10.2 und 11.10.3 im Anhang 11.10 nachvollziehen.

Besonders relevant ist in diesem Kontext die Eigenschaft der **Effizienz**. Unter *Effizienz* verstehen wir die Eigenschaft, dass es keinen alternativen Schätzer für β gibt, der eine geringere Varianz aufweist. Effizienz ist dabei ein *relatives Maß*: ein Schätzer ist effizienter als ein anderer, wenn seine Varianz geringer ist und für den Schätzer $\hat{\beta}$ gilt, dass es unter A1-A4 *keinen* anderen linearen erwartungstreuen Schätzer gibt, der noch effizienter ist als $\hat{\beta}$.

Die Eigenschaft der Effizienz wird in folgender Abbildung 11.3 illustriert.

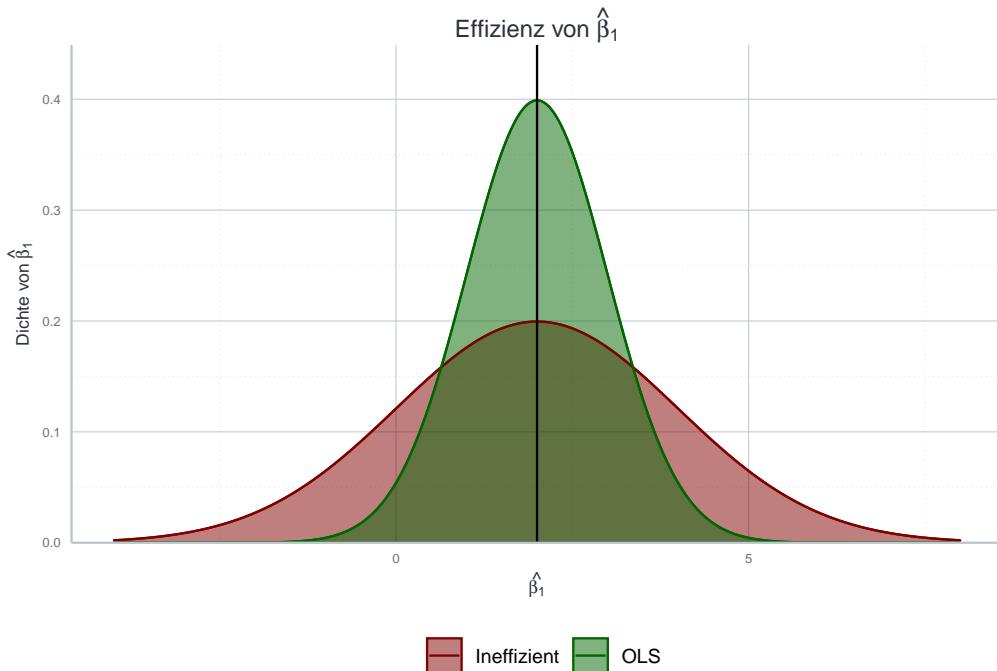


Figure 11.3: Effizienz von $\hat{\beta}$ unter Annahmen 1 bis 4.

Da wir hier die zugrundeliegenden Daten selbst herstellen wissen wir, dass für den wahren Wert gilt $\beta_1 = 2.0$. Um die Effizienz des OLS-Schätzers beweisen zu können reichen Annahmen A1-A3 nicht aus: hierfür benötigen wir auch die Annahme A4: Konstante Varianz und keine Autokorrelation der Fehlerterme. Unter Annahmen A1-A4 gilt die Effizienz des OLS-Schätzers auch unabhängig von der Stichprobengröße. Für den Beweis siehe Theorem 11.10.4 im Anhang.

Dass die Eigenschaften der Erwartungstreue und Effizienz beim OLS-Schätzer unabhängig von der Stichprobengröße gelten ist eine tolle Sache. Solche stichprobenunabhängigen Beweise funktionieren in realen Settings, in denen bestimmte Annahmen leicht verletzt sind und die zu schätzenden Funktionen komplexer werden, häufig nicht. Daher versucht man Eigenschaften von Schätzern wenigstens für große Stichproben zu beweisen. Diese Beweise sind wegen bestimmten Gesetzen wie dem *Gesetz der großen Zahl* oder dem *Zentralen Grenzwertsatz* oft deutlich einfacher. Wie sprechen dann von *asymptotischen Eigenschaften*, da sie für den Schätzer zutreffen wenn die Stichprobengröße gegen Unendlichkeit wächst.

Allerdings bleibt dann unklar welche Eigenschaften der Schätzer in kleinen Stichproben tatsächlich hat. Auch ab welcher Größe eine Stichprobe als "groß" gilt kann nicht ohne Weiteres beantwortet werden. Um die Schätzereigenschaften für kleine Stichproben zu untersuchen bleibt dann nur die Methode der *Monte Carlo Simulation*, die weiter unten eingeführt wird.

Vorher wollen wir jedoch die wichtigste Eigenschaft von Schätzern für große Stichproben anhand des OLS-Schätzers

einführen: die **Konsistenz**. Ein konsistenter Schätzer trifft im Mittel den wahren Wert und seine Varianz geht mit wachsender Stichprobengröße gegen Null. Wir können also sagen, dass unsere Schätzungen bei wachsender Stichprobengröße immer genauer wird.

Der Unterschied zwischen Erwartungstreue und Konsistenz Auf den ersten Blick erscheinen die beiden Konzepte eng verwandt, weil beide eine Aussage über den Erwartungswert des OLS-Schätzers treffen. Allerdings gilt die Erwartungstreue unabhängig von der Stichprobengröße: auch in kleinen Stichproben gilt, dass $\mathbb{E}(\hat{\beta}) = \beta$. Die Konsistenz dagegen bezieht sich auf das Verhalten des OLS-Schätzers wenn die Stichprobe immer größer wird. Darüber hinaus macht die Konsistenz auch eine Aussage über die Größe der Varianz des Schätzers: diese geht bei immer größeren Stichproben gegen Null. Das heißt bei sehr großen Stichproben können wir auch bei einer einzelnen Schätzung davon ausgehen, dass wir den wahren Wert ziemlich genau treffen. Eine solche Aussage können wir aus der Erwartungstreue nicht ableiten: dass wir im Mittel den wahren Wert treffen macht *überhaupt keine* Aussage über die einzelne Schätzung. Auch die Eigenschaft der Effizienz ist hier nur bedingt hilfreich, weil sie nur besagt, dass der OLS-Schätzer der Schätzer mit der *geringsten* Varianz ist - aber nicht *wie gering* diese Varianz ist. Manchmal ist auch die geringste Varianz sehr groß.

Formal drücken wir dies unter Verwendung von Grenzwerten aus:

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \mathbb{P}(|\hat{\beta} - \beta| > \epsilon) = 0$$

wobei ϵ hier eine beliebig kleine Zahl ist.

Wenn wir asymptotische Eigenschaften ausdrücken wollen verwenden wir häufig den Operator plim . Das steht für *probability limit* und drückt die Idee der letzten Formel aus: das *probability limit* einer ZV ist der Wert auf den diese ZV bei unendlich vielen Ziehungen konvergiert wird. Wir sagen dann auch: die ZV konvergiert stochastisch gegen einen Wert.³ Oder formal:

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \mathbb{P}(|X_N - X| > \epsilon) = 0$$

Wir können die Idee der letzten Gleichung also auch folgendermaßen ausdrücken:

$$\text{plim}(\hat{\beta}) = \beta$$

In der klassischen statistischen Analyse betrachten wir Erwartungstreue als eine notwendige Eigenschaft: wir möchten in der Regel keine Schätzer verwenden, deren geschätzte Werte systematisch von dem wahren Wert abweichen. Es sei an dieser Stelle jedoch bereits erwähnt, dass es sinnvolle Ausnahmen von dieser Regel geben kann, nämlich dann wenn wir große Zugewinne an Effizienz für kleine Abstriche in der Erwartungstreue 'erkaufen' können.

In der Literatur wird diese Fragestellung unter dem Stichwort *bias-variance trade-off* diskutiert und ist vor allem dann relevant, wenn Sie mit Ihrem Regressionsmodell Vorhersagen treffen wollen. Weitergehende Informationen dazu finden Sie in der [weiterführenden Literatur](#). An dieser Stelle wollen wir uns aber zunächst auf die erwartungstreuen (und konsistenten) Schätzer konzentrieren, da dies tatsächlich auch die am weitesten verbreiteten Schätzmethoden sind.

11.1.3 Abweichungen von den OLS Annahmen

Wenn alle Annahmen des OLS-Schätzers erfüllt sind können wir also ohne Bedenken die Parameter unseres statistischen Modells mit der klassischen OLS Methode schätzen. Aber was ist wenn eine Annahme nicht erfüllt ist?

Im Folgenden wollen wir uns diesem Problem annähern indem wir die folgenden Fragen für die verschiedenen Annahmen anhand der folgenden vier Leitfragen diskutieren: (1) Unter welchen praktisch relevanten Situationen kann die Annahme verletzt sein? (2) Wie können wir testen ob die Annahme verletzt ist? (3) Was sind die Konsequenzen wenn die Annahme verletzt ist? (4) Was können wir tun um trotz verletzter Annahme konsistente und möglichst effiziente Schätzer zu bekommen?

³Eigentlich ist plim noch allgemeiner definiert, für die Anwendungen in der Ökonometrie ist diese Definition aber ausreichend. Wundern Sie sich aber nicht, wenn Sie in manchen mathematischen Texten leicht andere Definitionen finden.

Diese Fragen sind in der Praxis nicht einfach zu beantworten. Ein Grund dafür ist, dass wir die ‘wahren Werte’ der zu schätzenden Parameter in der Regel nicht beobachten können. Da wir zudem den ‘wahren’ datenerzeugenden Prozess nicht kennen, können wir nie mit Sicherheit sagen, ob eine bestimmte Annahme verletzt ist oder nicht.

Dennoch gibt es zwei Möglichkeiten die relevanten Informationen zu den Schätzern zu bekommen: zum einen können wir häufig mathematisch beweisen, dass ein Schätzer erwartungstreu oder effizient ist. Ein Beispiel dafür ist der Beweis der Erwartungstreue des OLS-Schätzers [hier](#) oder der Beweis der Effizienz des OLS-Schätzers [hier](#). Dies ist aber nicht immer möglich und manchmal auch recht aufwendig und wenig intuitiv.

Die zweite Möglichkeit ist die Analyse von Schätzern mit Hilfe von künstlichen Datensätzen und so genannten *Monte Carlo Simulationen* (MCS). Bei einer MCS definieren wir unseren datenerzeugenden Prozess selbst und erstellen dann einen künstlichen Datensatz, an dem wir dann die Eigenschaften von Schätzern untersuchen können. Diese Vorgehensweise ist zwar weniger ‘sicher’ als ein mathematischer Beweis aber häufig intuitiver und in vielen Fällen tatsächlich auch die einzige Möglichkeit, insbesondere wenn wir Schätzereigenschaften für kleine Stichproben analysieren wollen. Daher wird diese Methode im Folgenden kurz beschrieben und später für die Illustration der Folgen von verletzten Annahmen verwendet.

11.1.4 Monte Carlo Simulationen in R

Der Ablauf einer Monte Carlo Simulation ist immer der Folgende:

1. Definiere das zu untersuchende Merkmal des datenerzeugenden Prozesses
2. Formalisiere den datenerzeugenden Prozess als Funktion
3. Erstelle viele künstliche Stichproben für das zu untersuchende Merkmal; erstelle dabei eine Kontrollgruppe in der das zu untersuchende Merkmal nicht vorhanden ist und eine Testgruppe mit dem Merkmal und wende den zu untersuchenden Schätzer auf die künstlichen Stichproben an
4. Analysiere die Verteilung des Schätzers für die Kontrollgruppe und die Testgruppe
5. Interpretiere die Ergebnisse

Wir erstellen also selbst einen datenerzeugenden Prozess und untersuchen dann das Verhalten des uns interessierenden Schätzers im Kontext dieses datenerzeugenden Prozesses. Wenn wir z.B. untersuchen möchten welchen Effekt Heteroskedastie auf den OLS Schätzer hat dann erstellen wir künstliche Datensätze über einen datenerzeugenden Prozess in den wir Heteroskedastie eingebaut haben und über einen Prozess für den wir wissen, dass er durch Homoskedastie gekennzeichnet ist. Dann schätzen wir ein Modell jeweils für die beiden Prozesse und vergleichen die Eigenschaften des OLS-Schätzers. Somit können wir Rückschlüsse auf die Implikationen von Heteroskedastie schließen.

Im Folgenden wollen wir die Methode der Monte Carlo Simulation über genau dieses Beispiel einführen.

1. Schritt: Definition des zu untersuchenden Merkmals

Wie gerade beschrieben möchten wir untersuchen welchen Effekt Heteroskedastie auf die Eigenschaften des OLS Schätzers hat. Das zu untersuchende Merkmal des datenerzeugenden Prozesses ist also *Heteroskedastie*.

2. Schritt: Formalisierung des datenerzeugenden Prozesses

Wir formalisieren jetzt einen datenerzeugenden Prozess, der alle Annahmen des OLS Schätzers erfüllt außer ggf. der Annahme der Homoskedastie. Der Einfachheit halber wollen wir einen Prozess mit einer erklärenden Variable erstellen, also einen Prozess, der durch folgende Gleichung beschrieben werden kann:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \epsilon$$

wobei wir annehmen, dass $\epsilon \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$ und σ^2 im Falle der Kontrollgruppe konstant (Fall der Homoskedastie) und im Falle der Testgruppe variabel ist (Fall der Heteroskedastie).

Wir definieren also folgende Funktion, die für gegebene Werte für β_0 und β_1 und ein gegebenes X eine Stichprobe erstellt indem y gemäß des Modells $y = \beta_0 + \beta_1 x + \epsilon$ künstlich hergestellt wird.

```
dgp <- function(x1, beta0, beta1, hetero=FALSE){
  y <- rep(NA, length(x1))
  sd_hetero <- 0.25 * x1
  sd_homo <- mean(sd_hetero)
```

```

if (hetero){
  errors <- rnorm(n = length(x1), mean = 0,
                  sd = sd_hetero)
} else {
  errors <- rnorm(n = length(x1), mean = 0,
                  sd = sd_homo
                  )
}
for (i in 1:length(x1)){
  y[i] <- beta0 + beta1*x1[i] + errors[i]
}
final_data <- dplyr::tibble(y=y, x1=x1, errors=errors)
return(final_data)
}

```

3. Schritt: Künstlichen Datensatz erstellen und Schätzer darauf anwenden

Wir simulieren nun das Ziehen einer Stichprobe aus dem künstlich erstellten datengenerierenden Prozess (DGP) indem wir jeweils 1000 Beobachtungen kreieren. Da das Ziehen einer Stichprobe immer ein Zufallsprozess ist erstellen wir 1000 Stichproben und wenden darauf dann jeweils unseren OLS-Schätzer an. Die geschätzten Koeffizienten und Standardfehler speichern wir in einer Liste, da wir sie später dann analysieren wollen.

Dazu definieren wir die folgende Funktion:

```

mcs <- function(n_stichproben,
                 x1, wahres_b0, wahres_b1, schaetzgleichung,
                 heterosk=FALSE){
  schaetzung_b1 <- rep(NA, n_stichproben)
  stdfehler_b1 <- rep(NA, n_stichproben)
  for (i in 1:n_stichproben){
    # Stichprobe ziehen:
    stichprobe <- dgp(x1 = x1, beta0 = wahres_b0,
                      beta1 = wahres_b1,
                      hetero = heterosk)

    # Parameter schätzen:
    schaetzung <- summary(
      lm(formula = schaetzgleichung,
          data = stichprobe)
    )

    # Relevante Werte speichern:
    schaetzung_b1[i] <- schaetzung$coefficients[2]
    stdfehler_b1[i] <- schaetzung$coefficients[4]
  }
  # In einer Tabelle zusammenfassen:
  Fall_Bezeichnung <- ifelse(heterosk, "Heteroskedastie", "Homoskedastie")
  ergebnisse <- dplyr::tibble(
    b1_coef=schaetzung_b1,
    b1_stdfehler_b1,
    Fall=rep(Fall_Bezeichnung,
             n_stichproben)
  )
  return(ergebnisse)
}

```

Damit können wir die Simulation sehr einfach für die beiden relevanten Fälle ausführen.

Wir definieren nun die Parameter und die wahren Werte. Hierbei ist es wichtig, die Funktion `set.seed` zu verwenden. Das ist wichtig um unsere Monte Carlo Simulation reproduzierbar zu machen, denn mit `set.seed` setzen wir die Anfangsbedingungen für den Zufallszahlen-Generator von R. Das bedeutet, dass wir für den gleichen Seed immer

die gleichen Zufallszahlen produzieren und somit unsere Simulationsergebnisse immer vollständig reproduzierbar bleiben.

```
set.seed("1234")
n_stichproben <- 250
n_beobachtungen <- 1000
x_data <- runif(n = n_beobachtungen, min = 1, max = 10)
wahres_b0 <- 1
wahres_b1 <- 2
schaetzgleichung <- as.formula("y~x1")

set.seed("1234")
homosc_results <- mcs(1000, x_data,
                       wahres_b0, wahres_b1,
                       schaetzgleichung, heterosk = F)
hetero_results <- mcs(1000, x_data,
                       wahres_b0, wahres_b1,
                       schaetzgleichung, heterosk = T)
full_results <- rbind(homosc_results, hetero_results)
```

4. Schritt: Vergleichende Analyse der Schätzereigenschaften

Als erstes wollen wir die Ergebnisse grafisch analysieren. Zu diesem Zweck visualisieren wir in Abbildung 11.4 die Verteilung der geschätzten Werte für β_1 und zeichnen zudem den wahren Wert ein:

```
beta_1_plot <- ggplot2::ggplot(data = full_results,
                               mapping = aes(x=b1_coef, color=Fall, fill=Fall)) +
  ggplot2::geom_density(alpha=0.5) +
  ggplot2::scale_y_continuous(expand = expand_scale(c(0, 0), c(0, 0.05))) +
  ggplot2::scale_x_continuous(limits = c(1.7, 2.2), expand = c(0,0)) +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = wahres_b1) +
  ggplot2::ylab(TeX("Dichte von $\hat{\beta}_1$")) +
  ggplot2::xlab(TeX("$\hat{\beta}_1$")) +
  ggplot2::ggtitle(TeX("Verteilung von $\hat{\beta}_1$")) +
  ggplot2::scale_color_manual(values = c("Homoskedastie"="#006600",
                                         "Heteroskedastie"="#800000"),
                             aesthetics = c("color", "fill")) +
  icaeDesign::theme_icae()

beta_1_plot
```

Wie wir sehen ändert die Verletzung der Homoskedastie-Annahme nichts an der Erwartungstreue des Schätzers: im Mittel trifft der Schätzer den wahren Wert β_1 ! Allerdings nimmt die Genauigkeit ab, da die Streuung um den wahren Wert herum im heteroskedastischen Fall zunimmt!

Wir wollen nun in Abbildung ?? noch untersuchen wie sich Heteroskedastie auf die Standardfehler der Regression auswirkt.

```
beta_1_stdf_plot
```

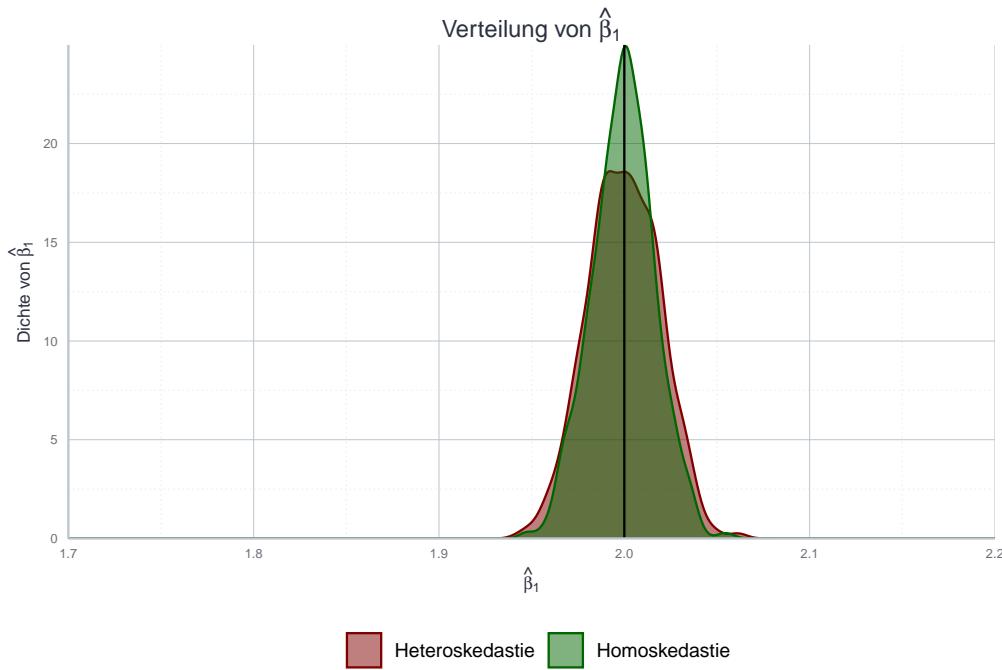
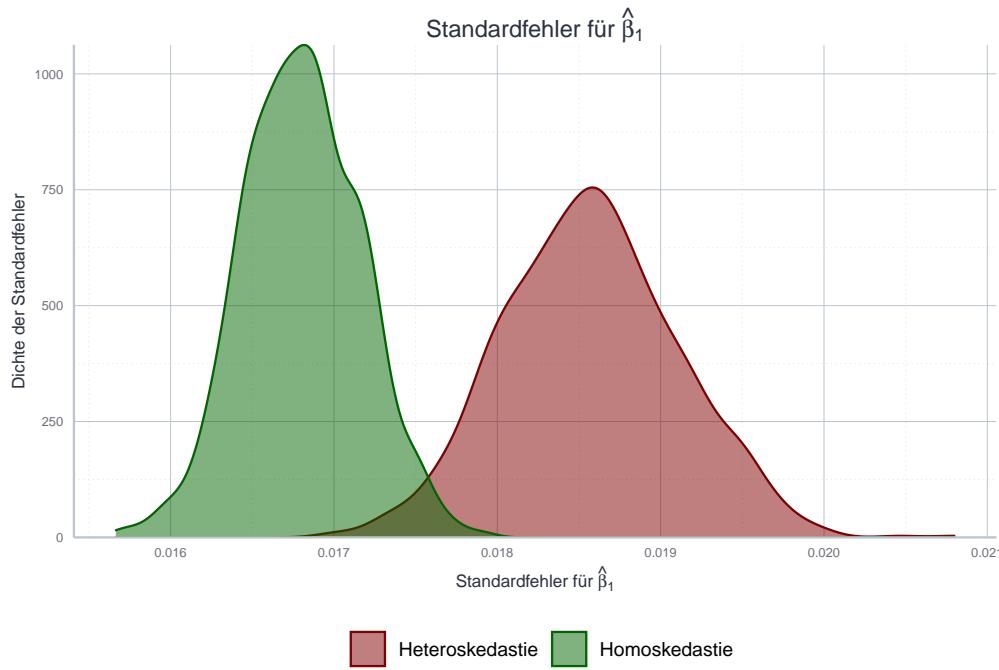


Figure 11.4: Vergleich der Verteilung der mit Monte Carlo geschätzten Werte für β_1 mit dem wahren Wert.



Wie wir sehen weichen die Standardfehler im heteroskedastischen Fall deutlich von denen im homoskedastischen Fall ab! Welche Standardfehler sind nun die richtigen?

Ohne auf die mathematische Herleitung genauer einzugehen (siehe dazu Kapitel 4 in Greene (2018)) wollen wir dennoch festhalten, dass die geschätzten Standardfehler unter Heteroskedastie *falsch* sind. Wir können ohne eine Korrektur also keine Aussagen über die Schätzunsicherheit und Signifikanz der Ergebnisse treffen.

Das alles bedeutet zwar, dass der OLS Schätzer auch im Falle von Heteroskedastie noch erwartungstreu ist, allerdings die Genauigkeit des Schätzers sinkt und die Standardfehler falsch berechnet werden. Da der Fokus hier auf der Beschreibung der Monte Carlo Simulationsmethode lag werden wir uns mit den möglichen Lösungen erst später befassen.

Im Folgenden werden wir nun einen weiteren Blick auf verschiedene OLS Annahmen werfen und besprechen wie die jeweilige Annahme geprüft werden kann und was im Falle einer Verletzung zu tun wäre.

11.2 Heteroskedastie

Wie oben beschrieben bedeutet Heteroskedastie, dass die Varianz der Fehlerterme nicht konstant ist.

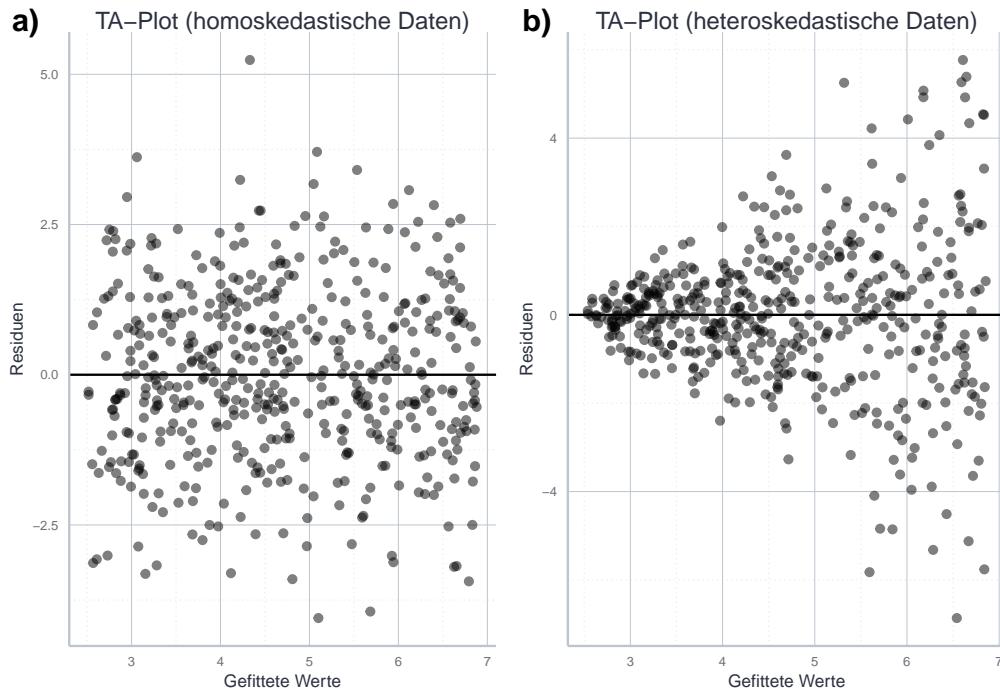
11.2.1 Liegt Heteroskedastie vor? {advlin-hetero-test}

Heteroskedastie kann grafisch oder über statistische Tests identifiziert werden. Um Heteroskedastie grafisch zu identifizieren verwenden wir den *Tukey-Anscombe-Plot*, in dem wir auf der x-Achse die gefüllten Werte \hat{Y} und auf der y-Achse die Residuen e abbilden. Siehe dazu Abbildung ???. Für die Konstruktion der Abbildung sollten Sie beachten, dass die gefüllten Werte und die Residuen einer Schätzung immer im der durch `lm()` produzierten Liste gespeichert werden. Gehen wir mal davon aus, dass Sie Ihr Schätzobjekt folgendermaßen definiert haben:

```
schaetzung <- lm(y ~ x + y, data = daten)
```

Dann können Sie auf die gefüllten Werte \hat{Y} über `schaetzung[["fitted.values"]]` und auf die Residuen über `schaetzung[["residuals"]]` zugreifen.

Warum überhaupt eine Residuenanalyse? Die Residuen werden häufig herangezogen wenn es um die Überprüfung der OLS-Annahmen geht. Letztere beziehen sich nämlich insbesondere auf die Fehlerterme des Modells. Da die Fehlerterme jedoch eine Populationsgröße sind und dementsprechend nicht beobachtbar sind, nehmen wir häufig ihr Stichproben-Pendant um die Annahmen zu überprüfen - und dieses Stichproben-Pendant sind eben die Residuen. Dennoch ist es extrem wichtig nie zu vergessen, dass die Residuen nur eine Approximation der Fehler sind und es durchaus der Fall sein kann, dass die Residuen nicht auffällig sind, aber dennoch eine Annahme über die Fehler nicht erfüllt sein kann.



Im Optimalfall ist die Varianz der Residuen konstant. Das scheint in Abbildung (a) der Fall zu sein: die Residuen streuen recht zufällig um die Mittelwert 0 herum. In diesem Fall besteht wenig Grund zur Annahme, dass Heteroskedastizität vorliegt. Anders in Abbildung (b): hier wird die Varianz nach rechts klar größer. Das lässt große Zweifel an der Annahme der Homoskedastizität aufkommen. Denn wenn die Residuen keine konstante Varianz aufweisen tun es die Fehler wahrscheinlich auch nicht.

In der Praxis ist es sinnvoll zusätzlich zur grafischen Inspektion noch statistische Tests zu verwenden. Hier gibt es ein breites Angebot an Tests. Viele davon sind in dem Paket `lmtest` (Zeileis and Hothorn, 2002) gesammelt. Wir

gehen auf die mathematische Herleitung der Tests hier nicht ein. Genauere Informationen finden Sie in den später angegebenen weiterführenden Quellen.

Häufig verwendet wird z.B. der **Breusch-Pagan Test**, den wir mit der Funktion `bptest()` durchführen können. Diese Funktion nimmt als einziges zwingendes Argument das Regressionsobjekt. Die weiteren Argumente sollten wir im Normalfall auf den Standardwerten belassen.

Die Nullhypothese des Breusch-Pagan Tests ist Homoskedastie. Wir führen zunächst den Test für den homoskedastischen Fall aus, wobei `schaetzung_homo` das von `lm()` produzierte Objekt ist:

```
bptest(schaetzung_homo)
```

```
#>
#> studentized Breusch-Pagan test
#>
#> data: schaetzung_homo
#> BP = 0.0067387, df = 1, p-value = 0.9346
```

Wir können H_0 (also die Hypothese der Homoskedastie) nicht ablehnen da $p > 0.05$. Nun führen wir den Test für den heteroskedastischen Fall aus:

```
bptest(schaetzung_hetero)
```

```
#>
#> studentized Breusch-Pagan test
#>
#> data: schaetzung_hetero
#> BP = 88.513, df = 1, p-value < 2.2e-16
```

Wir können H_0 (also die Hypothese der Homoskedastie) hier klar ablehnen.

Ein ebenfalls häufig verwendeter Test ist der **Goldfeld-Quandt Test**. Dieser wird mit der Funktion `gqtest()` durchgeführt und hat mehr Freiheitsgrade als der Breusch-Pagan Test: hier testen wir die Hypothese ob die Fehlervarianz in einem Bereich der Daten größer oder kleiner ist als in einem anderen Bereich. Standardmäßig wird der Datensatz dabei in zwei gleich große Teile geteilt, aber der Trennpunkt kann mit dem Argument `point` theoretisch beliebig gewählt werden, genauso wie der Anteil der Daten um den Trennpunkt, die ausgeschlossen werden sollen (Argument `fraction`). Zudem können wir über das Argument `alternative` wählen ob für steigende, sinkende oder andere Varianz getestet werden soll. Diese Wahlmöglichkeiten erhöhen die Power des Tests - wenn wir denn theoretisch gut begründete Werte wählen können. Ansonsten ist es am besten die Standardwerte zu verwenden und den Test mit anderen Tests und grafischen Methoden zu ergänzen.

Wir verwenden zunächst den Test mit der Standardspezifikation:

```
gqtest(schaetzung_homo)
```

```
#>
#> Goldfeld-Quandt test
#>
#> data: schaetzung_homo
#> GQ = 0.98576, df1 = 248, df2 = 248, p-value = 0.5449
#> alternative hypothesis: variance increases from segment 1 to 2
```

Für den homoskedastischen Fall kann H_0 (Homoskedastie) also nicht abgelehnt werden.

```
gqtest(schaetzung_hetero)
```

```
#>
#> Goldfeld-Quandt test
#>
#> data: schaetzung_hetero
#> GQ = 0.79606, df1 = 248, df2 = 248, p-value = 0.9635
#> alternative hypothesis: variance increases from segment 1 to 2
```

Komischerweise muss H_0 auch für den heteroskedastischen Fall nicht verworfen werden. Hätten wir aber für sinkende Varianz getestet, hätte H_0 abgelehnt werden können:

```
gqtest(schaetzung_hetero, alternative = "less")
```

```
#>
#> Goldfeld-Quandt test
#>
#> data: schaetzung_hetero
#> GQ = 0.79606, df1 = 248, df2 = 248, p-value = 0.03655
#> alternative hypothesis: variance decreases from segment 1 to 2
```

Das zeigt die potenzielle Schwäche des GQ-Tests. Wenn wir uns nicht sicher sind ob wir für steigende oder sinkende Varianz testen sollen bietet sich natürlich immer auch der zweiseitige Test an, der aber über eine verminderte Power verfügt, im vorliegenden Falle aber dennoch das richtige Ergebnis liefert:

```
gqtest(schaetzung_hetero, alternative = "two.sided")
```

```
#>
#> Goldfeld-Quandt test
#>
#> data: schaetzung_hetero
#> GQ = 0.79606, df1 = 248, df2 = 248, p-value = 0.0731
#> alternative hypothesis: variance changes from segment 1 to 2
```

Wir lernen aus diesen Ergebnissen, dass wir immer mit verschiedenen Methoden auf Heteroskedastie testen sollten und immer sowohl grafische als auch quantitative Tests verwenden sollten. Für den Fall, dass unsere Daten Heteroskedastie aufweisen sollte dann eine der im folgenden beschriebenen Strategien als Reaktion auf Heteroskedastie umgesetzt werden.

11.2.2 Reaktionen auf Heteroskedastie

Aus unseren Vorüberlegungen können wir Folgendes festhalten:

1. Der OLS-Schätzer ist auch unter Heteroskedastie erwartungstreu
2. Der OLS-Schätzer ist weiterhin konsistent
3. Die Varianz des OLS-Schätzers ist unter Heteroskedastie größer und der Schätzer ist nicht mehr effizient
4. Die Standardfehler unter Heteroskedastie sind nicht mehr korrekt.

Daraus ergibt sich, dass wir in jedem Fall die Standardfehler korrigieren müssen. Darüber hinaus können wir uns überlegen ob wir es bei der Korrektur belassen und die geschätzten Werte des Standard OLS-Schätzers weiterhin verwenden, da der Schätzer ja weiterhin erwartungstreu und konsistent ist, oder ob wir sogar gleich ein alternatives Schätzverfahren implementieren um die Effizienz des Schätzers zu steigern.

Für den ersten Fall korrigieren wir ‘einfach’ die Standardfehler des OLS-Schätzers, verwenden aber die alten geschätzten Koeffizienten weiter. Im zweiten Fall verwenden wir die Schätzmethode der *Generalized Least Squares* um nicht nur die Standardfehler zu korrigieren sondern auch die Parameter neu zu schätzen.

Welchen Fall sollten wir verwenden? Wie gesagt ist der OLS Schätzer weiterhin konsistent. Das bedeutet, dass wir in großen Stichproben eigentlich kein Problem haben. In kleinen Stichproben kann die Verwendung dagegen Effizienzverluste mit sich bringen - aber keinen Verlust der Erwartungstreue. Beim GLS Verfahren schätzen wir die Varianzstruktur. Das funktioniert gut, wenn wir große Stichproben haben. Gerade da ist aber die Verwendung der OLS Schätzers aufgrund seiner Konsistenz gar kein Problem. In kleinen Stichproben ist die Schätzung der Varianz dagegen problematisch, solange wir keine theoretischen Restriktionen einführen können. Insofern ist die sinnvolle Anwendung von GLS eher gering, weswegen wir uns im Folgenden darauf beschränken robuste Standardfehler einzuführen.

Die am weitesten verbreitete Korrektur der Standardfehler sind *White's robuste Standardfehler*.⁴ Um diese in R zu berechnen bedarf es zweier Schritte. Zunächst verwenden wir die Funktion `vcovHC()` aus dem Paket `sandwich`

⁴Die mathematischen Grundlagen behandeln wir hier nicht, sie werden aber in der weiterführenden Literatur erläutert, z.B. in Kapitel 4 von [Greene \(2018\)](#).

(Zeileis, 2004) um eine korrigierte Varianz-Kovarianz-Matrix zu berechnen. Diese Funktion nimmt als notwendiges Argument das Regressionsobjekt. Darüber hinaus können wir über das Argument `type` die genaue Berechnungsmethode festlegen. Mehr Infos dazu findet sich z.B. in der Hilfefunktion. Hier verwenden wir die am häufigsten verwendete Verion "HC1":

```
var_covar_matrix <- vcovHC(schaetzung_hetero, type = "HC1")
var_covar_matrix

#>              (Intercept)      x1
#> (Intercept)  0.018596906 -0.004287583
#> x1          -0.004287583  0.001130885
```

Dann können wir die Funktion `coeftest()` aus dem Paket `lmtest` verwenden um die korrigierten Standardfehler zu erhalten:

```
coeftest(schaetzung_hetero, vcov. = var_covar_matrix)
```

```
#>
#> t test of coefficients:
#>
#>           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 2.047718  0.136370 15.016 < 2.2e-16 ***
#> x1          0.482333  0.033629 14.343 < 2.2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Diese unterscheiden sich offensichtlich von den nicht-korrigierten Standardfehlern:

```
summary(schaetzung_hetero)
```

```
#>
#> Call:
#> lm(formula = schaetzgleichung, data = stichprobe_hetero)
#>
#> Residuals:
#>   Min     1Q Median     3Q    Max
#> -6.8628 -0.8143 -0.0055  0.7927  5.7683
#>
#> Coefficients:
#>           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 2.0477    0.1753   11.68 <2e-16 ***
#> x1          0.4823    0.0291   16.58 <2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 1.657 on 498 degrees of freedom
#> Multiple R-squared:  0.3556, Adjusted R-squared:  0.3543
#> F-statistic: 274.8 on 1 and 498 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Beachten Sie, dass die korrigierten Standardfehler zwar häufig größer sind, dies aber nicht notwendigerweise der Fall sein muss!

11.3 Autokorrelation

Wir sprechen von Autokorrelation wenn die Fehlerterme in der Regression untereinander korreliert sind. Wie bei der Heteroskedastizität ist die Varianz-Kovarianz Matrix eine andere als ursprünglich angenommen: im Falle der Heteroskedastizität lag die Abweichung auf der Hauptdiagonalen, also der Varianz der einzelnen Fehlerterme, die nicht wie laut A4 konstant ist. Im Falle der Autokorrelation liegt das Problem abseits der Hauptdiagonale, bei den Kovarianzen der einzelnen Fehler. Standardmäßig nehmen wir an, dass diese Kovarianz gleich Null ist, in der Praxis ist diese Annahme möglicherweise nicht erfüllt.

Besonders häufig tritt Autokorrelation auf, wenn wir mit Zeitreihendaten arbeiten. Denn dann ist es sogar sehr plausibel, dass die Fehler einer Beobachtung in t mit denen aus der Vorperiode $t-1$ zusammenhängen. Entsprechend groß ist die Literatur zur Autokorrelation in der Zeitreihenanalyse und Panel-Schätzung. Auch wenn Zeitreihenanalysen und Panel-Schätzungen hier nicht weiterführend diskutiert werden ist es hilfreich sich die Folgen von Autokorrelation auch jetzt schon anzusehen.

11.3.1 Folgen von Autokorrelation

Wir wissen zwar von der Herleitung des OLS-Schätzers bereits, dass Autokorrelation keinen Einfluss auf die Erwartungstreue des Schätzers hat, wir wollen aber dennoch die Folgen von Autokorrelation durch eine kleine Monte Carlo Simulation (MCS) illustrieren.

Dazu erstellen wir zunächst einen künstlichen Datensatz in dem die Fehler unterschiedlich stark miteinander korreliert sind.

Um die Variablen mit vorher spezifizierter Korrelation zu erstellen verwenden wir wieder die Funktion `mvrnorm` aus dem Paket **MASS** (Venables and Ripley, 2002). Eine genauere Erläuterung findet sich [hier](#).

Das Ergebnis der Simulation lässt sich in Abbildung 11.5 ablesen.

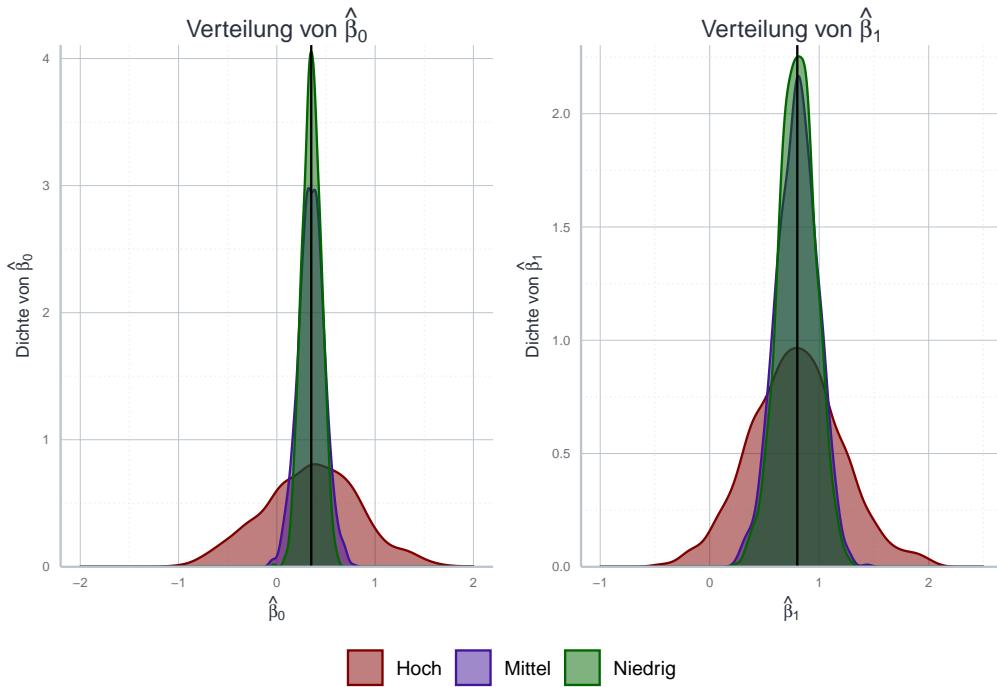


Figure 11.5: Folgen der Autokorrelation mit Bezug auf Erwartungstreue und Effizienz anhand von Monte Carlo Simulationen.

Wie erwartet bleiben die Schätzer erwartungstreu, büßen aber deutlich an Effizienz ein wenn die Autokorrelation größer wird. Betrachten wir nun noch die geschätzten Standardfehler in Abbildung 11.6.

Wie bei der Heteroskedastie hat Autokorrelation einen großen Einfluss auf die geschätzten Standardfehler. Da auch hier geschätzten Standardfehler falsch sind müssen wir entsprechend kontrollieren.

11.3.2 Testen auf Autokorrelation

Wie bei der Heteroskedastie sollten wir auch beim Testen auf Autokorrelation grafische und quantitative Tests kombinieren. Für die grafische Analyse verwenden wir wie vorher den Tukey-Anscombe Plot der Residuen (siehe Abschnitt ??). Die Idee ist, dass wenn in den ‘echten’ Fehlern Autokorrelation vorherrscht wir das auch in den Residuen beobachten können. Abbildung 11.7 verdeutlicht, wie wir Autokorrelation in den entsprechenden Abbildungen erkennen können.

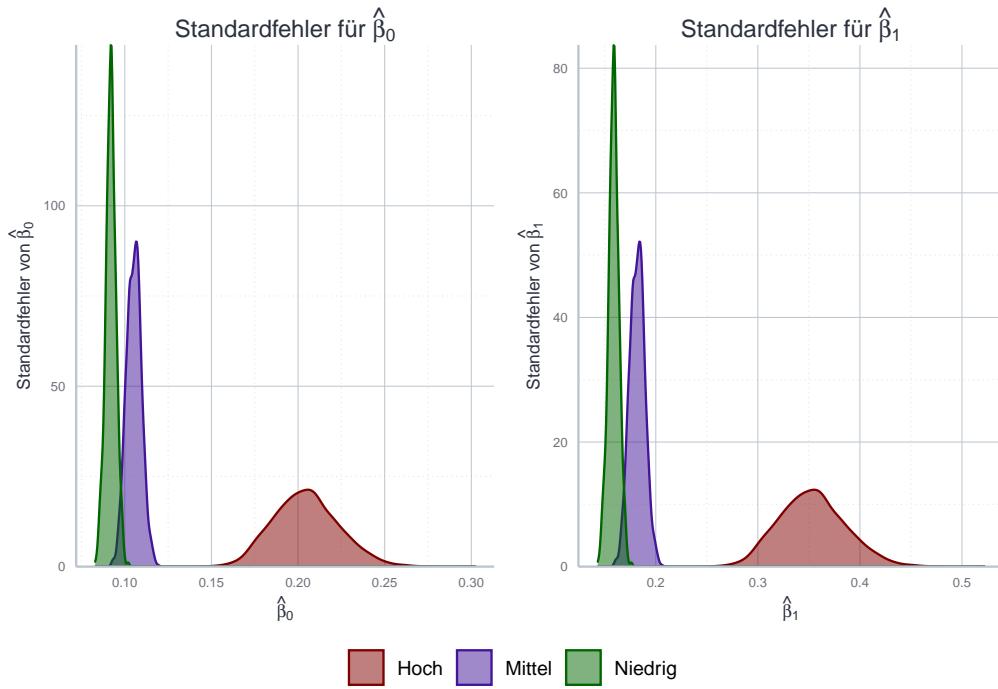


Figure 11.6: Folgen der Autokorrelation mit Bezug auf Standardfehler anhand von Monte Carlo Simulationen.

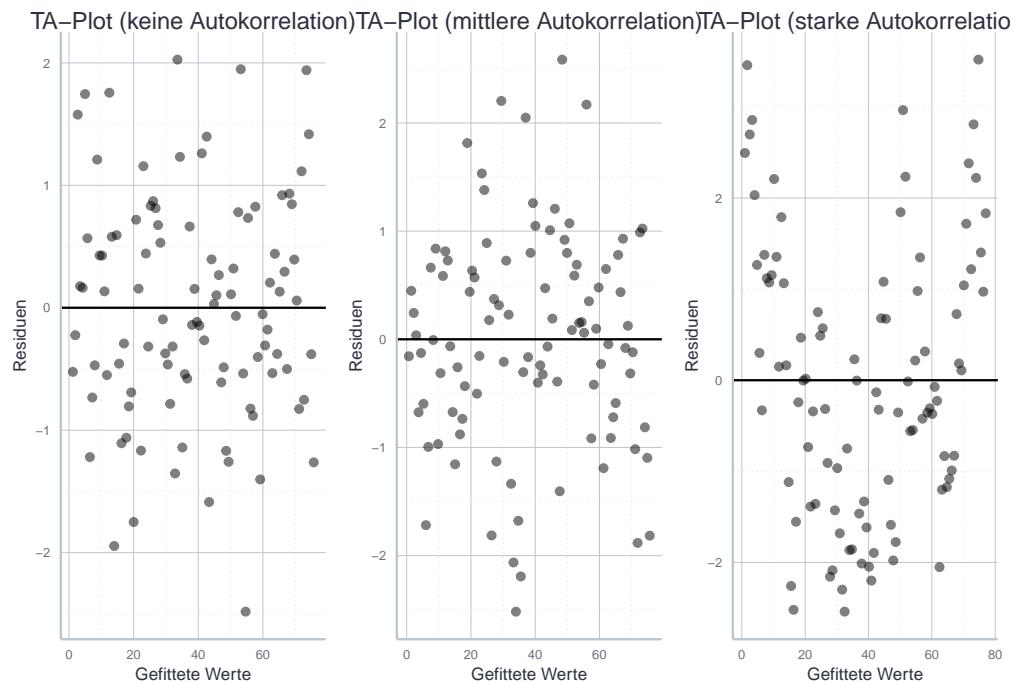


Figure 11.7: Unterschiedlich starke Autokorrelation im Tukey-Anscombe Plot.

Gerade bei Anwendungen außerhalb der Zeitreihenökonometrie ist Autokorrelation aber grafisch nicht so einfach zu identifizieren. Dennoch ist gerade bei der starken Autokorrelation offensichtlich, dass die Kovarianz der Fehler nicht gleich Null ist.

Die vielen Arten von Autokorrelation Das Problem beim Testen auf Autokorrelation ist, dass die Fehler natürlich auf sehr viele Arten miteinander korreliert sein können. In Zeitreihen beobachten wir häufig einen so genannten *autoregressiven Prozess*, bei dem die Fehler in t folgendermaßen bestimmt sind: $\epsilon_t = \rho\epsilon_{t-1} + u$, wobei $u \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$. Es sind aber natürlich viele weitere Möglichkeiten denkbar, was es schwierig macht *allgemeine* Tests für Autokorrelation zu entwickeln. Wenn wir aufgrund von theoretischen Überlegungen eine bestimmte Struktur der Autokorrelation vermuten, können wir spezialisierte Tests verwenden, die über deutlich größere Power verfügen als allgemeine Tests.

Es gibt diverse Tests für Autokorrelation, die für jeweils unterschiedliche Settings besonders gut oder weniger gut geeignet sind. Insofern macht es Sinn sich für den konkreten Anwendungsfällen die am besten passenden Tests herauszusuchen und immer mehr als einen Test zu verwenden. Im Folgenden werden einige prominente Tests vorgestellt.

Häufig verwendet wird der *Box-Pierce*, bzw. *Ljung-Box* Test, welche die H_0 keiner Autokorrelation testen. Sie unterscheiden sich in der genauen Berechnung der Teststatistik und können als Alternativhypothese eine Autokorrelation von unterschiedlichen Graden testen. Mit unterschiedlichen Graden meinen wir die Anzahl der Lags, also der Verzögerungen, zwischen den Beobachtungen, deren Fehler noch miteinander korreliert sind. Standardmäßig testen wir gegen eine Autokorrelation mit Grad 1, allerdings können je nach Anwendungsfällen auch höhere Grade sinnvoll sein.

Die Funktion `Box.test()` kann verwendet werden um diese Tests durchzuführen. Das erste Argument sind immer die Residuen der zu untersuchenden Regression, mit dem Argument `type` wird dann der Test ("Box-Pierce" oder "Ljung-Box") ausgewählt und mit `lag` der Grad der Autokorrelation. Entsprechend testen wir folgendermaßen auf eine Autokorrelation mit Grad 1:

```
Box.test(mid_acl$residuals, lag = 1, type = "Box-Pierce")
```

```
#>
#> Box-Pierce test
#>
#> data: mid_acl$residuals
#> X-squared = 9.5899, df = 1, p-value = 0.001957
```

bzw.:

```
Box.test(mid_acl$residuals, lag = 1, type = "Ljung-Box")
```

```
#>
#> Box-Ljung test
#>
#> data: mid_acl$residuals
#> X-squared = 9.8805, df = 1, p-value = 0.00167
```

In beiden Fällen muss H_0 abgelehnt werden. Wir müssen also von Autokorrelation ausgehen!

Ein anderer bekannter Test auf Autokorrelation ist der *Durbin-Watson Test*, der allerdings nicht besonders robust ist. Wir können diesen Test mit der Funktion `dwttest()` aus dem Paket `lmtest` implementieren. Dazu übergeben wir als erstes Argument das Schätzobjekt der zu überprüfenden Schätzung:

```
dwttest(small_acl)
```

```
#>
#> Durbin-Watson test
#>
#> data: small_acl
#> DW = 1.9569, p-value = 0.3741
#> alternative hypothesis: true autocorrelation is greater than 0
```

H_0 des DW-Tests ist keine Autokorrelation. Im aktuellen Fall können wir H_0 (keine Autokorrelation) nicht ablehnen und wir brauchen uns keine Gedanken über Autokorrelation machen. Allerdings können wir die Alternativhypothese des Tests selbst über das Argument `alternative` festlegen. Wir haben dabei die Wahl zwischen verschiedenen Strukturen der Autokorrelation, nämlich ob die Fehler in zukünftigen Beobachtungen *positive* (`alternative="greater"`) oder *negativ* (`alternative="less"`) von dem Fehler in der aktuellen Beobachtung abhängen. Sind wir uns unsicher wählen wir am besten einen zweiseitigen Test (`alternative="two.sided"`). Wie immer ist die Power des Tests größer wenn wir H_1 restriktiver wählen.

Im folgenden Beispiel ist die tatsächliche Autokorrelation positiv. Die Rolle der gewählten H_1 wird so deutlich:

```
dwtest(mid_acl, alternative = "greater")
```

```
#>
#> Durbin-Watson test
#>
#> data: mid_acl
#> DW = 1.3469, p-value = 0.0003333
#> alternative hypothesis: true autocorrelation is greater than 0
```

Hier gibt der Test also korrektermaßen Autokorrelation an. Testen wir dagegen gegen die ‘falsche’ H_1 :

```
dwtest(mid_acl, alternative = "less")
```

```
#>
#> Durbin-Watson test
#>
#> data: mid_acl
#> DW = 1.3469, p-value = 0.9997
#> alternative hypothesis: true autocorrelation is less than 0
```

In diesem Fall wird keine entsprechende Autokorrelation gefunden. Im Zweifel ist daher der zweiseitige Test vorzuziehen:

```
dwtest(mid_acl, alternative = "two.sided")
```

```
#>
#> Durbin-Watson test
#>
#> data: mid_acl
#> DW = 1.3469, p-value = 0.0006667
#> alternative hypothesis: true autocorrelation is not 0
```

Hier wird H_0 wieder korrektermaßen verworfen.

Zuletzt wollen wir noch den *Breusch-Godfrey Test* einführen, der als relativ robust und breit anwendbar gilt. Er wird mit der Funktion `bgtest()` aus dem Paket `lmtest` durchgeführt. Hier wird als erstes Argument wieder das Regressionsobjekt übergeben. Als Spezifikationsalternativen können wir wiederum den höchsten Grad der zu testenden Autokorrelation (Argument `order`) und die Art der Teststatistik (Argument `type`) auswählen.

Zum Beispiel:

```
bgtest(mid_acl, order = 1, type = "F")
```

```
#>
#> Breusch-Godfrey test for serial correlation of order up to 1
#>
#> data: mid_acl
#> LM test = 10.702, df1 = 1, df2 = 97, p-value = 0.001483
```

Oder:

```
bgtest(mid_acl, order = 1, type = "Chisq")
```

```
#>
```

```
#> Breusch-Godfrey test for serial correlation of order up to 1
#>
#> data: mid_acl
#> LM test = 9.9367, df = 1, p-value = 0.00162
```

Insgesamt bedarf die richtige Wahl des Tests einige theoretische Überlegungen für den Anwendungsfall und wir sollten uns nicht auf das Ergebnis eines einzelnen Tests verlassen!

11.3.3 Reaktionen auf Autokorrelation

Falls wir Autokorrelation in den Residuen finden sollten wir aktiv werden und die Standardfehler unserer Schätzung äquivalent zur Heteroskedastie korrigieren. Da der Schätzer selbst weiterhin erwartungstreu ist können wir die OLS-Schätzer als solche weiterverwenden. Effizienzgewinne sind durch alternative Schätzverfahren möglich, werden hier aber nicht weiter verfolgt.

Das Vorgehen ist dabei quasi äquivalent zum Fall der Heteroskedastie. Wir berechnen wieder zunächst eine robuste Varianz-Kovarianzmatrix mit der Funktion `vcovHAC()` aus dem Paket `sandwich` und korrigieren dann die Standardfehler mit der Funktion `coeftest()` und dem Paket `lmtest`. Beachten Sie, dass die resultierenden Standardfehler robust sowohl gegen Heteroskedastie als auch Autokorrelation sind.

```
var_covar_matrix <- vcovHAC(large_acl)
coeftest(large_acl, vcov. = var_covar_matrix)

#>
#> t test of coefficients:
#>
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 0.186245   0.919704  0.2025   0.8399
#> x           0.768353   0.015084 50.9371   <2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Diese unterscheiden sich offensichtlich von den nicht-korrigierten Standardfehlern:

```
summary(large_acl)

#>
#> Call:
#> lm(formula = y ~ x, data = dgp_acl(0.5, 0.75, 1:100, 0.85))
#>
#> Residuals:
#>    Min     1Q Median     3Q    Max
#> -2.5399 -1.1799 -0.1028  1.0744  3.5191
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 0.186245   0.304383  0.612    0.542
#> x           0.768353   0.005233 146.833   <2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 1.511 on 98 degrees of freedom
#> Multiple R-squared:  0.9955, Adjusted R-squared:  0.9954
#> F-statistic: 2.156e+04 on 1 and 98 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

11.4 Multikollinearität

In den OLS-Annahmen schließen wir lediglich *perfekte Multikollinearität* aus. Diese läge vor, wenn eine erklärende Variable eine lineare Funktion einer anderen erklärenden Variable wäre. Da wir in diesem Falle die Matrix X in der

Formel für $\hat{\beta}$ nicht invertierbar, wir können $X'X\hat{\beta} = X'Y$ also nicht berechnen und der OLS Schätzer ist überhaupt nicht identifizierbar.

Es zeigt sich jedoch, dass bereits die Existenz von moderater Multikollinearität wichtige Implikationen für den OLS Schätzer hat. Wir sprechen von moderater Multikollinearität wenn zwei oder mehrere erklärende Variablen miteinander korrelieren. Wie wir sehen werden nimmt in diesem Falle die Schätzgenauigkeit ab, weswegen man die Inklusion stark miteinander korrelierter erklärenden Variablen vermeiden sollte.

11.4.1 Folgen von Multikollinearität

Gehen wir einmal von folgender Regressionsgleichung aus:

$$Y_i = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_{i1} + \hat{\beta}_2 x_{i2} + e$$

Zunächst wollen wir den Effekt von Multikollinearität per Monte Carlo Simulation ergründen. Zu diesem Zweck erstellen wir drei Datensätze: einen mit wenig, einen mit mittel und einen mit stark korrelierten erklärenden Variablen. Davon abgesehen bleiben die OLS Annahmen erfüllt. Um die Variablen mit vorher spezifizierter Korrelation zu erstellen verwenden wir wieder die Funktion `mvrnorm` aus dem Paket **MASS** (Venables and Ripley, 2002). Eine genauere Erläuterung findet sich [hier](#).

```
set.seed("123")
stichprobengroesse <- 500
r_small <- 0.0
r_mid <- 0.4
r_large <- 0.9

data_small = mvrnorm(n=stichprobengroesse, mu=c(0, 0),
                     Sigma=matrix(c(1, r_small, r_small, 1),
                                   nrow=2), empirical=TRUE)

data_mid = mvrnorm(n=stichprobengroesse, mu=c(0, 0),
                    Sigma=matrix(c(1, r_mid, r_mid, 1),
                                  nrow=2), empirical=TRUE)

data_large = mvrnorm(n=stichprobengroesse, mu=c(0, 0),
                      Sigma=matrix(c(1, r_large, r_large, 1),
                                    nrow=2), empirical=TRUE)

x_1_small = data_small[, 1]
x_1_mid = data_mid[, 1]
x_1_large = data_large[, 1]

x_2_small = data_small[, 2]
x_2_mid = data_mid[, 2]
x_2_large = data_large[, 2]

cor(x_1_small, x_2_small) # Test

#> [1] -1.929638e-16
cor(x_1_mid, x_2_mid) # Test

#> [1] 0.4
cor(x_1_large, x_2_large) # Test

#> [1] 0.9
```

Analog zum Vorgehen oben führen wir nun eine Monte Carlo Simulation durch, in der wir wiederholt Stichproben aus einem künstlich generierten Datensatz ziehen und das oben beschriebene Modell mit Hilfe von OLS schätzen. Dies führt zu der in Abbildung ?? aufgezeigten Verteilung der Schätzer.

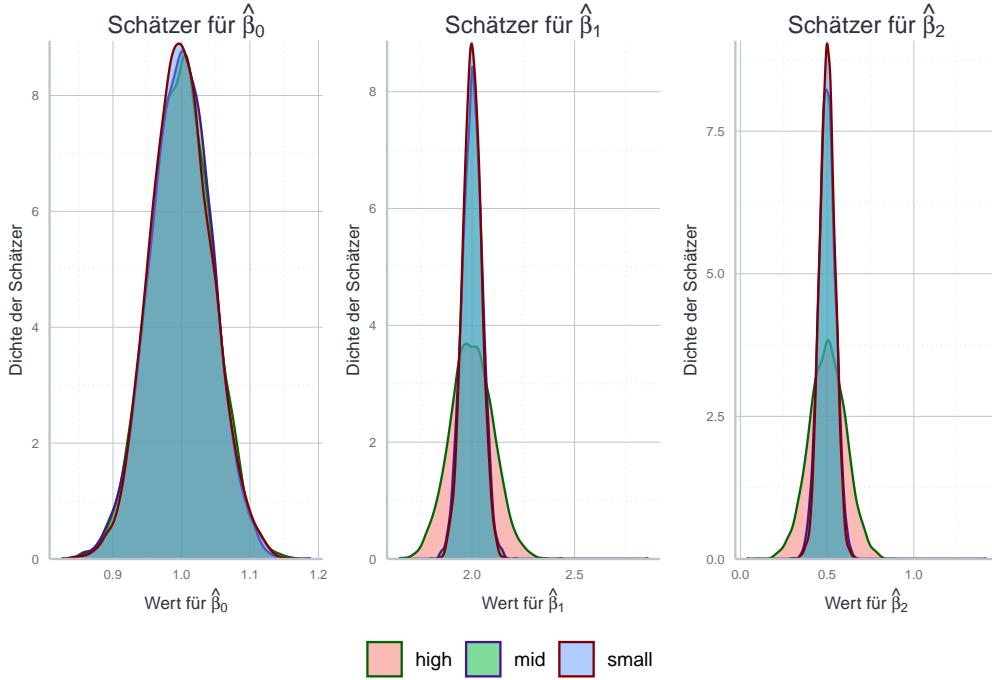


Figure 11.8: Folgen der Multikollinearität mit Bezug auf Erwartungstreue und Effizienz anhand von Monte Carlo Simulationen.

Wie wir sehen wird die Schätzgenauigkeit für die Schätzer von β_1 und β_2 deutlich reduziert! Auf den Schätzer des Achsenabschnitts hat Multikollinearität dagegen keinen Einfluss.

Auch analytisch kann der Effekt von Multikollinearität gezeigt werden. Betrachten wir dazu die folgenden *Hilfsregressionen*:

$$x_{i1} = \hat{\beta}_0^a + \hat{\beta}_3^a x_{i3} + e^a \quad (11.2)$$

$$x_{i2} = \hat{\beta}_0^a + \hat{\beta}_2^a x_{i1} + e^a \quad (11.3)$$

$$(11.4)$$

Bei k erklärenden Variablen ergeben sich die $k-1$ Hilfsregressionen durch eine Umstellung bei der wir eine erklärende Variable auf die LHS der Regressionsgleichung ziehen und alle weiteren erklärenden Variablen auf der RHS belassen. Im Folgenden bezeichnen wir mit R_h^2 das Bestimmtheitsmaß der h -ten Hilfsregression (also der Hilfsregression mit x_{ih} als abhängiger Variable).

Es kann nun gezeigt werden, dass für die Varianz des Schätzers $\hat{\beta}$ Folgendes gilt (siehe [Greene \(2018\)](#) für Details):

$$Var(\beta_h) = \frac{\sigma^2}{(1 - R_h^2) \sum_{i=1}^n (x_{ih} - \bar{x}_h)^2}$$

Hieraus wird unmittelbar ersichtlich, dass die Varianz des Schätzers steigt je größer das Bestimmtheitsmaß der Hilfsregressionen ist!

Gleichzeitig wissen wir aus den obigen Herleitungen auch, dass Multikollinearität keinen Einfluss auf die Erwartungstreue oder Effizienz des OLS-Schätzers hat. Beachten Sie, dass wir den Begriff *Effizienz* hier immer relativ verwenden: unter Multikollinearität wird der OLS-Schätzer weniger genau, aber er bleibt dennoch der genaueste Schätzer, den wir zur Verfügung haben.

11.4.2 Testen auf Multikollinearität

Da der Begriff der Multikollinearität nicht exakt definiert ist (außer für den Fall der perfekten Multikollinearität) gibt es natürlich keinen exakten Test. Die Frage welches Ausmaß an Korrelation zwischen den erklärenden Variablen akzeptabel ist, ist demnach auch immer eine individuelle Entscheidung. Es haben sich jedoch einige Faustregeln herausgebildet die zumindest hilfreich sind um festzustellen ob Multikollinearität die Größe der Standardfehler in unserer Regression erklären kann.

Zu diesem Zweck führen wir wieder die *Hilfsregressionen* von oben durch. Die Bestimmtheitsmaße R^2 dieser Hilfsregressionen geben uns einen Hinweis auf das Ausmaß der Korrelation zwischen den erklärenden Variablen. Ist eines der Bestimmtheitsmaße ähnlich groß wie das Bestimmtheitsmaß der ‘originalen’ Regression macht es Sinn sich über Multikollinearität Gedanken zu machen.

Alternativ können wir uns natürlich auch die paarweisen Korrelationen der erklärenden Variablen anschauen, allerdings berücksichtigt das nicht die Korrelation mehrerer Variablen untereinander - die Hilfsregressionen sind da der bessere Weg!

11.4.3 Reaktionen auf Multikollinearität

Grundsätzlich sollten Sie es vermeiden, stark miteinander korrierte Variablen gemeinsam als erklärende Variablen in einer Regression zu verwenden. Gleichzeitig werden wir weiter unten sehen, dass das Weglassen von Variablen schwerwiegende Konsequenzen für die Erwartungstreue des OLS-Schätzers haben kann (Stichwort *omitted variable bias*, siehe unten). Insofern müssen wir immer sehr gut überlegen ob wir eine Variable aus der Schätzgleichung eliminieren können.

Manchmal können wir die Daten transformieren um die Multikollinearität zu senken oder alternative Variablen erheben, häufig bleibt uns aber auch nichts anderes übrig als uns zu ärgern und die Kröte der Multikollinearität zu schlucken.

11.5 Vergessene Variablen

Stellen wir uns vor, der ‘wahre’ datengenerierende Prozess sähe folgendermaßen aus:

$$y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \epsilon$$

Aufgrund geistiger Umnachtung haben wir in unserem Modell x_2 aber nicht berücksichtigt. Unser geschätztes Modell ist also:

$$\hat{y} = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1 + e$$

Wir haben also eine erklärende Variable vergessen. Dies ist ein praktisch hochrelevantes Problem, denn häufig hat man relevante Variablen nicht auf dem Schirm oder es gibt zu uns relevant erscheinenden Variablen keine Daten.

Es stellt sich nun die Frage: was sind die Implikationen vergessener Variablen? Die Antwort ist recht unbequem, da wir hier nicht so glimpflich wie bisher davon kommen: im Falle vergessener Variablen ist Annahme A2 nicht mehr erfüllt und unser Schätzer $\hat{\beta}$ ist nun weder erwartungstreu noch konsistent - und zwar für alle unabhängigen Variablen in der Regression!

11.5.1 Folgen vergessener Variablen

Zunächst werden wir die Effekt von einer vergessenen Variable per Monte Carlo Simulation illustrieren. Zu diesem Zweck erzeugen wir Daten gemäß des Modells

$$y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \epsilon$$

schätzen aber nur folgende Spezifikation:

$$\hat{y} = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1 + e$$

Das Ergebnis der Simulation ist in Abbildung 11.9 ersichtlich.

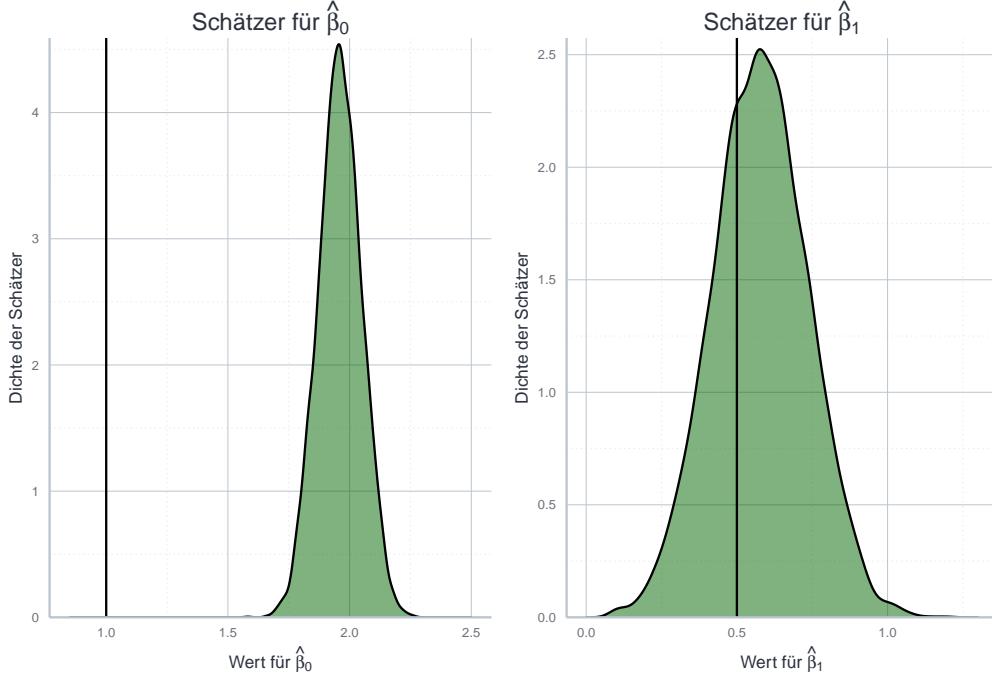


Figure 11.9: Folgen der vergessenen Variablen mit Bezug auf Erwartungstreue anhand von Monte Carlo Simulationen.

Wir sehen also, dass unsere OLS-Schätzer nun nicht mehr erwartungstreu sind! Dies können wir auch recht einfach analytisch zeigen. Nehmen wir generell an, das korrekte Modell sei gegeben durch:

$$y = X\beta + z\gamma + \epsilon$$

wobei z hier eine unabhängige Variable ist, die wir normalerweise in X inkludiert hätten, hier zu Illustrationszwecken jedoch separat angeben um zu zeigen, was passiert wenn wir diese Variable vergessen. γ ist der zugehörige zu schätzende Parameter.

Wenn wir diese Gleichung nun schätzen ohne z zu berücksichtigen bekommen wir folgenden Schätzer:

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1} X'y = \beta + (X'X)^{-1} X'z\gamma + (X'X)^{-1} X'\epsilon$$

Daraus resultiert, dass:

$$\mathbb{E}(\hat{\beta}|X, z) = \beta + (X'X)^{-1} X'z\gamma$$

Das bedeutet, dass $\hat{\beta}$ nicht erwartungstreu ist, es sei denn (1) $\gamma = 0$ oder (2) $X'z = 0$. Fall (1) würde bedeuten, dass z für die Analyse unserer abhängigen Variable gar nicht relevant wäre. Das würde bedeuten, wir hätten die Variable nicht ‘vergessen’, sondern zu Recht nicht inkludiert. Fall (2) würde bedeuten, dass z mit keiner der anderen erklärenden Variablen korreliert. Es ist sehr unwahrscheinlich, dass dies der Fall ist sollte z tatsächlich relevant für die Erklärung von y sein.

Das Vergessen relevanter Variablen führt also zu einer Korrelation der anderen unabhängigen Variablen mit dem Fehlerterm, da der Effekt von z dann im Fehlerterm steckt und dieser dann mit den anderen unabhängigen Variablen korreliert. Zudem gilt, dass $\mathbb{E}(\epsilon) \neq 0$. Das alles geht mit einem Verlust der Erwartungstreue und auch der Konsistenz des Schätzers einher. Daher können wir die Verzerrung auch durch eine Vergrößerung der Stichprobe nicht beheben.

11.5.2 Testen auf vergessene Variablen

Da wir den wahren datenerzeugenden Prozess nicht kennen ist es unmöglich direkt zu testen ob wir eine relevante Variable vergessen haben. Es gibt einen möglichen Test, der die Verwendung von *Instrumentenvariablen* einschließt - ein Thema, das wir später behandeln werden - allerdings basiert auch dieser Test dann wiederum auf nicht zu testenden Annahmen.

Insgesamt müssen wir uns hier also vor allem auf unsere theoretischen Überlegungen verlassen: wir müssen überlegen welche Variablen einen Einfluss auf unsere zu erklärende Variable haben könnten und diese Variablen müssen dann auf die eine oder andere Weise in der Regression berücksichtigt werden!

11.5.3 Reaktion auf vergessene Variablen

Das ist diesmal einfach: fügen Sie ‘einfach’ die relevanten Variablen zu Ihrer Regression hinzu. Wenn Sie dazu keine Daten haben hilft Ihnen allerhöchstens die Verwendung von *Instrumentenvariablen*.⁵

11.6 Falsche funktionale Form

Eine zentrale Annahme des linearen Regressionsmodells ist die Linearität des datenerzeugenden Prozesses (A1). Wenn diese Annahme verletzt ist wäre unser Schätzer weder erwartungstreu noch konsistent.

Wir haben aber auch gelernt, dass die Annahme der Linearität sich nur auf die *Parameter* bezieht. Das bedeutet, dass bestimmte nicht-lineare Zusammenhänge durchaus mit OLS geschätzt werden können, wenn wir die Daten entsprechend transformieren. Dies geschieht durch die Wahl der funktionalen Form. Am besten wir illustrieren dies durch ein univariates Beispiel.

So ist auf den ersten Blick ersichtlich, dass der Zusammenhang zwischen BIP und Konsumausgaben direkt linear ist, siehe Abbildung 11.10.

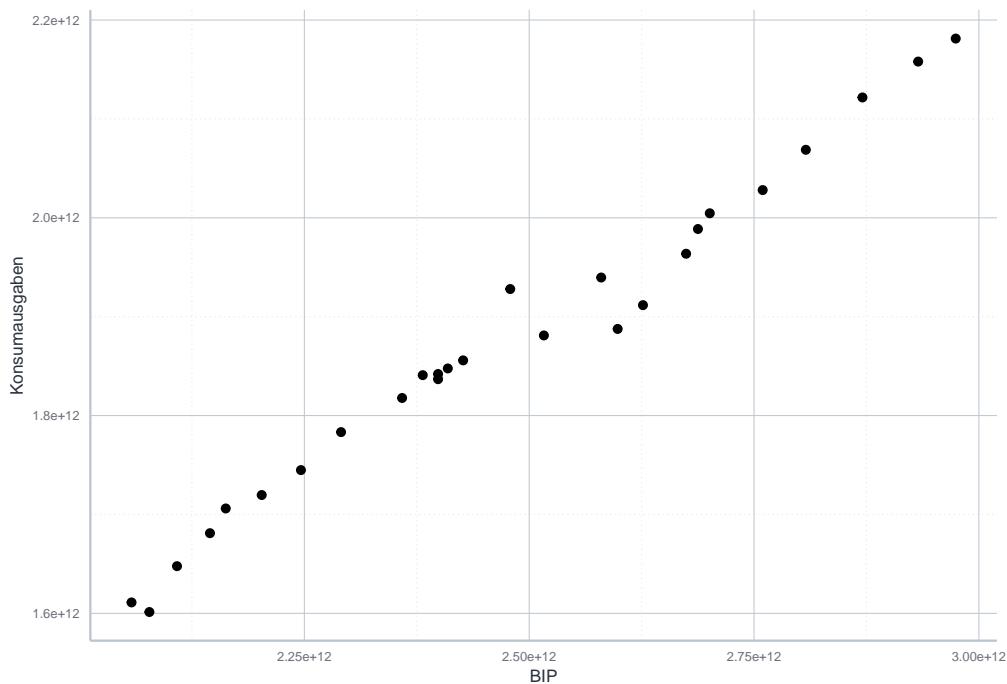


Figure 11.10: Linearer Zusammenhang zwischen BIP und Konsumausgaben.

Wir könnten den Zusammenhang also unmittelbar mit OLS schätzen ohne gegen Annahme A1 zu verstößen.

Der Zusammenhang zwischen BIP pro Kopf und Kindersterblichkeit im Jahr 2000 erscheint dagegen nicht linear zu sein, siehe Abbildung 11.11.

⁵Für eine genauere Einführung in Instrumentenvariablen siehe z.B. Greene (2018).

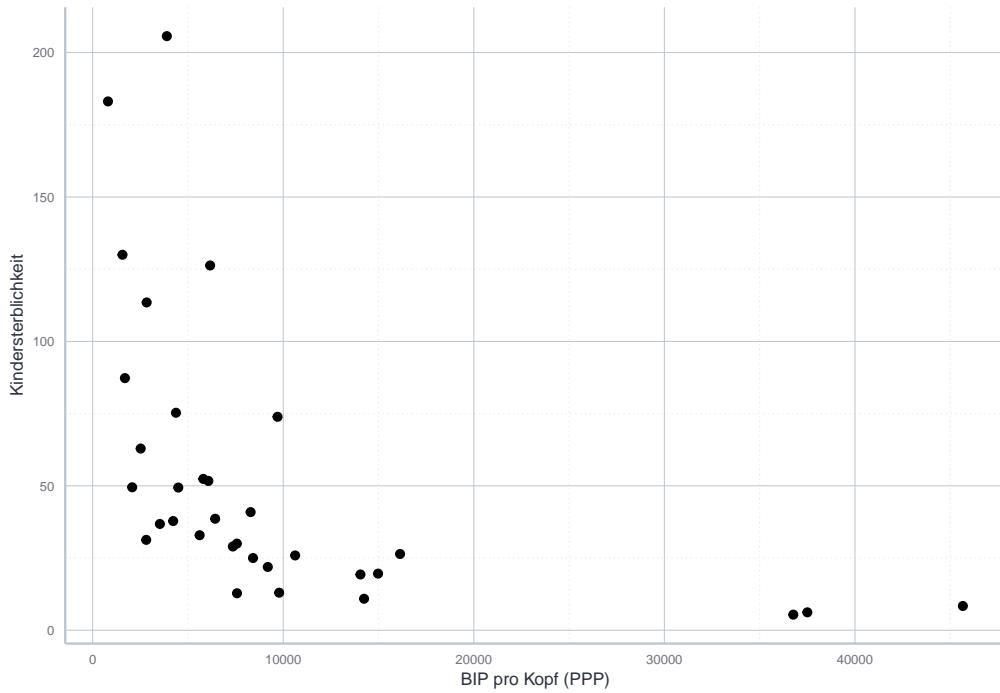


Figure 11.11: Nicht-linearer Zusammenhang zwischen BIP und Kindersterblichkeit.

Wenn wir diesen Zusammenhang mit OLS schätzen würden, würden wir klar gegen Annahme A1 verstößen. Die Konsequenz wäre, dass unser Schätzer weder erwartungstreu, noch konsistent noch effizient wäre.

Gleichzeitig können wir durch die Wahl einer alternativen funktionalen Form den Zusammenhang linearisieren. Dazu nehmen wir einfach den Logarithmus, wie in Abbildung 11.12.

Diesen Zusammenhang können wir nun mit OLS schätzen ohne gegen A1 zu verstößen! Das zeigt, dass die falsche Wahl der funktionalen Form, also die nicht korrekte Transformation der Variablen, große Implikationen für die Eigenschaften unserer Schätzer haben kann!

11.6.1 Folgen einer falschen funktionalen Form

Wie bereits erwähnt bezieht sich die Wahl der funktionalen Form direkt auf Annahme A1. Wie wir oben gesehen haben ist diese Annahme wichtig um die Konsistenz und Erwartungstreue des OLS-Schätzers herzuleiten. Mit anderen Worten: ist A1 nicht erfüllt, z.B. durch die Wahl einer falschen funktionalen Form, ist der OLS-Schätzer nicht mehr erwartungstreu und konsistent. Wir müssen also entweder die funktionale Form ändern oder ein anderes Schätzverfahren wählen.

11.6.2 Testen auf die richtige funktionale Form

Bei der Wahl der funktionalen Form spielen vor allem theoretische Überlegungen eine wichtige Rolle. Auch eine Inspektion der paarweisen Beziehungen zwischen abhängigen und unabhängigen Variablen ist hilfreich.

Eine wirksame Methode zur Überprüfung unserer funktionalen Form ist dagegen die Inspektion des Tukey-Anscombe Plots. Haben wir die richtige Form gewählt werden wir hier keine Struktur erkennen können. Zeigen die Residuen jedoch eine klare Struktur auf ist das ein Signal, dass wir eine andere funktionale Form ausprobieren sollten. Natürlich kann die Struktur der Residuen auch andere Gründe haben, z.B. Heteroskedastie. Für diese Gründe gibt es jedoch zusätzlich noch statistische Tests sodass wir durch sukzessives Testen und Ausprobieren eine angemessene funktionale Form identifizieren können.

Es gibt auch einige Tests, die manchmal verwendet werden um die Wahl der funktionalen Form zu überprüfen. Der bekannteste Test ist dabei der so genannte *RESET Test*. *RESET* steht dabei für *REgression Specification Error Test*. Dieser Test wird mit der Funktion `resettest()` durchgeführt und testet die H_0 , dass wir die richtige funktionale Form gewählt haben.

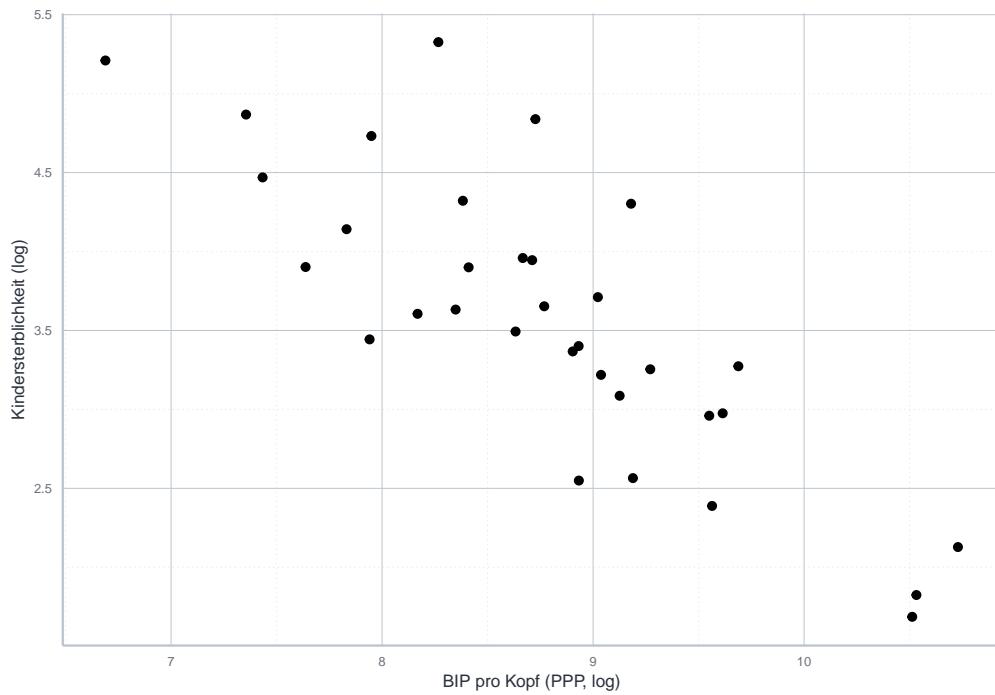


Figure 11.12: Logarithmierter Zusammenhang zwischen BIP und Kindersterblichkeit.

Wir illustrieren den Test anhand folgenden Beispiels, in dem wir den uns bereits bekannten Datensatz zu Journaldaten analysieren.

Wir betrachten den Zusammenhang zwischen der Abonnentenanzahl und dem Preis pro Zitation. Wie wir in Abbildung 11.13 sehen ist dieser Zusammenhang alles andere linear:

Für die folgende Spezifikation wäre der OLS-Schätzer also weder konsistent noch erwartungstreu, da hier ein klarer Verstoß gegen A1 vorliegen würde. Die folgende Schätzung ist entsprechend nicht zu gebrauchen:

$$\text{Abonnenten} = \beta_0 + \beta_1 \text{Zitationspreis} + \epsilon$$

```
lin_mod <- lm(Abonnenten ~ Preis pro Zitation, data=journal_daten)
```

Wenn wir aber beide Größen logarithmieren würden, wäre der Zusammenhang schon ziemlich linear, siehe Abbildung 11.14.

Die folgende Gleichung wäre also nicht unbedingt mit einem Verstoß gegen A1 verbunden:

$$\ln(\text{Abonnenten}) = \beta_0 + \beta_1 \ln(\text{Zitationspreis}) + \epsilon$$

```
log_mod <- lm(log(Abonnenten) ~ log(`Preis pro Zitation`), data=journal_daten)
```

Wir verwenden die Funktion `resettest()` um diese Intuition zu überprüfen. Zunächst testen wir auf eine Missspezifikation im linearen Modell, indem wir der Funktion `resettest()` das Schätzobjekt übergeben:

```
resettest(lin_mod)
```

```
#>
#> RESET test
#>
#> data: lin_mod
#> RESET = 28.99, df1 = 2, df2 = 176, p-value = 1.31e-11
```

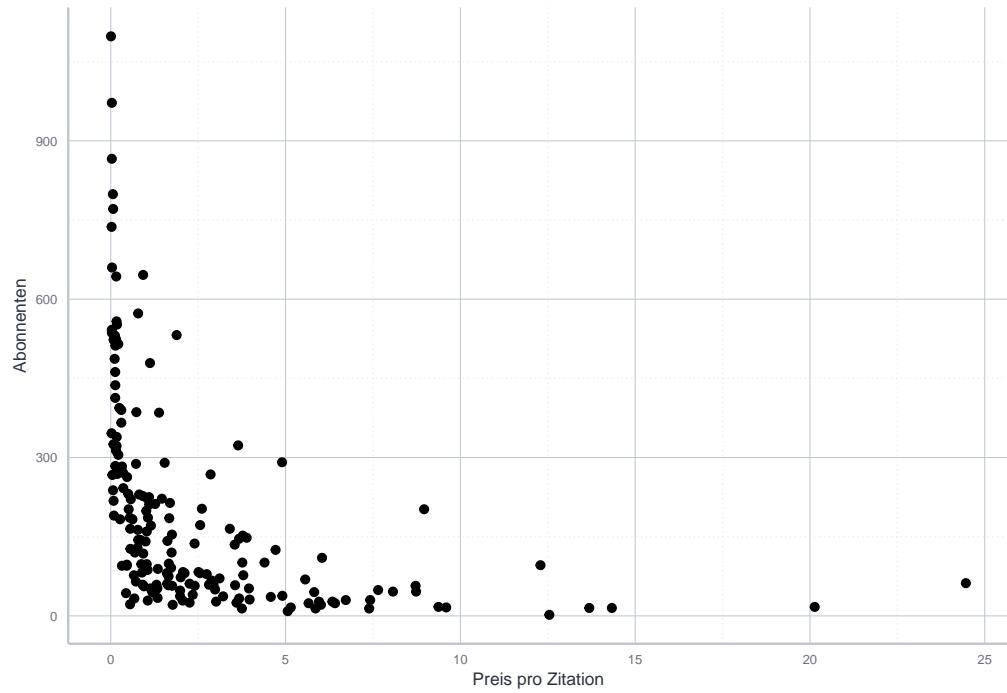


Figure 11.13: Nicht-linearer Zusammenhang zwischen Abonnenten und dem Preis pro Zitation

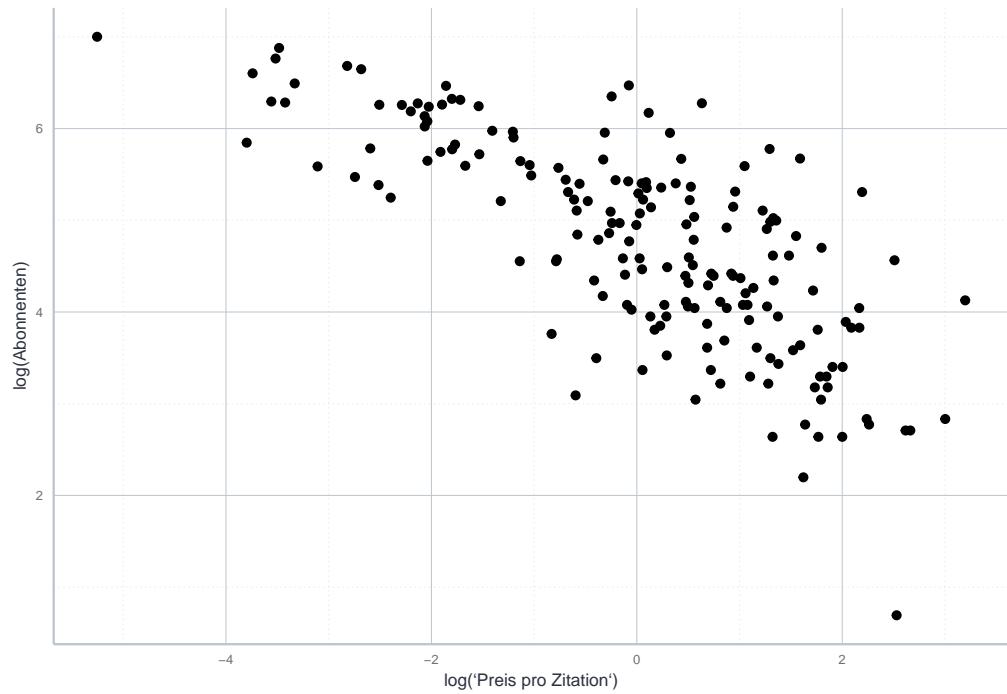


Figure 11.14: Logarithmierter Zusammenhang zwischen Abonnenten und Preis pro Zitation.

Wenig überraschend müssen wir die H_0 des korrekt spezifizierten Modells klar ablehnen. Wie sieht es mit dem Log-Lin Modell aus?

```
resettest(log_mod)
```

```
#>
#> RESET test
#>
#> data: log_mod
#> RESET = 1.4409, df1 = 2, df2 = 176, p-value = 0.2395
```

Hier kann H_0 nicht abgelehnt werden, dementsprechend können wir nicht davon ausgehen, dass unser Modell misspezifiziert ist.

Beachten Sie aber, dass der RESET Test keine abschließende Sicherheit bieten kann. Sie werden immer wieder Situationen erleben in denen der RESET Test ein Modell ablehnt, das sie aufgrund empirischer und theoretischer Überlegungen gut verteidigen könnten und umgekehrt. Daher sollte er immer mit Theorie und Beobachtung kombiniert werden.

11.6.3 Wahl der funktionalen Form

Die Wahl der funktionalen Form hat nicht nur das Ziel Annahme 1 zu erfüllen. Da auch die Interpretation der geschätzten Koeffizienten je nach funktionaler Form eine andere ist, kann die Wahl einer bestimmten funktionalen Form auch theoretisch motiviert sein. Gerade die so genannten ‘log-log-Modelle’ sind häufig auch theoretisch sehr interessant, da wir hier Elastizitäten direkt schätzen können. Tabelle 11.1 gibt einen Überblick über häufig gewählte Spezifikationen und ihre Interpretation für das einfache lineare Regressionsmodell. Für das Modell mit mehreren unabhängigen Variablen ist die Interpretation äquivalent.

Table 11.1: Spezifikationen der funktionalen Form und ihre Interpretationen.

Modellart	Schätzgleichung	Interpretation der Koeffizienten
Level-Level	$y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \epsilon$	Ändert sich x_1 um 1 ändert sich y um β_1
Log-Level	$\ln(y) = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \epsilon$	Ändert sich x_1 um 1 ändert sich y c.p. um ca. $100 \cdot \beta_1 \%$
Level-Log	$y = \beta_0 + \beta_1 \ln(x_1) + \epsilon$	Ändert sich x_1 um ca. 1% ändert sich y c.p. um ca. $\beta_1 / 100$
Log-Log	$\ln(y) = \beta_0 + \beta_1 \ln(x_1) + \epsilon$	Ändert sich x_1 um ca. 1% ändert sich y c.p. um ca. $\beta_1 \%$

Illustrieren wir die Wahl der funktionalen Form an folgendem Beispiel. Die Daten kommen von [Epple and McCallum \(2006\)](#) und enthalten Information zum Preis und zum Konsum von Hähnchenfleisch.

Wie in Abbildung 11.15 ersichtlich ist dieser Zusammenhang an sich nicht linear, kann aber durch Logarithmieren in eine lineare Form gebracht werden.

Die folgende Gleichung ist also konsistent mit A1 und kann entsprechend mit OLS geschätzt werden:

$$\ln(q) = \beta_0 + \beta_1 \ln(p) + \epsilon$$

```
log_model <- lm(log(q) ~ log(p), data = chicken_daten)
```

Diese Form ist dann linear und konsistent mit A1. Entsprechend macht es Sinn den Output zu interpretieren.

```
summary(log_model)
```

```
#>
#> Call:
#> lm(formula = log(q) ~ log(p), data = chicken_daten)
```

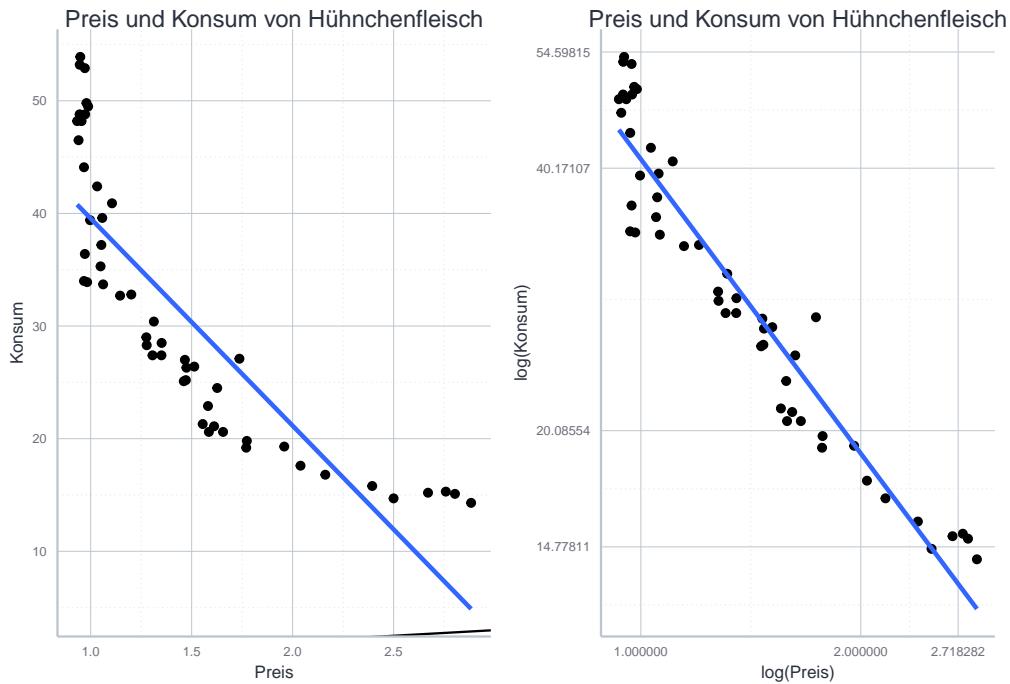


Figure 11.15: Nicht-lineärer und logarithmierter Zusammenhang zwischen Preis und Konsum von Hühnchenpreis.

```
#>
#> Residuals:
#>      Min       1Q    Median       3Q      Max
#> -0.228363 -0.080077 -0.007662  0.106041  0.218679
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 3.71694   0.02236   166.2 <2e-16 ***
#> log(p)      -1.12136   0.04876   -23.0 <2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 0.118 on 50 degrees of freedom
#> Multiple R-squared:  0.9136, Adjusted R-squared:  0.9119
#> F-statistic: 529 on 1 and 50 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Wir würden den geschätzten Koeffizienten von β_1 folgendermaßen interpretieren: wenn der Preis von Hühnerfleisch um 1% steigt wird der Konsum um ca. 1.12% zurückgehen.

11.7 Normalverteilung der Fehlerterme

Wie oben beschrieben ist die Annahme A5 für die besonders wichtigen Eigenschaften *Erwartungstreue*, *Effizienz* und *Konsistenz* nicht notwendig. Sie erleichtert aber Hypothesentests und wird häufig als Indiz für ein gut spezifiziertes Modell gesehen.

Da wir die Fehlerterme nicht direkt beobachten können wird diese Annahme überprüft, indem die Verteilung der Residuen betrachtet wird. Damit eine visuelle Inspektion möglichst einfach ist verwenden wir hier einen so genannten *Q-Q-Plot* (siehe dazu Abbildung 11.16). Im Q-Q-Plot werden die tatsächlichen Quantile der Verteilung der Residuen auf der y-Achse gegen die hypothetischen Quantile einer Normalverteilung auf der x-Achse abgebildet.

Um einen Q-Q-Plot mit ggplot2 zu produzieren speichern Sie die Residuen Ihrer Schätzung in einem `tibble` und spezifizieren sie als Ästhetik `sample`. Dann verwenden Sie als `geoms` die Befehle `ggplot2::stat_qq()` für die Darstellung der Residuen und `ggplot2::stat_qq_line()` um die Gerade zur leichteren Interpretation zu ergänzen:

```
ggplot2::ggplot(
  data = tibble::tibble(
    Residuen=residuals_from_reg1
  ),
  mapping = aes(sample=Residuen)) +
  ggplot2::stat_qq() + ggplot2::stat_qq_line() +
  theme_bw()
```

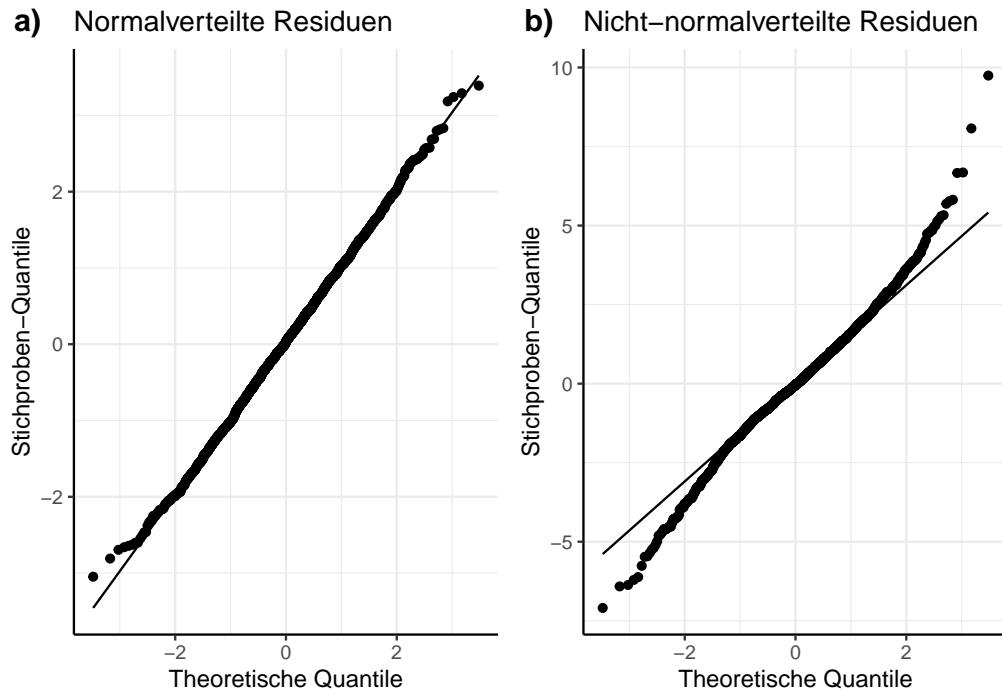


Figure 11.16: Q-Q-Plot zur Überprüfung der Residuen.

In Abbildung 11.16 sind zwei Q-Q-Plots abgebildet. Plot a) zeigt einen relativ idealtypischen Q-Q-Plot, bei dem wir guten Gewissens von einer Normalverteilung der Residuen ausgehen können: hier liegen die Punkte ziemlich exakt auf der Q-Q-Linie. Bei Plot b) in Abbildung 11.16 ist das dagegen nicht der Fall, weswegen wir skeptisch bezüglich aller Ergebnisse sein sollten, die auf der Normalverteilungsannahme aufbauen, also insbesondere bei den Standardfehlern, p -Werten und den Konfidenzintervallen. In einem solchen Fall können Sie versuchen, über Transformationen Ihrer Daten eine Normalverteilung der Residuen herzustellen. Bleibt das erfolglos oder ergibt es im konkreten Anwendungsfall keinen Sinn sollten Sie die Unsicherheit Ihrer Schätzung nicht über die normalen Standardfehler messen, sondern sich Techniken wie dem *Huber-Schätzer* oder dem *Bootstrap* bedienen.

11.8 Weitere Fehlerquellen: Systematische Messfehler, Selbstselektion und Simultanität

Annahme A2, Exogenität der unabhängigen Variablen, kann nur aufgrund von drei weiteren Gründen verletzt werden: aufgrund von Messfehlern, von Selbstselektion der Stichprobe und aufgrund von Simultanität. Diese Fehlerquellen sind etwas anders geartet als die anderen hier besprochenen Probleme: hier liegt keine direkte Fehlspezifikation des Modells vor, sondern der Fehler geschieht entweder auf Ebene der Datenerhebung (Messfehler, Selbstselektion) oder ist dem zu untersuchenden Zusammenhang inhärent (Simultanität). Insofern können wir nicht wirklich auf diese Fehler testen sondern müssen bei der Auswahl unserer Daten und der Formulierung unseres Modells diese Fehlerquellen in Betracht ziehen.

Im Folgenden wollen wir kurz darstellen wie diese drei Fehlerquellen zu einer Verletzung von A2 führen.

11.8.1 Messfehler

Falls wir unsere **abhängige** Variable nicht korrekt messen können hängen die Implikationen von der Art des Messfehlers ab. Nehmen wir dazu an, die *korrekte* abhängige Variable wäre y^* . Wir verfügen aber nur über eine näherungsweise Messung, y' . Wenn es sich um einen zufälligen und additiven Messfehler handelt, also $y^* = y' + w$ und $w \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$, dann kann man zeigen, dass der OLS Schätzer weiterhin erwartungstreu ist und lediglich ein gewisses Maß an Effizienz einbüsst, da:

$$y^* = x' \beta + \epsilon$$

$$y' = x' \beta + \epsilon + w = x' \beta + v$$

und $v \sim \mathcal{N}(0, \sigma_v^2)$, wobei $\sigma_v^2 > \sigma_\epsilon^2$.

Bei anderen Formen des Messfehlers, z.B. multiplikativen Messfehlern, oder besonderen Verteilungen des Messfehlers können wir nichts sicher über die Implikationen des Messfehlers sagen.

Wird dagegen eine **unabhängige** Variable nicht richtig gemessen sind die Implikationen in der Regel mit Sicherheit problematischer. Nehmen wir an, dass x^* die korrekte Variable und x' die gemessene Variable ist. Betrachten wir dann die folgende Spezifikation:

$$y = \beta_0 + \beta_1 x^* + \epsilon$$

Wenn wieder wie oben gilt $x' = x^* + w$ und damit $x^* = x' - w$, dann haben wir:

$$\begin{aligned} y &= \beta_0 + \beta_1(x' - w) + \epsilon \\ y &= \beta_0 + \beta_1 x' + \epsilon - \beta_1 w \\ y &= \beta_0 + \beta_1 x' + v \end{aligned}$$

In diesem Fall ist aber $Cov(x', v) \neq 0$ und Annahme A2 somit verletzt! Im Falle der multiplen Regression wären dabei die Schätzer für *alle* unabhängigen Variablen verzerrt - nicht nur die der falsch geschätzten Variable!

11.8.2 Selbstselektion

Eine Verzerrung tritt immer dann auf wenn bei der Erhebung der Stichprobe Beobachtungen mit bestimmten Werten einer unabhängigen Variablen mit größerer Wahrscheinlichkeit Eingang in die Stichprobe finden als andere. Dies ist besonders bei Umfragestudien eine große Gefahr. So sind in der Regel reiche Menschen weniger willig bei einer Vermögensumfrage zu antworten. Das klassische Beispiel kommt aus der Soziologie: Sie möchten über eine Umfrage die Determinanten für Lesekompetenz erfragen und schicken dazu das Material per Post an die möglichen Studienteilnehmer*innen. Wahrscheinlich werden Personen mit schlechten oder gar keinen Lesekompetenzen eher nicht antworten - Ihre Stichprobe wäre also verzerrt!

Heckman (1979) hat gezeigt, dass die Selbstselektion die gleichen technischen Konsequenzen hat wie eine vergessene Variable. Entsprechend werden wir die Herleitung hier nicht wiederholen.

11.8.3 Simulatanität

Wir sprechen von Simulatanität wenn ein beidseitiges kausales Verhältnis zwischen der abhängigen Variable und einer unabhängigen Variable herrscht.

Betrachten wir dazu folgenden einfaches Beispiel. Die Variablen Y und X werden in der Population folgendermaßen bestimmt:

$$\begin{aligned} Y &= \beta_0 + \beta_1 X + u \\ X &= \alpha_0 + \alpha_1 Y + v \end{aligned}$$

Wenn wir die Werte jeweils in die andere Gleichung einsetzen erhalten wir:

$$Y = \frac{\beta_0 + \beta_1 \alpha_0}{1 - \alpha_1 \beta_1} + \frac{\beta_1 v + u}{1 - \alpha_1 \beta_1}$$

$$X = \frac{\alpha_0 + \alpha_1 \beta_0}{1 - \alpha_1 \beta_1} + \frac{v + \alpha_1 u}{1 - \alpha_1 \beta_1}$$

Wenn wir in einem solchen Fall die Gleichung für Y schätzen ergibt sich für $Cov(X, u) = Cov(\frac{v+\alpha_1 u}{1-\alpha_1 \beta_1}, u) \neq 0$ und damit wiederum ein Verstoß gegen A2!

11.9 Anhang: Übersicht über die Testverfahren

Tabelle 11.2 bietet einen Überblick über die verschiedenen möglichen Probleme bei OLS Schätzungen, die Tests zur Prüfung dieser Probleme, der Implikationen sowie möglicher Lösungsansätze.

Table 11.2: Übersicht über die Testverfahren.

Problem	Mögliche Tests	Implikationen	Reaktion
Heteroskedastie	Tukey-Anscombe Plot, Breusch-Pagan (<code>bptest()</code>), Goldfeld-Quandt (<code>gqtest</code>)	Reduzierte Effizienz, falsche Standardfehler	Robuste Standardfehler
Autokorrelation	Tukey-Anscombe Plot, Box-Pierce/Ljung-Box (<code>Box.test</code>), Durbin-Watson (<code>dwttest</code>), Breusch-Godfrey (<code>bgtest()</code>)	Reduzierte Effizienz, falsche Standardfehler	Robuste Standardfehler
Multikollinearität	Hilfsregressionen	Größere Standardfehler	Ggf. alternative unabh. Variablen verwenden
Falsche funktionale Form	Theorie, RESET-Test, Tukey-Anscombe Plot	Verzerrter und ineffizienter Schätzer	Funktionale Form anpassen
Vergessene Variablen	Theorie, Tukey-Anscombe Plot	Verzerrter und ineffizienter Schätzer	Variablen ergänzen

11.10 Anhang: Relevante Theoreme und ihre mathematischen Beweise

An dieser Stelle werden alle relevanten Theoreme gesammelt. Während wir im Hauptteil des Kapitels die Implikationen der Theoreme anhand von Monte Carlo Simulationen illustriert haben finden Sie hier die dazugehörigen mathematischen Beweise.

11.10.1 Theoreme

Theorem 11.10.1 (Erwartungstreue des OLS-Schätzers für β)

Unter Annahmen A1-A3 gilt:

$$\mathbb{E} [\hat{\beta}] = \mathbb{E} [\hat{\beta}|X] = \beta \tag{11.5}$$

Theorem 11.10.2 (Varianz des OLS-Schätzers für β)

Unter Annahmen A1-A4 gilt:

$$Var [\hat{\beta}|X] = \sigma^2 (X'X)^{-1} \tag{11.6}$$

Bei σ^2 aus Gleichung (11.6) in Theorem 11.10.2 handelt es sich um einen unbekannten Parameter der Population, also Teil des DGP, den wir so nicht direkt beobachten können. Wir müssen diesen Parameter also über die Stichprobe schätzen. Dafür benötigen wir einen entsprechenden Schätzer (siehe Theorem 11.10.3).

Theorem 11.10.3 (Schätzer für die Varianz von β und Standardfehler der Regression)

Sei

$$s^2 = \frac{e' e}{n - K} \quad (11.7)$$

wobei e die Residuen der Regression, n die Stichprobengröße und K die Zahl der schätzenden Parameter ist. $n - K$ gibt also die Anzahl der Freiheitsgrade an. Unter Annahmen A1-A4 gilt dann für den Schätzer der Varianz von β :

$$\hat{Var}[\hat{\beta}|X] = s^2 (X' X)^{-1} \quad (11.8)$$

Hierbei handelt es sich um eine $K \times K$ -Matrix. Die Quadratwurzel des k -ten Werts der Hauptdiagonale ist dann der Standardfehler von $\hat{\beta}_k$, den wir auch in den Hypothesentests verwenden.

Theorem 11.10.4 (Effizienz des OLS-Schätzers für σ^2 (Gauss-Markov Theorem))

Sei b ein beliebiger erwartungstreuer und linearer Schätzer von β und $\hat{\beta} = (X' X)^{-1} (X' y)$ der OLS-Schätzer.

Unter Annahmen A1-A4 gilt:

$$Var[\hat{\beta} | X] \leq Var[b | X] \quad (11.9)$$

Theorem 11.10.5 (Konsistenz des OLS-Schätzers für β)

Unter den OLS-Annahmen gilt

$$\text{plim}(\hat{\beta}) = \beta. \quad (11.10)$$

11.10.2 Beweise

Beweis von Theorem 11.10.1. Der OLS-Schätzer ist definiert als

$$\hat{\beta} = (X' X)^{-1} (X' y) \quad (11.11)$$

Zudem nehmen wir als A1 an, dass

$$y = X\beta + \epsilon \quad (11.12)$$

Das bedeutet:

$$\hat{\beta} = (X' X)^{-1} (X' y) \quad (11.13)$$

$$= (X' X)^{-1} X' (X\beta + \epsilon) \quad (11.14)$$

$$= \beta + (X' X)^{-1} X' \epsilon \quad (11.15)$$

Daraus ergibt sich:

$$\mathbb{E}[\hat{\beta}|X] = \beta + \mathbb{E}\left[(X' X)^{-1} X' \epsilon | X\right] \quad (11.16)$$

Nach A2 gilt $\mathbb{E}[\epsilon|X] = 0$. Es folgt, dass $(X' X)^{-1} \mathbb{E}[\epsilon|X] = 0$ und entsprechend $\mathbb{E}[\hat{\beta}] = \beta$. \square

Beweis von Theorem 11.10.2. Aus dem Beweis 11.10.2 wissen wir bereits, dass:

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1} X' (X\beta + \epsilon)$$

Wir definieren zur Vereinfachung $A = (X'X)^{-1} X'$. Aus der Definition der Varianz ergibt sich:

$$Var [\hat{\beta}|X] = \mathbb{E} [(\hat{\beta} - \beta) (\hat{\beta} - \beta)' | X] \quad (11.17)$$

Nach A4 gilt: $\mathbb{E}(\epsilon\epsilon'|X) = \sigma^2 I$. Also:

$$Var [\hat{\beta}|X] = \mathbb{E} [A\epsilon\epsilon'A'|X] \quad (11.18)$$

$$= A\mathbb{E} [\epsilon\epsilon'|X] A' \quad (11.19)$$

$$= \sigma^2 (X'X)^{-1} \quad (11.20)$$

Beachten Sie allerdings, dass σ^2 ein unbekannter Parameter der Population ist, also Teil des DGP. Er ist durch eine Stichprobe nicht direkt messbar, sondern muss selbst geschätzt werden. Daher kommt die Relevanz von Theorem 11.10.3, welches gleichzeitig die Herleitung der Standardfehler beinhaltet. \square

Beweis von Theorem 11.10.3. Auf der Populationsebene gilt $\mathbb{E}(\epsilon\epsilon'|X) = \sigma^2 I$ (siehe auch A4). Das Stichprobenäquivalent zu den nicht zu beobachtbaren Fehlern ϵ sind die Residuen e . Hier gilt, dass

$$e_i = y_i - x'_i \hat{\beta} = \epsilon_i - x'_i (\hat{\beta} - \beta). \quad (11.21)$$

Das bedeutet, dass wir die Residuen nicht als direktes Substitut für die Fehler nehmen können, denn in ihrer Gleichung taucht ja ein weiterer zu schätzender Parameter auf, β .

Um einen Schätzer herzuleiten, der diesen Fakt berücksichtigt definieren wir

$$M = I - X (X'X)^{-1} X' \quad (11.22)$$

Die Matrix M hat dabei Dimension $n \times K$ (wobei K die Anzahl der Parameter unserer Schätzung ist) und gibt uns für einen Vektor mit Beobachtungen der abhängigen Variable, y , die Werte der Residuen der OLS-Schätzung gibt, also:

$$My = (I - X (X'X)^{-1} X') y = y - X (X'X)^{-1} X' y = e \quad (11.23)$$

Das ergibt sich aus der Definition des OLS-Schätzers als $\hat{\beta} = (X'X)^{-1} (X'y)$ und der Definition der Residuen, e , als $e = y - X\hat{\beta}$.

Es gilt dann

$$e'e = \epsilon'M\epsilon \quad (11.24)$$

und

$$\mathbb{E} [e'e|X] = \mathbb{E} [\epsilon'M\epsilon|X] \quad (11.25)$$

Da es sich bei $\epsilon'M\epsilon$ um einen Skalar handelt ist $tr(M) = M$, wobei $tr(M)$ die Spur (*trace*) der Matrix M ist. Die Spur einer Matrix ist die Summe der Elemente auf der Hauptdiagonale dieser Matrix. Da $\epsilon'M\epsilon$ als Skalar eine 1×1 -Matrix ist ergibt sich, dass $tr(M) = M$. Aus den Rechenregeln für Matrizen gilt

$$\mathbb{E} [tr (\epsilon'M\epsilon)|X] = \mathbb{E} [tr (M\epsilon'\epsilon)|X] \quad (11.26)$$

$$= tr (M\mathbb{E} [(\epsilon'\epsilon)|X]) \quad (11.27)$$

Aus A4 ($\mathbb{E}[(\epsilon \epsilon') | X] = \sigma^2 I$) ergibt sich dann:

$$\mathbb{E}[\text{tr}(\epsilon' M \epsilon) | X] = \text{tr}(M \sigma^2 I) \quad (11.28)$$

$$= \sigma^2 \text{tr}(M) \quad (11.29)$$

Nun bedarf es ein wenig Matrizenalgebra um weiterzukommen:

$$\text{tr}(M) = \text{tr}\left[I_n - X(X'X)^{-1}X'\right] \quad (11.30)$$

$$= \text{tr}(I_n) - \text{tr}\left[X(X'X)^{-1}X'\right] \quad (11.31)$$

$$= \text{tr}(I_n) - \text{tr}(I_K) \quad (11.32)$$

$$= n - K \quad (11.33)$$

Die vorletzte Zeile ergibt sich aus der Regel, dass die Inverse eines Ausdrucks mal dem Ausdruck selbst gleich eins ist, also: $X(X'X)^{-1}X' = I_K$, denn wir haben hier ja K Parameter, X hat also K Spalten. Wir sind im Vergleich zu Gleichung (11.25) also schon etwas weiter gekommen:

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[e'e|X] &= \mathbb{E}[\epsilon'M\epsilon|X] \\ &= (n - K)\sigma^2 \end{aligned} \quad (11.34)$$

Das ist nicht schlecht! Wir formen um:

$$\frac{\mathbb{E}[e'e|X]}{(n - K)} = \sigma^2 = \frac{e'e}{(n - K)} = s^2 \quad (11.35)$$

Diese Definition für s^2 ist die gleiche wie in Gleichung (11.7) und bezieht sich nur aus Werten aus der Stichprobe. Wir nennen s^2 den Schätzer für die Varianz von $\hat{\beta}$ und $\sqrt{s^2} = 2$ des Standardfehler der Regression. Die Standardfehler der einzelnen Schätzer, also der Elemente von $\hat{\beta}$ ist gegeben durch die Elemente der Hauptdiagonale der Matrix $s^2(X'X)^{-1}$. Insgesamt können wir also schreiben:

$$\hat{Var}[\hat{\beta}|X] = s^2(X'X)^{-1} \quad (11.36)$$

□

Beweis von Theorem 11.10.4. Wird ergänzt. □

Beweis von Theorem 11.10.5. Wir ergänzt. □

Chapter 12

Ausgewählte nichtlineare Schätzverfahren

Eine der zentralsten und gleichzeitig restriktivsten Annahmen des OLS Modells ist die Annahme eines linearen Zusammenhangs zwischen der abhängigen und den unabhängigen Variablen. Auch wenn wir im letzten Kapitel gesehen haben wie wir manche nicht-lineare Zusammenhänge durch angemessene Datentransformationen und der Verwendung clevererer funktionaler Formen mit OLS konsistent schätzen können bleiben zahlreiche interessante Zusammenhänge außen vor.

In diesem Kapitel werden wir uns beispielhaft mit dem Fall beschäftigen, in dem unsere abhängige Variable binär ist. Ein typisches Beispiel ist die Analyse von Arbeitslosigkeit. Stellen wir uns vor wir möchten untersuchen unter welchen Umständen Menschen arbeitslos werden. Unsere abhängige Variable y ist dabei eine binäre Variable, die entweder den Wert 0 annimmt wenn eine Person nicht arbeitslos ist oder den Wert 1 annimmt wenn eine Person arbeitslos ist. Unsere Matrix X enthält dann Informationen über Variablen, die die Arbeitslosigkeit beeinflussen könnten, z.B. Ausbildungsniveau oder Alter. Wir möchten untersuchen wie Variation in den erklärenden Variablen die Wahrscheinlichkeit bestimmt, dass jemand arbeitslos ist, also $\mathbb{P}(y = 1|X)$.

Dieser Zusammenhang kann unmöglich als linear aufgefasst werden: es ist unmöglich, dass $y < 0$ oder $y > 1$ und der Zusammenhang im Intervall $[0, 1]$ ist quasi nie linear. Daher ist der herkömmliche OLS Schätzer für solche Fälle ungeeignet, denn A1 ist klar verletzt. In diesem Kapitel lernen wir dabei logit- und probit-Modelle als alternative Schätzverfahren kennen.

Dabei werden die folgenden Pakete verwendet:

```
library(tidyverse)
library(data.table)
library(here)
library(viridis)
```

12.1 Binäre abhängige Variablen: Logit- und Probit-Modelle

Das folgende Beispiel verwendet angepasste Daten aus Kleiber and Zeileis (2008) zur Beschäftigungssituation von Frauen aus der Schweiz:

```
schweiz_al <- data.table::fread(here("data/tidy/nonlinmodels_schweizer-arbeit.csv"),
                                    colClasses = c("double", rep("double", 5), "factor"))
head(schweiz_al)

#>   Arbeitslos Einkommen_log Alter Ausbildung_Jahre Kinder_jung Kinder_alt
#> 1:       1     10.78750    30                 8          1          1
#> 2:       0     10.52425    45                 8          0          1
#> 3:       1     10.96858    46                 9          0          0
#> 4:       1     11.10500    31                11          2          0
```

```
#> 5:      1    11.10847   44      12      0      2
#> 6:      0    11.02825   42      12      0      1
#> Auslaender
#> 1:      0
#> 2:      0
#> 3:      0
#> 4:      0
#> 5:      0
#> 6:      0
```

Wir sind interessiert welchen Einfluss die erklärenden Variablen auf die Wahrscheinlichkeit haben, dass eine Frau Arbeitslos ist, also die Variable **Arbeitslos** den Wert 1 annimmt.

12.1.1 Warum nicht OLS?

Wir könnten natürlich zunächst einmal unser bekanntes und geliebtes OLS Modell verwenden um den Zusammenhang zu schätzen. Um die Probleme zu illustrieren schätzen wir in Abbildung 12.1 einmal nur den bivariateen Zusammenhang zwischen **Arbeitslos** und **Einkommen_log**.

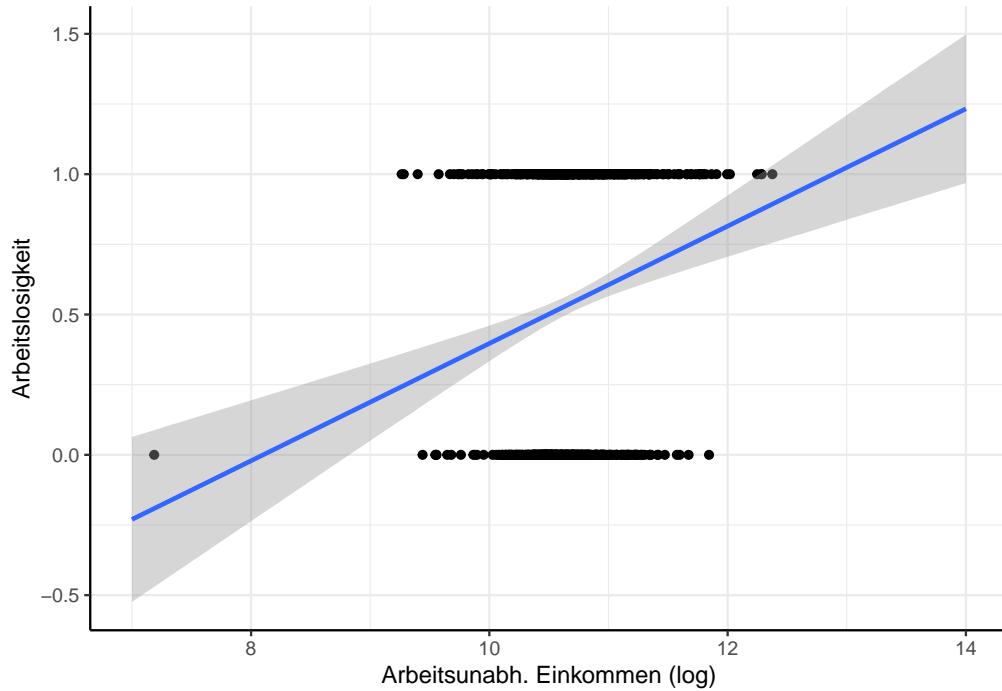


Figure 12.1: Schätzung mit OLS Modell.

Unser Modell würde für bestimmte Levels an arbeitsunabhängigem Einkommen Werte außerhalb des Intervalls 0,1 vorhersagen - also Werte, die y gar nicht annehmen kann und die, da wir die Werte für y später als Wahrscheinlichkeiten interpretieren wollen, auch gar keinen Sinn ergeben würden.

Unser Ziel ist da eher ein funktionaler Zusammenhang wie in Abbildung 12.2 zu sehen:

Dieser Zusammenhang ist jedoch nicht linear und damit inkonsistent mit A1 des OLS Modells.

12.1.2 Logit und Probit: theoretische Grundidee

Wir sind interessiert an $\mathbb{P}(y = 1|x)$, also der Wahrscheinlichkeit, dass y den Wert 1 annimmt, gegeben die unabhängigen Variablen x .

Eine Möglichkeit $\mathbb{P}(y = 1|x)$ auf das Intervall $[0, 1]$ zu beschränken ist folgende Transformation:¹

¹Falls Sie das $\exp(\cdot)$ in der Gleichung verwirrt: das ist nur eine alternative Schreibweise für die Exponentialfunktion um schwer

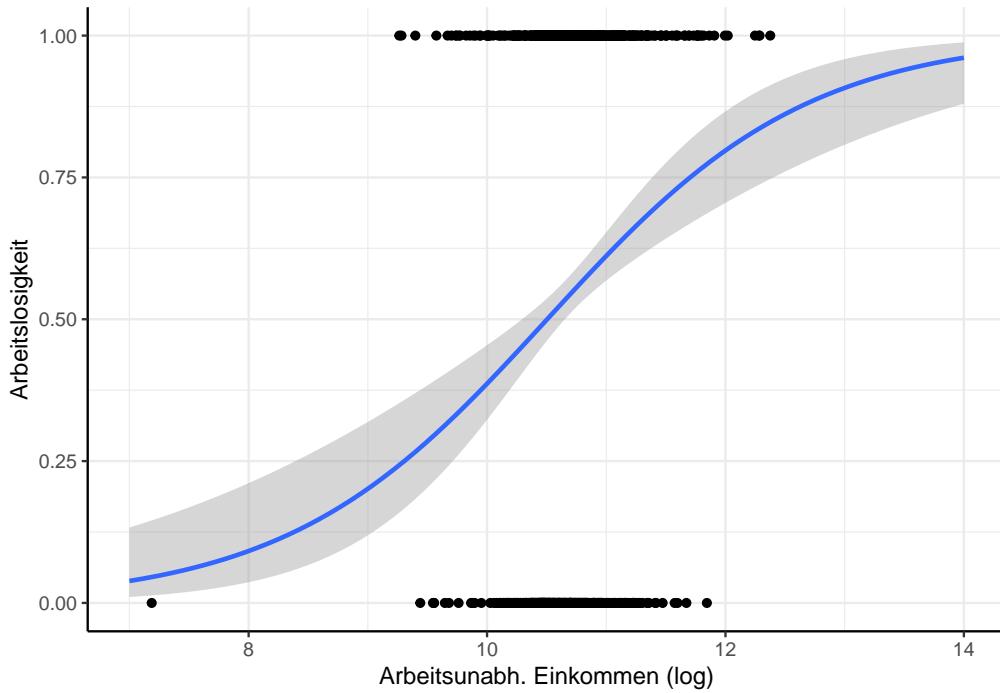


Figure 12.2: Funktionaler Zusammenhang, den ein binäres Modell abbilden sollte.

$$\mathbb{P}(y = 1|x) = \frac{\exp(X\beta)}{1 + \exp(X\beta)} \quad (12.1)$$

Diesen Ausdruck können wir dann folgendermaßen umformen:

$$\frac{\mathbb{P}(y = 1|x)}{1 - \mathbb{P}(y = 1|x)} = \frac{\frac{\exp(X\beta)}{1 + \exp(X\beta)}}{1 - \frac{\exp(X\beta)}{1 + \exp(X\beta)}}$$

Hier haben wir nun die so genannten *odds*: das Verhältnis dass $\mathbb{P}(y = 1|x)$ und $\mathbb{P}(y \neq 0|x)$. Wir multiplizieren nun den linken Teil der Gleichung mit $1 = \frac{\exp(X\beta)}{\exp(X\beta)}$ um den Zähler durch Kürzen zu vereinfachen:

$$\begin{aligned} \frac{\mathbb{P}(y = 1|x)}{1 - \mathbb{P}(y = 1|x)} &= \frac{\exp(X\beta)}{\exp(X\beta) \cdot \left(\frac{1 + \exp(X\beta)}{1 + \exp(X\beta)} - \frac{\exp(X\beta)}{1 + \exp(X\beta)} \right)} \\ &= \frac{\exp(X\beta)}{(1 + \exp(X\beta)) \cdot \frac{1}{1 + \exp(X\beta)}} \\ &= \exp(X\beta) \end{aligned} \quad (12.2)$$

Nun können wir durch logarithmieren eine brauchbare Schätzgleichung herleiten:

$$\begin{aligned} \ln \left(\frac{\mathbb{P}(y = 1|x)}{1 - \mathbb{P}(y = 1|x)} \right) &= \ln(\exp(X\beta)) \\ \ln \left(\frac{\mathbb{P}(y = 1|x)}{1 - \mathbb{P}(y = 1|x)} \right) &= X\beta \end{aligned} \quad (12.3)$$

lesbare Exponenten zu vermeiden. Entsprechend wird Ihnen das häufig begegnen. Es gilt aber immer: $\exp(x) = e^x$ und damit $\exp(1) = e \approx 2.718$. Probieren Sie es doch mal in R aus, hier gibt es dafür die Funktion – Achtung!! – `exp()`.

Wir sprechen hier von dem so genannten *logit* Modell, da wir hier auf der linken Seite den *Logarithmus* der *Odds* haben. Diesen Zusammenhang können wir nun auch ohne Probleme mit unserem OLS-Schätzer schätzen, denn hier haben wir einen klaren linearen Zusammenhang. Nur die abhängige Variable ist auf den ersten Blick ein wenig merkwürdig: der Logarithmus der *Odds* des interessierenden Events. Aber das ist kein unlösbares Problem wie wir später sehen werden.

probit Modelle funktionieren auf eine sehr ähnliche Art und Weise, verwenden aber eine andere Transformation über die kumulierte Wahrscheinlichkeitsverteilung der Normalverteilung. Hier wird im Endeffekt folgende Regressionsgleichung geschätzt:

$$\mathbb{P}(y = 1|x) = \phi(X\beta) \quad (12.4)$$

wobei $\Phi(\cdot)$ die kumulierte Wahrscheinlichkeitsverteilung der Normalverteilung ist.

Logit oder Probit? Wie Sie in Abbildung 12.3 sehen, die sich wieder auf das Einführungsbeispiel bezieht, sind die funktionalen Formen beider Modelle sehr ähnlich. Früher war das Logit-Modell beliebter, weil es etwas technisch etwas leichter zu berechnen war. Mit heutigen Computern ist dieser Vorteil jedoch irrelevant geworden. Es gibt jedoch Fälle in denen Logit-Modelle etwas leichter zu interpretieren sind - für die hier vorgestellte Strategie spielt es jedoch ebenfalls keine Rolle. In einigen Modifikationen binärer Schätzmodelle ist es einfacher, als Ausgangspunkt das Probit-Modell zu nehmen - aber das ist für die meisten Anwendungsfälle ebenfalls egal. Am Ende des Tages gilt: wenn Sie Logit verstanden haben, haben Sie wohl auch Probit verstanden und in der Praxis ist es bis auf wenige Ausnahmen zunächst einmal völlig zweitrangig welches der Modelle Sie verwenden. Eine technisch genauere Diskussion, die Logit und Probit jeweils als Sonderfall der Generalisierten Modelle begreift, siehe z.B. Kapitel 11 in [Fitzmaurice et al. \(2011\)](#).

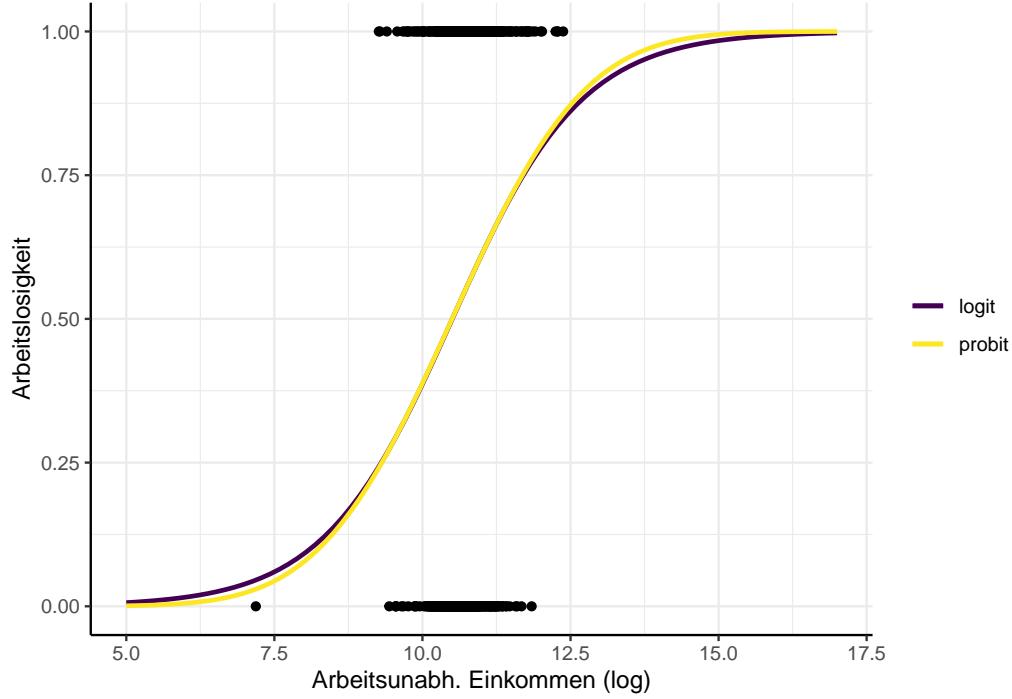


Figure 12.3: Vergleich der funktionalen Form bei logit und probit Modellen.

12.1.3 Logit und Probit: Implementierung in R

Da *logit* und *probit* Modelle zu den so genannten *generalisierten Modellen* gehören verwenden wir die Funktion `glm` um die Modelle zu schätzen. Die Spezifikation ist dabei sehr ähnlich zu den linearen Modellen, die wir mit `lm()` geschätzt haben.

Nehmen wir einmal an wir wollen mit unserem Datensatz von Schweizerinnen die Effekte von Alter und arbeitsunabhängigem Einkommen auf die Wahrscheinlichkeit der Arbeitslosigkeit schätzen.

Als erstes Argument `formula` übergeben wir wieder die Schätzgleichung. In unserem Falle wäre das also `Arbeitslos ~ Alter + Einkommen_log`.

Als zweites Argument (`family`) müssen wir die Schätzart spezifizieren. Für *logit* Modelle schreiben wir `family = binomial(link = "logit")`, für *probit* Modelle entsprechend `family = binomial(link = "probit")`.

Das letzte Argument ist dann `data`. Insgesamt erhalten wir also für das *logit*-Modell:

```
arbeitslogit_test <- glm(
  Arbeitslos ~ Einkommen_log + Alter,
  family = binomial(link = "logit"),
  data = schweiz_al)
```

Und das *probit*-Modell:

```
arbeitsprobit_test <- glm(
  Arbeitslos ~ Einkommen_log + Alter,
  family = binomial(link = "probit"),
  data = schweiz_al)
```

Für die Schätzergebnisse können wir wie bislang die Funktion `summary()` verwenden:

```
summary(arbeitslogit_test)

#>
#> Call:
#> glm(formula = Arbeitslos ~ Einkommen_log + Alter, family = binomial(link = "logit"),
#>       data = schweiz_al)
#>
#> Deviance Residuals:
#>      Min        1Q     Median        3Q       Max
#> -1.7448   -1.1855    0.8128    1.1017    1.8279
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
#> (Intercept) -10.381739  2.003223 -5.183 2.19e-07 ***
#> Einkommen_log  0.920045  0.185414  4.962 6.97e-07 ***
#> Alter          0.018013  0.006612  2.724  0.00645 **
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
#>
#> Null deviance: 1203.2 on 871 degrees of freedom
#> Residual deviance: 1168.5 on 869 degrees of freedom
#> AIC: 1174.5
#>
#> Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Aber wie sollen wir das interpretieren? Da das ein wenig schwieriger ist beschäftigen wir uns damit im nächsten Abschnitt.

12.1.4 Logit und Probit: Interpretation der Ergebnisse

Wie wir oben gesehen haben ist die abhängige Variable in der Logit-Regression der Logarithmus der *Odds Ratio*. Das ist nicht ganz einfach zu interpretieren. So bedeutet der Koeffizient für `Auslaender1` in folgender Ergebnistabelle, dass sich die logarithmierte *Odds Ratio ceteris paribus* um 1.3 Prozent reduziert, wenn die betroffene Person Ausländerin ist:

```

arbeitslogit <- glm(
  Arbeitslos ~ Einkommen_log + Alter + Ausbildung_Jahre + Kinder_jung +
  Kinder_alt + Auslaender,
  family = binomial(link = "logit"),
  data = schweiz_al)
summary(arbeitslogit)

#>
#> Call:
#> glm(formula = Arbeitslos ~ Einkommen_log + Alter + Ausbildung_Jahre +
#>     Kinder_jung + Kinder_alt + Auslaender, family = binomial(link = "logit"),
#>     data = schweiz_al)
#>
#> Deviance Residuals:
#>      Min        1Q    Median        3Q        Max
#> -2.2681   -1.0675    0.5383   0.9727   1.9384
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
#> (Intercept) -10.374346  2.166852 -4.788 1.69e-06 ***
#> Einkommen_log    0.815041  0.205501  3.966 7.31e-05 ***
#> Alter          0.051033  0.009052  5.638 1.72e-08 ***
#> Ausbildung_Jahre -0.031728  0.029036 -1.093  0.275
#> Kinder_jung      1.330724  0.180170  7.386 1.51e-13 ***
#> Kinder_alt       0.021986  0.073766  0.298   0.766
#> Auslaender1      -1.310405  0.199758 -6.560 5.38e-11 ***
#> ---
#> Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
#>
#> Null deviance: 1203.2 on 871 degrees of freedom
#> Residual deviance: 1052.8 on 865 degrees of freedom
#> AIC: 1066.8
#>
#> Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

Im Falle des Probit-Modells ist die Interpretation noch schwieriger, weil der geschätzte Wert $\hat{\beta}_6$ hier die Änderung im z-Wert der abhängigen Variable angibt – eine Information, die unmittelbar kaum intuitiv zu verarbeiten ist und daher in der Praxis auch nicht groß diskutiert wird.

In jedem Falle wäre es also deutlich schöner wenn wir Änderungen in den unabhängigen Variablen als Änderungen in $\mathbb{P}(y = 1|x)$ interpretieren könnten. In unserem Beispiel also: um wie viel Prozent würde die Wahrscheinlichkeit für Arbeitslosigkeit steigen, wenn es sich bei der betroffenen Person um eine Ausländerin handelt? Um dieses Ergebnis zu bekommen bedarf es aber einiger weniger Umformungen, die in R für Logit und Probit glücklicherweise gleich funktionieren.

Da der Zusammenhang zwischen $\mathbb{P}(y = 1|x)$ und den unabhängigen Variablen nicht-linear ist müssen wir für die Vergleiche der Wahrscheinlichkeiten konkrete Werte angeben.

In einem ersten Schritt verwenden wir die Funktion `predict`, der wir als erstes Argument `object` unser geschätztes Modell übergeben. Als zweites Argument übergeben wir einen `data.frame`, in dem wir die relevanten Änderungen und den zu betrachtenden Bereich angeben. Je nach Anzahl der abhängigen Variablen kann diese Tabelle recht groß werden, sie ist aber notwendig, da der Zusammenhang zwischen abhängigen und unabhängigen Variable ja nicht-linear ist.

Als drittes Argument müssen wir noch `type = "response"` übergeben damit wir die Vorhersagen auf der Skala der zugrundeliegenden abhängigen Variable bekommen, also direkt als Wahrscheinlichkeiten:

```

predicted_probs <- predict(object = arbeitslogit,
  newdata = data.frame(
    "Einkommen_log" = c(10, 10),
    "Alter"=c(30, 30),
    "Ausbildung_Jahre" = c(5, 5),
    "Kinder_alt" = c(0, 0),
    "Kinder_jung"= c(1, 2),
    "Auslaender" = factor(c(0, 0))
  ),
  type = "response")
predicted_probs

#>      1      2
#> 0.6175431 0.8593445

```

Das erste Element ist die Wahrscheinlichkeit arbeitslos zu sein für eine dreißigjährige Frau mit einem arbeitsunabhängigen Einkommen von $\exp(10) = 22025$, fünfjähriger Ausbildung, keinen alten Kindern, einem jungen Kind und mit schweizerischer Staatsangehörigkeit. Die zweite Wahrscheinlichkeit gilt für eine Frau mit den gleichen Eigenschaften aber zwei jungen Kindern. Mit `diff()` bekommen wir gleich den entsprechenden Effekt des zweiten jungen Kindes auf die Wahrscheinlichkeit arbeitslos zu sein:

```
diff(predicted_probs)
```

```

#>      2
#> 0.2418014

```

Die Wahrscheinlichkeit ist also nach dem Modell ca. 25% größer! Wenn wir wissen wollen ob der Effekt für Ausländerinnen ähnlich ist rechnen wir:

```

diff(
  predict(object = arbeitslogit,
  newdata = data.frame(
    "Einkommen_log" = c(10, 10),
    "Alter"=c(30, 30),
    "Ausbildung_Jahre" = c(5, 5),
    "Kinder_alt" = c(0, 0),
    "Kinder_jung"= c(1, 2),
    "Auslaender" = factor(c(1, 1))
  ),
  type = "response")
)

#>      2
#> 0.3189543

```

Hier ist der Effekt mit ca. 32% also noch größer! Zum Vergleich führen wir die gleiche Prozedur auch noch einmal für das Probit-Modell durch:

```

arbeitsprobit <- glm(
  Arbeitslos ~ Einkommen_log + Alter + Ausbildung_Jahre + Kinder_jung +
  Kinder_alt + Auslaender,
  family = binomial(link = "probit"),
  data = schweiz_al)

diff(
  predict(
    object = arbeitsprobit,
    newdata = data.frame(
      "Einkommen_log" = c(10, 10),
      "Alter"=c(30, 30),
      "Ausbildung_Jahre" = c(5, 5),
      "Kinder_alt" = c(0, 0),
      "Kinder_jung"= c(1, 2),
      "Auslaender" = factor(c(1, 1))
    ),
    type = "response")
)

```

```

"Ausbildung_Jahre" = c(5, 5),
"Kinder_alt" = c(0, 0),
"Kinder_jung"= c(1, 2),
"Auslaender" = factor(c(1, 1))
),
type = "response")
)

#>      2
#> 0.3023284

```

Wie Sie sehen ist der Unterschied marginal. In der Praxis macht es also meist kaum einen Unterschied welches der beiden Modelle Sie verwenden.

12.2 Abschließende Anmerkungen

In diesem Kapitel haben wir uns beispielhaft mit Logit- und Probit-Modellen beschäftigt. ‘Beispielhaft’ weil das Vorgehen bei diesen Modellen repräsentativ für zahlreiche fortgeschrittene Schätzverfahren ist: wir beobachten zuerst, dass die zu analysierenden Daten nicht zu den Standard-Annahmen von OLS passen. Dann überlegen wir uns eine Transformation der Daten, bzw. eine Transformationsstrategie für die Schätzer sodass wir nach einigen Umformungen wieder an einem Punkt ankommen, wo wir das Modell mit OLS schätzen können. Das ist ein weiterer Grund warum ein solides Verständnis der OLS-Methode so wertvoll ist: viele komplexe Schätzer inkludieren diverse Transformationen, können aber an irgendeinem Punkt auf die OLS-Methode (oder, wie sie dann oft bezeichnet wird, die *Least Squares*-Methode) zurückgeführt werden. Das gilt natürlich nicht für alle, aber für viele in der Anwendung weit verbreiteten ökonometrischen Methoden. Insofern macht das Verständnis von dem hier vorgestellten Vorgehen auch eine Auseinandersetzung mit Schätzmethoden für zensierte Daten (Tobit-Modelle) oder Panel-Daten (z.B. Fixed-Effects-Modelle), sowie fortgeschrittene Techniken wie Instrumentenvariablenabschätzung deutlich einfacher. Nichtsdestotrotz warten auch noch viele andere Schätzverfahren, deren Verständnis zwar durch OLS erleichtert wird, die aber nach etwas anderen Prinzipien funktionieren, z.B. die *Maximum Likelihood*-Methode, der *Generalized Methods of Moments*-Ansatz oder die zahlreichen nicht-parametrischen Methoden, mit denen wir uns bislang noch gar nicht auseinandergesetzt haben. Es bleibt also spannend!

Chapter 13

Ausblick

Dieses Kapitel wird gerade noch überarbeitet und zeitnah ergänzt.

Teil IV

Weitere Programmierkonzepte

Chapter 14

Eine kurze Einführung in R Markdown

Dieses Kapitel wird gerade noch überarbeitet und zeitnah ergänzt.

Chapter 15

Eine kurze Einführung in die Versionskontrolle mit Git

Dieses Kapitel wird gerade noch überarbeitet und zeitnah ergänzt.

Bibliography

- Aleskerov, F., Ersel, H., and Piontkovski, D. (2011). *Linear Algebra for Economists*. Springer. ISBN: 978-3-642-20569-9, DOI: 10.1007/978-3-642-20570-5.
- Anscombe, F. J. (1973). Graphs in statistical analysis. *The American Statistician*, 27:17–21. DOI 10.2307/2682899.
- Arel-Bundock, V. (2019). *WDI: World Development Indicators (World Bank)*. R package version 2.6.0.
- Arel-Bundock, V., Enevoldsen, N., and Yetman, C. (2018). countrycode: An r package to convert country names and country codes. *Journal of Open Source Software*, 3(28):848.
- Bengtsson, H. (2019). *R.utils: Various Programming Utilities*. R package version 2.9.0.
- Chatterjee, S. and Firat, A. (2007). Generating data with identical statistics but dissimilar graphics. *The American Statistician*, 61(3):248–254. DOI 10.1198/000313007X220057.
- Clauset, A., Shalizi, C. R., and Newman, M. E. J. (2009). Power-Law Distributions in Empirical Data. *SIAM Review*, 51(4):661–703.
- Clementi, F., Gallegati, M., Gianmoena, L., Landini, S., and Stiglitz, J. E. (2019). Mis-measurement of inequality: a critical reflection and new insights. *Journal of Economic Interaction and Coordination*, 14(4):891–921.
- Delignette-Muller, M. L. and Dutang, C. (2015). fitdistrplus: An R package for fitting distributions. *Journal of Statistical Software*, 64(4):1–34.
- Dowle, M. and Srinivasan, A. (2019). *data.table: Extension of ‘data.frame’*. R package version 1.12.2.
- Epple, D. and McCallum, B. T. (2006). Simultaneous equation econometrics: The missing example. *Economic Inquiry*, 44(2).
- Fitzmaurice, G., Laird, N., and Ware, J. (2011). *Applied Longitudinal Analysis*. John Wiley and Sons, Hoboken, NJ, 2 edition.
- Friendly, M., Fox, J., and Chalmers, P. (2019). *matlib: Matrix Functions for Teaching and Learning Linear Algebra and Multivariate Statistics*. R package version 0.9.2.
- Gräßner, C., Heimberger, P., Kapeller, J., and Schütz, B. (2020). Is Europe disintegrating? Macroeconomic divergence, structural polarization, trade and fragility. *Cambridge Journal of Economics*, 44(3):647–669. DOI 10.1093/cje/bez059.
- Greene, W. H. (2018). *Econometric Analysis*. Pearson, New York, NY. ISBN: 978-0-13-446136-6.
- Gräßner, C. (2019). *icaeDesign: Corporate design-like functions for the ICAE*. R package version 0.1.3.
- Hanson, G. H. (2012). The rise of middle kingdoms: Emerging economies in global trade. *Journal of Economic Perspectives*, 26(2):41–64.
- Heckman, J. (1979). Sample Selection Bias as a Specification Error.
- Herndon, T., Ash, M., and Pollin, R. (2013). Does high public debt consistently stifle economic growth? A critique of Reinhart and Rogoff. *Cambridge Journal of Economics*, 38(2):257–279. DOI 10.1093/cje/bet075.
- Holtz, Y. and Healy, C. (2020). From data to viz. <https://www.data-to-viz.com/>. Accessed: 2020-09-08.
- Ioannidis, J., Stanley, T., and Doucouliagos, H. (2017). The Power of Bias in Economics Research.

- Kapeller, J., Gräßner, C., and Heimberger, P. (2019). *Wirtschaftliche Polarisierung in Europa: Ursachen und Handlungsoptionen*. Friedrich-Ebert Stiftung, Bonn. ISBN 978-3-96250-376-5.
- Kassambara, A. (2019). *ggnpubr: 'ggplot2' Based Publication Ready Plots*. R package version 0.2.1.
- Kleiber, C. and Zeileis, A. (2008). *Applied Econometrics with R*. Springer-Verlag, New York. ISBN 978-0-387-77316-2.
- Komsta, L. and Novomestky, F. (2015). *moments: Moments, cumulants, skewness, kurtosis and related tests*. R package version 0.14.
- Krämer, W. (2015). *So lügt man mit Statistik*. Campus Verlag, Frankfurt und New York. ISBN: 978-3593504599.
- Kuznets, S. (1934). *National Income, 1929-1932*. U.S. Government Printing Office, Washington D.C. Out of print; obtained from <https://fraser.stlouisfed.org/title/971>.
- Lepenies, P. (2016). *The Power of a Single Number*. Columbia University Press, New York, NY.
- Matejka, J. and Fitzmaurice, G. (2017). Same stats, different graphs: Generating datasets with varied appearance and identical statistics through simulated annealing. In *Proceedings of the 2017 CHI Conference on Human Factors in Computing Systems*, pages 1290–1294, New York, NY. ACM. DOI 10.1145/3025453.3025912.
- Meschiari, S. (2015). *latex2exp: Use LaTeX Expressions in Plots*. R package version 0.4.0.
- Müller, K. (2017). *here: A Simpler Way to Find Your Files*. R package version 0.1.
- Nash, J. C. and Varadhan, R. (2011). Unifying optimization algorithms to aid software system users: optimx for R. *Journal of Statistical Software*, 43(9):1–14.
- OECD (2019). Share of employed who are managers, by sex. Accessed: November 15, 2019; Location: Social Protection and Well-being/Gender/Employment.
- Pebesma, E., Mailund, T., and Hiebert, J. (2016). Measurement units in R. *R Journal*, 8(2):486–494.
- R Core Team (2018). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Schwabish, J. A. (2014). An economist’s guide to visualizing data. *Journal of Economic Perspectives*, 28(1):209–234. DOI 10.1257/jep.28.1.209.
- Slowikowski, K. (2019). *ggrepel: Automatically Position Non-Overlapping Text Labels with 'ggplot2'*. R package version 0.8.1.
- The Growth Lab at Harvard University (2019). International Trade Data (SITC, Rev. 2). File: country_siteproduct2digit_year.
- Venables, W. N. and Ripley, B. D. (2002). *Modern Applied Statistics with S*. Springer, New York, fourth edition. ISBN 0-387-95457-0.
- Wainwright, K. and Chiang, A. (2005). *Fundamental Methods of Mathematical Economics*. McGraw-Hill. ISBN: 978-0071238236.
- Wasserman, L. (2006). *All of Nonparametric Statistics*. Springer, New York, NY. ISBN: 978-0387251455.
- Wickham, H. (2010). A layered grammar of graphics. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 19(1):3–28. DOI 10.1198/jcgs.2009.07098.
- Wickham, H. (2014). Tidy data. *The Journal of Statistical Software*, 59. DOI 10.18637/jss.v059.i10.
- Wickham, H. (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York.
- Wickham, H. (2018). *scales: Scale Functions for Visualization*. R package version 1.0.0.
- Wickham, H. (2019). *Advanced R*. Chapman and Hall/CRC, Boca Raton, Florida, 2nd edition. ISBN 978-0815384571.
- Wickham, H. and Bryan, J. (2019). *Advanced R*. O’Reilly Media, Sebastopol, CA, 2nd edition. ISBN 978-1491910597.

- Wickham, H., François, R., Henry, L., and Müller, K. (2019). *dplyr: A Grammar of Data Manipulation*. R package version 0.8.2.
- Wickham, H. and Henry, L. (2019). *tidyverse: Tidy Messy Data*. R package version 1.0.0.
- Wickham, H. and Miller, E. (2019). *haven: Import and Export 'SPSS', 'Stata' and 'SAS' Files*. R package version 2.1.0.
- Wilkinson, L. (1999). *The Grammar of Graphics*. Springer, New York. ISBN 978-1-4757-3100-2, DOI 10.1007/978-1-4757-3100-2.
- Yang, J., Heinrich, T., Winkler, J., Lafond, F., Koutroumpis, P., and Farmer, J. (2019). Measuring productivity dispersion: a parametric approach using the levy alpha-stable distribution. *INET Oxford Working Paper*, 2019-14.
- Zeileis, A. (2004). Econometric computing with HC and HAC covariance matrix estimators. *Journal of Statistical Software*, 11(10):1–17.
- Zeileis, A. (2014). *ineq: Measuring Inequality, Concentration, and Poverty*. R package version 0.2-13.
- Zeileis, A. and Hothorn, T. (2002). Diagnostic checking in regression relationships. *R News*, 2(3):7–10.