

R für die sozioökonomische Forschung

Aktuelle Version: 0.6.0 (December 4, 2019)

Dr. Claudius Gräßner
Institut für Sozioökonomie
Universität Duisburg-Essen
claudius.graeber@uni-due.com
<https://claudius-graeber.com/>

Dieses Skript begleitet die Lehrveranstaltung
'Methoden der Sozioökonomie' von Prof. Jakob
Kapeller und Dr. Claudius Gräßner im Master
'Sozioökonomie' an der Universität Duisburg-Essen
im Wintersemester 2019/20.
Feedback über Moodle oder [Github](#) ist sehr
willkommen.

Wintersemester 2019/2020

Contents

Willkommen	5
Verhältnis zur Vorlesung	6
Danksagung	7
Änderungshistorie während des Semesters	7
Lizenz	7
1 Vorbemerkungen	9
1.1 Warum R?	9
1.2 Besonderheiten von R	10
2 Einrichtung	13
2.1 Installation von R und R-Studio	13
2.2 Die R Studio Oberfläche	13
2.3 Einrichtung eines R Projekts	15
2.4 Abschließende Bemerkungen	18
3 Erste Schritte in R	21
3.1 Befehle in R an den Computer übermitteln	21
3.2 Objekte, Funktionen und Zuweisungen	22
3.3 Zusammenfassung	24
3.4 Grundlegende Objekte in R	24
3.5 Pakete	44
3.6 Kurzer Exkurs zum Einlesen und Schreiben von Daten	47
4 Lineare statistische Modelle in R	51
4.1 Einleitung und Überblick	51
4.2 Grundlagen der einfachen linearen Regression	54
4.3 Kennzahlen in der linearen Regression	60
4.4 Zum Ablauf einer Regression	71
4.5 Multiple lineare Regression	72
4.6 Anwendungsbeispiel	74

5 Datenkunde und Datenaufbereitung	75
Verwendete Pakete	76
5.1 Arten von Daten	77
5.2 Datenakquise	81
5.3 Daten einlesen und schreiben	84
5.4 Verarbeitung von Daten ('data wrangling')	89
5.5 Abschließende Bemerkungen zum Umgang mit Daten innerhalb eines Forschungsprojekts	111
5.6 Anmerkungen zu Paketen	112
6 Visualisierung von Daten	115
Verwendete Pakete	115
Einleitung	115
6.1 Optional: Theoretische Grundlagen	116
6.2 Grundlegende Elemente von ggplot2-Grafiken	120
6.3 Arten von Datenvisualisierung	135
6.4 Beispiele aus der Praxis und fortgeschrittene Themen	148
6.5 Typische Fehler in der Datenvisualisierung vermeiden	154
6.6 Lügen mit grafischer Statistik	162
6.7 Links und weiterführende Literatur	167
7 Formale Methoden der Sozioökonomie	169
7.1 Einleitung und Überblick	169
7.2 Änderungsraten und die Rolle des Logarithmus	170
7.3 Grundlagen der Differentialrechnung	174
7.4 Lineare Algebra	185
7.5 Analyse von Verteilungen	195
A Eine kurze Einführung in R Markdown	215
A.1 Markdown vs. R-Markdown	215
A.2 Installation von R-Markdown	215
A.3 Der R-Markdown Workflow	216
A.4 Relative Pfade in Markdown-Dokumenten	218
A.5 Weitere Quellen	219
B Wiederholung: Wahrscheinlichkeitstheorie	221
Verwendete Pakete	221
B.1 Einleitung: Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik	221
B.2 Grundbegriffe der Wahrscheinlichkeitstheorie	222
B.3 Diskrete Wahrscheinlichkeitsmodelle	223
B.4 Stetige Wahrscheinlichkeitsmodelle	232
B.5 Zusammenfassung Wahrscheinlichkeitsmodelle	238
C Wiederholung: Deskriptive Statistik	241
Verwendete Pakete und Datensätze	241
C.1 Kennzahlen zur Lage und Streuung der Daten	242
C.2 Korrelationsmaße	244
C.3 Hinweise zur quantitativen und visuellen Datenbeschreibung	246

CONTENTS	3
C.4 Zusammenfassung	247
D Wiederholung: Drei Verfahren der schließenden Statistik	249
Verwendete Pakete	250
D.1 Punktschätzung	250
D.2 Hypothesentests	251
D.3 Berechnung von Konfidenzintervallen	257

Willkommen

R für die sozioökonomische Forschung

Aktuelle Version: 0.6.0 (December 4, 2019)

Dr. Claudius Gräbner
Institut für Sozioökonomie
Universität Duisburg-Essen
claudius.graebner@uni-due.com
<https://claudius-graebner.com/>

Dieses Skript begleitet die Lehrveranstaltung
‘Methoden der Sozioökonomie’ von Prof. Jakob
Kapeller und Dr. Claudius Gräbner im Master
‘Sozioökonomie’ an der Universität Duisburg-Essen
im Wintersemester 2019/20.
Feedback über Moodle oder [Github](#) ist sehr
willkommen.

Wintersemester 2019/2020



Dieses Skript ist als Begleitung für die Lehrveranstaltung “Wissenschaftstheorie und Einführung in die Methoden der Sozioökonomie” im Master “Sozioökonomie” an der Universität Duisburg-Essen gedacht.

Es enthält grundlegende Informationen über die Funktion der Programmiersprache R ([R Core Team, 2018](#)).

Verhältnis zur Vorlesung

Einige Kapitel beziehen sich unmittelbar auf bestimmte Vorlesungstermine, andere sind als optionale Zusatzinformation gedacht. Gerade Menschen ohne Vorkenntnisse in R sollten unbedingt die ersten Kapitel vor dem vierten Vorlesungsterm lesen und verstehen. Bei Fragen können Sie sich gerne an Claudius Gräßner wenden.

Die folgende Tabelle gibt einen Überblick über die Kapitel und die dazugehörigen Vorlesungstermine:

Kapitel	Zentrale Inhalte	Verwandter Vorlesungstermin
1: Vorbemerkungen	Gründe für R; Besonderheiten von R	Vorbereitung
2: Einrichtung	Installation und Einrichtung von R und R Studio, Projektstrukturierung	Vorbereitung
3: Erste Schritte in R	Grundlegende Funktionen von R; Objekte in R; Pakete	Vorbereitung
4: Lineare statistische Modelle in R	Implementierung von uni- und multivariaten linearen Regressionsmodellen	T4 am 06.11.19
5: Datenkunde und -aufbereitung	Einlesen und Schreiben sowie Aufbereitung von Datensätzen	T7 am 27.11.19
6: Visualisierung	Erstellen von Grafiken	T7 am 27.11.19
7: Formalia	Grundlegende formale Konzepte der Sozioökonomie.	T8 am 11.12.19
8: Fortgeschrittene Ökonometrie	Weitere Konzepte der Ökonometrie	T9-10 am 8.&15.1.20
9: Ausblick	Ausblick zu weiteren Anwendungsmöglichkeiten	Optional
A: Einführung in Markdown	Wissenschaftliche Texte in R Markdown schreiben	Optional; relevant für Aufgabenblätter
B: Wiederholung: Wahrscheinlichkeitstheorie	Wiederholung grundlegender Konzepte der Wahrscheinlichkeitstheorie und ihrer Implementierung in R	Optional; wird für die quantitativen VL vorausgesetzt
C: Wiederholung: Deskriptive Statistik	Wiederholung grundlegender Konzepte der deskriptiven Statistik und ihrer Implementierung in R	Optional; wird für die quantitativen VL vorausgesetzt
D: Wiederholung: Drei grundlegende Verfahren der schließenden Statistik	Wiederholung von Parameterschätzung, Hypothesentests und Konfidenzintervalle und deren Implementierung in R	Optional; wird für die quantitativen VL vorausgesetzt
E: Einführung in Git und Github	Verwendung von Git und Github	Optional

Das Skript ist *work in progress* und jegliches Feedback ist sehr willkommen. Dafür wird im Moodle ein extra Bereich

eingerichtet. Selbstverständlich können Sie Feedback auch den [Issue-Tracker auf Github](#) verwenden. Dort ist auch der Quellcode des Skripts verfügbar.

Danksagung

Ich möchte mich bei Jakob Kapeller und Anika Radkowitsch für das regelmäßige Feedback und die guten Hinweise bedanken. Am *work-in-progress*-Charakter des Skripts haben sie natürlich keine Mitschuld.

Änderungshistorie während des Semesters

An dieser Stelle werden alle wichtigen Updates des Skripts gesammelt. Die Versionsnummer hat folgende Struktur: major.minor.patch Neue Kapitel erhöhen die minor Stelle, kleinere, aber signifikante Korrekturen werden als Patches gekennzeichnet.

Datum	Version	Wichtigste Änderungen
19.10.19	0.1.0	Erste Version veröffentlicht
03.11.19	0.2.0	Markdown-Anhang hinzugefügt
04.11.19	0.3.0	Anhänge zur Wiederholung grundlegender Statistik hinzugefügt
06.11.19	0.4.0	Kapitel zu linearen Modellen hinzugefügt
18.11.19	0.5.0	Kapitel zur Datenaufbereitung und Visualisierung hinzugefügt; kleinere Korrekturen im Kapitel zu lin. Modellen
20.11.19	0.5.1	Korrektur von kleineren Rechtschreib/Grammatikfehlern; Fix für Problem mit html Version auf HP
03.12.19	0.6.0	Kapitel zu formalen Konzepten hinzugefügt; kleinere Korrekturen

Lizenz



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

Chapter 1

Vorbemerkungen

1.1 Warum R?

Im folgenden gebe ich einen kurzen Überblick über die Gründe, die uns bewegt haben den Methodenkurs auf R aufzubauen. 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 zu Programmen 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 und 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, in dem Sie im Optimalfall euer Paper in der gleichen Umgebung schreiben wie den Code für eure statistische Analyse. Diesen Vorteil werden Sie bereits bei der Bearbeitung der Aufgabenzettel genießen können, da diese in teilweise in R Markdown zu lösen und abzugeben sind. Das bedeutet, dass Coding und Schreiben der Antworten im gleichen Dokument vorgenommen werden können. Auch dieses Skript wurde vollständig in R Markdown geschrieben.
- R erlaubt sowohl objektorientierte als auch funktionale Programmierung.
- 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 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 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

¹Zum einen bin ich ein großer Fan von vielen **tidyverse** Paketen, gleichzeitig ist der Fokus von R Studio auf diese Pakete sehr gefährlich. Ich bin aber einer anderen Meinung was die Einsteigerfreundlichkeit vom **tidyverse** angeht: 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. 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.

- Da viele der Menschen, die R Pakete herstellen keine Programmierer 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 Sozioökonom*innen in ihrer Forschungspraxis bearbeiten, irrelevant.

Alles in allem ist R jedoch 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 und 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!

Chapter 2

Einrichtung

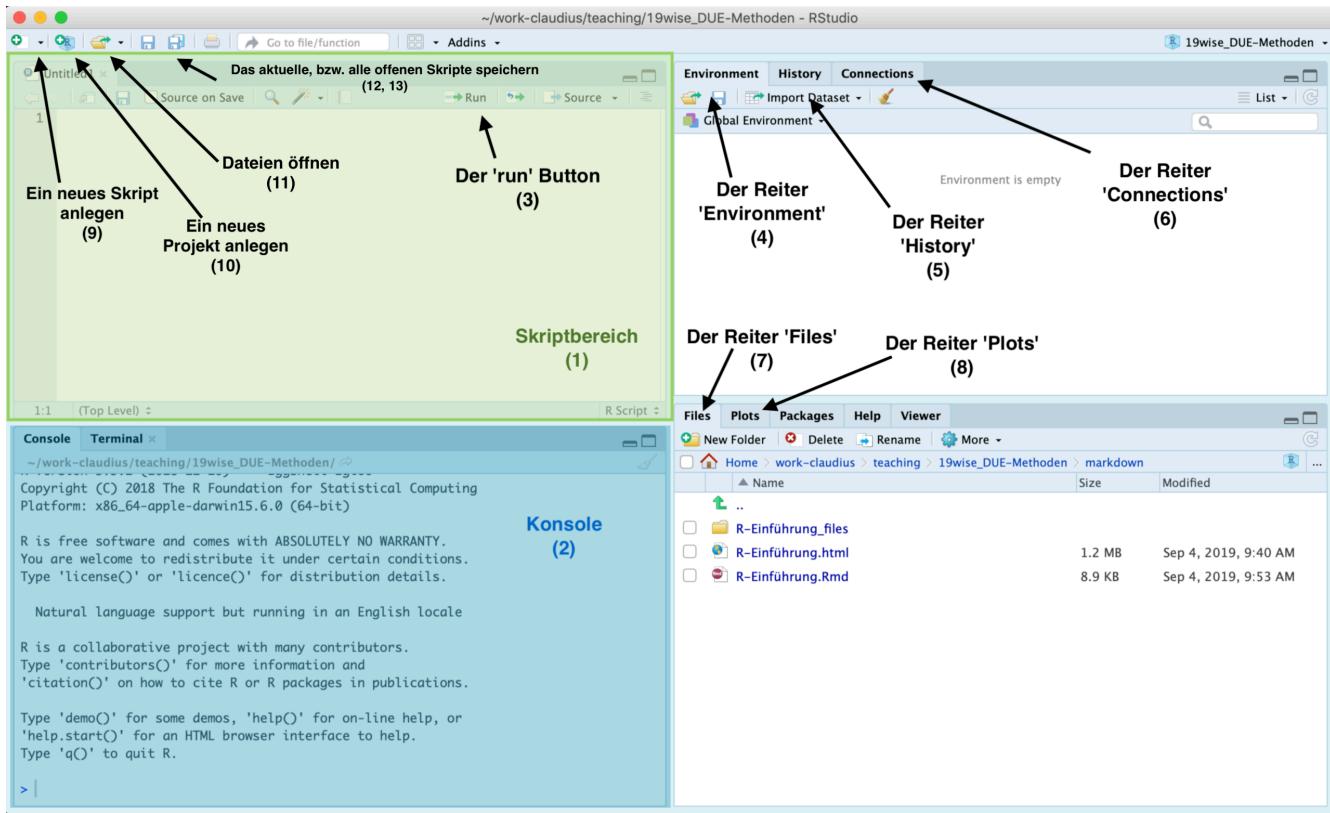
2.1 Installation von R und R-Studio

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. Der folgende Screenshot 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 verständlicher 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 unserer 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.
- Der Botton **Neues Projekt anlegen** (10) erstellt eine neuen 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 ggf. 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 so genannten ‘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 euer Benutzerverzeichnis. Wir können uns das Arbeitsverzeichnis mit der Funktion `getwd()` anzeigen lassen. In meinem Fall ist das Arbeitsverzeichnis das folgende:

```
#> [1] "/Users/claudius/work-claudius/general/paper-projects/packages/SocioEconMethodsR"
```

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

```
#> [1] "/Users/claudius/work-claudius/general/paper-projects/packages/SocioEconMethodsR/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 foldengem Ort zu speichern:

```
#> [1] "/Users/claudius/work-claudius/general/paper-projects/packages/SocioEconMethodsR/test.pdf"
```

Wir werden hier **immer** relative Pfade verwenden. Relative Pfade sind fast immer die bessere Variante, da es uns erlaubt den gleichen Code auf verschiedenen Computern zu verwenden. Denn wenn 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

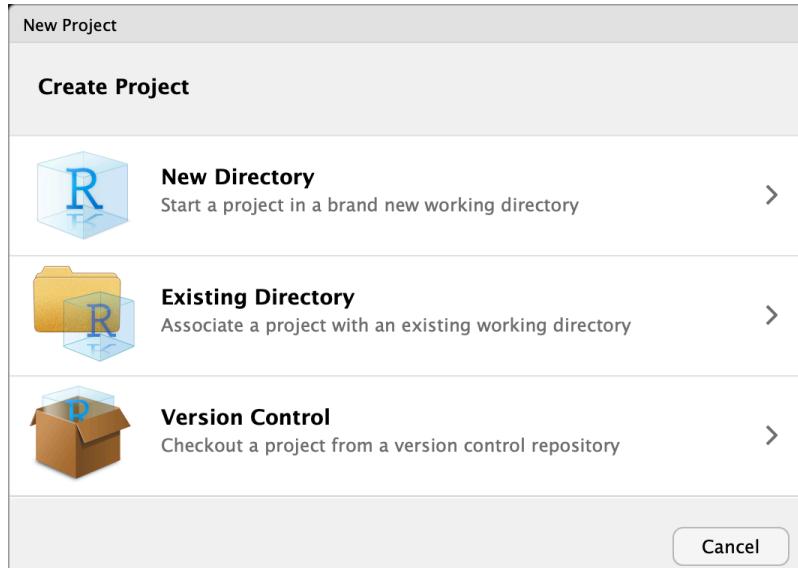
Zuerst müssen Sie sich für einen Ordner auf Ihrem Computer entscheiden, in dem alle Daten, die mit ihrem Projekt zu tun haben, also Daten, Skripte, Abbildungen, etc. gespeichert werden sollen und diesen Ordner gegebenenfalls neu erstellen. Es macht Sinn, einen solchen Ordner mit einem informativen Namen ohne Leer- und Sonderzeichen zu versehen, z.B. **SoSe19-Methodenkurs**.

Dieser Schritt kann theoretisch auch gemeinsam mit Schritt 2 erfolgen.

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

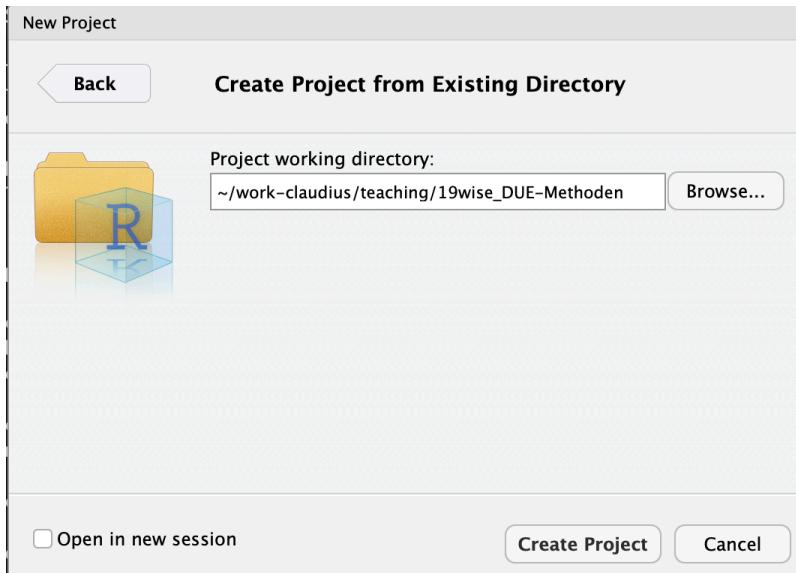
Wir möchten nun R Studio mitteilen den in Schritt 1 erstellten Ordner als R Projekt zu behandeln. Damit wird nicht nur dieses Ordner als Root-Verzeichnis festgelegt, man kann auch die Arbeitshistorie eines Projekts leicht wiederherstellen und es ist einfacher, das Projekt auf verschiedenen Computern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

Um ein neues Projekt zu erstellen klicken Sie in R Studio auf den Button **Neues Projekt** (Nr. 10 in der obigen Abbildung) und Sie sollten folgendes Fenster sehen:

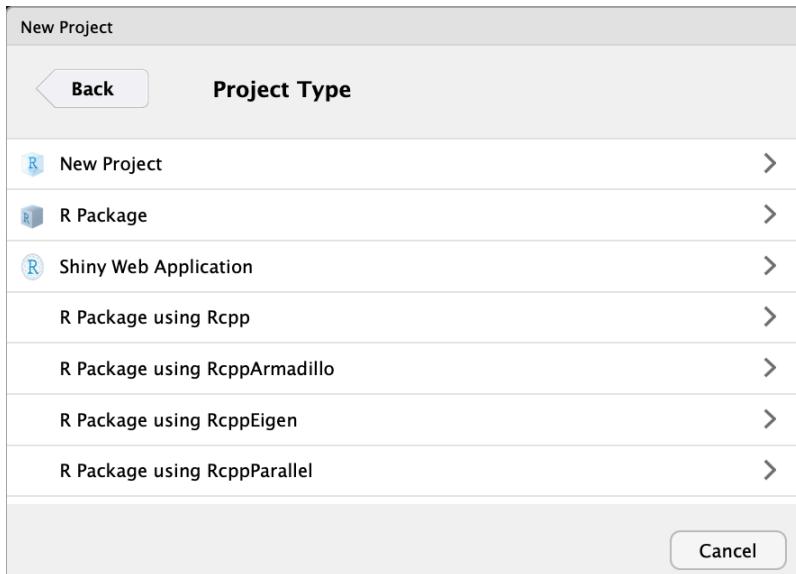


Falls Sie in Schritt 1 den Projektordner bereits erstellt haben wählen Sie hier **Existing Directory**, ansonsten erstellen Sie einen neuen Projektordner gleich mit dem Projektfile mit indem Sie **New Directory** auswählen.

Falls Sie **Existing Directory** gewählt haben, wählen Sie in folgendem Fenster einfach den vorher erstellten Ordner aus und klickt auf **Create Project**.



Falls Sie New Directory gewählt habt landen Sie auf folgendem Fenster:



Hier wählen Sie New Project aus, geben dem Projekt in 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.

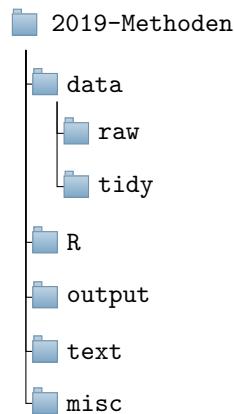
Insgesamt sollten die folgenden Ordner im Projektordner erstellt werden:

- 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 ggf. 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. Beiden 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 Projektordner als solchen speichern.

Wenn wir annehmen unser Projektordner heißt **2019-Methoden** ergibt sich damit insgesamt folgende Ordner und Datenstruktur:



2.4 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. In einem solchen Fall sollte man auf jeden Fall eine Versionskontrolle wie Git und GitHub verwenden. Wir werden uns damit im nächsten Semester

genauer beschäftigen, aber Sie werden merken, dass die Kollaboration durch eine gut durchdachte Ordnerstruktur massiv erleichtert wird.

Chapter 3

Erste Schritte in R

Nach diesen (wichtigen) Vorbereitungsschritten wollen wir nun 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.

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 + 2` in die Konsole eingeben, und den Befehl mit ‘Enter’ an den Computer senden. Da es sich beim Ausdruck `2 + 3` um korrekten R Code handelt, ‘versteht’ der Computer was wir von ihm wollen und gibt uns das entsprechende Ergebnis aus:

```
2 + 3
```

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

Auf diese Art und Weise könne 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 einfach Notizen in seinem Code machen.

```
2 + 2 # Addition
```

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

```
2/2 # Division
```

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

```
4*2 # Multiplikation
```

```
#> [1] 8
```

32 # 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. Den 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. Everything 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 wenn wir R eine Berechnung durchführen lassen, tun wir dies 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 Falle 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
```

Entsprechend 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; entsprechen ist `sample_mean` ein guter Name, `shit15_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 der Abbildung 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
```

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 `=` Operatur vorgenommen werden, auch wenn es im Fall `zwischenergebnis = 2 + 3` funktionieren würde.

```
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
```

3.3 Zusammenfassung

- 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. Falls Sie Informationen über ein Objekt bekommen wollen können Sie so weitere Informationen bekommen. Wenn Sie z.B. genauere Informationen über die Verwendung der Funktion `assign` erhalten wollen, können Sie Folgendes eingeben:

```
help(assign)
```

3.4 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 später anspruchsvolle Programmieraufgaben zu lösen. Daher wollen wir uns im Folgenden mit den wichtigsten Objektarten in R auseinandersetzen.

3.4.1 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:

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’).

```
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)
```

Ein hin und wieder auftretende Form ist die so genannte *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 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
```

Die Argumente einer Funktion

Die Argumente einer Funktion stellen zum einen den *Input* für die in der Funktion implementierten 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. 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. Im Falle von `sum()` werden fehlende Werte, so genannte `NA` (siehe unten) ignoriert bevor die Summe der Inputs gebildet wird wenn `na.rm` den Wert `TRUE` hat:

```
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
  l_hypotenuse <- sqrt(hypo_quadrat) # sqrt() zieht die Quadratwurzel
  return(l_hypotenuse)
}
```

Wir definieren eine Funktion durch die Funktion `function()`. In der Regel beginnen wir die Definition indem wir der zu erstellenden 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 `l_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:

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

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

Beachten Sie, dass alle Objekt Namen, die innerhalb des *function bodies* verwendet werden gehen nach dem Funktionsaufruf verloren.⁴ 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
  l_hypotenuse <- sqrt(hypo_quadrat) # sqrt() zieht die Quadratwurzel
  return(l_hypotenuse)
}
```

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](#).

⁴Das liegt daran, dass Funktionen ihr eigenes `environment` haben.

```
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
  l_hypotenuse <- sqrt(hypo_quadrat) # sqrt() zieht die Quadratwurzel
  return(l_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 Lehrzeile 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 zusammen zu fassen.

- 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.

3.4.2 Vektoren

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

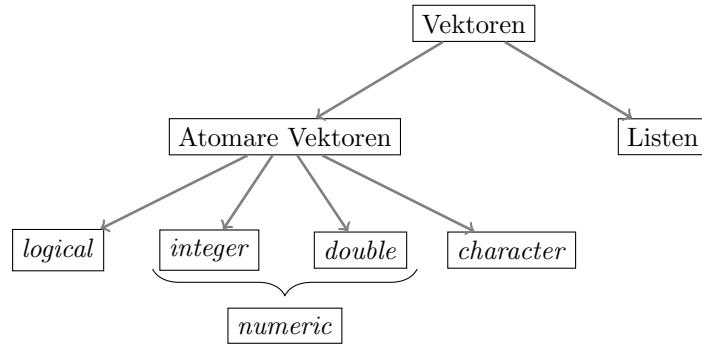
Was Vektoren angeht gibt es wiederum die wichtige **Unterscheidung von atomaren Vektoren und Listen**. Beide bestehen ihrerseits aus Objekten und sie unterscheiden sich dadurch, dass atomare Vektoren nur aus Objekten des gleichen Typs bestehen können, Listen dagegen auch Objekte unterschiedlichen Typs 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, allerdings muss den ganzen Zahlen in R immer der Buchstabe **L** folgen, damit die Zahl tatsächlich als ganze Zahl interpretiert wird.⁵ 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 folgende Aufteilung für Vektoren:

⁵Diese 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 ein Objekt 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 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 er 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:

```
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
```

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"
```

Interessanterweise werden logische Werte ebenfalls 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.

Hier noch ein kurzer Überblick zu den Test- und Transformationsbefehlen:

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 auch Vektoren 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 können, 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
```

3.4.3 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:

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

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
```

3.4.4 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"
```

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

```
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 so genannte ‘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)

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

3.4.5 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 aussehen 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
```

3.4.6 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
```

3.4.7 Nützliche Funktionen für atomare Vektoren

Hier sollen nur einige Funktionen erwähnt werden, die im Kontext von atomaren Vektoren besonders praktisch sind,⁶ 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:

```
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)
```

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

In diesem Fall ist `seq()` äquivalent zu `:`.`. `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. In einem solchen Fall müssen wir die Indexzahlen nicht direkt angeben:

⁶Für viele typische Aufgaben gibt es in R bereits eine vordefinierte Funktion. Am einfachsten findet man diese durch googlen.

```
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 Fallse von TRUE werden alle NA Werte für die Rechenoperation entfernt:

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

#> [1] NA

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. `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
```

3.4.8 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()` 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 entweder Elemente nach ihrer Position oder ihren Namen auswählen:

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

```
#> [1] "a"
l_2[["erstes_element"]]
```



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

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

3.4.9 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
```

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
```

Optionaler Hinweis: Matrizen sind weniger ‘fundamantal’ 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
```

Matrizenalgebra

Matrizenalgebra spielt in vielen statistischen Anwendungen eine wichtige Rolle. In R ist es sehr einfach die typischen Rechenoperationen für Matrizen zu implementieren. Hier nur ein paar Beispiele, für die wir die folgenden Matrizen verwenden:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 6 \\ 5 & 3 \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} 0 & 2 \\ 4 & 8 \end{pmatrix}$$

```
matrix_a <- matrix(c(1,5,6,3), ncol = 2)
matrix_b <- matrix(c(0,4,2,8), ncol = 2)
```

Skalar-Addition:

$$4 + A = \begin{pmatrix} 4 + a_{11} & 4 + a_{21} \\ 4 + a_{12} & 4 + a_{22} \end{pmatrix}$$

```
4+matrix_a
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]     5   10
#> [2,]     9    7
```

Matrizen-Addition:

$$A + B = \begin{pmatrix} a_{11} + b_{11} & a_{21} + b_{21} \\ a_{12} + b_{12} & a_{22} + b_{22} \end{pmatrix}$$

```
matrix_a + matrix_b
```

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

```
#> [1,]    1     8
#> [2,]    9    11
```

Skalar-Multiplikation:

$$2 \cdot \mathbf{A} = \begin{pmatrix} 2 \cdot a_{11} & 2 \cdot a_{21} \\ 2 \cdot a_{12} & 2 \cdot a_{22} \end{pmatrix}$$

```
2*matrix_a
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    2    12
#> [2,]   10     6
```

Elementenweise Matrix Multiplikation (auch ‘Hadamard-Produkt’):

$$\mathbf{A} \odot \mathbf{B} = \begin{pmatrix} a_{11} \cdot b_{11} & a_{21} \cdot b_{21} \\ a_{12} \cdot b_{12} & a_{22} \cdot b_{22} \end{pmatrix}$$

```
matrix_a * matrix_b
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    0    12
#> [2,]   20    24
```

Matrizen-Multiplikation:

$$\mathbf{A} \cdot \mathbf{B} = \begin{pmatrix} a_{11} \cdot b_{11} + a_{12} \cdot b_{21} & a_{11} \cdot b_{21} + a_{12} \cdot b_{22} \\ a_{21} \cdot b_{11} + a_{22} \cdot b_{21} & a_{21} \cdot b_{12} + a_{22} \cdot b_{22} \end{pmatrix}$$

```
matrix_a %*% matrix_b
```

```
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    24    50
#> [2,]    12    34
```

Die Inverse einer Matrix \mathbf{A} , \mathbf{A}^{-1} , ist definiert sodass gilt

$$\mathbf{A}\mathbf{A}^{-1} = \mathbf{I}$$

Sie kann in R mit der Funktion `solve()` identifiziert werden:

```
solve(matrix_a)
```

```
#>      [,1]      [,2]
#> [1,] -0.1111111  0.22222222
#> [2,]  0.1851852 -0.03703704
```

```
matrix_a %*% solve(matrix_a)
```

```
#>      [,1]      [,2]
#> [1,]    1 2.775558e-17
#> [2,]    0 1.000000e+00
```

Die minimalen Abweichungen sind auf maschinelle Rundungsfehler zurückzuführen und treten häufig auf.

Es gibt im Internet zahlreiche gute Überblicksartikel zum Thema Matrizenalgebra in R, z.B. [hier](#) oder in größerem Umfang [hier](#).

3.4.10 Data Frames

Der `data.frame` ist eine besondere Art von Liste und ist ein in der Datenanalyse regelmäßig auftretender Datentyp. 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 zu klassischen Liste:⁷

```
l_3
```

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

```
df_3
```

```
#>   a b c
```

⁷Gerade bei sehr großen Data Frames möchte man oft nur die ersten paar Elemente inspizieren. Das ist mit der Funktion `head()` möglich.

```
#> 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.⁸

```
df_4 <- data.frame(
  "gender" = c(rep("male", 3), rep("female", 2)),
  "height" = c(89, 75, 80, 66, 50),
  stringsAsFactors = FALSE
)
df_4
```

```
#>   gender height
#> 1 male     89
#> 2 male     75
#> 3 male     80
#> 4 female   66
#> 5 female   50
```

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.⁹ Diese Repräsentation erlaubt dann eine einfache Analyse und Manipulation der Daten.

Zwar gibt es eine eigene Vorlesung zur Bearbeitung von Daten, wir wollen aber schon hier einige zentrale Befehle im Zusammenhang von Data Frames einführen.

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

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

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

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

```
#> [1] 89 75 80 66 50
```

Die Abfrage funktioniert nicht nur mit Indices, sondern auch mit Spaltennamen:¹⁰

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

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

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

⁸Zur Geschichte dieses wirklich ärgerlichen Verhaltens siehe [diesen Blog](#).

⁹Das 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`.

¹⁰Anstelle von `[[` kann auch der Shortcut `$` verwendet werden. Das werden wir aufgrund der größeren Transparenz von `[[` hier jedoch nicht verwenden.

```
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     89
#> 2   male     75
```

Oder einzelne Werte:

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

```
#> [1] 75
```

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

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

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

3.5 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.¹¹

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

¹¹Wickham and Bryan (2019) bietet eine exzellente Einführung in das Programmieren von R Paketen.

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. Darunter ist 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 Objets 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: 0x7fcdbf2c0>
#> <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 <- length(x)
#>   n <- pmin(n, xlen)
#>   out <- c(x[-seq_len(n)], rep(default, n))
#>   attributes(out) <- attributes(x)
#>   out
#> }
#> <bytecode: 0x7fcdb0b406e8>
#> <environment: namespace:dplyr>
```

Wenn es zu Maskierungen kommt ist es aber 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 Falle zeigt uns die Funktion, dass er 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:utils"
#> [10] "package:datasets"    "package:methods"   "Autoloads"
#> [13] "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.

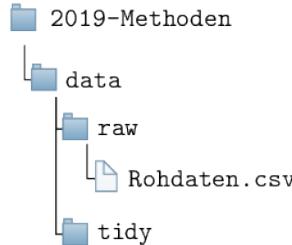
3.6 Kurzer Exkurs zum Einlesen und Schreiben von Daten

Zum Abschluss wollen wir noch kurz einige Befehle zum Einlesen von Daten einführen. Später werden wir uns ein ganzes Kapitel mit dem Einlesen und Schreiben von Daten beschäftigen, da dies in der Regel einen nicht unbeträchtlichen Teil der quantitativen Forschungsarbeit in Anspruch nimmt. An dieser Stelle wollen wir aber nur lernen, wie man einen Datensatz in R einliest.

R kann zahlreiche verschiedene Dateiformate einlesen, z.B. `csv`, `dta` oder `txt`, auch wenn für manche Formate bestimmte Pakete geladen sein müssen.

Das gerade für kleinere Datensätze mit Abstand beste Format ist in der Regel `csv`, da es von zahlreichen Programmen und auf allen Betriebssystemen gelesen und geschrieben werden kann.

Für die Beispiele hier nehmen wir folgende Ordnerstruktur an:



Um die Daten einzulesen verwenden wir das Paket `tidyverse`, die wir später genauer kennen lernen werden. Sie enthält viele nützliche Funktionen zur Arbeit mit Datensätzen. Zudem verwende ich das Paket `here` um relative Pfade immer von meinem Arbeitsverzeichnis aus angeben zu können.¹²

```
library(tidyverse)
library(here)
```

Nehmen wir an, die Datei `Rohdaten.csv` sähe folgendermaßen aus:

```
Auto,Verbrauch,Zylinder,PS
Ford Pantera L,15.8,8,264
Ferrari Dino,19.7,6,175
Maserati Bora,15,8,335
Volvo 142E,21.4,4,109
```

Wie in einer typischen csv Datei sind die Spalten hier mit einem Komma getrennt. Um diese Datei einzulesen verwenden wir die Funktion `read_csv` mit dem Dateipfad als erstes Argument:

```
auto_daten <- read_csv(here("data/raw/Rohdaten.csv"))
auto_daten
```

```
#> # A tibble: 4 x 4
#>   Auto      Verbrauch Zylinder     PS
#>   <chr>      <dbl>     <dbl> <dbl>
#> 1 Ford Pantera L     15.8      8     264
#> 2 Ferrari Dino      19.7      6     175
#> 3 Maserati Bora      15        8     335
#> 4 Volvo 142E         21.4      4     109
```

Wir haben nun einen Datensatz in R, mit dem wir dann weitere Analysen anstellen können. Nehmen wir einmal an, wir wollen eine weitere Spalte hinzufügen (Verbrauch/PS) und dann den Datensatz im Ordner `data/tidy` speichern. Ohne auf die Modifikation des Data Frames einzugehen können wir die Funktion `write_csv` verwenden um den Datensatz zu speichern. Hierzu geben wir den neuen Data Frame als erstes, und den Pfad als zweites Argument an:

¹²Das ist notwendig, da dieses Skript in R Markdown geschrieben ist und das Arbeitsverzeichnis automatisch auf den Ordner ändert, in dem das .Rmd file liegt. Mehr Information zum Schreiben von R Markdown finden Sie im Anhang. Dieser wird auch in der Vorlesung besprochen.

```
auto_daten_neu <- mutate(auto_daten, Verbrauch_pro_PS=Verbrauch/PS)
write_csv(auto_daten_neu, here("data/tidy/NeueDaten.csv"))
```

Es wird ein späteres Kapitel (und einen späteren Vorlesungstermin) geben, in dem wir uns im Detail mit dem Lesen, Schreiben und Manipulieren von Datensätzen beschäftigen.

Chapter 4

Lineare statistische Modelle in R

4.1 Einleitung und Überblick

4.1.1 Einführung in die lineare Regression

Zentrales Lernziel dieses Kapitels ist der Umgang mit einfachen linearen Regressionsmodellen in R. Dabei werden die Inhalte des Anhangs [Wiederholung grundlegender statistischer Konzepte](#) als bekannt vorausgesetzt. Schauen Sie als erstes in diesem Abschnitt 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

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \dots + \beta_n x_n + u_i$$

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.

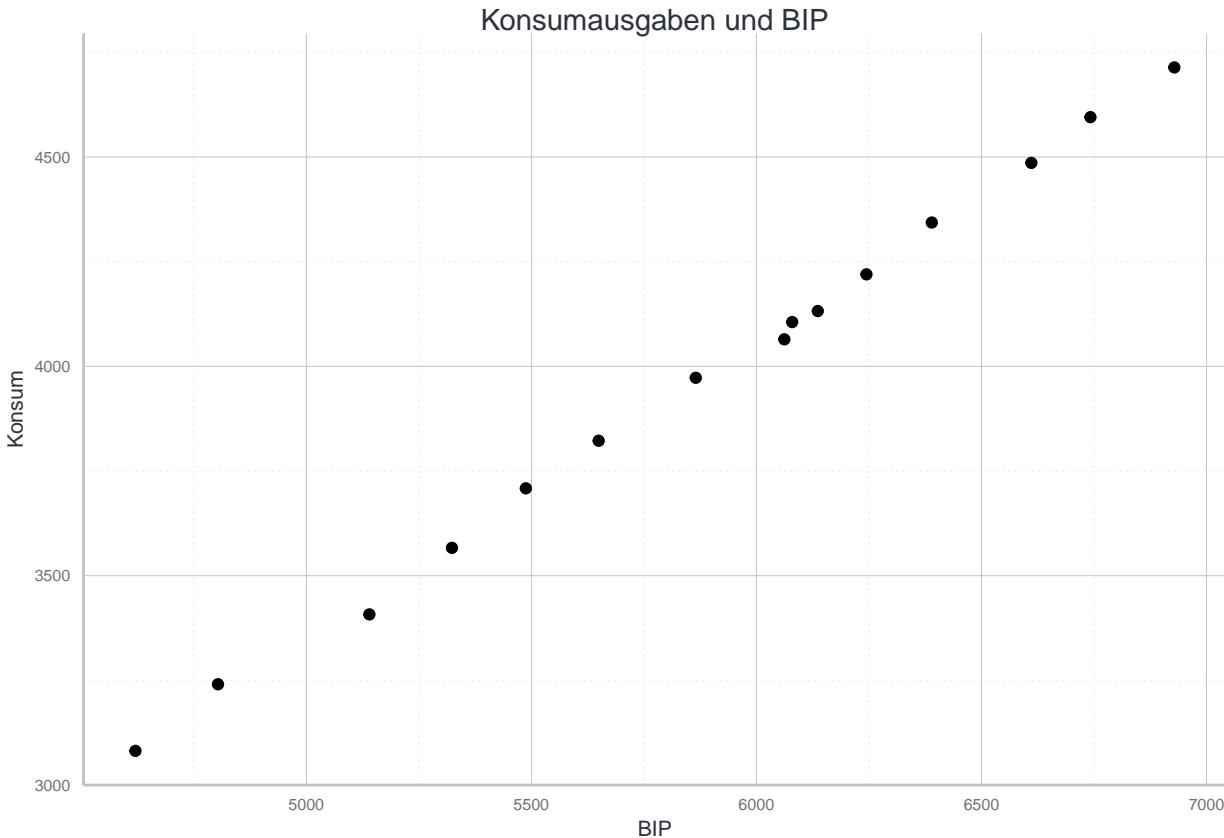
Bevor wir uns Schritt für Schritt mit der Regression auseinandersetzen wollen wir uns noch ein konkretes Beispiel anschauen.

4.1.2 Einführungsbeispiel

Beispiel: Konsum und Nationaleinkommen Wir sind daran interessiert wie zusätzliches Einkommen auf die Konsumausgaben in einer Volkswirtschaft auswirken. Daher stellen wir folgendes Modell auf:

$$C_i = \beta_0 + \beta_1 Y_i + \epsilon_i$$

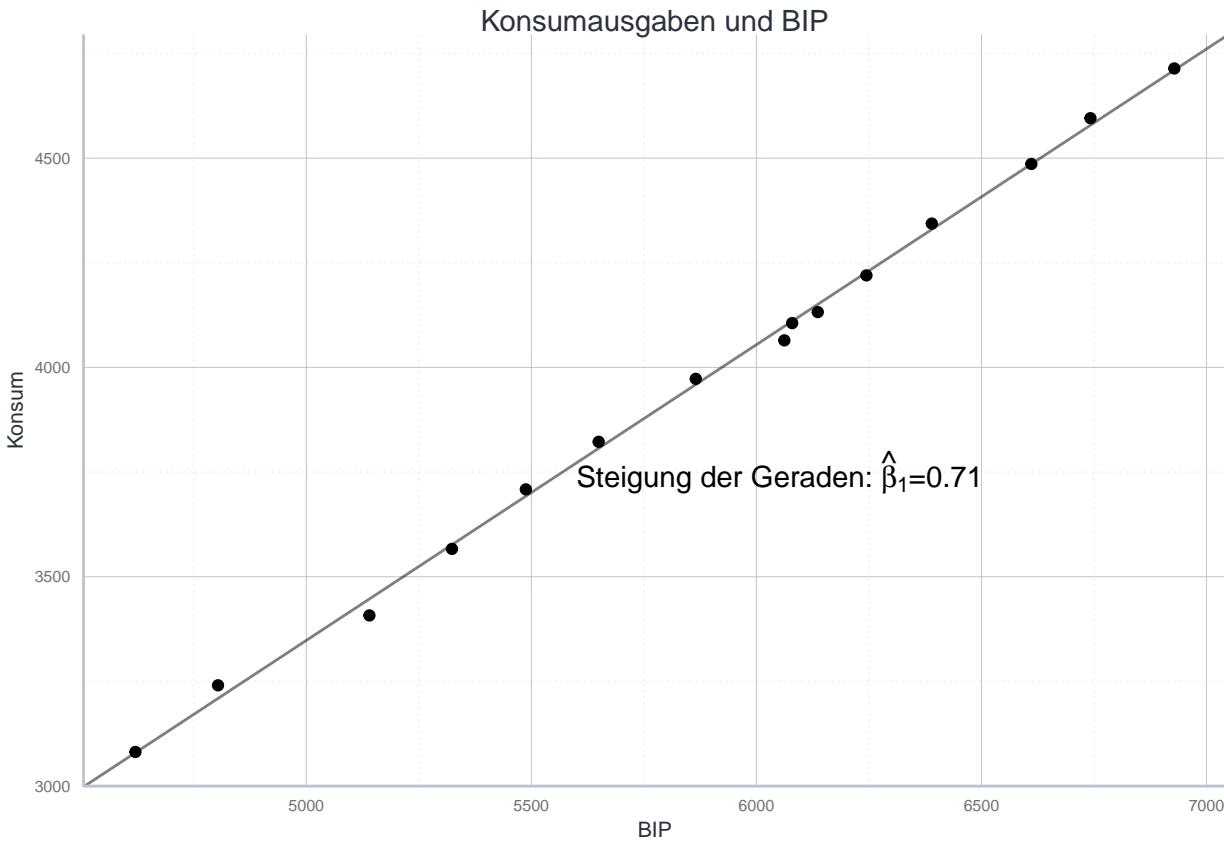
wobei C_i für die Konsumausgaben und Y_i für das BIP steht. Diese Gleichung stellt unser statistisches Modell dar. Es hat zwei Parameter, β_0 und β_1 , die wir mit Hilfe unserer Daten schätzen möchten. Wir laden uns also Daten zum Haushaltseinkommen und zum BIP aus dem Internet herunter und inspizieren 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:

```
schaetzung_bip <- lm(Konsum ~ BIP, data = daten)
schaetzung_bip
```

```
#>
#> Call:
#> lm(formula = Konsum ~ BIP, data = daten)
#>
#> Coefficients:
#> (Intercept)      BIP
#> -184.0780       0.7064
```



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 ein 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 Volkswirtschaftslehre 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] 5467.186
```

Im aktuellen Beispiel wären das also **5467.19** Euro.

4.1.3 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 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 und Residuenanalysen. Vieles ist eine Anwendung der im **Anhang zur schließenden Statistik** beschriebenen Konzepte.

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.

Am Schluss finden Sie ein konkretes [Anwendungsbeispiel](#), bei dem wir eine lineare Regression von Anfang an implementieren. (*Hinweis: dieser Abschnitt wird später ergänzt*)

4.2 Grundlagen der einfachen linearen Regression

4.2.1 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 Eingangbeispiel 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 Eingangsbeispiel war das das BIP, denn wir wollten über das BIP erklären wie viel Geld in einem Land für Konsum ausgegeben wird.

Jetzt ist es natürlich so, dass wir die erklärenden Variablen nie ganz genau beobachten können. Beim BIP sind z.B. Messfehler unvermeidlich, und auch ansonsten wird es sicher einige Unvollkommenheiten im Zusammenhang zwischen der erklärenden Variable und der abhängigen Variable geben. 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.¹ normalverteilt mit Erwartungswert 0: ϵ_i i.i.d. $\propto \mathcal{N}(0, \sigma^2)$.

Nun macht 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).² 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

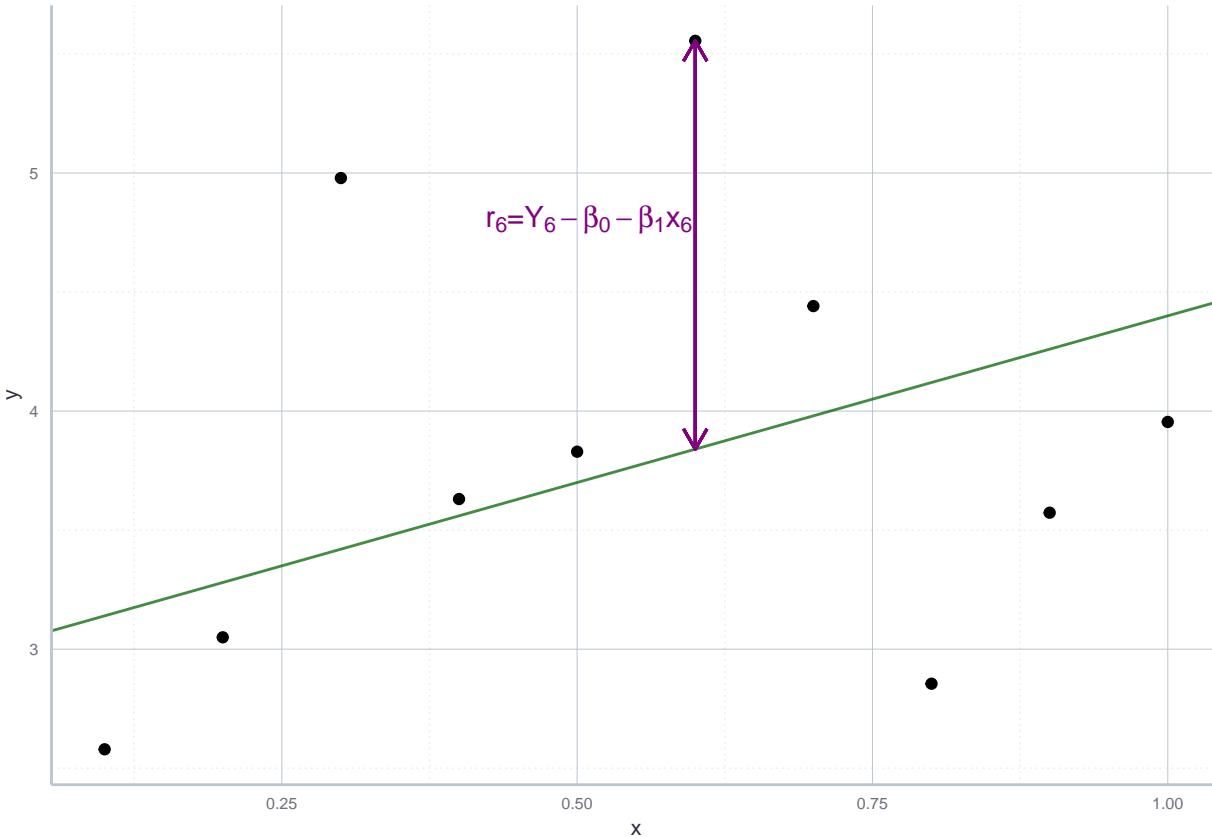
¹i.i.d. steht für *identically and independently distributed*, d.h. die Fehler sind unabhängig voneinander und folgen alle der gleichen Verteilung.

²Wenn Sie Schwierigkeiten mit dem Konzept einer ZV haben, schauen Sie doch mal in den [Anhang zur Wahrscheinlichkeitstheorie](#).

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).

4.2.2 Schätzung mit der Kleinsten-Quadrat-Methode

Nachdem wir unser Modell aufgestellt haben, möchten wir nun die Parameter β_0 und β_1 *schätzen*. Dazu brauchen wir einen *Schätzer*, also eine Funktion, die uns für die Daten, die wir haben, den optimalen Wert für den gesuchten Parameter gibt.³ Wir suchen also nach den Werten für β_0 und β_1 sodass die resultierende Gerade möglichst nahe an allen Y_i Werten in folgendem Graph ist:



Wenn wir das händisch machen würden, könnten wir versuchen die Abstände zwischen den einzelnen Y_i und der Regressionsgeraden 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 **Kleinstes-Quadrat-Methode** (engl. *ordinary least squares* - OLS) bekannt.⁴ 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* r_i . Wie in der Abbildung zu sehen ist, gilt für die Abweichung von der Regressionsgeraden für die einzelnen Y_i : $r_i = (Y_i - \hat{\beta}_0 - \hat{\beta}_1 x_i)$. Wir suchen also nach den Werten für $\hat{\beta}_0$ und $\hat{\beta}_1$ für die die Summe aller Residuen minimal ist:

³Wenn Ihnen das Konzept eines Schätzers sehr fremd ist, schauen Sie doch mal in den Anhang zur schließenden Statistik.

⁴Warum 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.

$$\hat{\beta}_0, \hat{\beta}_1 = \operatorname{argmin}_{\beta_0, \beta_1} \sum_{i=1}^n (Y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i)^2$$

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:⁵

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}$$

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
```

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:

$$\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y}) = (0.1 - 0.3)(2.58 - 3.614) + (0.2 - 0.3)(3.05 - 3.614) + (0.3 - 0.3)(4.98 - 3.614) + (0.4 - 0.3)(3.63 - 3.614) + (0.5 - 0.3)(3.83 - 3.614)$$

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:

⁵Jede*r Interessierte findet die genaue Herleitung sehr einfach im Internet oder in der Kursliteratur.

$$\hat{\beta}_1 = \frac{0.308}{0.1} = 3.08$$

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:

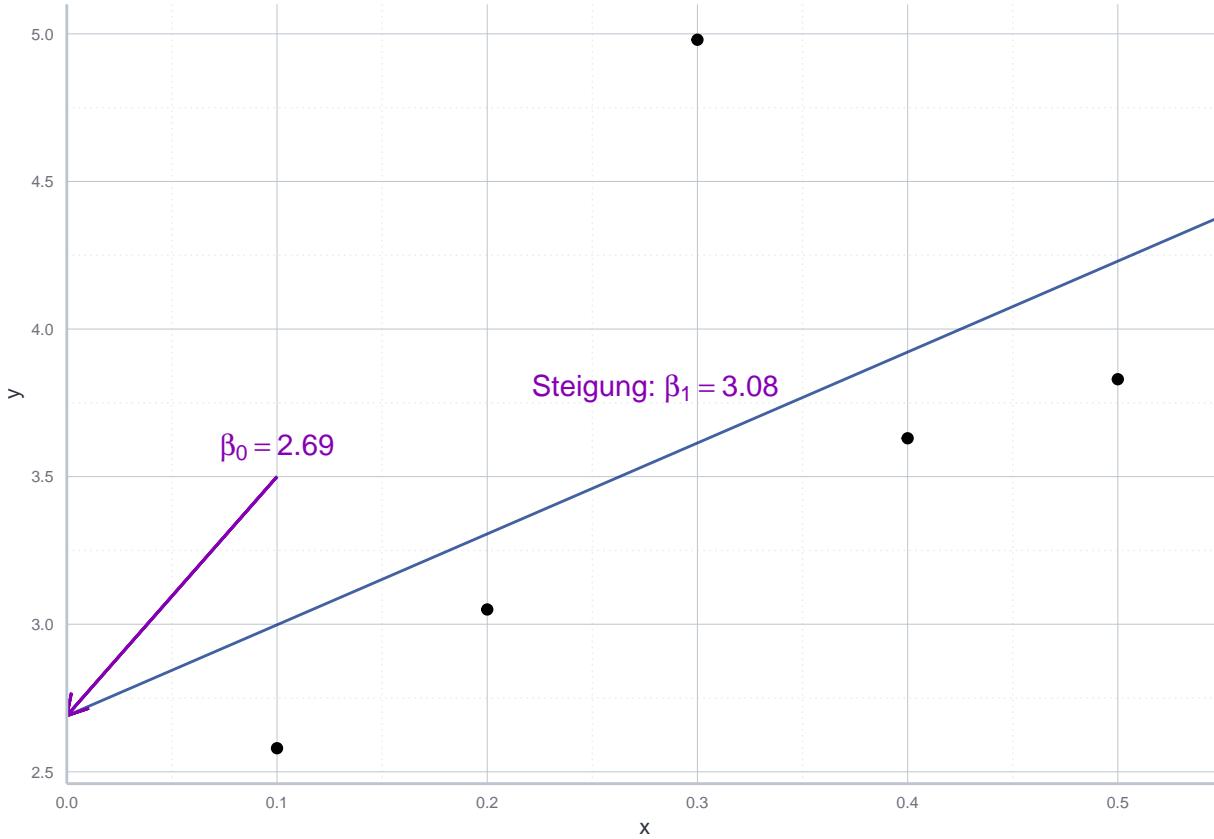
```
str(schaetzung)
```

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 Modells vorhersagen wollen. Zum Abschluss hier noch einmal die Daten mit der von uns gerade berechneten Regressionsgeraden:



Zwar wissen wir jetzt, wie wir eine einfache lineare Regression schätzen, allerdings hört die Arbeit hier nicht auf! Unsere bisherige Tätigkeiten korrespondieren zu der im [Anhang zur schließenden Statistik](#) 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.

4.2.3 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. Daher wollen wir uns im Folgenden etwas genauer mit diesen Annahmen vertraut machen.

Zwar schwankt die genaue Anzahl der Annahmen je nach Formulierung, in der Essenz handelt es sich aber um folgende:

1. **A1: Erwartungswert der Fehler gleich Null:** $\mathbb{E}(\epsilon = 0)$ Diese Annahmen setzt voraus, dass ϵ keine Struktur hat und im Mittel gleich Null ist. Das ist plausibel, denn 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, oder die lineare Struktur des Modells ändern könnten. Die Annahme

impliziert auch, dass der Zusammenhang zwischen der erklären und erklärenden Variablen auch tatsächlich linear ist. Grob ausgedrückt: wir nehmen hier an, dass wir unser Modell clever spezifiziert haben.

2. **A2: Unabhängigkeit der Fehler mit den erklärenden Variablen:** Das bedeutet, dass es keinen systematischen Zusammenhang zwischen den Fehlern und den erklärenden Variablen gibt. Die Annahme wäre verletzt, wenn für größere Werte von x die Messgenauigkeit drastisch in eine Richtung hin abnehmen würde.
3. **A3: Konstante Varianz der Fehlerterme** Diese Annahme wird auch **Homoskedastizität** genannt und sagt einfach: $\text{Var}(\epsilon_i) = \sigma^2 \forall i$
4. **A4: Keine Autokorrelation der Fehlerterme** Die Annahme verlangt, dass die Fehler nicht untereinander korreliert sind: $\text{Cov}(\epsilon_i, \epsilon_j) = 0 \forall i, j$. Das kann vor allem ein Problem sein, wenn die gleichen erklärenden Variablen zu unterschiedlichen Zeitpunkten gemessen werden.
5. **A5: Keine perfekte Multikollinearität** Diese Annahme verbietet den Fall, dass eine 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 nur selten auf. In diesem Fall ist $\hat{\beta}$ schlicht nicht definiert. Problematisch wird es aber schon wenn eine erklärende Variable *fast* eine lineare Transformation einer anderen ist. Als generellen *take-away* können wir mitnehmen, dass wir in den erklärenden Variablen möglichst wenig Redundanz haben sollten.
6. **A6: Normalverteilung der Fehlerterme:** $\epsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$ Diese Annahme ist notwendig für die Hypothesentests und Berechnung von Konfidenzintervallen für die Schätzer.

Diese Annahmen bilden die Grundlage für das so genannte **Gauss-Markov-Theorem**, gemäß dem der OLS-Schätzer für lineare der beste konsistente Schätzer ist, den wir finden können. In anderen Worten: OLS ist der *BLUE - Best Linear Unbiased Estimator*. Mit konsistent ist gemeint, dass die Schätzer 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 weiter unten erklärt.

Dabei gilt, dass der OLS-Schätzer bereits unter den Annahmen **A1** und **A2** erwartungstreue ist. Die weiteren Annahmen sind notwendig um die Effizienz sicherzustellen, und die Standardfehler für die Schätzer berechnen zu können. Es gibt Varianten von OLS in der man die Abhängigkeit von diesen Annahmen reduzieren kann. Wir lernen solcherlei Methoden später in der Veranstaltung kennen.

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 irreführend sind. Daher sollte zu jeder Regressionsanalyse die Überprüfung der Annahmen dazugehören. Die notwendigen Methoden dazu lernen wir weiter unten kennen.

Es ist wichtig zu beachten, dass wir eine Regression mit OLS schätzen können und keine Fehlermeldungen bekommen, obwohl die Annahmen für OLS nicht erfüllt sind.⁶ In diesem Fall sind die Ergebnisse jedoch möglicherweise irreführend. Daher ist es immer wichtig, die Korrektheit der Annahmen zu überprüfen und weitere Kennzahlen der Regression zu betrachten. Methoden dafür lernen wir nun genauer kennen.

⁶Die einzige Ausnahme ist A5, denn in diesem Fall ist der Schätzer gar nicht definiert.

4.3 Kennzahlen in der linearen Regression

4.3.1 Erklärte Varianz und das R^2

Als erstes wollen wir fragen, ‘wie gut’ unser geschätztes Modell unsere Daten erklären kann. In der ökonometrischen Praxis ist ein Weg diese Frage zu beantworten zu 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:

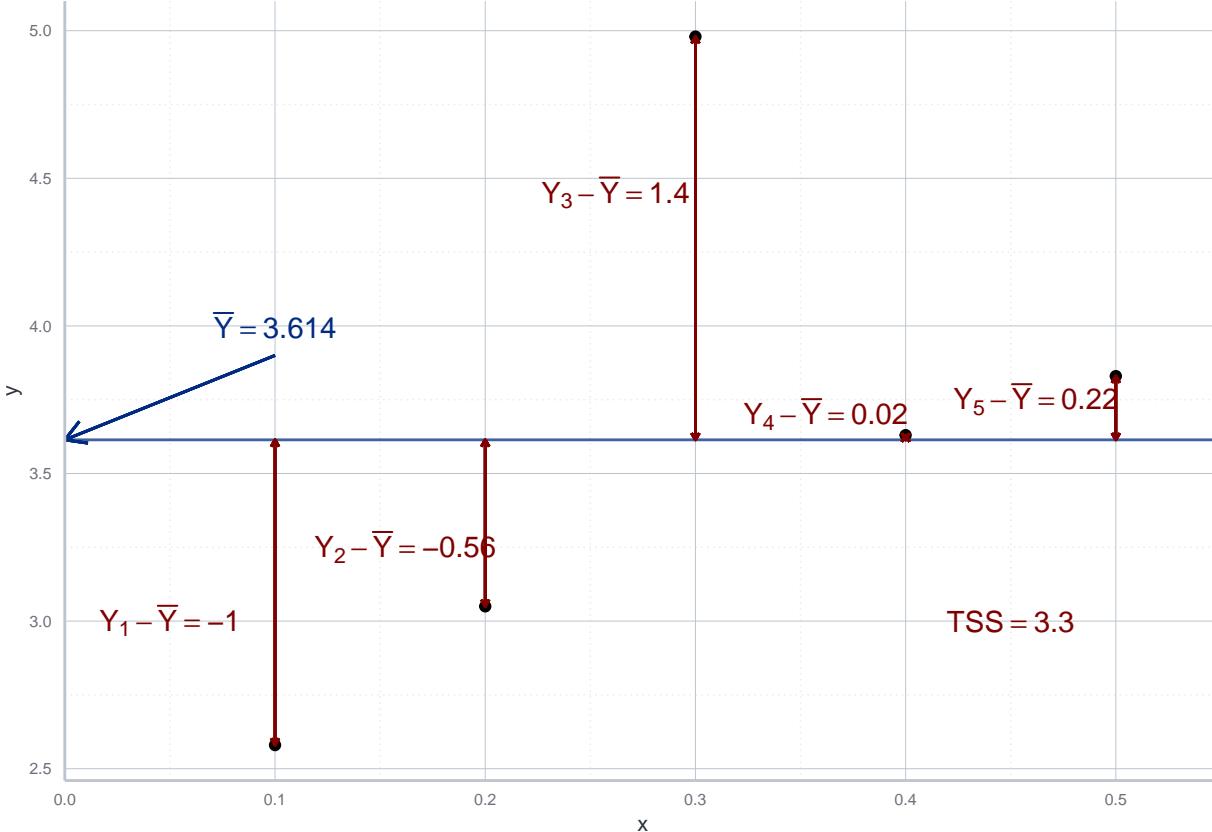
$$TSS = \sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2$$

In R:

```
tss <- sum((datensatz$y - mean(datensatz$y))**2)
tss
```

```
#> [1] 3.30012
```

Diese Werte sind in folgender Abbildung für unseren Beispieldatensatz von oben grafisch dargestellt:



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 r_i . Entsprechend definieren wir die *Residual Sum of Squares (RSS)* (dt.: *Residuenquadratsumme*) als:

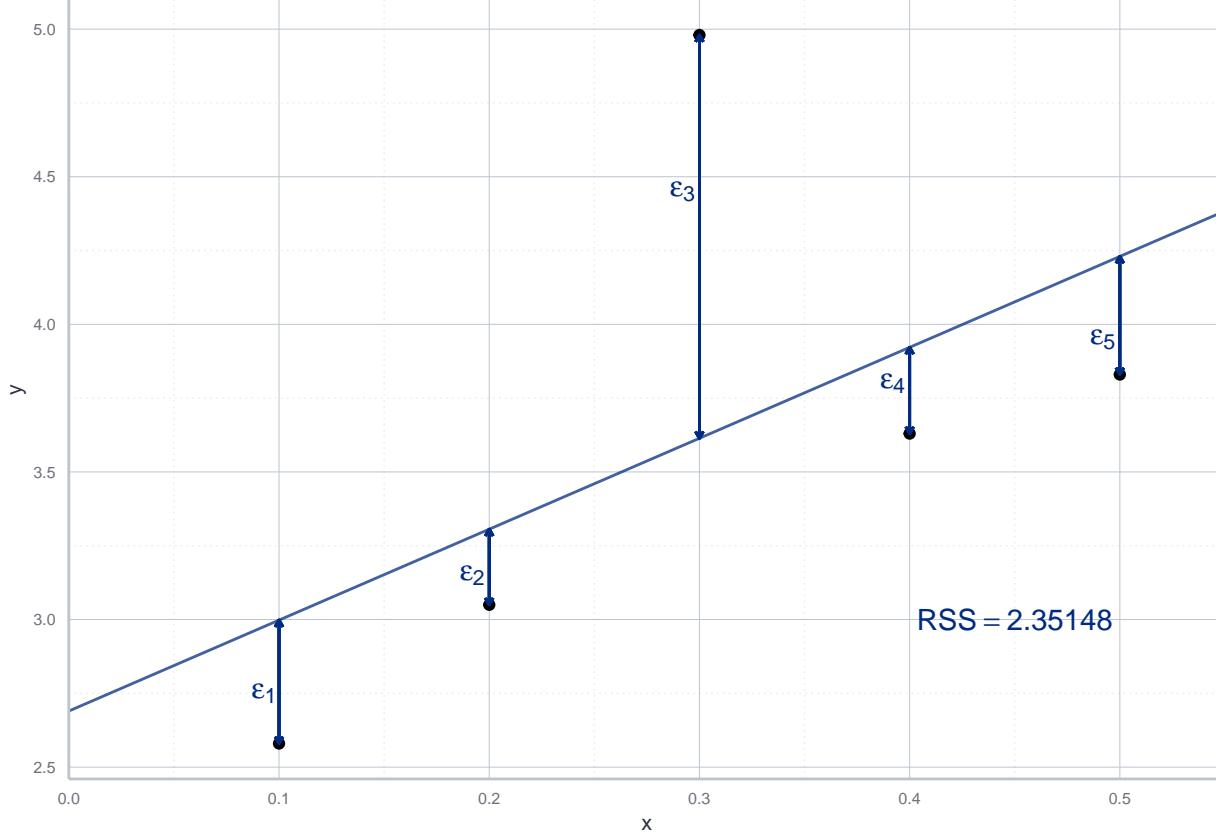
$$RSS = \sum_i^n \epsilon_i^2$$

In R:

```
rss <- sum(schaetzung[["residuals"]]**2)
rss
```

```
#> [1] 2.35148
```

Diese sehen wir hier:



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} :

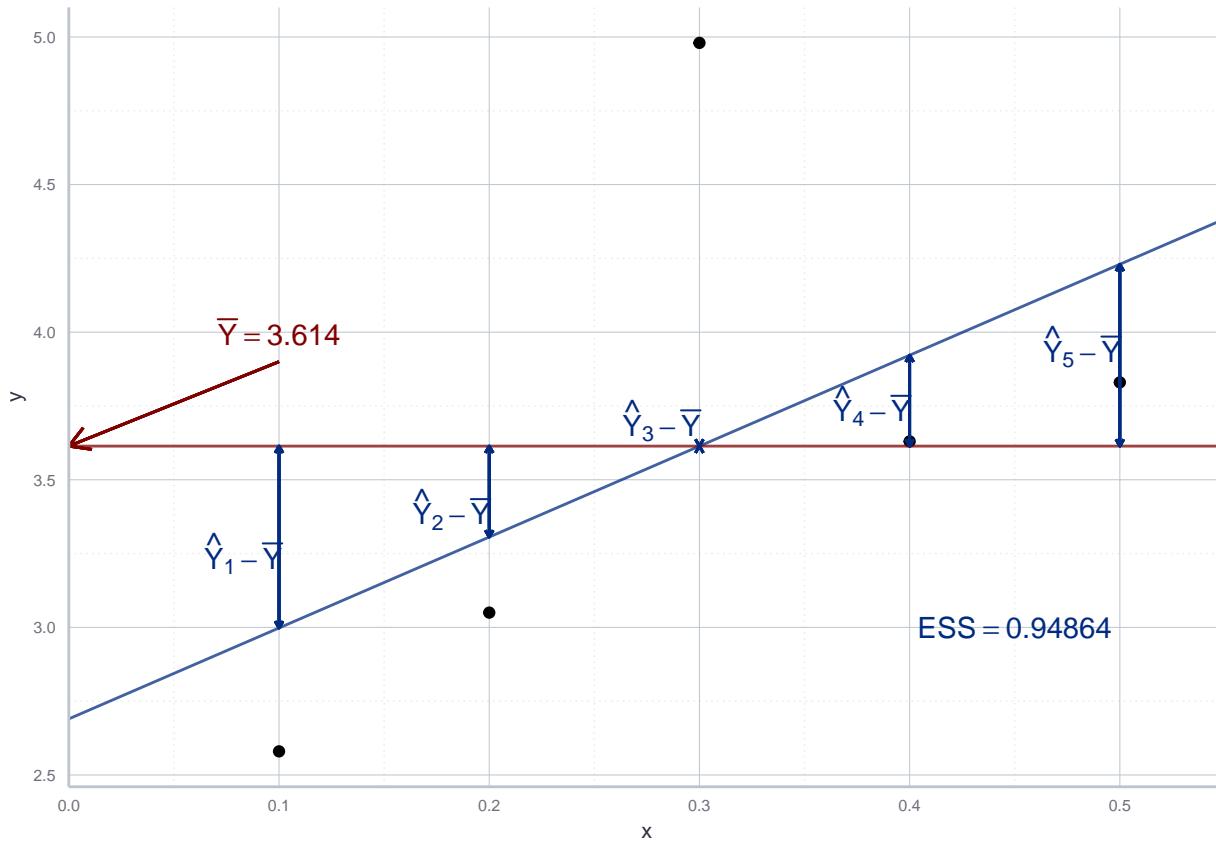
$$ESS = \sum_{i=1}^n (\hat{Y}_i - \bar{Y})^2$$

Diese ergibt sich in R als:

```
ess <- sum((schaetzung[["fitted.values"]] - mean(datensatz$y))**2)
ess
```

```
#> [1] 0.94864
```

Und grafisch:



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:

$$R^2 = \frac{ESS}{TSS} = 1 - \frac{RSS}{TSS}$$

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 als ca. 28% 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. In unserem Fall hier ist $N = 5$ und $K = 3$, da mit β_0 und β_1 zwei Parameter geschätzt werden.

Das adjustierte R^2 , häufig als \bar{R}^2 bezeichnet, ist definiert als:

$$\bar{R}^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n \epsilon_i^2 / (N - K - 1)}{\sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2 / (N - 1)}$$

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!

4.3.2 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 wir 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 im [Anhang 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? Tatsächlich können wir das aus unseren oben getroffenen Annahmen direkt ableiten:

$$\hat{\beta}_0 \sim \mathcal{N}\left(\beta_0, \sigma^2 \left(\frac{1}{n} + \frac{\bar{x}^2}{SS_X}\right)\right), \quad SS_X = \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \hat{\beta}_1 = \mathcal{N}\left(\beta_1, \frac{\sigma^2}{SS_X}\right)$$

An der Tatsache, dass $\mathbb{E}(\hat{\beta}_i) = \beta_i$ sehen wir, dass die Schätzer *erwartungstreu* sind. 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 DGP kennen. Dieser wahre DGP wird beschrieben durch:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i, \quad \epsilon_i \sim \mathcal{N}(0, 5)$$

Wenn wir nun mit diesem DGP 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 DGT:

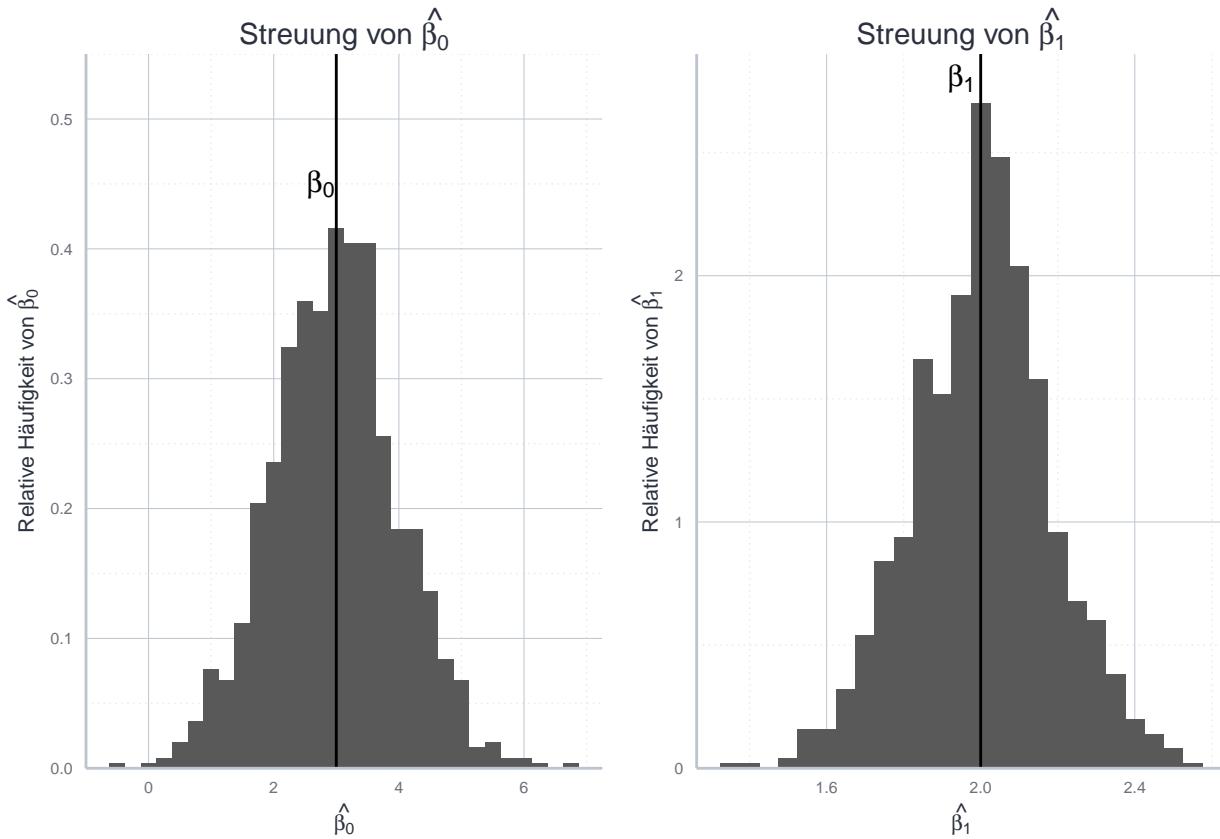
```
set.seed(123)
true_DGP <- function(x, b0, b1){
  y <- b0 + b1*x + rnorm(length(x), 0, 5)
  return(y)
}
beta_0_wahr <- 3
beta_1_wahr <- 2
sample_size <- 100
x <- runif(sample_size, 0, 10)
```

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 direkt visualisieren:



Wie wir sehen, treffen die Schätzer im Mittel den richtigen Wert, streuen aber auch. Die Varianz gibt dabei die Breite des jeweiligen Histograms an und je sträcker die relativen Häufigkeiten des geschätzten Wertes um den wahren Wert konzentriert sind, also desto geringer die Varianz, desto genauer 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 $\frac{1}{n-2} \sum_{i=1}^n \epsilon_i^2$, 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 = daten)
#>
#> Residuals:
#>    Min     1Q   Median     3Q    Max
#> -39.330 -8.601   1.761  14.769  31.306
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
#> (Intercept) -1.841e+02  4.626e+01 -3.979  0.00157 **
```

```
#> BIP      7.064e-01 7.827e-03 90.247 < 2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 20.29 on 13 degrees of freedom
#> Multiple R-squared: 0.9984, Adjusted R-squared: 0.9983
#> F-statistic: 8145 on 1 and 13 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_i gleich Null ist?".

Das ist die klassische Frage für einen Hypothesentest⁷ 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.⁸ 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 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:
#> lm(formula = Konsum ~ BIP, data = daten)
#>
#> Residuals:
#>   Min     1Q Median     3Q    Max
#> -39.330 -8.601  1.761 14.769 31.306
#>
#> Coefficients:
#>             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) -1.841e+02 4.626e+01 -3.979 0.00157 **
#> BIP          7.064e-01 7.827e-03 90.247 < 2e-16 ***
#> ---
#> Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 20.29 on 13 degrees of freedom
```

⁷Lesen Sie noch einmal im [Anhang zur schließenden Statistik](#) nach, wenn Sie nicht mehr wissen was ein Hypothesentest ist.

⁸Warum 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. Mir zunehmendem Stichprobenumfang wird die Abweichung immer irrelevanter, jedoch ist die t -Verteilung so einfach zu handhaben, dass man sie eigentlich immer benutzen kann.

```
#> Multiple R-squared:  0.9984, Adjusted R-squared:  0.9983
#> F-statistic:  8145 on 1 and 13 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**. Wir diskutieren dieses Problem später im Rahmen der Veranstaltung

4.3.3 Konfidenzintervalle für die Schätzer

Ausgehend von den Überlegungen zur Signifikanz können wir nun **Konfidenzintervalle** für unsere Schätzer konstruieren. Wie im [Anhang 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 werden 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) -284.0209372 -84.1350533
#> BIP          0.6894978   0.7233183
```

Für $\hat{\beta}_1$ ist das 95%-Konfidenzintervall also $[0.69, 0.72]$. Das bedeutet, dass wenn der zugrundeliegende Daten-generierungsprozess sehr häufig wiederholt werden würde, dann würde 95% der so für $\hat{\beta}_1$ berechneten 95%-Konfidenzintervalle β_1 enthalten.

4.3.4 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:⁹

```
set.seed(123)
wahres_b0 <- 3
wahres_b1 <- 1.4

stichproben_n <- 50
x <- 1:stichproben_n * 0.1
```

⁹Die 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.

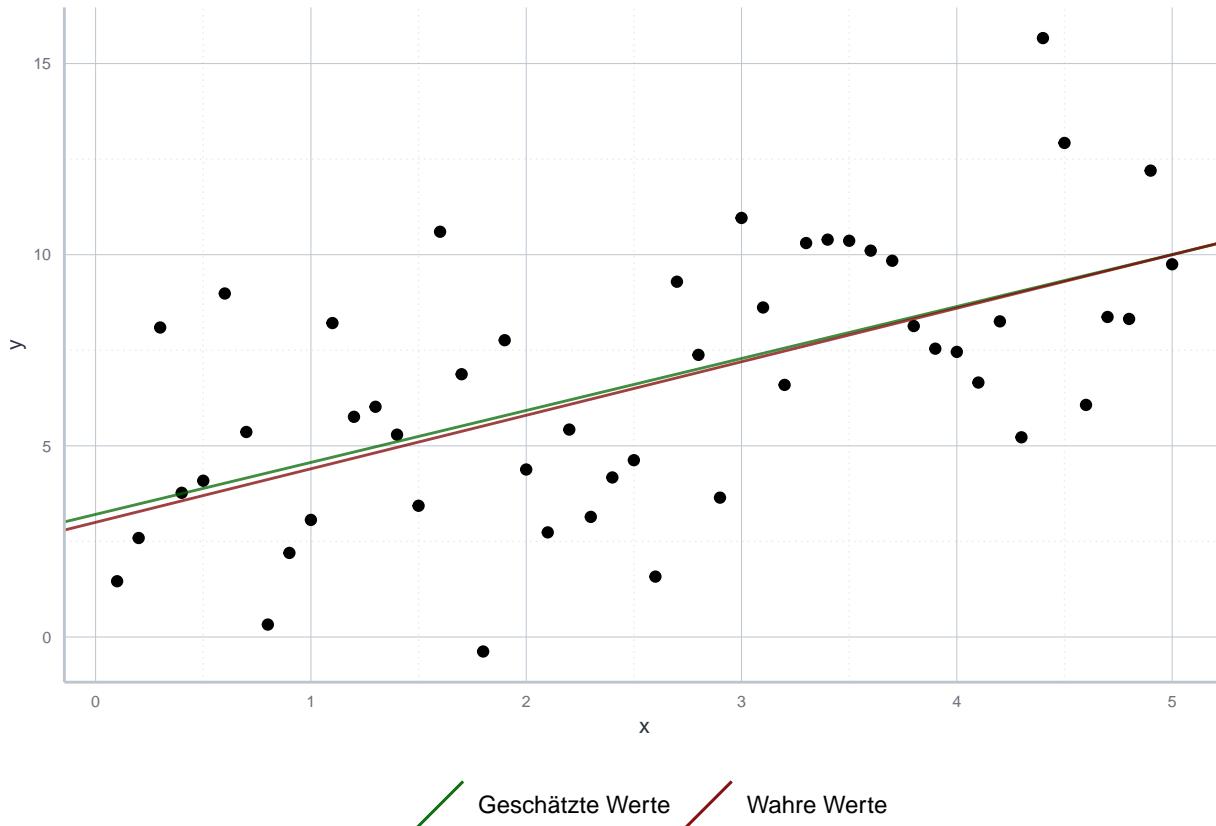
```

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
)

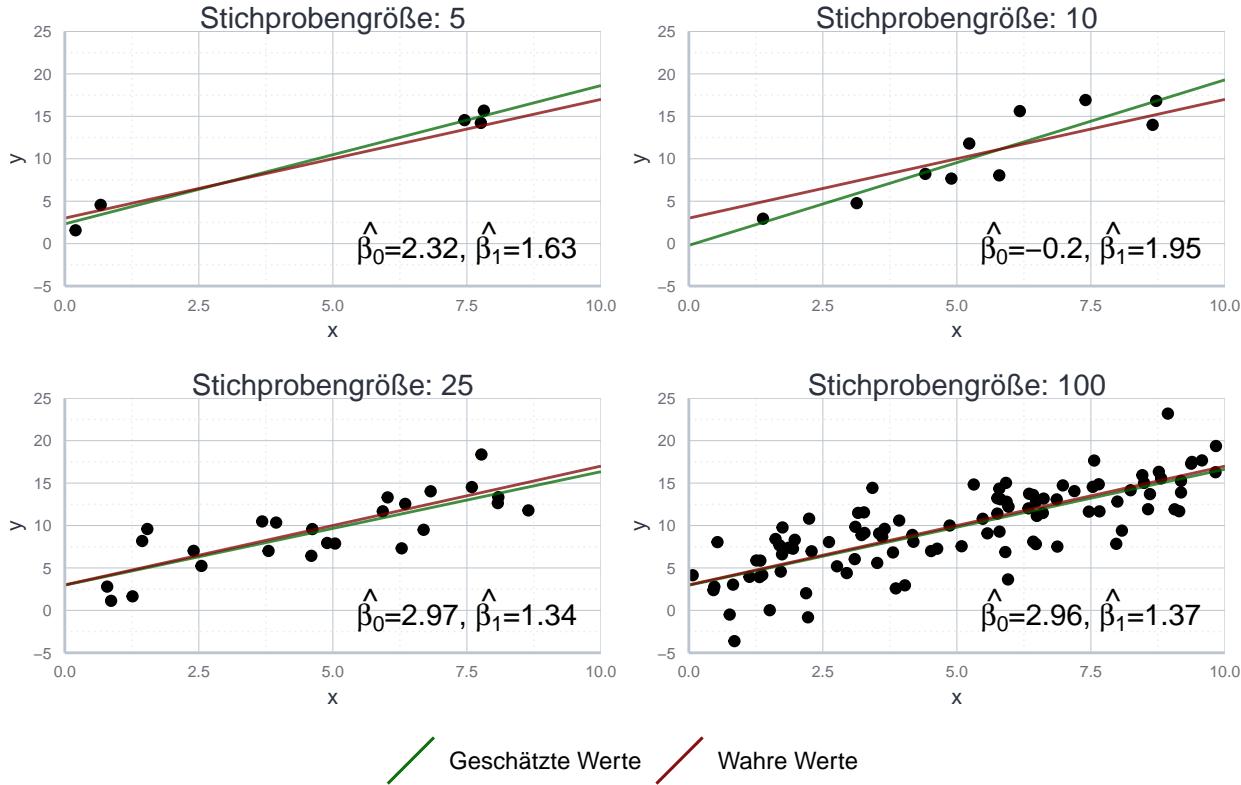
```

Wie wir im folgenden sehen ist die geschätzte Gerade nicht exakt deckungsgleich zur ‘wahren’ Gerade, aber doch durchaus nahe dran:



Grundsätzlich gilt, dass die erwartete Deckung der beiden dann höher ist wenn (1) die Annahmen für die einfache lineare Regression gut 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 ansehen, wie eine größere Stichprobe die Schätzgenauigkeit beeinflusst, wobei wir die formale Begründung warum das so ist bis ans Ende des Kapitels aufschieben:

Regressionen mit $\beta_0 = 3$ und $\beta_1 = 1.4$



4.3.5 Residuenanalyse

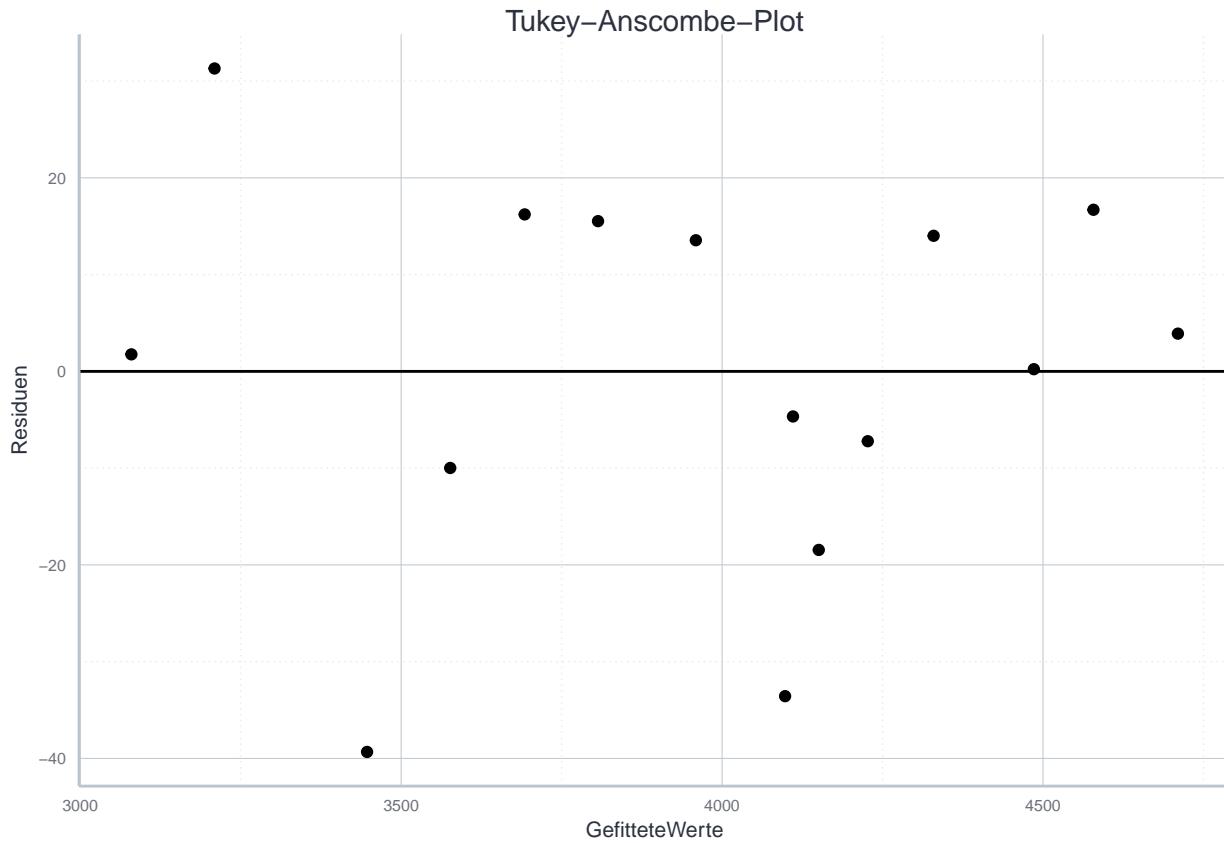
Eine sehr hilfreiche Art, die Modellannahmen von oben zu überprüfen ist die Analyse der Residuen. Diese sind im Ergebnisobjekt der Regression gespeichert:

```
schaetzung_bip[["residuals"]]
```

Wir wollen nun die Residuen verwenden um die folgenden Annahmen unseres Regressionsmodells zu überprüfen:

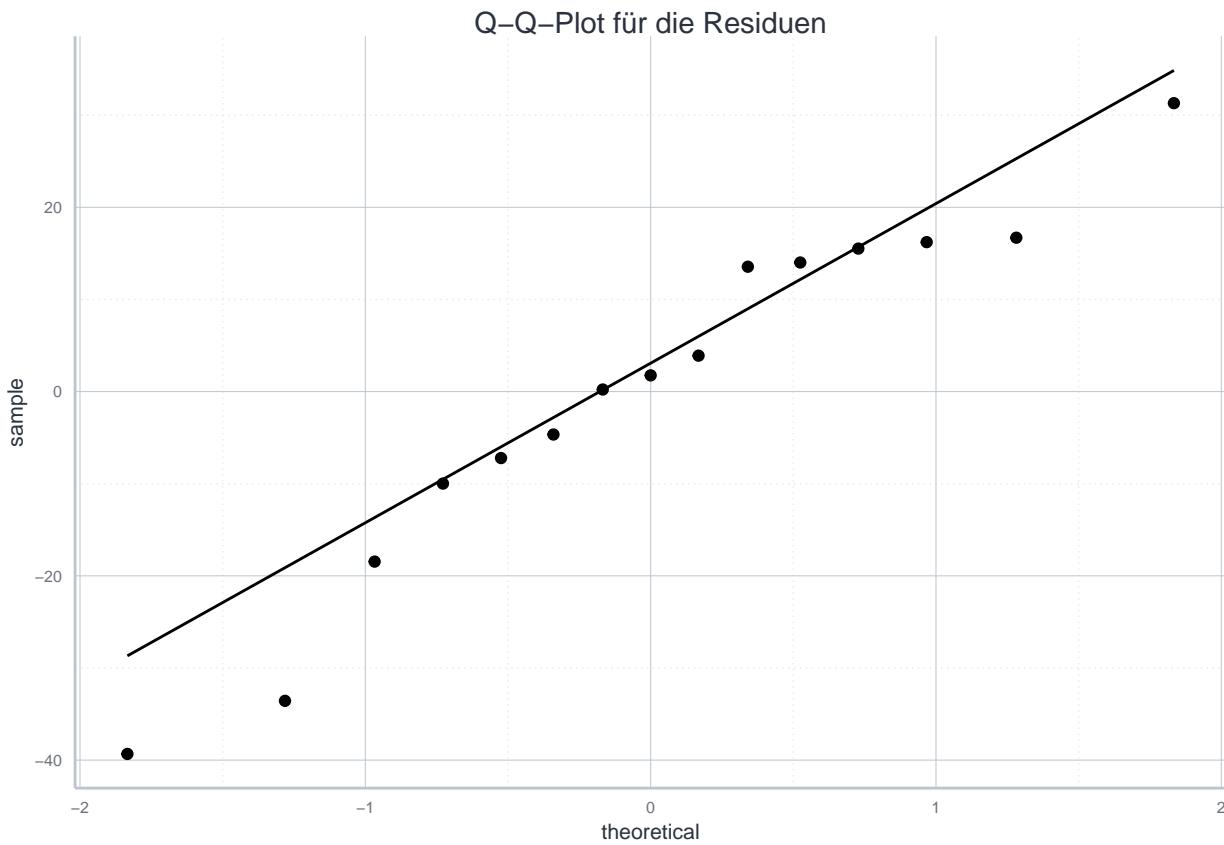
1. **A3:** $Var(\epsilon_i) = \sigma^2 \forall i$
2. **A4:** $Cov(\epsilon_i, \epsilon_j) = 0 \forall i, j$
3. **A6:** $\epsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$

Um die ersten beiden Annahmen zu überprüfen bilden wir die ϵ_i gegen \hat{Y} ab und erhalten so den so genannten **Tukey-Anscombe-Plot**:



Hier geht es nun darum eine Struktur zu erkennen. Wenn alle Annahmen korrekt sind, sehen wir nur eine unstrukturierte Punktewolke. In dem vorliegenden Fall können wir aufgrund der wenigen Datenpunkte den Plot aber nur mit großer Schwerierigkeit interpretieren - auch deswegen sind große Stichproben immer besser. Es scheint aber so zu sein, dass die Varianz der Fehler mit x_i steigt, also A3 möglicherweise verletzt ist - zum Glück kann man den OLS-Schätzer leicht modifizieren um damit umzugehen. Ansonsten ist keine Struktur zumindest unmittelbar ersichtlich.

Als nächstes wollen die Annahme normalverteilter Residuen überprüfen. Das geht mit dem so genannten **Q-Q-Plot**:



Bei normalverteilten Residuen würden die Punkte möglichst exakt auf der Linie liegen. Das ist hier nur bedingt der Fall, deswegen sollten wir skeptisch bezüglich aller Ergebnisse sein, die auf der Normalverteilungsannahme aufbauen, also auf den Standardfehlern, p -Werten und den Konfidenzintervallen.

Natürlich gibt es auch noch weitere Probleme, die bei einer linearen Regression auftreten können. So ist es immer ein Problem, wenn wir eine wichtige erklärende Variable in unserem Modell vergessen haben (**omitted variable bias**), da deren Effekt dann durch die Fehlerterme abgefangen wird und zu einer Verletzung von **A1** und **A2** führt.

Ein großes Problem stellt auch die so genannte **Simultanität** dar: diese tritt auf, wenn zwischen erklärter und erklärender Variable ein wechselseitiges kausales Verhältnis besteht. Wir sprechen dann auch von einem **Endogenitätsproblem**, welches leider sehr häufig auftritt und letztendlich vor allem theoretisch identifiziert werden muss.

4.4 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 durch die Residuenanalyse
5. Inspektion der relevanten Kennzahlen wie R^2 und der statistischen Signifikanz der geschätzten Werte; falls relevant: Angabe von Konfidenzintervallen

4.5 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 einen Beispieldatensatz verwenden, in dem Informationen über Informationen über die Preise von ökonomischen Journals gesammelt sind:

```
journal_data <- fread(here("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 macht 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 + 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 als für den einfachen linearen Fall, nur dass wir eine weitere Zeile für die neue erklärende Variable haben:

```
summary(reg)
```

```
#>
#> Call:
#> lm(formula = Preis ~ Seitenanzahl + 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* Formen.

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* (A5) 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 später in der Veranstaltung noch genauer auseinandersetzen.

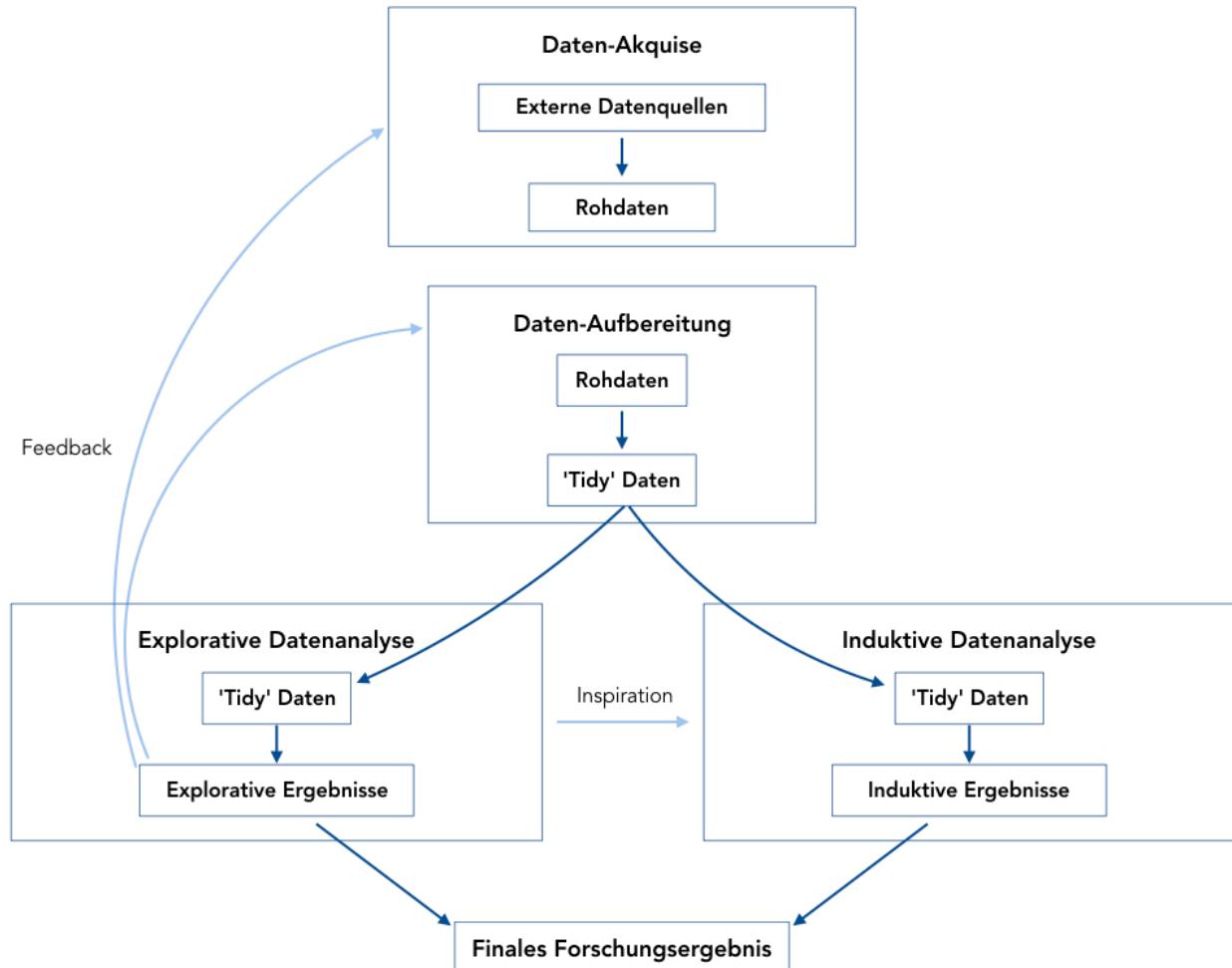
4.6 Anwendungsbeispiel

Dieser Abschnitt wird zeitnah ergänzt.

Chapter 5

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.



In diesem Kapitel liegt der Fokus auf den ersten beiden Abschnitten, der Akquise und der Aufbereitung ihrer Daten.

Laut [dieser Umfrage](#) verwenden Datenspezialisten 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)
```

Disclaimer: In diesem Kapitel verwenden wir für die Arbeit mit Daten vor allem Pakete aus dem so genannten [tidyverse](#). Ich habe mich für diese Pakete entschieden, weil es 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.

5.1 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 s.g. *mixed methods*-Ansätze immer beliebter.

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.

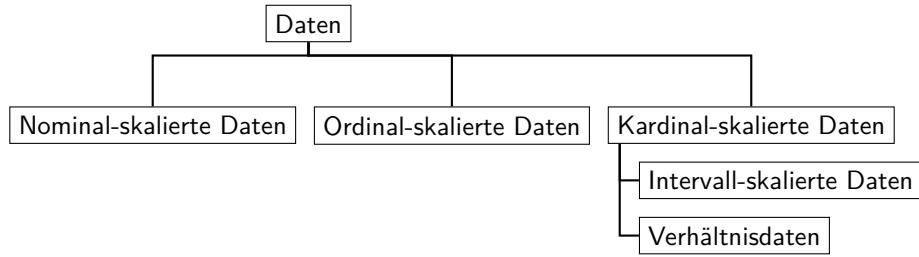
Latente Variablen sind **nicht** direkt beobachtbar und sind häufig erklärungsbedürftig. *Nutzen* ist zum Beispiel nicht beobachtbar.¹ Zudem muss in der Regel erst einmal deutlich gemacht werden, was mit dem Begriff genau gemeint ist.

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 Einfallsstör 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 **kardinal-skalierte** Daten zusammen gefasst werden:

¹Das klassische Beispiel in der Psychologie ist ‘Intelligenz’,

²Interessanterweise hat der ‘Erfinder’ des modernen BIP Simon Kuznets in [Kuznets \(1934\)](#) davon abgeraten, diese Operationalisierung als Indikator für wirtschaftliche Entwicklung zu verwenden.



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

```

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

#> [1] "character"

beobachtete_haarfarben <- factor(beobachtete_haarfarben)
typeof(beobachtete_haarfarben)

#> [1] "integer"
table(beobachtete_haarfarben)

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

Bei der Funktion `as.factor()` können Sie die Ausprägungen auch selbst spezifizieren. Das ist vor allem dann wichtig, wenn eine Ausprägung nicht vorkommt:

```

beobachtete_haarfarben <- c("Blond", "Braun", "Schwarz",
                             "Blond", "Braun", "Braun")
beobachtete_haarfarben <- factor(beobachtete_haarfarben,
                                    levels=c("Blond", "Braun",
                                             "Schwarz", "Glatze"))

table(beobachtete_haarfarben)

#> beobachtete_haarfarben
#>   Blond  Braun Schwarz  Glatze
#>     2      3      1      0
  
```

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:

```
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
```

Wir erkennen, dass der Faktor geordnet ist 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()`:

```
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:

```
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 macht 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 intervall-skalierte Daten in der Regel als `integer` oder `double` gespeichert und wir können Kennzahlen wie den Mittelwert oder die Varianz berechnen.

Allerdings verfügen intervall-skalierte 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

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

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 20 Grad Celsius doppelt so warm sind wie 40 Grad Celsius, nur das der Abstand der Gleiche 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 verhältnis-skalierte 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 intervall-skalierte Variablen ein Verhältnis berechnen wollen.

Die folgende Tabelle fasst das noch einmal zusammen:

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>

Wie oben erwähnt bestimmt das Skalenniveau die anwendbaren statistischen Operationen und Maße. Zur Illustration fasst die folgende Tabelle zusammen, welche uns bislang bekannten statistischen Maße für welche Skalenniveaus definiert sind:

	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 Angaben: Aus der Skalierung oben wird ersichtlich, dass man mit ordinal-skalierten 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 bei uns an der Universität der Vergangenheit an...

5.2 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 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.

5.2.1 Exkurs 1: Ländercodes übersetzen

Gerade wenn Sie mit makroökonomischen Daten arbeiten werden Sie häufig in Kontakt mit Ländercodes kommen. In vielen Danksätzen 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(
  sourcevar = c("Frankreich", "Schweiz"),
  origin = "country.name.de",
  destination = "iso2c")
```

#> [1] "FRA" "CHE"

In diesem Fall verdeutlicht `origin="country.name.de"`, dass wir die Originalnamen auf Deutsch angegeben haben und `destination="iso2c"` dass wir in `iso2c` übersetzen wollen.

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

```
countrycode(
  sourcevar = c("112"),
```

⁴Das bedeutet natürlich nicht, dass Sie (a) diesen Daten blind vertrauen sollten und (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.

```
origin = "imf",
destination = "country.name.de")

#> [1] "Großbritannien"
```

Die Funktion `countrycode()` kennt bereits alle wichtigen Ländercodes. Schauen Sie in der Hilfefunktion nach wie die Codes abgekürzt werden. Aber manchmal möchten Sie vielleicht eine besonders ausgefallene 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.

Grundsätzlich empfehle ich Ihnen in Ihrer Arbeit möglichst auf das Ausschreiben von Ländernamen zu verzichten und stattdessen mit eindeutigeren Kürzeln zu arbeiten. Ich arbeite z.B. immer mit den `iso3c`-Codes, da sie trotzdem 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 übersezt beide Namen in `CZE`:

```
countrycode("Czech Republic", "country.name", "iso3c")
```

```
#> [1] "CZE"
```

```
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 meinen. Da die Ländercodes immer eindeutig sind empfehle ich daher immer mit den Kürzeln zu arbeiten und beim ersten Übersetzen immer besonders vorsichtig zu sein.

5.2.2 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 das Vorgehen mit dem Paket [WDI](#) ([Arel-Bundock, 2019](#)), welches Ihnen Zugriff auf die [Weltbankdaten](#) ermöglicht, illustrieren.

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.

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.

Sie suchen also nach den Indikatoren und lesen den Code aus der URL des Indikators ab:⁶

The screenshot shows a web browser with the URL <https://data.worldbank.org/indicator/NE.EXP.GNFS.ZS>. A red box highlights the indicator code "NE.EXP.GNFS.ZS". Below the URL, the World Bank logo and the word "Data" are visible. A search bar contains the text "Gesuchter Code des Indikators". A secondary search bar below it has the placeholder "Search data e.g. GDP, population, Indonesia". A blue button labeled "Exports of goods and ser..." is partially visible. The main content area displays the title "Exports of goods and services (% of GDP)".

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(c("Germany", "Austria"),
                        "country.name", "wb")
indikatoren <- c("NE.EXP.GNFS.ZS", "SL.UEM.TOTL.ZS")

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

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

```
#> 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.

5.3 Daten einlesen und schreiben

5.3.1 Einlesen von Datensätzen

Wenige Arbeitsschritte können so frustrierende 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 `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 im Rohformat 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 `fread()` einlesen können. Dazu übergeben wir `fread()` nur das einzige wirklich notwendige Argument: den Dateipfad. Der besseren Übersicht halber sollte dieser immer separat definiert werden:

```
daten_pfad <- here("data/tidy/export_daten.csv")
daten <- 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 `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 `fread()` sehr gut. Ich empfehle dennoch die Typen immer 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 `fread()` sie einfach still und heimlich als `character` verstehen und Sie wundern sich später, warum Sie für die Spalte keinen Durchschnitt berechnen können; (2) Ihr Code wird leichter lesbar und (3) der Lesevorgang wird deutlich beschleunigt.

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

```
daten_pfad <- here("data/tidy/export_daten.csv")
daten <- 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 <- 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 oben nur das Jahr und die Anzahl der Exporte haben spezifizieren wir das über das Argument `select`:

```
daten_pfad <- here("data/tidy/export_daten.csv")
daten <- 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

```
daten_pfad <- here("data/tidy/export_daten_dt.csv")
daten <- 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
```

`fread()` verfügt noch über viele weitere Spezifizierungsmöglichkeiten, die Sie sich am besten am 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 `fread()` einlesen. Falls nicht, können Sie `fread()` aber auch dem entsprechenden UNIX-Befehl zum Entpacken als Argument `cmd` übergeben, also z.B. `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("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

⁷Auch hier gilt, dass die automatische Erkennung von `fread()` schon sehr gut funktioniert, aber die manuelle Eingabe immer sicherer und transparenter ist.

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("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("data/tidy/export_daten.dta")
dta_daten <- 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.

5.3.2 Speichern von Daten

Im Vergleich zum Einlesen von Daten ist das Schreiben 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 `fwrite()` ganz einfach:

```
datei_name <- here("data/tidy/test_data.csv")
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 `fwrite()` zu übergeben.

`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 natürlich 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("data/tidy/test_data.csv")
fwrite(test_data, file = csv_datei_name)
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 `gzip()` komprimiert eine Datei mit dem [GNU zip Algorithmus](#). Die resultierende komprimierten Dateien sollten mit der zusätzlichen Endung `.gz` gekennzeichnet werden. `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 `bzip2()` ansehen, welche den [bzip2-Algorithmus](#) implementiert. Dieser hat eine deutlich bessere Kompressionsrate (die komprimierten Dateien sind also deutlich kleiner), allerdings ist `bzip2()` auch deutlich langsamer als `gzip()`. Dateien, die mit `bzip2()` komprimiert wurden, sollten mit der Endung `.bz2` gekennzeichnet werden. Entsprechend sieht der Code von oben mit `bzip2()` anstatt `gzip()` folgendermaßen aus:

```
csv_datei_name <- here("data/tidy/test_data.csv")
fwrite(test_data, csv_datei_name)
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 `gzip()` und `bzip2()` aber eigentlich für alle relevanten Fälle gut aufgestellt.

Ich möchte Ihnen noch zwei R-spezifische Formate vorstellen: `.Rdata` und `.rds`, die deutliche Geschwindigkeits- und Komprimierungsvorteile gegenüber dem csv-Format haben und dabei trotzdem vollkommen plattformkompatibel sind. 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 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`.

```
library(haven)
write_dta(test_data,
          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](#).

5.4 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 zeitaufwändigsten Arbeitsschritte in der Forschungsarbeit dar: Laut [dieser Umfrage](#) macht es sogar 60 % der Arbeitszeit von Datenspezialisten 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. **Nie** sollten Sie Ihre Rohdaten überschreiben! Damit sind Sie in Ihrer Forschung vollkommen transparent und es entsteht Ihnen im Prinzip keine Mehrarbeit.

In diesem Abschnitt lernen Sie Lösungen für die typischen Herausforderungen, die während der Datenaufbereitung auftreten, kennen. 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.

5.4.1 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’. Eine ‘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.

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.

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 drei 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 2013 enthält, ist nicht 'tidy', da er gegen Anforderung (1) verstößt:

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

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 Datensatz aus 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
```

5.4.2 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 Aufgaben das eine, für andere das andere Format besser ist (siehe unten). 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.⁹

Wir verwenden `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:

⁹Die 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 `spread()` und `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.

```
data_wide
```

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

Das erste Argument für `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 `one_of()`, die es uns erlaubt die Spaltennamen als `character` zu schreiben. Das Argument wird also als `cols=one_of("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`, da es bei dem Datensatz um Arbeitslosenquotenstatistiken handelt.

Insgesamt erhalten wir damit den folgenden Funktionsaufruf:

```
data_long <- pivot_longer(data = data_wide,
                           cols = one_of("2013", "2014"),
                           names_to = "Jahr",
                           values_to = "Arbeitslosenquote")
data_long
```

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

Die Funktion `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 `one_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` 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 <- pivot_wider(data = data_long,
                               id_cols = one_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 indem 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 <- pivot_longer(data = data_al_exp,
                                     cols = -one_of("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 `one_of()` zu schreiben, haben wir stattdessen die Spalten spezifiziert, die *nicht* bearbeitet werden sollen und das mit einem - vor `one_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 <- pivot_wider(data = data_al_exp_longer,
                                  id_cols = one_of("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:

```

values_to = "Wert")

data_al_exp_tidy <- pivot_wider(data = data_al_exp_longer,
                                   id_cols = one_of("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 %>%
  pivot_longer(
    cols = -one_of("Land", "Variable"),
    names_to = "Jahr",
    values_to = "Wert") %>%
  pivot_wider(
    id_cols = one_of("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 `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 nochvollziehbarem 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. Wir könnten also auch expliziter schreiben:

```

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

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

5.4.3 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 zusammen.

Wie alle Funktionen der `*_join()`-Familie 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 `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 `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 `left_join()` ergibt sich also:

```
data_bip_gini_left_join <- 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 `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 <- 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 `inner_join()` unterscheidet sich von `left_join()` darin, dass nur die Zeilen in den gemeinsamen Datensatz übernimmt, die sowohl in `x` als auch `y` enthalten sind:

```
data_bip_gini_inner_join <- 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 `right_join()` ist analog zu `left_join()`, nur hat hier der 'rechte' Datensatz, also der dem Argument `y` übergebene Datensatz Priorität:

```
data_gini_bip_right_join <- 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     DEU   NA    3
#> 4 2010     AUT   NA    4
#> 5 2011     AUT   NA    5
#> 6 2012     AUT    3    6
```

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 `full_join()`:

```
data_bip_gini_full_join <- 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
```

`semi_join()` und `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.

`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)*:

```
data_bip_gini_semi_join <- 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
```

`anti_join()` ist quasi das ‘Spiegelbild’ zu `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 <- 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 `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`¹⁰ hinzugefügt, der alle Zeilen vom rechten Datensatz enthält, die zu der entsprechenden Zeile passen:

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

data_bip_gini_nest_join

#>   Jahr Land BIP y
#> 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
```

Wenn wir die angehängten `data.frames` inspizieren:

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

#>   Gini
#> 1    1
```

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 zu Ihrer Info eine Warnung aus, aber Sie sollten das trotzdem immer vermeiden und möglichst explizit sein. Daher sollte `by` immer explizit gesetzt werden!

Darüber hinaus findet sich das optionale Argument `suffix` sowohl bei `inner_join()`, `left_join()`, `right_join()` als auch `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

¹⁰Eigentlich ein `tibble`.

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 <- 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 mit explizitem `suffix`:

```
debt_data <- 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
```

Abschließend fassen wir noch die Funktionen in einer Tabelle zusammen, wobei 'DS' für 'Datensatz' steht, mit `x` der linke und `y` der rechte Datensatz gemeint ist, 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
<code>anti_join()</code>	Reduktion von <code>x</code> auf ungeteilte Beobachtungen	Reduktion möglich
<code>nest_join()</code>	Neue Spalte in <code>x</code> mit <code>data.frame</code> , der alle passenden Beobachtungen aus <code>y</code> 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. Zumaldest 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 Länderkürzen überführt hat. In diesem Fall treffen 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 auch keine 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 <- 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 <- mutate(gini_data, Land=countrycode(Land, "country.name", "iso3c"))
full_data <- 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"))

#> Warning in test_uniqueness(full_data, index_vars = c("Land", "Jahr")): Rows in
#> the data.table: 5, rows in the unique data.table:3
#> [1] FALSE
```

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

5.4.4 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 vielleicht 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 `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(
  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(
  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, Sie haben es 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 `one_of()` verwenden:

```
head(
  select(data_al_exp_tidy, one_of("Land", "Jahr")),
  2)
```

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

```
head(
  select(data_al_exp_tidy, -one_of("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 `one_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.

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 %>%
  select(one_of("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 `filter()` akzeptiert als erstes Argument den Datensatz. Wie oben folgen wir der Konvention das 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 %>%
  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 %>%
  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 `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 %>%
  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 %>%
  select(
    -one_of("Arbeitslosigkeit"))
  ) %>%
  filter(
    Jahr>2012,
    Land=="DE"
  ) %>%
  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.

5.4.5 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 `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 `mutate()` die Spalte `country` ganz einfach verändern:

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

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

Wir schreiben also einfach den Namen der zu verändernden Spalte und den neuen Ausdruck hinter das `=`. Wir können mit `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 `mutate()`, wobei wir eine neue Spalte mit dem Namen `workers_female_total` erstellen wollen:

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

#>   country year laborforce_female workforce_total population_total
#> 1     AUT 2010        46.13933      4276558       8363404
#> 2     AUT 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 `mutate()` nie passieren würde. Dafür gibt es die Funktion `summarise()`:¹¹

```
unemp_data_wb_summarized <- unemp_data_wb %>%
  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 `mutate()`, allerdings kondensiert `summarise()` den gesammelten 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 `summarise()` **gruppieren**. Das funktioniert mit der Funktion `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 `ungroup()` wieder in den ursprünglichen Zustand zurückzuführen:

```
unemp_data_wb %>%
  group_by(country) %>%
  summarise(
    fem_workers_avg = mean(workers_female_total)
  ) %>%
```

¹¹Die Funktionen `summarize()` und `summarise()` sind Synonyme.

ungroup()

```
#> # A tibble: 2 x 2
#>   country fem_workers_avg
#>   <chr>          <dbl>
#> 1 AUT            2042685.
#> 2 DEU            19479761.
```

Natürlich können Sie `group_by()` auch im Zusammenhang mit `mutate()` oder anderen Funktionen verwenden. Wie Sie sehen ist der Effekt aber durchaus unterschiedlich:

```
unemp_data_wb %>%
  group_by(country) %>%
  mutate(
    fem_workers_avg = mean(workers_female_total)
  ) %>%
  ungroup()
```

```
#> # A tibble: 14 x 7
#>   country year laborforce_fema~ workforce_total population_total
#>   <chr>     <dbl>          <dbl>           <dbl>           <dbl>
#> 1 AUT       2010        46.1        4276558        8363404
#> 2 AUT       2011        46.3        4305310        8391643
#> 3 AUT       2012        46.5        4352701        8429991
#> 4 AUT       2013        46.6        4394285        8479823
#> 5 AUT       2014        46.7        4412800        8546356
#> 6 AUT       2015        46.7        4460833        8642699
#> 7 AUT       2016        46.7        4531193        8736668
#> 8 DEU      2010        45.6        42014274       81776930
#> 9 DEU      2011        45.9        41674901       80274983
#> 10 DEU     2012        45.9        41767969       80425823
#> 11 DEU     2013        46.1        42161170       80645605
#> 12 DEU     2014        46.2        42415215       80982500
#> 13 DEU     2015        46.3        42731868       81686611
#> 14 DEU     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 `mutate()` oder `summarise()` im Zusammenspiel mit `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 beschäftigen 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.¹² Zuletzt wollen wir nur noch die berechneten Spalten im Datensatz behalten.

¹²Es 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()`!

```

unemp_data_wb_growth <- unemp_data_wb %>%
  group_by(country) %>%
  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)
  ) %>%
  ungroup() %>%
  mutate(fem_force_growth_bigger = fem_force_growth > pop_growth) %>%
  select(one_of("country", "year", "pop_growth",
               "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 AUT      2010     NA            NA        NA
#> 2 AUT      2011     0.00338       0.0110    TRUE
#> 3 AUT      2012     0.00457       0.0148    TRUE
#> 4 AUT      2013     0.00591       0.0111    TRUE
#> 5 AUT      2014     0.00785       0.00700   FALSE
#> 6 AUT      2015     0.0113        0.0102    FALSE
#> 7 AUT      2016     0.0109        0.0166    TRUE
#> 8 DEU      2010     NA            NA        NA
#> 9 DEU      2011    -0.0184       -0.00206   TRUE
#> 10 DEU     2012     0.00188       0.00311   TRUE
#> 11 DEU     2013     0.00273       0.0145    TRUE
#> 12 DEU     2014     0.00418       0.00813   TRUE
#> 13 DEU     2015     0.00869       0.00993   TRUE
#> 14 DEU     2016     0.00810       0.0126    TRUE

```

Besonders hilfreich sind die Versionen von `mutate()` und `summarize()`, welche mehrere Spalten auf einmal bearbeiten. Ich werde hier nicht im Detail darauf eingehen, sondern einen kurzen Einblick in diese Funktionalität geben. Angenommen Sie wollen das durchschnittliche Wachstum in Deutschland und Österreich sowohl für das Bevölkerungswachstum als auch das Wachstum der weiblichen Erwerbsbevölkerung berechnen. Ausgehen vom letzten Datensatz

```

unemp_data_wb_growth_avg <- unemp_data_wb_growth %>%
  select(-fem_force_growth_bigger)
head(unemp_data_wb_growth_avg, 2)

```

```

#> # A tibble: 2 x 4
#>   country year  pop_growth fem_force_growth
#>   <chr>    <dbl>     <dbl>
#> 1 AUT      2010     NA            NA
#> 2 AUT      2011     0.00338       0.0110

```

geht das folgendermaßen mit der Funktion `summarise_all()`:

```
unemp_data_wb_growth_avg %>%
  select(-year) %>%
  group_by(country) %>%
  summarise_all(mean, na.rm=TRUE) %>%
  ungroup()
```

```
#> # A tibble: 2 x 3
#>   country pop_growth fem_force_growth
#>   <chr>     <dbl>           <dbl>
#> 1 AUT       0.00731        0.0118
#> 2 DEU       0.00120        0.00771
```

Eine schöne Übersicht über diese praktischen Funktionen gibt es [hier](#).

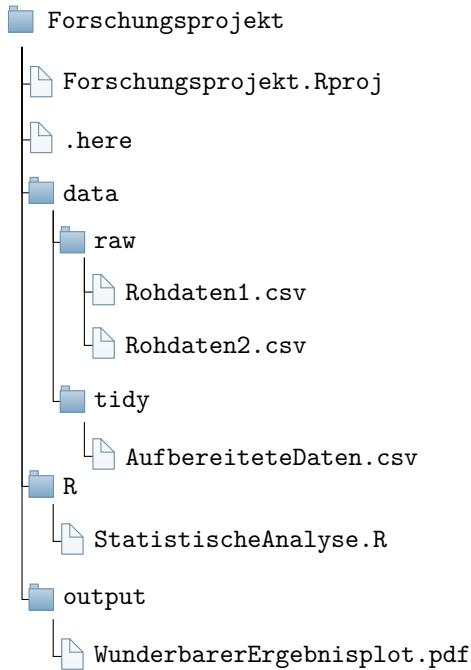
Es gibt noch zahlreiche hilfreiche Erweiterungen zu den Funktionen `mutate()`, `summarize()`, `group_by()` und Co. Schauen Sie doch mal auf die Homepage des Pakets [dplyr](#). Ansonsten können Sie durch Googlen eigentlich immer eine passgenaue Lösung für Ihr Problem herausfinden - auch wenn es beim ersten Mal häufig ein wenig dauert.

5.5 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. nachvollziebar zu machen.

Es ist ein zentraler Nachteil von *point-and-click*-Software, bei der eine Reproduktion bedeuten würde, dass Sie 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 dem Sie die aus dem Internet heruntergeladenen Daten in den für die Analyse aufbereiteten Datensatz umwandeln. Wenn jemand wissen möchte, wo die Daten, die Sie in Ihrer Analyse verwenden, herkommen, 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 geupdateten Daten zu aktualisieren.

Daher hat sich in der Praxis häufig die folgende oder eine ähnliche Ordnerstruktur bewährt:



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 geht 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 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.

5.6 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: 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.

Aufgrund der Einsteigerfreundlichkeit habe ich aber entschlossen, in diesem Skript häufig mit dem `tidyverse` zu arbeiten. Ich empfehle jedoch jedem, den [folgenden kritischen Blogpost](#) zu lesen und, falls Sie weiter mit R arbeiten, sich das Paket `data.table` (Dowle and Srinivasan, 2019) anzueignen. Das [offizielle Tutorial](#) ist dafür 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 6

Visualisierung von Daten

Verwendete Pakete

```
library(here)
library(tidyverse)
library(icaeDesign)
library(data.table)
library(ggpubr)
library(ggrepel)
library(scales)
library(tufte)
library(gapminder)
library(viridis)
library(latex2exp)
library(WDI)
library(countrycode)
```

Um das Paket `icaeDesign` zu installieren müssen Sie folgendermaßen vorgehen:

```
library(devtools)
devtools::install_github("graebnerc/icaeDesign")
```

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. 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

6.1 Optional: Theoretische Grundlagen

6.1.1 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 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 die 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 am Ende des Tages niemanden...

6.1.2 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 von 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 . Sie 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 klaren 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 so genannten *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. Ein 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 Ästetiken, aber bestimmte **geoms** können natürlich nur bestimmte Ästetiken 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 machen 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 muss, 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 Ästetiken. 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 Ästetiken und geometrischen Objekten passt. Am häufigsten wird hier sicher das kartesischen 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 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 Facettspezifikation, die für jedes Land einen Teildatensatz erstellt.

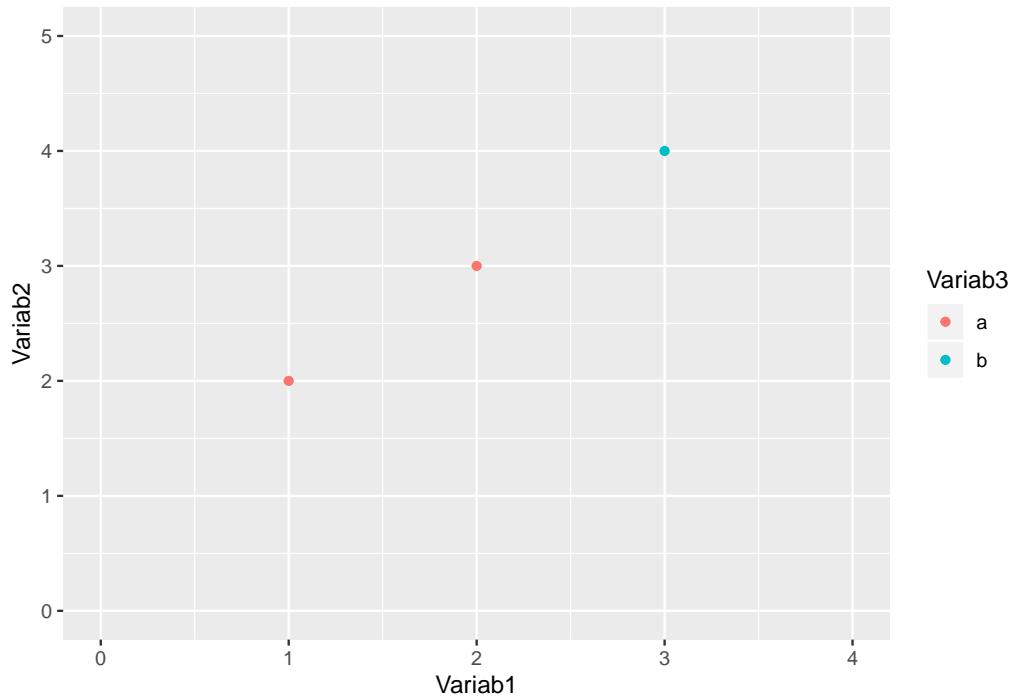
Alle Komponenten bleiben dabei unabhängig von einander sind: die Daten z.B. sind unabhängig vom Rest, weil die gleiche Grafik für unterschiedliche Daten produziert werden kann: “Daten machen aus einer abstrakten Grafik eine konkrete Grafik” ([Wickham, 2010](#), p. 10)

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 zu Nutze: 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 auch die Vorgehensweise 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 motiviert: denn Sie können das Objekt mit der Beschreibung vorher bereits speichern und weitergeben und dann zu einem späteren Zeitpunkt erst die eigentlich 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")
)

ggplot(
  data = example_data,
  mapping = aes(x=Variab1,
                 y=Variab2,
                 color=Variab3)
) +
  layer(
    geom = "point",
    stat = "identity",
    position = "identity") +
  scale_color_discrete(
    aesthetics = c("color"))
) +
  coord_cartesian(
    xlim = c(0, 4),
    ylim = c(0, 5)
)
```



`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. Es korrespondiert damit zu Punkt (1) oben.

Als nächstes wird mit `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 `scale_color_discrete()` weisen wir also jedem Wert der (diskreten) Variable `Variab3` eine Farbe zu.

Schließlich legen wir mit `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 `geom_point()`. Auch muss nicht jedes Element explizit spezifiziert werden: da z.B. die meisten Grafiken ein kartesisches Koordinatensystem verwenden ist das als Standard-Koordinatensystem in `ggplot2` implementiert und Sie müssen nur explizit ein Koordinatensystem spezifizieren wenn Sie vom Standardwert abweichen wollen.

Wenn Sie sich genauer mit der hierachischen Grammatik, die `ggplot2` zugrundeliegt, kann ich Ihnen nur den Originalartikel von [Wickham \(2010\)](#) empfehlen.

6.2 Grundlegende Elemente von ggplot2-Grafiken

6.2.1 Elemente eines ggplot

Analog zu der gerade vorgestellten **Theorie** besteht jeder **ggplot** aus den folgenden Komponenten:

- Das **Basisobjekt**, welches einen leeren Plot erstellt und die **Standardwerte** für den zu verwendeten Datensatz und die entsprechenden Ästetiken definiert.
- Verschiedenen **Ebenen** (**layer**), auf denen die - ggf. statistisch transformierten - Variablen der Daten auf bestimmten Ästetiken (**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 Ästetik gibt es eine Skala, die mit entsprechenden Funktionen geändert werden kann. So modifiziert die Funktion **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:

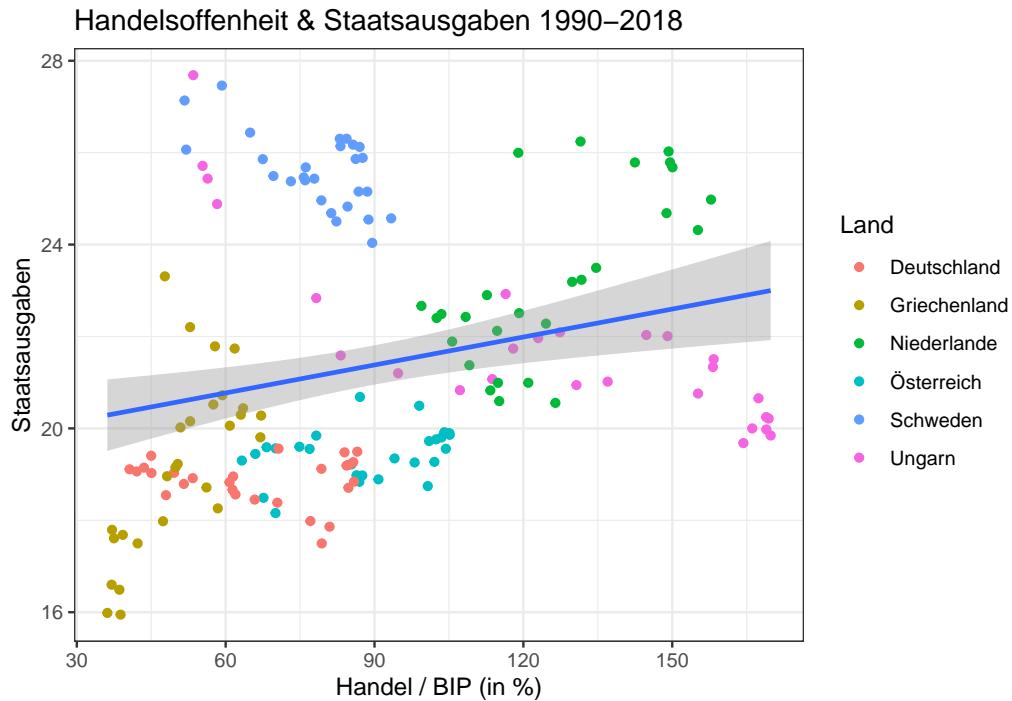
```
offenheit_plot <- ggplot( # <- Erstellt das Basisobjekt
  data = offenheit, # <- Spezifiziert Standard-Datensatz
  mapping = aes( # <- Spezifiziert die Mappings zu den Ästetiken
    x=trade_total_GDP, # Verbinde Ästetik 'x-Achse' & Variable 'trade_total_GDP'
    y=gvnt_cons) # Verbinde Ästetik 'y-Achse' & Variable 'gvnt_cons'
) +
  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-Ästetik oben: verbinde
      # Variable 'Land' mit der Ästetik 'color'
  ) +
  # Erstelle noch einen Layer mit der geom 'smooth' (Abkürzung für layer(...)):
  geom_smooth(
    method = "lm" # <- Verwende eine lineares Modell für die geom 'smooth'
  ) +
  # Gebe der Skala der x-Achse einen neuen Namen:
  scale_x_continuous(name = "Handel / BIP (in %)") +
```

```
# Gebe der Skala der y-Achse einen neuen Namen:  
scale_y_continuous(name = "Staatsausgaben") +  
# Gebe der Farbskala einen neuen Namen:  
scale_color_discrete(name="Land") +  
labs(title = "Handelsoffenheit & Staatsausgaben 1990–2018") + # Ergänze Plot-Titel  
coord_cartesian() + # Verwende eine kartesisches Koordinatensystem  
facet_null() # Verwende nur eine Facette
```

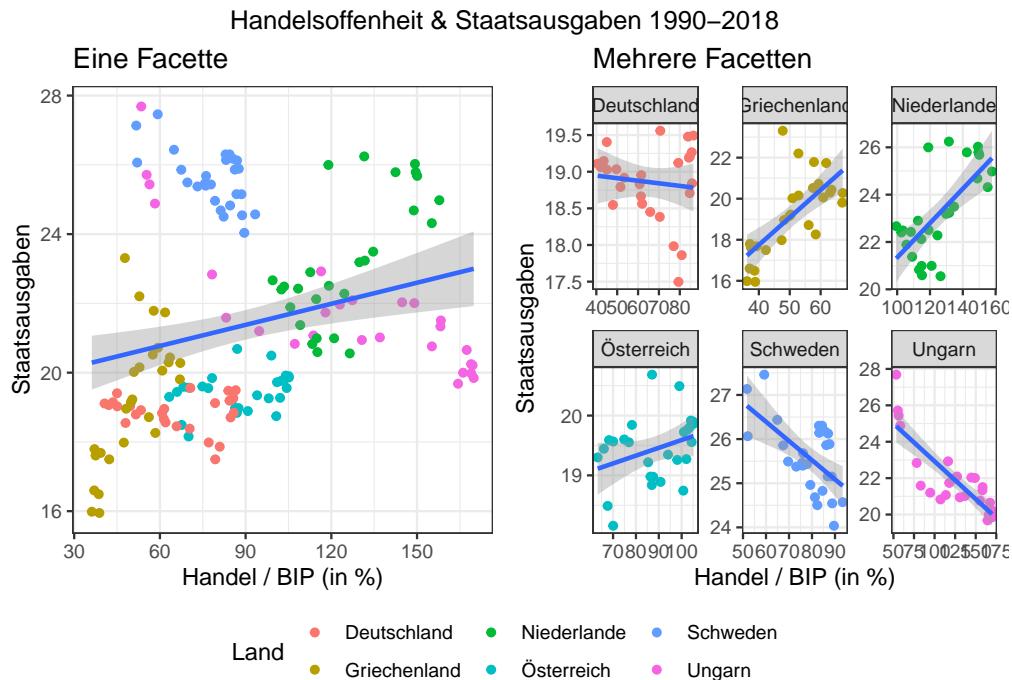
Dieser Code erstellt die einzelnen Elemente des Plots, die in `ggplot2` separat erstellt und am Ende übereinander gelegt werden:



Daraus ergibt sich dann der Gesamtplot:



Die Rolle der Facetten wird hier deutlich:

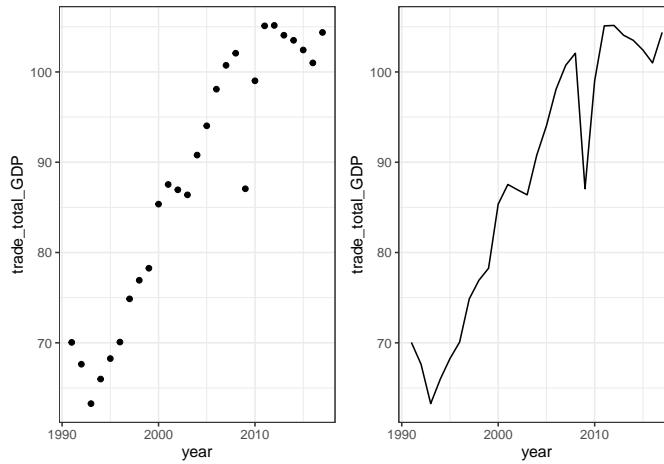


Der modulare Aufbau eines `ggplot` macht es einfach eine Grafik sukzessive zu ändern: wenn Sie z.B. von einem Streudiagramm zu einem Liniendiagramm wechseln wollen müssen Sie nur die `geoms` ändern - die restlichen Komponenten des Plots können identisch bleiben:

```
# Code für ein Streudiagramm
streudiagramm <- ggplot(offenheit_red,
  aes(x=year, y=trade_total_GDP)
) +
  geom_point() +
```

```
theme_bw()

# Code für ein Liniendiagramm
liniendiagramm <- ggplot(offenheit_red,
                           aes(x=year, y=trade_total_GDP)
                           ) +
  geom_line() + # <- nur diese Zeile verändert
  theme_bw()
```



6.2.2 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-Ästetik-Links* für die Abbildung. Eine Ästetik 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 Ästetiken 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 <- ggplot(
  data = aut_trade,
  mapping = aes(x = Jahr,
                 y = HandelGDP)
)
```

`ggplot()` erstellt das Grafik-Objekt, bei dem es sich um eine recht komplexe Liste handelt:

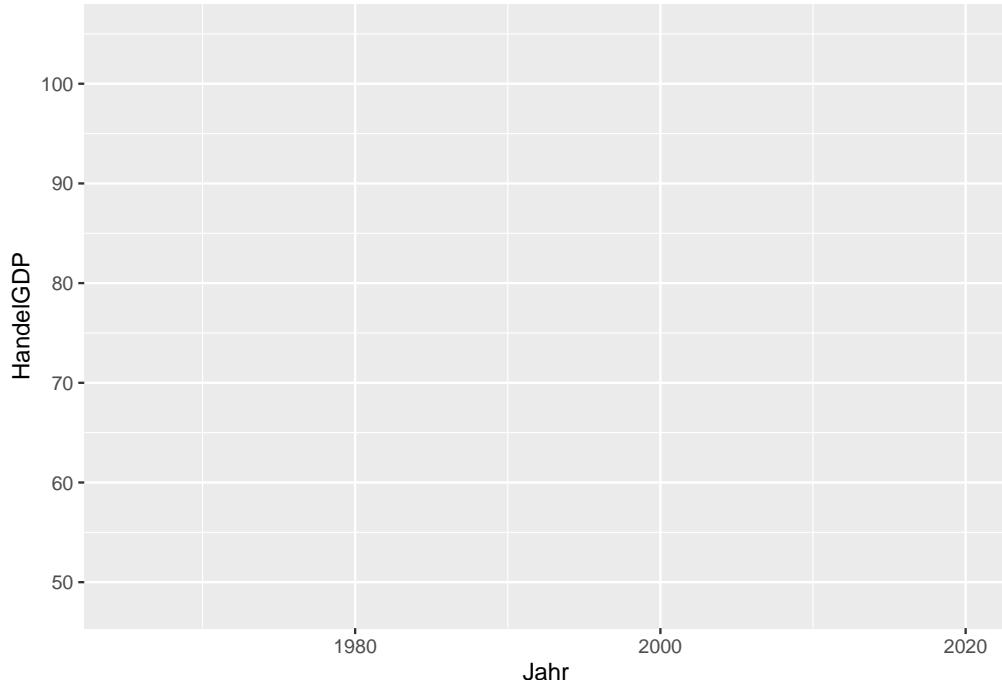
```
typeof(aut_trade_plot)
```

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

Die Funktion `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.

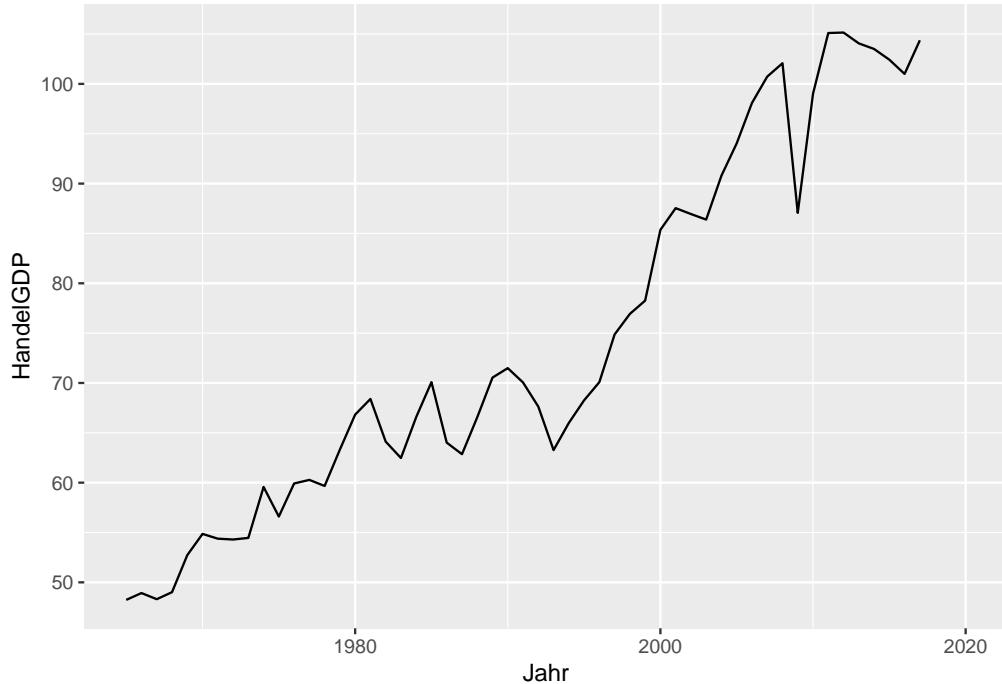
3. Schritt: Hinzfügen von Ebenen mit geometrischen Objekten

Als nächstes wollen wir die geometrischen Objekte spezifizieren, mit denen die Ästetiken auf dem Plot dargestellt werden sollen. Im vorliegenden Fall möchten wir z.B. unsere Beobachtungen mit einer Linie visualisieren. Das geht mit der Funktion `geom_line()`: sie fügt einen `geom` der Art ‘Linie’ hinzu. Im übrigen sind die Namen für alle verschiedenen `geoms` gleich aufgebaut, es ist immer `geom_*`(`stat`), wobei `*` für die Abkürzung des entsprechenden `geoms` steht.¹

Die Funktionen `geom_*`(`stat`) verlangen in der Regel kein zusätzliches Argument, verwenden aber einige Standardwerte über die Sie Bescheid wissen sollten. `data` und `mapping` funktionieren wie oben beschrieben und haben als Standardwert die anfangs in `ggplot()` angegebenen Werte. `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.² Das gleiche gilt für `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.³

Da wir zu unserer Grafik `aut_trade_plot` eine Ebene hinzufügen wollen verwenden wir einfach den Operator `+`:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  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.

¹Eine Liste aller möglichen `geoms` finden Sie [hier](#).

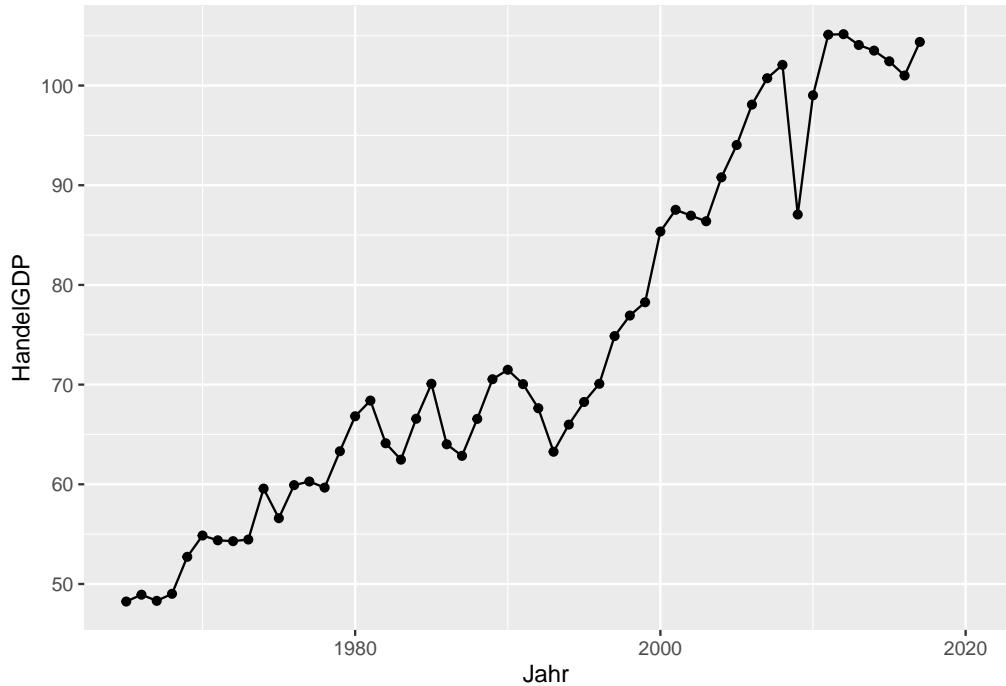
²Alternativ zu `geom_*(stat="...")` können Sie auch immer schreiben `stat_*(geom="...")`. Entsprechend sind folgende Aufrufe äquivalent: `stat_identity(geom="line")` oder `geom_line(stat="identity")`. Was Sie verwenden ist komplett Ihnen überlassen, allerdings ist die Verwendung der `geom_*`-Funktionen üblicher.

³Die 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.

Im Beispiel haben wir `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.

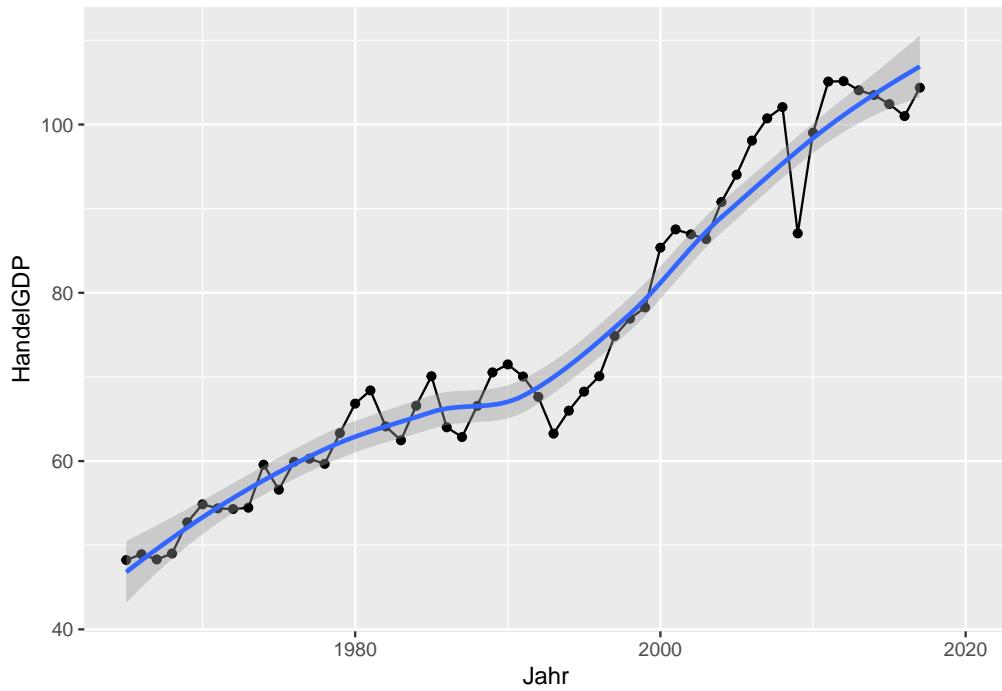
Wir können durchaus mehrere Ebenen nacheinander hinzufügen. Wenn wir die einzelnen Beobachtungen z.B. noch durch Punkte verdeutlichen wollen, dann können wir einfach eine weitere Ebene mit dem `geom` ‘Punkt’ hinzufügen. Das geht mit der Funktion `geom_point()` und da wir die gleichen Standardwerte wie vorher verwenden sind hier auch keine Argumente nötig:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  geom_point()
aut_trade_plot
```



Um den Trend der Entwicklung zu verdeutlichen möchten wir vielleicht noch einen Trend hinzufügen. Hierzu verwenden wir die Funktion `geom_smooth()`:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  geom_smooth()
aut_trade_plot
```



4. Schritt: Anpassen der Skalen

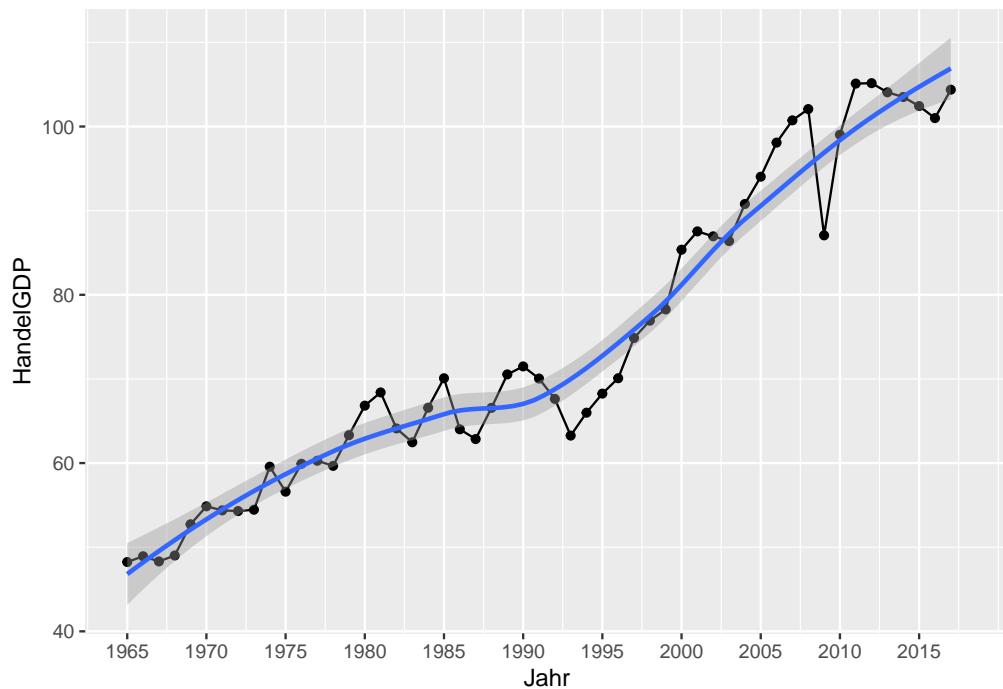
Im nächsten Schritt wollen wir die *Skalen* der Abbildung anpassen. Für uns sind hier vor allem die Skalen der y-Achse und der x-Achse relevant.⁴ Daher verwenden wir die Funktionen `scale_x_continuous()` und `scale_y_continuous()`, schließlich handelt es sich bei den auf diesen Skalen abgebildeten Variablen um kontinuierliche Variable. Wenn es diskrete Daten gewesen wären, würden wir die Funktionen `scale_x_discrete()` und `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:

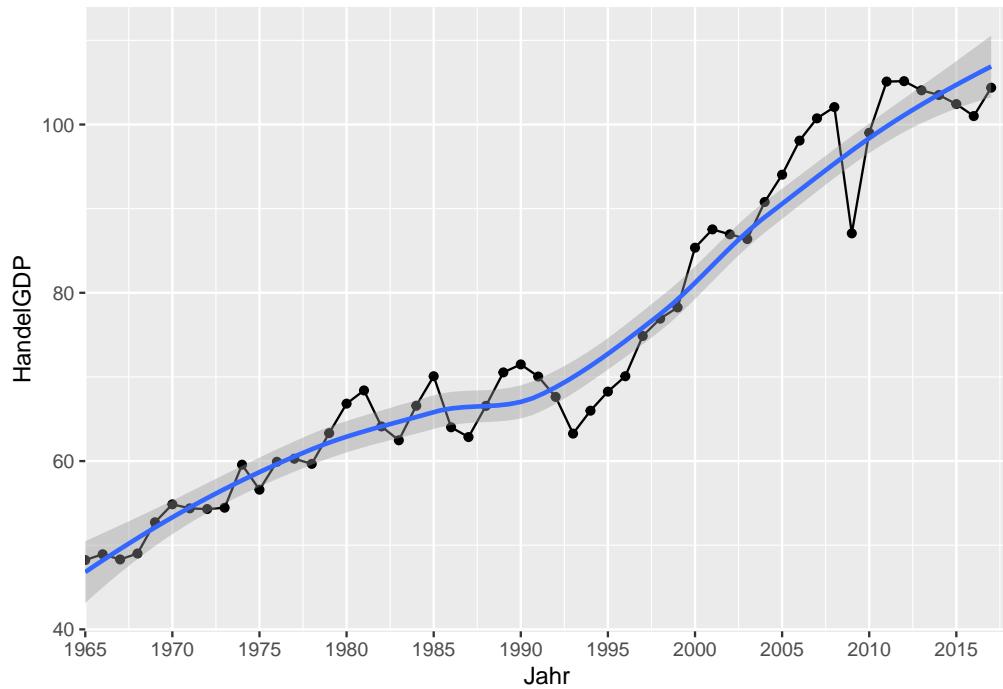
```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  scale_x_continuous(limits = c(1965, 2018),
                     breaks = seq(1965, 2017, 5))
aut_trade_plot
```

⁴Andere Skalen beziehen sich z.B. auf Farben, wenn wir Variablen zu einer farblichen Ästetik gemapt hätten, oder die Formen der `geoms`. Beispiele für so fortgeschrittene Anpassungen finden Sie [weiter unten](#) in diesem Kapitel.



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 +  
  scale_x_continuous(limits = c(1965, 2018),  
                      breaks = seq(1960, 2017, 5),  
                      expand = c(0, 0)  
  )  
  
aut_trade_plot
```



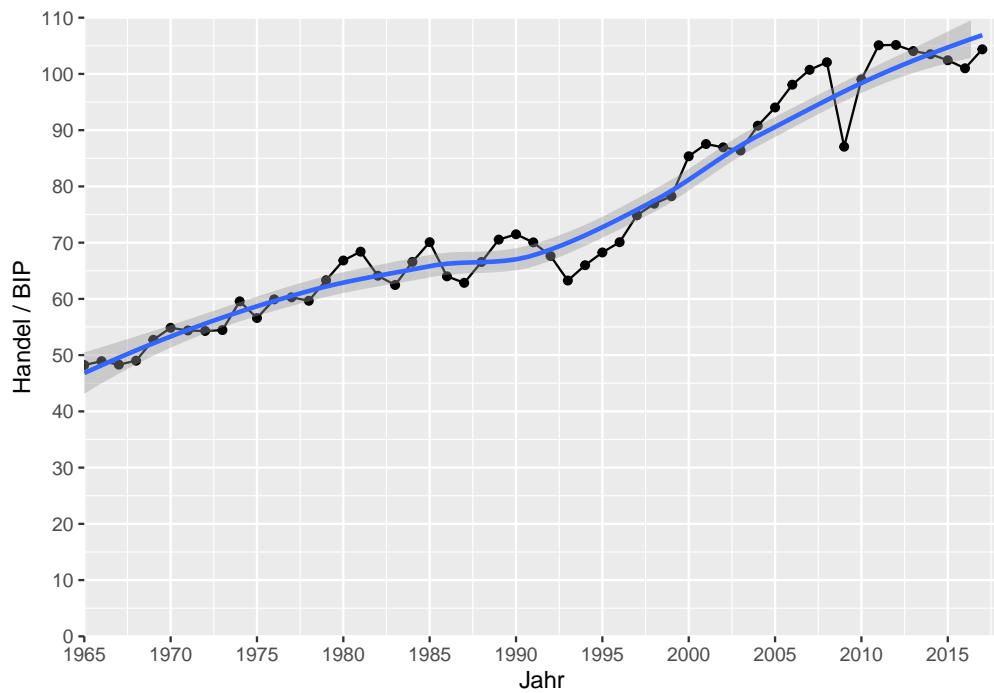
Das ist schon nicht so schlecht. Als nächstes beschäftigen wir uns mit der y-Achse. Hier möchten wir auch die Limits und die angegebenen Werte verändern, und zwar von 0 bis 110. Das geht wieder über die Argumente `limits` und `breaks`.

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`.⁵

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 +
  scale_y_continuous(name = "Handel / BIP",
                     limits = c(0, 110),
                     breaks = seq(0, 110, 10),
                     expand = c(0, 0)
  )
aut_trade_plot
```

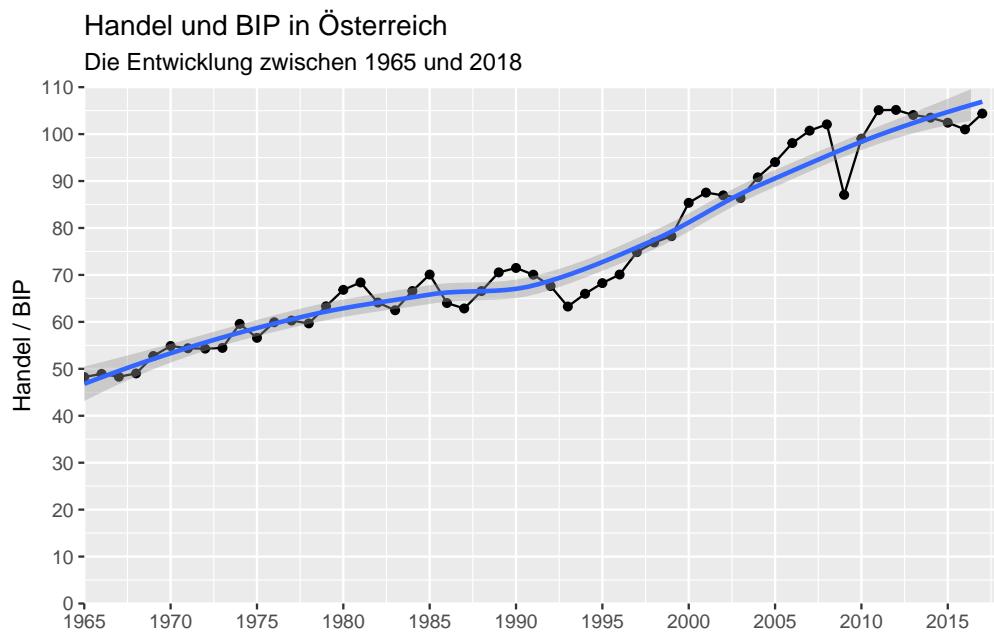
⁵Wenn wir nichts weiter an der Skala verändern wollen außer diesem so genannten Label, dann brauchen wir auch nicht die Funktion `scale_y_continuous()` aufrufen, sondern können einfach schreiben `ylab("Handel / BIP")`.



5. Schritt: Titel

Titel und andere so genannte ‘Labels’ können Sie mit der Funktion `labs()` sehr einfach hinzufügen. `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 +
  labs(title = "Handel und BIP in Österreich",
       subtitle = "Die Entwicklung zwischen 1965 und 2018",
       caption = "Quelle: Weltbank.")
```



Quelle: Weltbank.

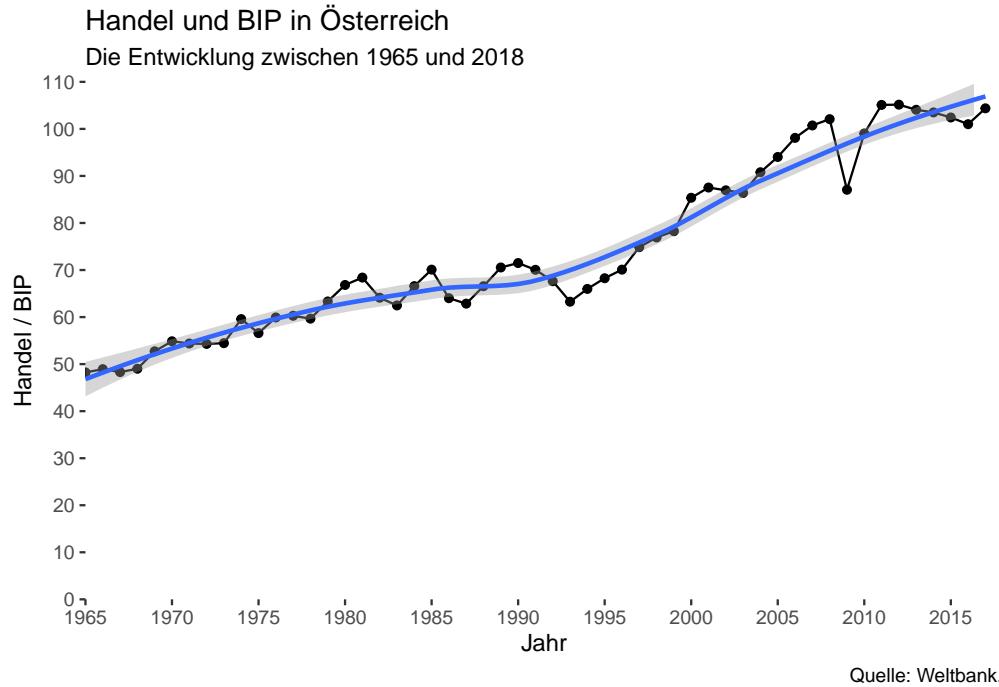
Weit verbreitet ist auch die Funktion `ggtitle()`, die genauso funktioniert, aber nur die Argumente `label` (für den Titel) und `subtitle` akzeptiert.

6. Schritt: Grundlegende Veränderungen mit `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 `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 `element_rect()` verwenden, die zahlreiche Gestaltungsmöglichkeiten erlaubt.⁶ Hier wollen wir den Hintergrund weiß füllen, wir schreiben also `element_rect(fill = "white")`:

```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  theme(panel.background = element_rect(fill = "white"))
aut_trade_plot
```



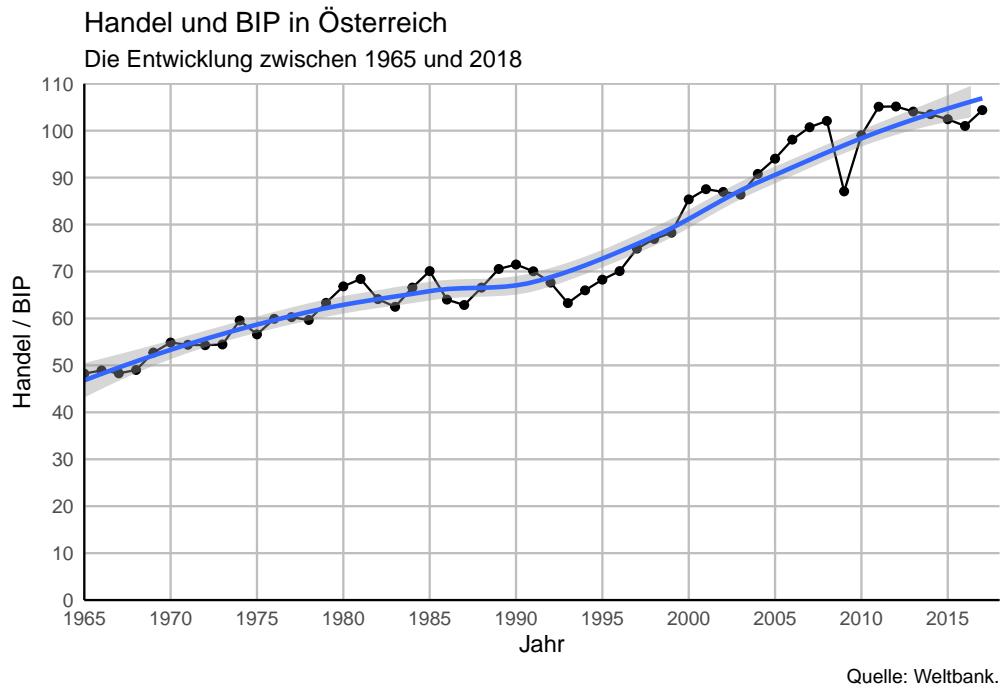
Das ist besser, allerdings möchten wir schon einen Grid haben um die Achsen besser lesen zu können. Das entsprechende Argument ist `panel.grid`, bzw. `panel.grid.major` und `panel.grid.minor` für die Linien auf, bzw. zwischen den auf den Achsen aufgeschriebenen Werten.⁷ Damit wir den Plot nicht überlasten 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 `element_line()`, die wir hier noch über die Farbe des Grids informieren: `element_line(colour = "grey")`. Auch die fehlenden Achsenlinien machen den Plot nicht schöner. Wir fügen Sie über das Argument `axis.line` mit der Funktion `element_line()` explizit hinzu!

⁶Insgesamt gibt es die folgenden Hilfsfunktionen: `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.

⁷Wenn Sie den horizontalen und vertikalen Grid separat ändern wollen verwenden Sie jeweils das Suffix `.x`, also `panel.grid.minor.x` bzw. `panel.grid.minor.y`.

Sehr hässlich sind auch die kleinen schwarzen Zacken bei jedem Wert auf der x- und y-Achse. Diese werden mit `axis.ticks = element_black()` eliminiert. Sie verwenden die Funktion `element_blank()` ohne Argument immer wenn Sie einen bestimmten Teil der Grafik eliminieren wollen. Somit bekommen wir insgesamt:

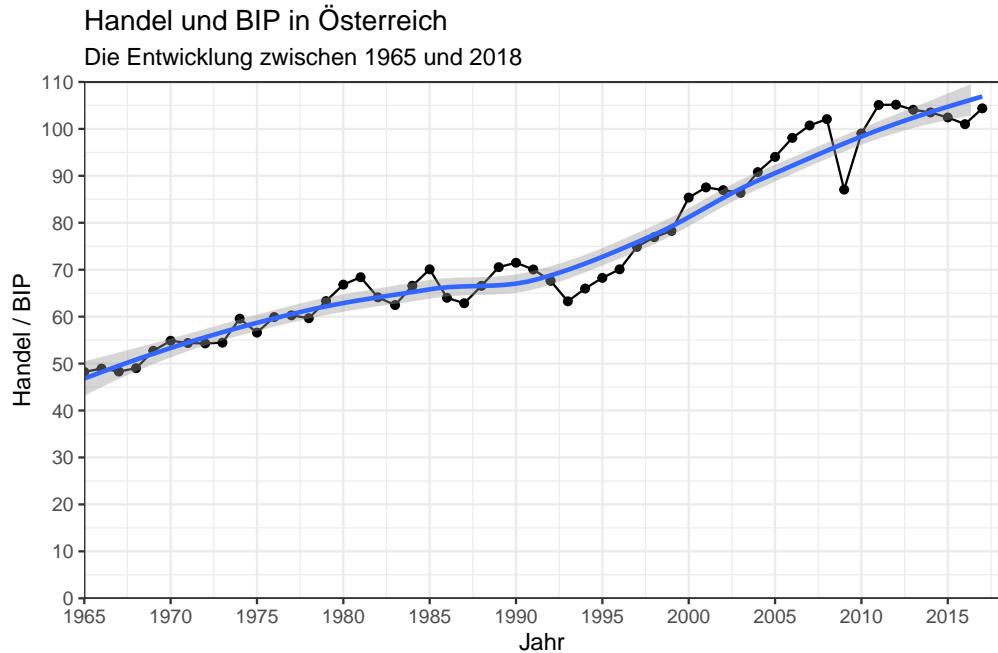
```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot +
  theme(
    panel.background = element_rect(fill = "white"),
    panel.grid.major = element_line(colour = "grey"),
    panel.grid.minor = element_blank(),
    axis.line = element_line(colour = "black"),
    axis.ticks = element_blank()
  )
aut_trade_plot
```



Sie merken bereits: mit `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 `theme_bw()` verwendet:

```
aut_trade_plot + theme_bw()
```

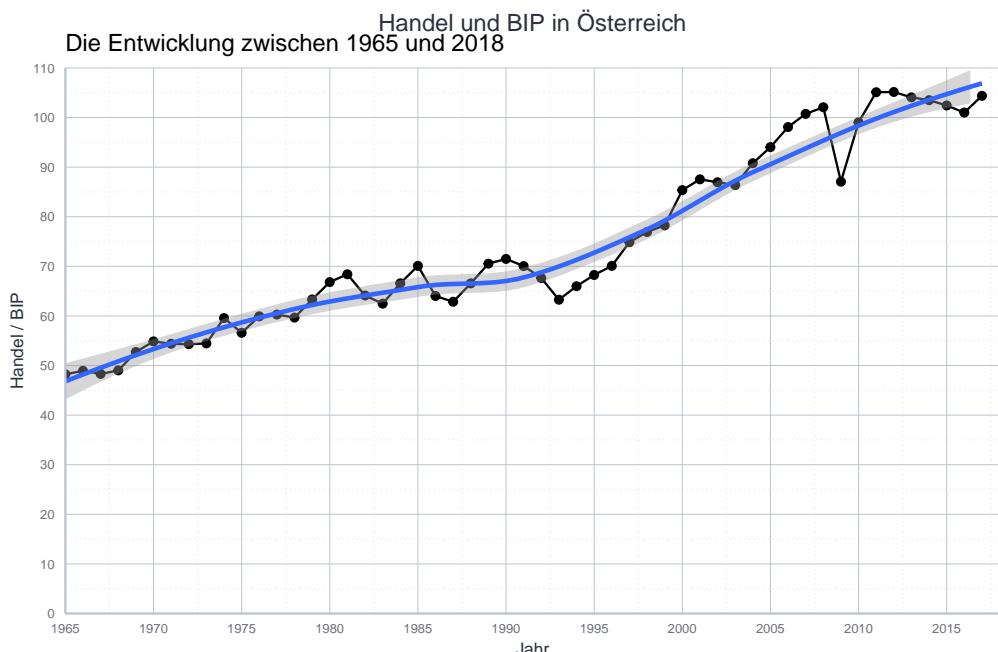


Quelle: Weltbank.

Natürlich können Sie auch eigene Themen schreiben, in denen Sie Ihre Lieblingseinstellungen zusammenfassen.

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` (Gräbner, 2019) und kann durch die Funktion `theme_icae()` verwendet werden. Unser Beispielplot sähe damit folgendermaßen aus:

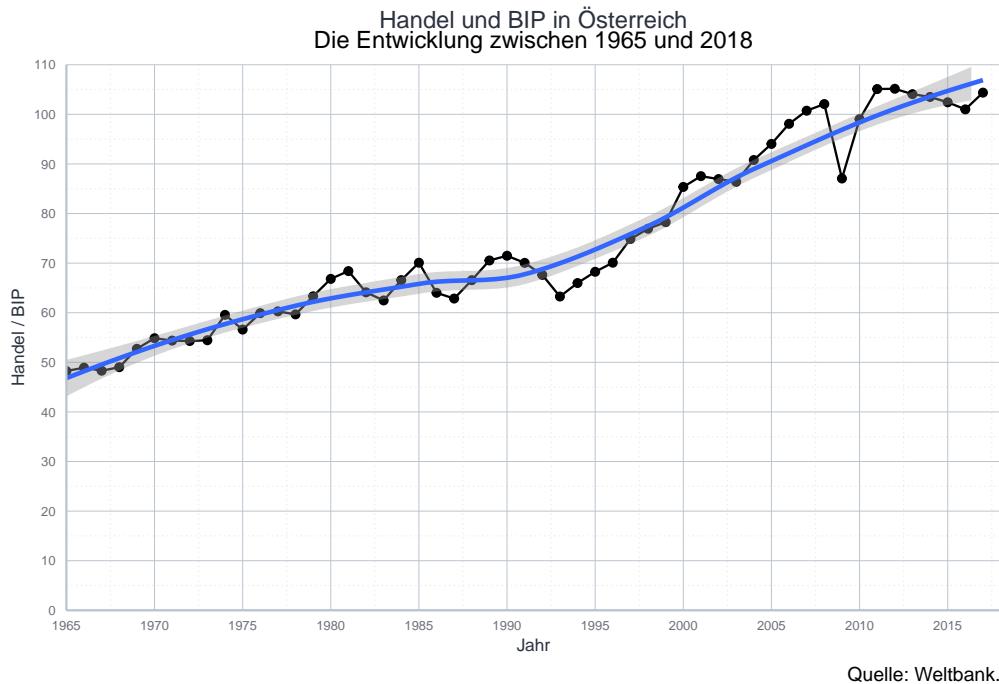
```
aut_trade_plot <- aut_trade_plot + theme_icae()
aut_trade_plot
```



Quelle: Weltbank.

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 `theme()` auch nach einem benutzerdefinierten Theme noch weitere Modifikationen vornehmen. Da es sich beim Untertitel um Text handelt, verwenden wir die Funktion `element_text()`:

```
aut_trade_plot +
  theme(plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5))
```



7. Schritt: Ihre Grafik abspeichern

Zum Schluss können wir noch unsere Grafik speichern. Das machen wir ganz einfach mit der Funktion `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).⁸

```
ggsave(filename = 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.

⁸Standardmäßig 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:

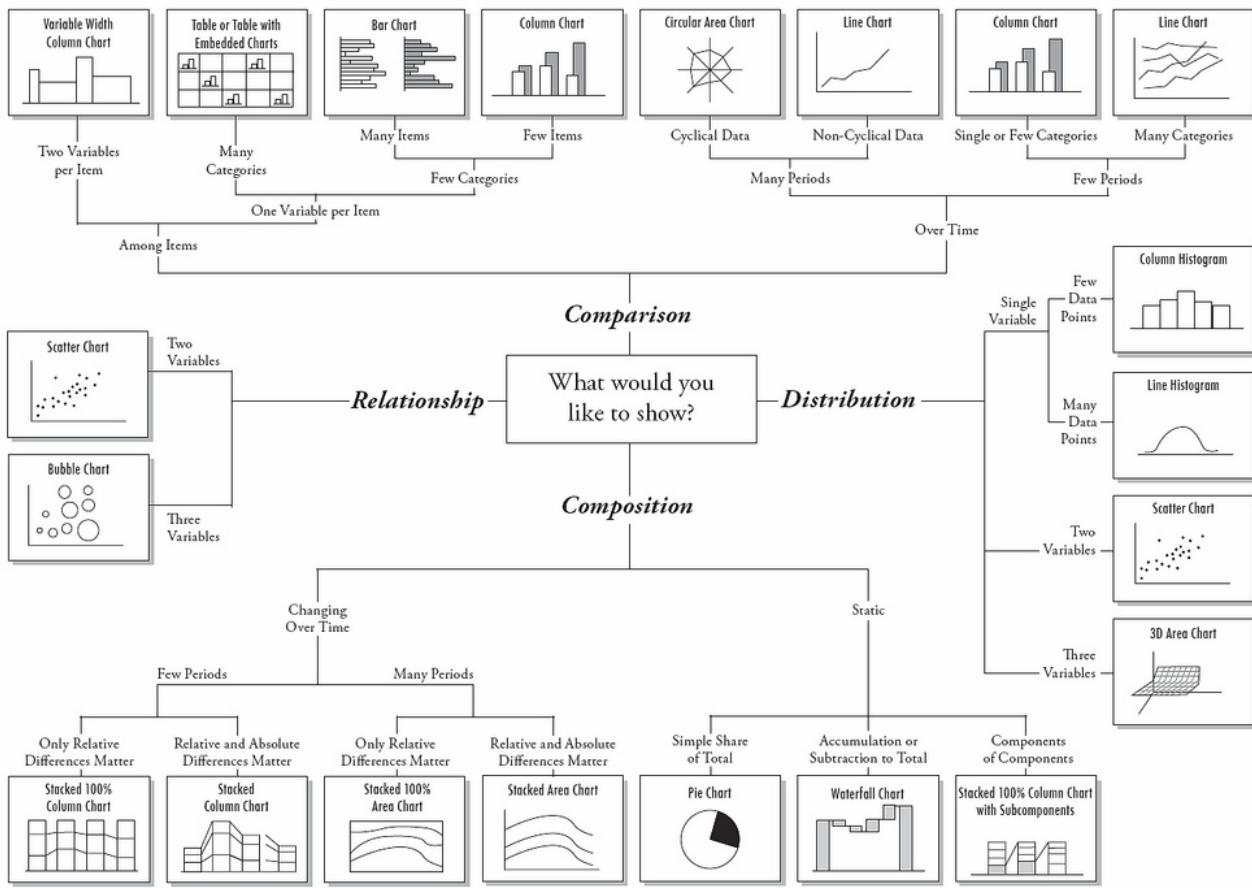
```
aut_trade_plot <- ggplot(
  data = aut_trade,
  mapping = aes(x = Jahr,
                 y = HandelGDP)
) +
  geom_line() +
  geom_point() +
  geom_smooth() +
  scale_x_continuous(
    limits = c(1965, 2018),
    breaks = seq(1960, 2017, 5),
    expand = c(0, 0)
) +
  scale_y_continuous(
    name = "Handel / BIP",
    limits = c(0, 110),
    breaks = seq(0, 110, 10),
    expand = c(0, 0)
) +
  ggtitle(
    label = "Handel und BIP in Österreich",
    subtitle = "Die Entwicklung zwischen 1965 und 2018"
  ) +
  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()
)

ggsave(filename = here("output/trade_ts.pdf"),
       plot = aut_trade_plot,
       width = 9,
       height = 6)
```

6.3 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 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

Chart Suggestions—A Thought-Starter



© 2006 A. Abela — a.v.abela@gmail.com

Figure 6.1: Quelle: <http://www.perceptualedge.com/blog/wp-content/uploads/2015/07/Abelas-Chart-Selection-Diagram.jpg>

adequate Darstellungsform. Abbildung 6.1 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.

6.3.1 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 `theme()` mit `panel.border=element_blank()`. Dann sollten Sie allerdings die Achsen wieder mit `axis.line=element_line()` hinzufügen.
 - Überlegen Sie sich gut ob Sie eine Legende brauchen und wo sie möglichst platzsparend plaziert werden kann. Innerhalb von `theme()` geht das über das Argument `legend.position`, welches für Legenden außerhalb des Plots 'top', 'bottom', 'left' oder 'right', und für Legenden innerhalb des Plotss die Koordinaten innerhalb des Plots mit `c(x, y)` akzeptiert.

- Vermeiden Sie ein zu enges Gitter für Ihren Plot, da dies für die Betrachter schnell anstrengend wird.
- Überhaupt gilt in der Regel ‘Weniger ist mehr’. Wenn Sie sich also nicht siche 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 transparentere Farben zu verwenden.
- Wenn Sie in Ihren Labels LaTeX-Code verwenden können bietet sich das Paket `latex2exp` an

Wie Sie ja oben gesehen haben können Sie mit `theme()` quasi jeden Teil Ihrer Grafik ändern und die Vorschläge entsprechend einfach implementieren. Um hier Zeit zu sparen können Sie auch [vorgefertigte Themen](#) verwenden oder Ihr eigenes Thema schreiben und dann immer wiederverwenden. Wenn Ihnen die Abbildungen aus meinen Slides einigermaßen gefallen können Sie auch mein Thema verwenden.⁹ Es ist als Teil des Pakets `icaeDesign` verfügbar und ich werde es standardmäßig für die Abbildungen unten verwenden. Dabei ist der Aufruf `theme_icae()` eine Abkürzung für folgenden Aufruf von `theme()` (wobei Sie die Befehle nicht nachvollziehen müssen, das ist nur zur Info):

```
theme_minimal() +
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 = "solid")
)
```

⁹Eine gute Anleitung zu Erstellen eigener Themen finden Sie [hier](#).

```

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")
)

```

6.3.2 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:

```

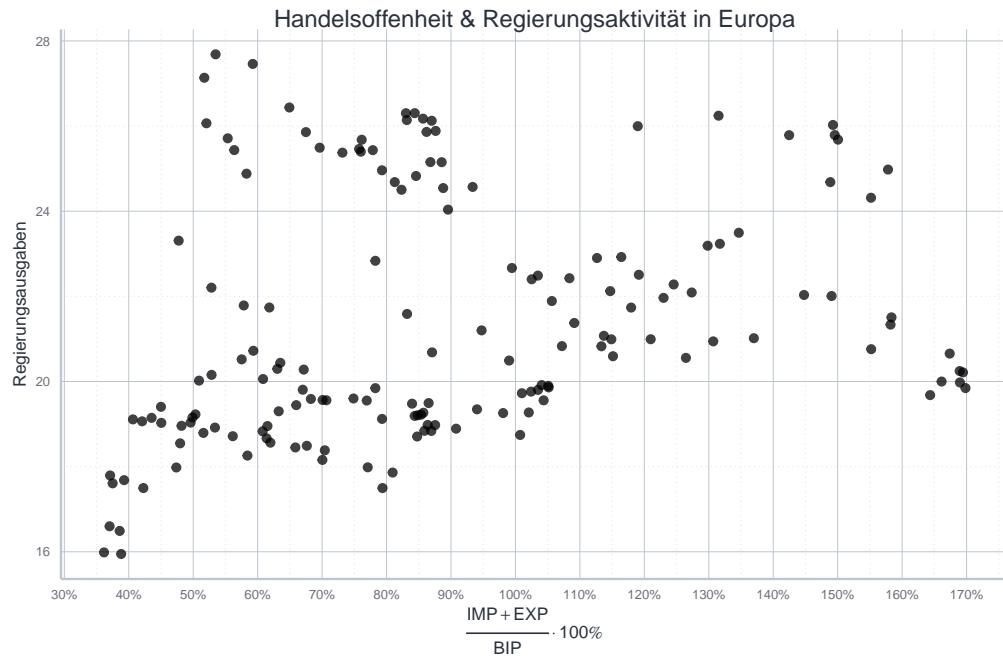
head(offenheits_daten)

#>   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 <- ggplot(
  data = offenheits_daten,
  mapping = aes(x=trade_total_GDP,
                 y=gvnt_cons)
) +
  geom_point(alpha=0.75) +
  scale_y_continuous(name = "Regierungsausgaben") +
  scale_x_continuous(name = TeX("$\\frac{IMP + EXP}{BIP} \\cdot 100 \\%$"),
                     breaks = seq(30, 180, 10),
                     labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1))
  )+
  labs(
    title = "Handelsoffenheit & Regierungsaktivität in Europa",
    caption = "Quelle: Weltbank; Daten von 1990-2017."
  )

```

```
theme_icae()
streudiagramm
```



Quelle: Weltbank; Daten von 1990–2017.

Beispiel 2: Vier Dimensionen in einem Blasendiagramm

```
head(ausgangsdaten)
```

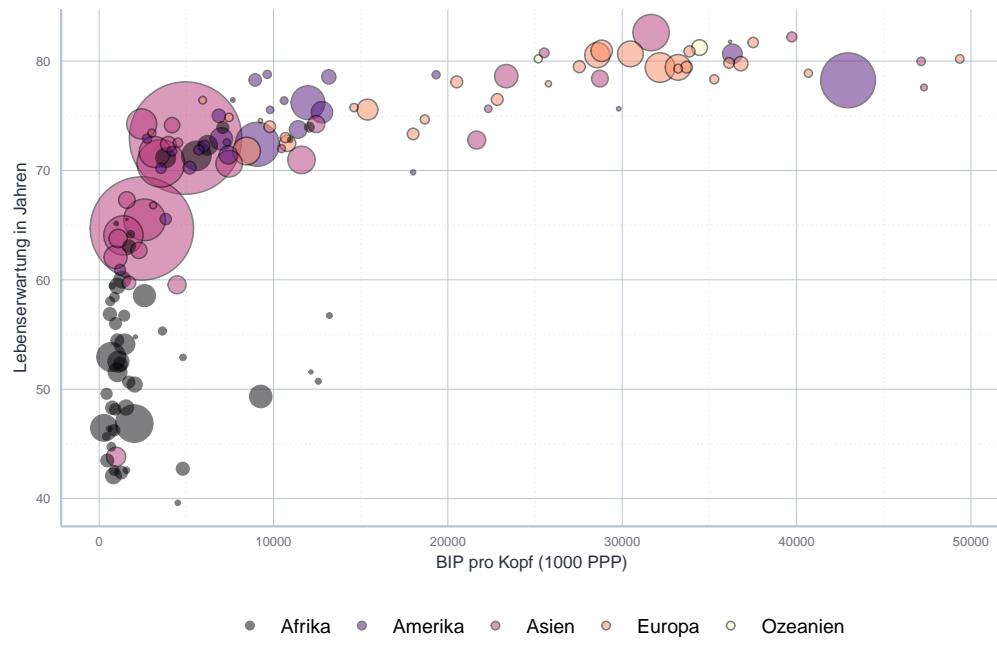
```
#> # A tibble: 6 x 5
#>   country      continent lifeExp      pop gdpPercap
#>   <fct>        <chr>     <dbl>     <int>    <dbl>
#> 1 China        Asien      73.0  1318683096  4959.
#> 2 India         Asien      64.7  1110396331  2452.
#> 3 United States Amerika    78.2  301139947  42952.
#> 4 Indonesia     Asien      70.6  223547000  3541.
#> 5 Brazil        Amerika    72.4  190010647  9066.
#> 6 Pakistan       Asien      65.5  169270617  2606.

bubble_plot <- ggplot(
  data = ausgangsdaten,
  mapping = aes(x = gdpPercap,
                 y = lifeExp,
                 size = pop,
                 fill = continent)
) +
  geom_point(
    alpha=0.5, shape=21, color="black"
  ) +
  scale_size(
    range = c(0.1, 24), name="Bevölkerung", guide = FALSE
```

```

) +
scale_fill_viridis(
  discrete=TRUE, option="A"
) +
scale_y_continuous(
  name = "Lebenserwartung in Jahren"
) +
scale_x_continuous(
  name = "BIP pro Kopf (1000 PPP)"
) +
labs(
  caption = "Hinweis: Größe der Blasen repräsentiert Bevölkerungsanzahl. Quelle: Gapminder."
) +
theme_icae() +
theme(
  legend.position="bottom",
  plot.caption = element_text(hjust = 0)
)
bubble_plot

```



6.3.3 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:

```
#> Warning: Column 'Gruppe' was requested to be 'character, 2' but fread encountered the following error:
#> no method or default for coercing "character" to "character, 2"
#> so the column has been left as type 'character'

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

gewichtete_daten <- arbeitslosen_daten %>%
  group_by(year, Gruppe) %>%
  mutate(population_group=sum(population_ameco)) %>%
  ungroup() %>%
  mutate(pop_rel_group=population_ameco / population_group) %>%
  group_by(year, Gruppe) %>%
  summarise(
    unemp_rate_mean=weighted.mean(unemp_rate,
                                   pop_rel_group),
    unemp_rate_sd=sd(unemp_rate*pop_rel_group)
  ) %>%
  ungroup()

head(gewichtete_daten)

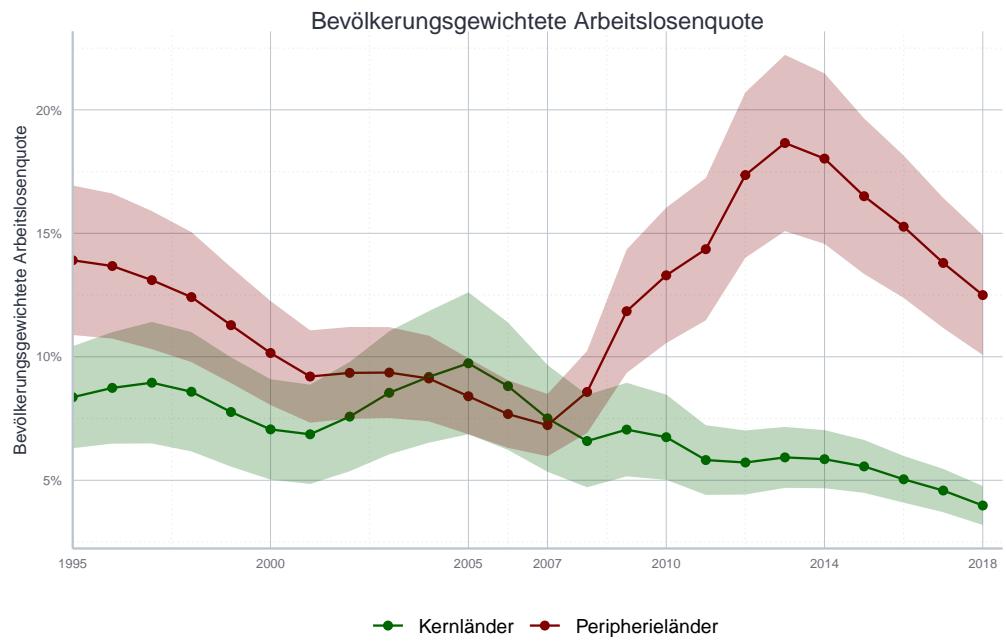
#> # A tibble: 6 x 4
#>   year Gruppe      unemp_rate_mean unemp_rate_sd
#>   <dbl> <chr>          <dbl>        <dbl>
#> 1 1995 Kernländer      8.36        2.07
#> 2 1995 Peripherieländer 13.9        3.03
#> 3 1996 Kernländer      8.74        2.26
#> 4 1996 Peripherieländer 13.7        2.94
#> 5 1997 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 `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 <- ggplot(
  data = gewichtete_daten,
```

```
mapping = aes(x=year,
              y=unemp_rate_mean,
              color=Gruppe)
) +
geom_point() +
geom_line() +
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) +
ylab("Bevölkerungsgewichtete Arbeitslosenquote") +
scale_color_icae(
  palette = "mixed",
  aesthetics=c("color", "fill")
) +
labs(
  title = "Bevölkerungsgewichtete Arbeitslosenquote",
  caption = "Quelle: Gräbner et al. (2019, CJE)"
) +
scale_x_continuous(
  breaks=x_axis_breaks,
  expand = expand_scale(
    mult = c(0, 0), add = c(0, 0.5)
  )
) +
scale_y_continuous(
  labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
) +
theme_icae() +
theme(axis.title.x = element_blank())
arbeitslosen_plot
```



Quelle: Gräbner et al. (2019, CJE)

Auch diese Abbildung stammt ursprünglich aus [Gräbner et al. \(2019\)](#).

6.3.4 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.

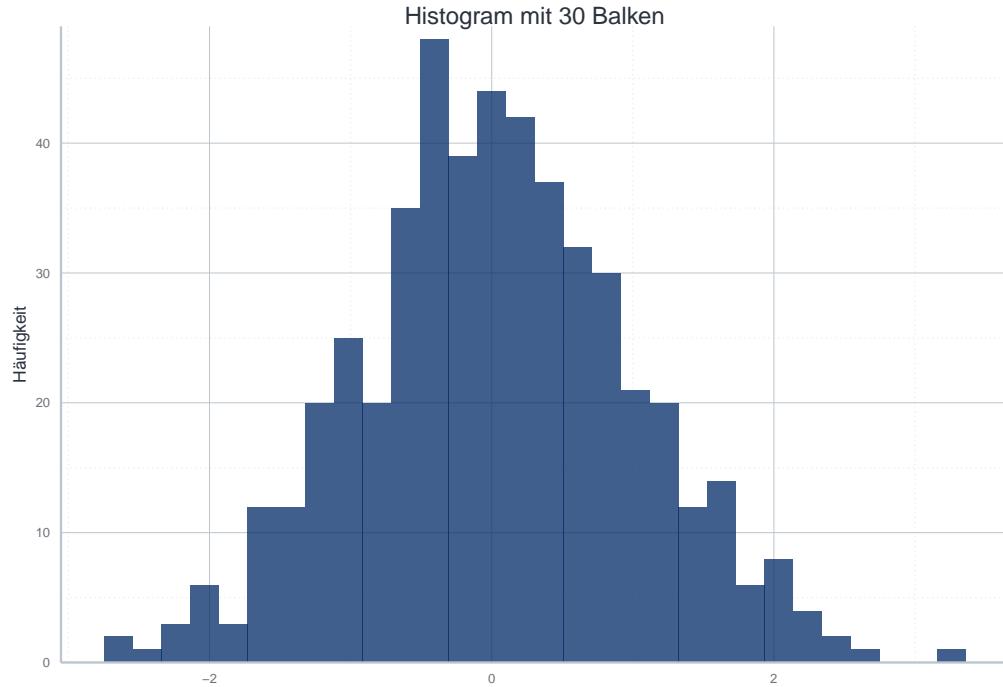
Beispiel 1: Einfaches Histogramm

```
head(histogram_daten)
```

```
#>          x
#> 1 -0.56047565
#> 2 -0.23017749
#> 3  1.55870831
#> 4  0.07050839
#> 5  0.12928774
#> 6  1.71506499
```

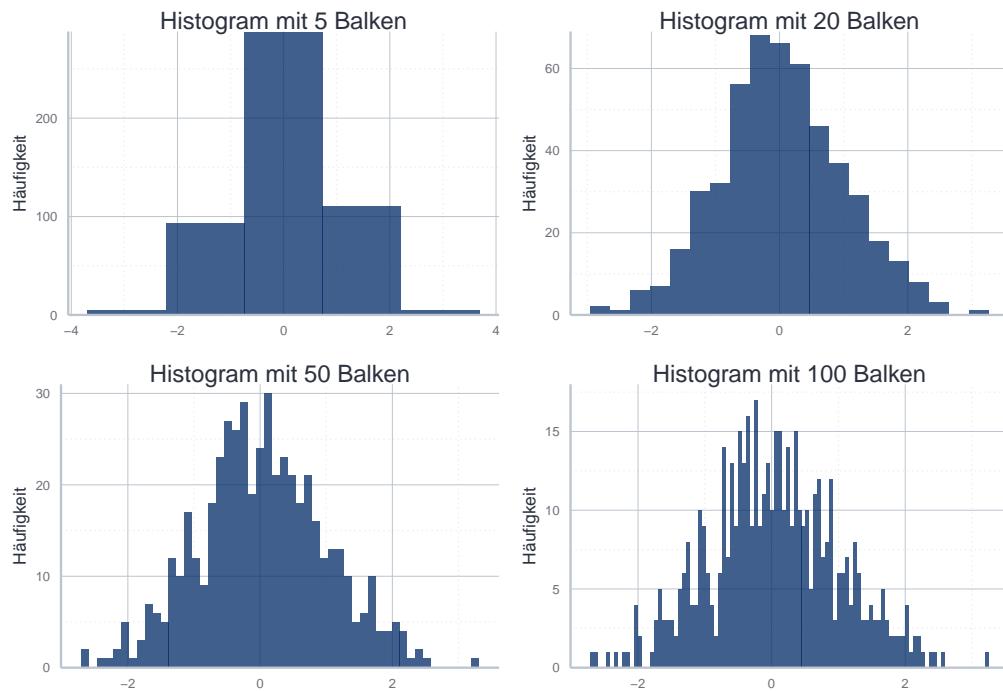
```
ggplot(data = histogram_daten,
       mapping = aes(x=x)) +
  geom_histogram(alpha=0.75, color=NA, fill="#002966") +
  scale_y_continuous(name = "Häufigkeit",
                     expand = expand_scale(c(0, 0), c(0, 1))) +
  ggtitle("Histogram mit 30 Balken") +
```

```
theme_icae() +
  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]] <- ggplot(data = histogram_daten,
    mapping = aes(x=x)) +
    geom_histogram(alpha=0.75, color=NA, fill="#002966", bins = bin_size[i]) +
    scale_y_continuous(name = "Häufigkeit",
      expand = expand_scale(c(0, 0), c(0, 1))) +
    ggtitle(paste0("Histogram mit ", bin_size[i], " Balken")) +
    theme_icae() +
    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
```

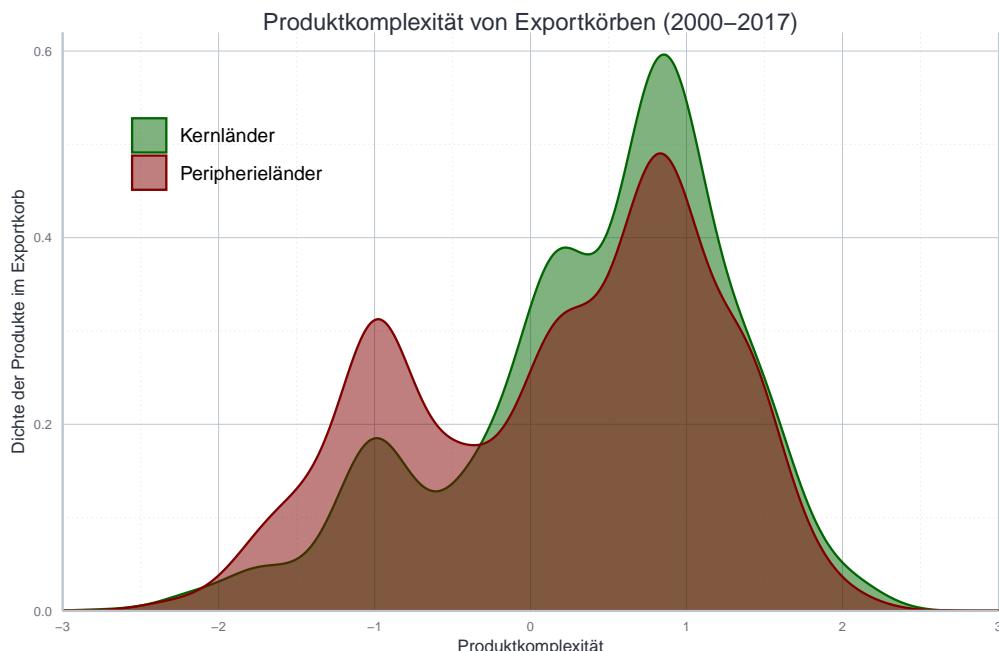
Aufgrund der großen Datenmenge kann die Verteilung der Exporte hier direkt über die Dichte dargestellt werden. Hierzu wird die Funktion `geom_density()` verwendet. Um die Güter nach ihrem tatsächlichen Exportwert zu gewichten verwenden wir die Ästhetik `weight`:

```
ggplot(data = exportzusammensetzung,
       mapping = aes(
         x=pci,
         color=cgroup,
         fill=cgroup)
       ) +
  geom_density(
    mapping = aes(weight=exp_share),
    alpha=0.5
  ) +
  labs(
    title = "Produktkomplexität von Exportkörben (2000-2017)",
    caption = "Quelle: Gräßner et al. (2019, CJE)"
```

```

) +
ylab("Dichte der Produkte im Exportkorb") +
xlab("Produktkomplexität") +
scale_y_continuous(limits = c(0, 0.62), expand = c(0, 0)) +
scale_x_continuous(limits = c(-3, 3), expand = c(0, 0)) +
scale_color_icae(palette = "mixed", aesthetics = c("color", "fill")) +
theme_icae() +
theme(legend.position = c(0.175, 0.8))

```



Die Grafik stammt aus Gräßner et al. (2019). Bei den Kernländern handelt es sich um Österreich, Belgien, Finnland, Luxemburg, Deutschland und Holland. Die Peripherieländer sind Griechenland, Irland, Italien, Portugal und Spanien.

6.3.5 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:

```

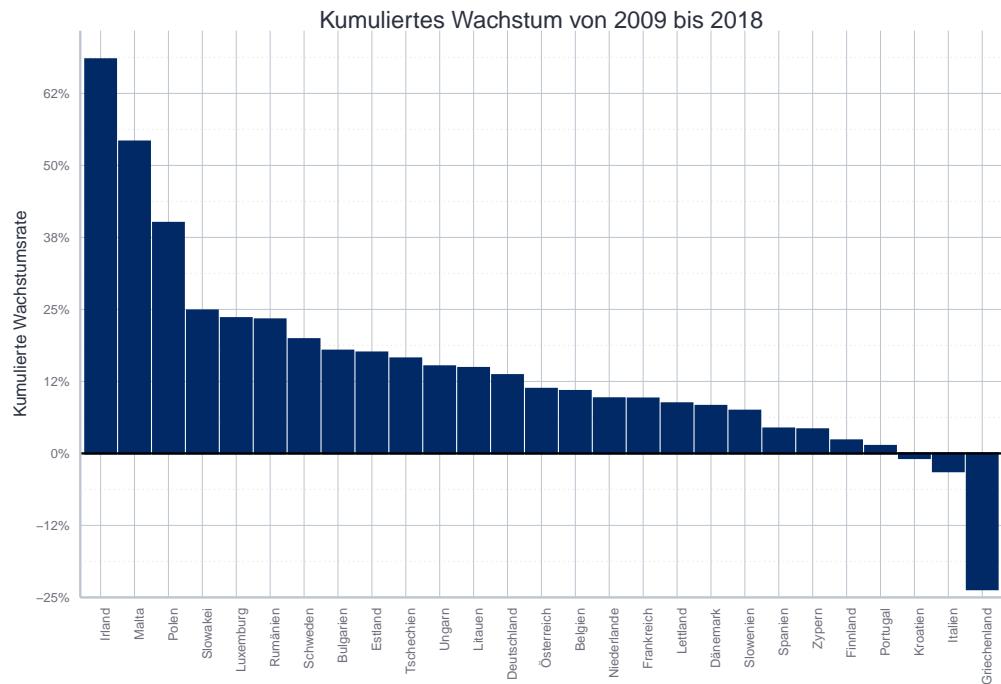
cum_growth_countries_full <- ggplot(
  data = daten_cum_growth) +
  geom_bar(
    aes(x=reorder(Land, -Wachstum.Land.kum),
        y=Wachstum.Land.kum),

```

```

color="#002966", fill="#002966",
stat = "identity"
) +
ylab("Kumulierte Wachstumsrate") +
ggtitle("Kumulierte Wachstum von 2009 bis 2018") +
geom_hline(yintercept = 0) +
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)
) +
theme_icae() +
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.

6.3.6 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.

6.3.7 Zusammenfassung

Die folgende Tabelle fasst die hier diskutierten Visualisierungsmöglichkeiten noch einmal kurz zusammen.

Art	Anwendungsgebiet	Relevante Funktion
Balkendiagramm	Vergleich von Werten	<code>geom_bar()</code>
Linienchart	Dynamiken	<code>geom_line()</code> , <code>geom_ribbon()</code>
Histogram	Verteilungen weniger Variablen	<code>geom_bar()</code> , <code>geom_hist()</code> , <code>geom_density()</code>
Streu- und Blasendiagramm	Zusammenhänge zwischen 2-4 variablen	<code>geom_point()</code>
Kuchendiagramm	Nichts	Keine

6.4 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.

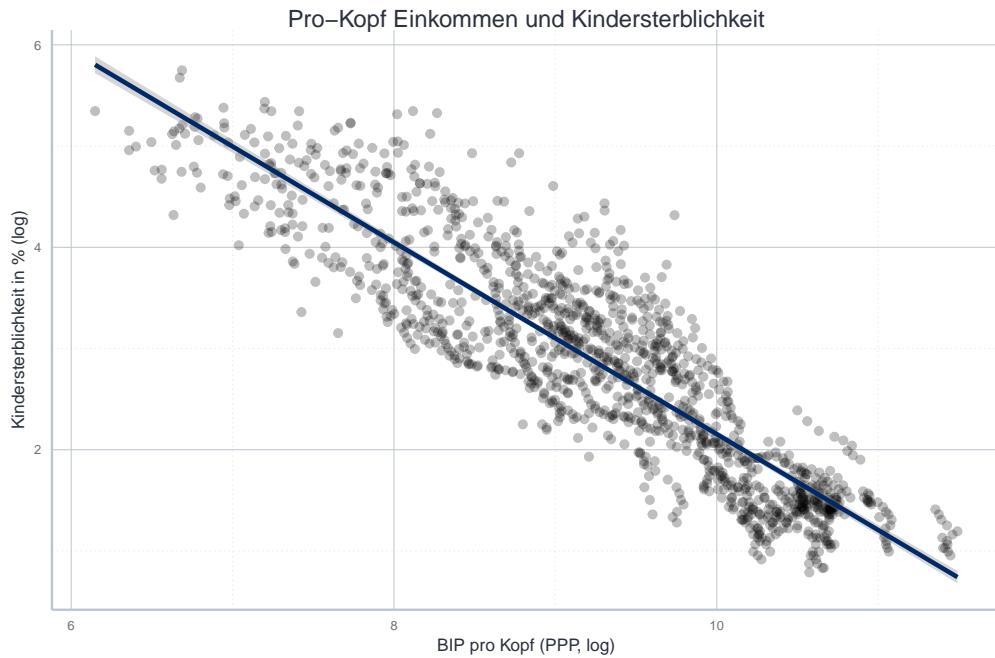
6.4.1 Regressionsgerade

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 `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 <- ggplot(data = development_data,
  mapping = aes(x=log(GDP_PPPpc),
                 y=log(MORTRATE))
  ) +
  geom_point(alpha=0.25) +
  labs(
    title = "Pro-Kopf Einkommen und Kindersterblichkeit",
    caption = "Quelle: Weltbank."
  ) +
  xlab("BIP pro Kopf (PPP, log)") +
  ylab("Kindersterblichkeit in % (log)") +
  theme_icae()

mort_rate_plot + geom_smooth(method = "lm",
```

```
color="#002966",
se = TRUE)
```



Quelle: Weltbank.

Alternativ kann die Gerade auch mit Hilfe der Funktion `geom_abline()` eingezeichnet werden. Dazu müssen wir Regression vorher aber explizit mit `lm()` durchführen:

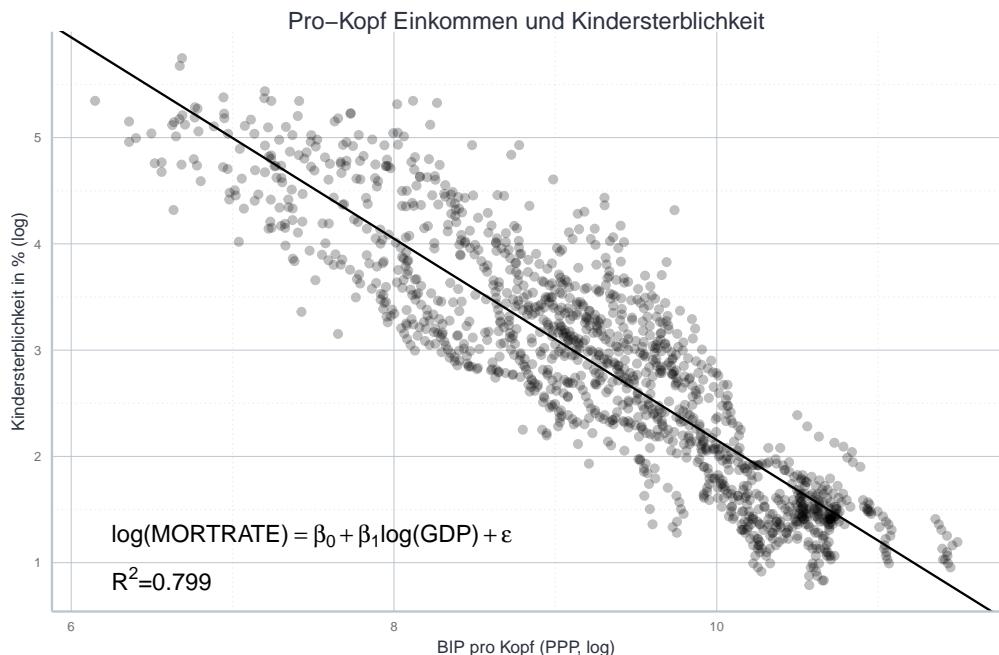
```
lm_obj <- lm(log(MORTRATE) ~ log(GDP_PPPpc),
               data = development_data)
summary(lm_obj)
```

```
#>
#> 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 `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 werden. 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 in LaTeX 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 +
  geom_abline(
    intercept = lm_obj[["coefficients"]][1],
    slope = lm_obj[["coefficients"]][2]) +
  annotate(geom = "text",
    x = 6.25,
    y = 1.25, hjust = 0,
    label = TeX(reg_eq)) +
  annotate(geom = "text",
    x = 6.25,
    y = 0.85, hjust = 0,
    label = TeX(rsq))
mort_rate_plot_marked
```



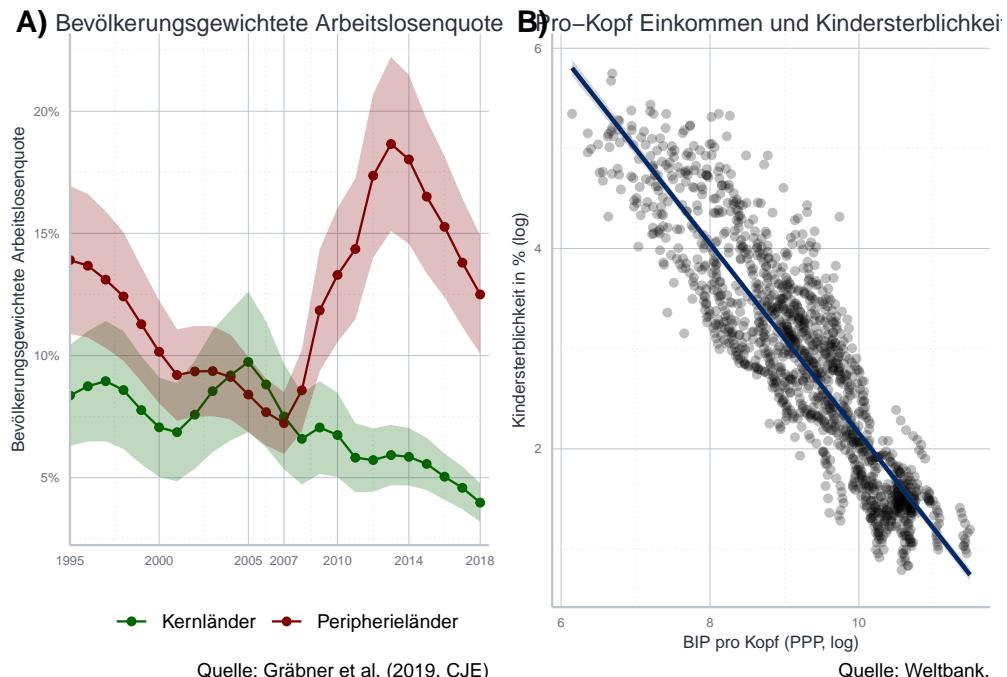
Quelle: Weltbank.

6.4.2 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 `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.

`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:

```
ggarrange(arbeitslosen_plot,
          mort_rate_plot+geom_smooth(color="#002966", method = "lm"),
          ncol = 2,
          labels = c("A)", "B)"),
          font.label = list(face="bold"))
```



6.4.3 Mehr zu den Skalen: `expand_scale()` 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 `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 `scale_*_continuous()` abschalten können, aber manchmal wollen wir das nur an einer Seite machen. In diesem Fall können wir die Hilfsfunktion `expand_scale()` verwenden. Sie akzeptiert zwei Argumente, `mult` und `add`, die wie oben beschrieben funktionieren. Entsprechend sind die folgenden

beiden Aufrufe äquivalent:

```
scale_y_continuous(expand = c(0, 0))
scale_y_continuous(expand = expand_scale(mult = 0, add = 0))
```

Allerdings kann `expand_scale()` auch jeweils einen Vektor mit zwei Elementen verarbeiten, wobei dann die erste Zahl für den unteren und die zweite für den oberen Rand steht:

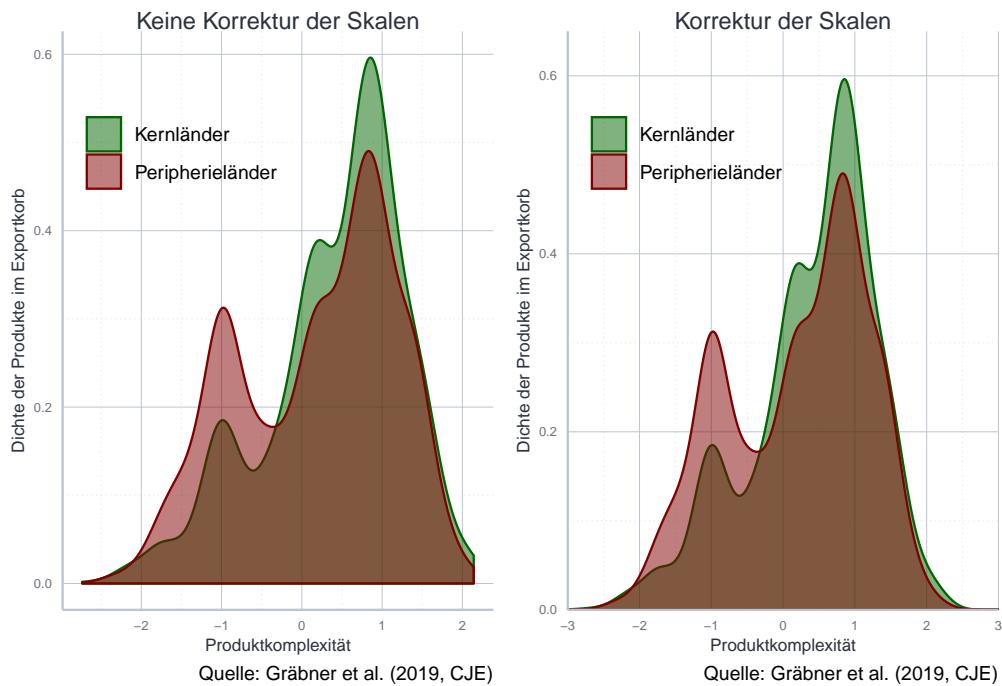
```
scale_y_continuous(expand = expand_scale(mult = c(0, 0), add = c(0, 2)))
```

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 <- ggplot(
  data = exportzusammensetzung,
  mapping = aes(
    x=pci,
    color=cgroup,
    fill=cgroup)
) +
  geom_density(
    mapping = aes(weight=exp_share),
    alpha=0.5
  ) +
  labs(
    title = "Keine Korrektur der Skalen",
    caption = "Quelle: Gräßner et al. (2019, CJE)"
  ) +
  ylab("Dichte der Produkte im Exportkorb") +
  xlab("Produktkomplexität") +
  scale_color_icae(palette = "mixed",
                   aesthetics = c("color", "fill")) +
  theme_icae() +
  theme(legend.position = c(0.275, 0.8))

dichte_2 <- dichte_1 +
  ggtitle("Korrektur der Skalen") +
  scale_y_continuous(limits = c(0, 0.6),
                     expand = expand_scale(mult = c(0, 0),
                                           add = c(0, 0.05))) +
  scale_x_continuous(limits = c(-3, 3),
                     expand = expand_scale(mult = c(0, 0),
                                           add = c(0, 0)))

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 `scale_*_continuous()` zu spezifizieren.

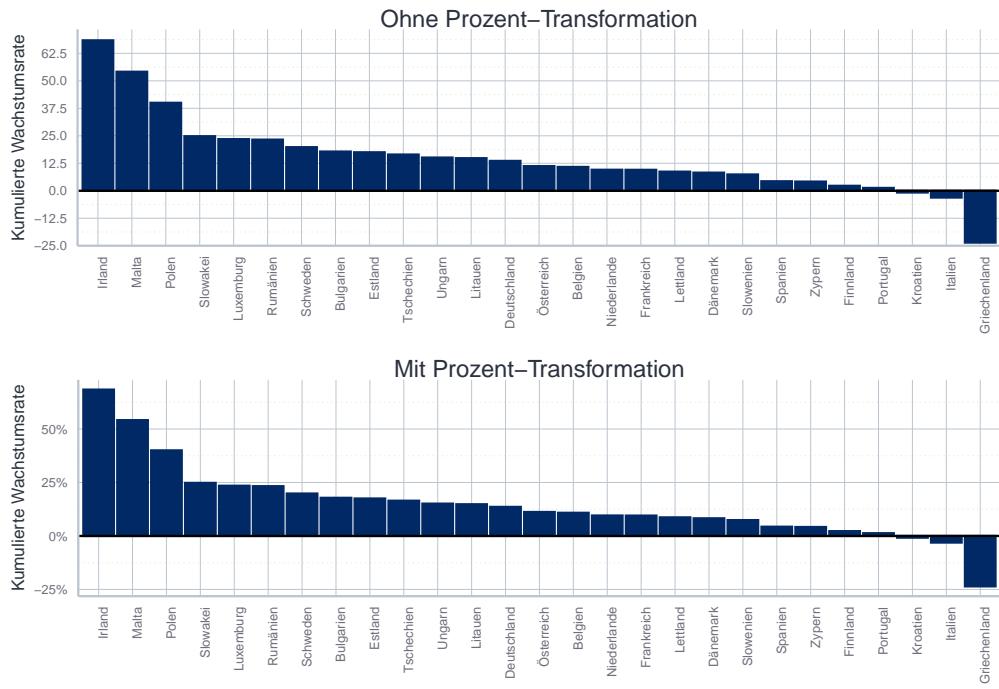
Die Funktion bedarf zweier Argumente `accuracy` und `scale`. `accuracy` bezeichnet die Dezimalstelle auf die gerundet werden soll. Dies ist ein Einfallstor für viele Fehler, da die Funktion keine Fehler ausgibt wenn irreführende Werte angegeben werden. Vergleichen Sie immer die Skala vor und nach der Transformation um sicher zu gehen, dass sich keine Fehler eingeschlichen haben!

`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 +
  scale_y_continuous(
    labels = percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
  )

ggarrange(cum_growth_countries_full + ggtitle("Ohne Prozent-Transformation"),
  cum_growth_countries_full_percent + ggtitle("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.

6.5 Typische Fehler in der Datenvisualisierung vermeiden

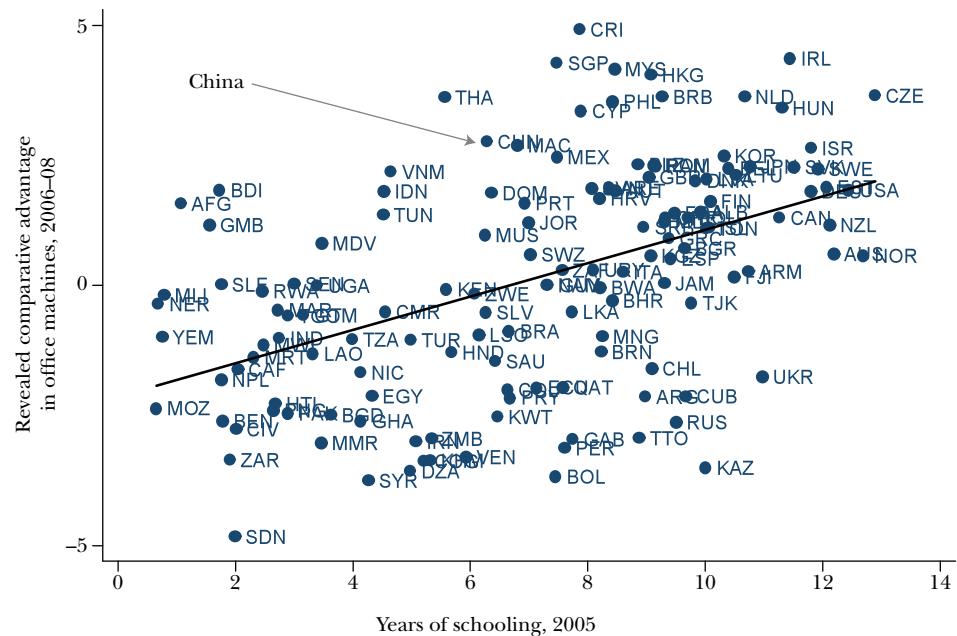
Hier implementieren wir einige der Beispiele aus Schwabish (2014). Eine wunderbare Seite mit typischen Visualisierungsfehlern und wie Sie sie vermeiden können finden Sie [hier](#).

6.5.1 Clutterplots und ihre Transformation zum beschrifteten Streudiagramm

Die folgende Abbildung ist aus Hanson (2012, S. 55):

```
knitr::include_graphics(here("figures/vis-failes-hanson.png"), auto_pdf = T)
```

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.

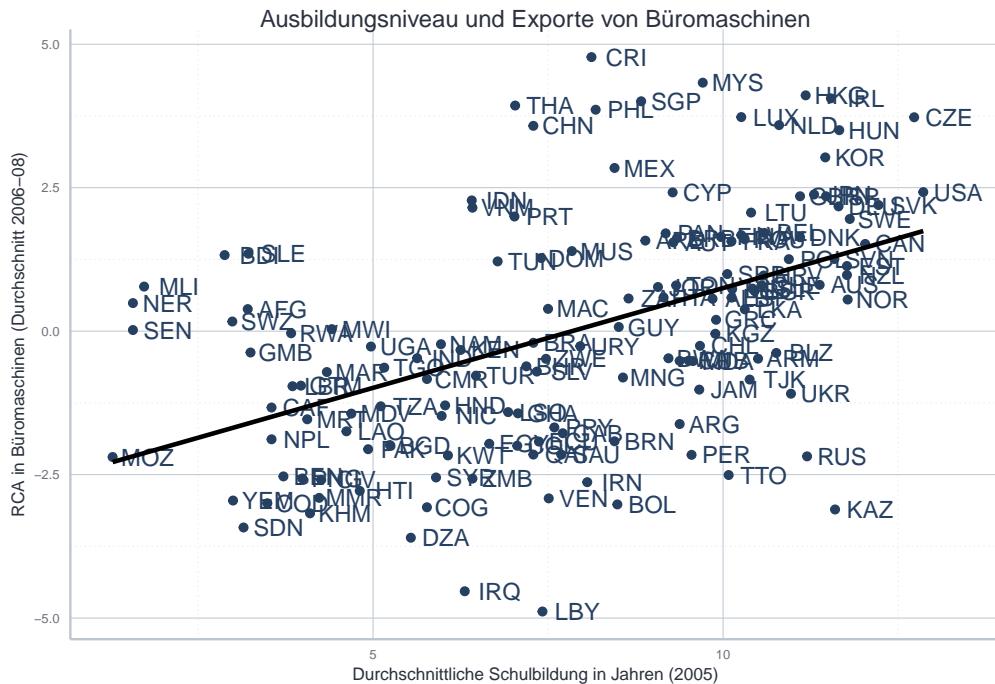
Da sich der Autor zusätzlich nicht erbarmt hat seinen Datensatz zu publizieren, müssen wir auch noch die der Abbildung zugrundeliegenden Daten selbst beschaffen - in diesen Momenten merken Sie wie wichtig es ist, zu jeder Publikation die Daten und den Code für die Abbildungen mit zu veröffentlichen. Zwar wurden die Datenquellen einigermaßen dokumentiert,¹⁰ 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 wurde¹¹ finden sich in der Replikation natürlich kleinere Abweichungen:

Zunächst replizieren wir das originale visuelle Verbrechen:

```
ggplot(data = hanson_data,
       mapping = aes(x=schooling, y=rca_purged)) +
  geom_point(color="#264062") +
  geom_text(aes(label=country), nudge_x = 0.5, color="#264062") +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color="black") +
  ggtitle("Ausbildungsniveau und Exporte von Büromaschinen") +
  scale_x_continuous(name = "Durchschnittliche Schulbildung in Jahren (2005)") +
  scale_y_continuous(name = "RCA in Büromaschinen (Durchschnitt 2006–08)") +
  theme_icae()
```

¹⁰Wie die Daten nacherhoben wurden können Sie bei Interesse über die [Github Repo](#) des Skripts selbst nachlesen.

¹¹Hier verwende ich Daten von [The Growth Lab at Harvard University \(2019\)](#), die hier abzurufen sind.



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...

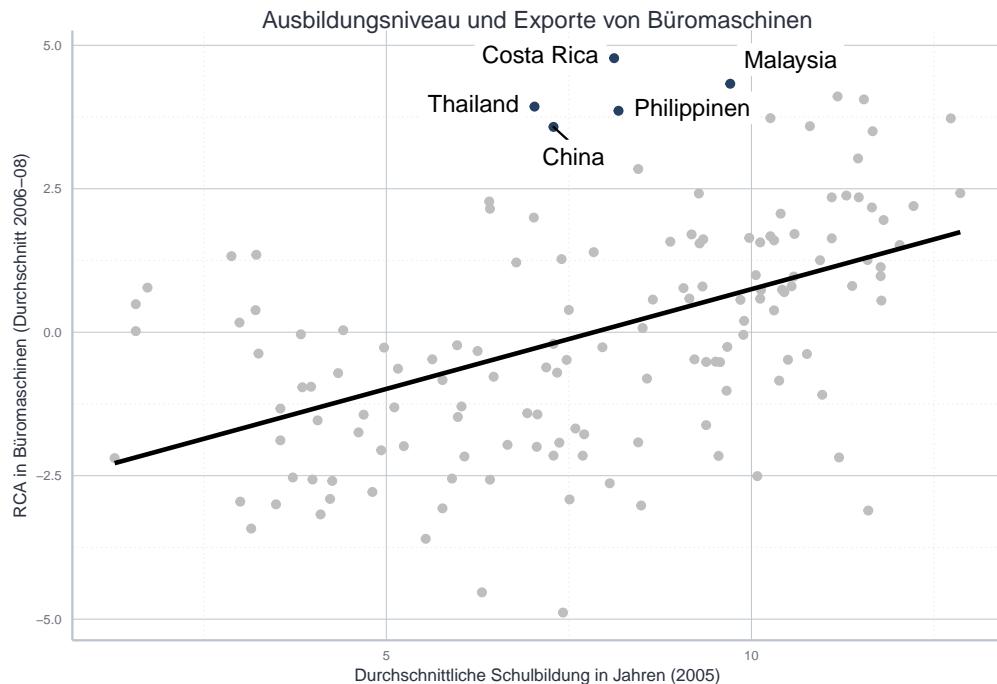
Wie Schwabish (2014) bilden wir zunächst einmal die Labels nur für die fünf interessierenden Länder ab. Das machen wir, indem wir die Funktion `geom_text()`, welche die Ländernamen abbildet, nicht den Standarddatensatz verwenden lassen, sondern einen reduzierten Datensatz übergeben. In diesem reduzierten Datensatz übersetzen wir die Ländernamen bereits ins Deutsche. Überhaupt ersetzen wir `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 `geom_point()`, aber mit unterschiedlichen Datensätzen.

```
interessierende_laender <- countrycode(
  c("China", "Malaysia", "Costa Rica", "Philippines", "Thailand"),
  "country.name", "iso3c")

ggplot(data = hanson_data,
       mapping = aes(x=schooling, y=rca_purged)) +
  geom_point(
    data = filter(hanson_data,
                  country %in% interessierende_laender),
    color="#264062") +
  geom_point(
    data = filter(hanson_data,
                  !country %in% interessierende_laender),
    color="grey") +
```

```
geom_label_repel(
  data = filter(hanson_data,
                country %in% interessierende_laender),
  aes(label=countrycode(country, "iso3c", "country.name.de")),
  color="black", label.size = NA
) +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color="black") +
  ggtitle("Ausbildungsniveau und Exporte von Büromaschinen") +
  scale_x_continuous(name = "Durchschnittliche Schulbildung in Jahren (2005)") +
  scale_y_continuous(name = "RCA in Büromaschinen (Durchschnitt 2006–08)") +
  theme_icae()
```



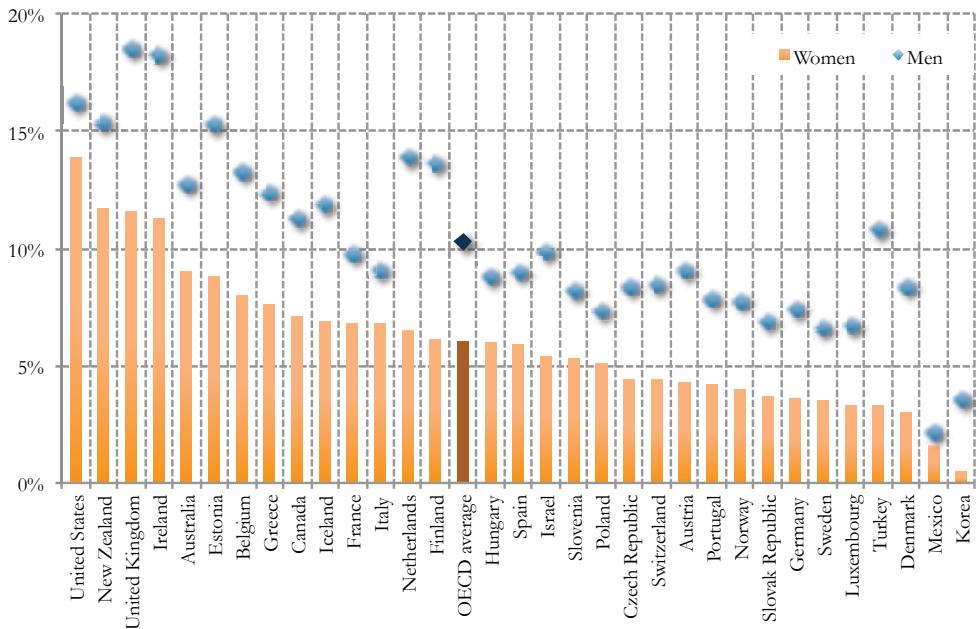
Wie Sie merken werden diese Farben außerhalb von `mapping` definiert. Denn die Farben sollen ja für alle Variablen gleich sein, es handelt sich hier also nicht um ein *aesthetic mapping*, welches ja die Farbe abhängig vom Variablenwert vergeben würde.

Dies ist wieder ein schönes Beispiel für eine Grafik, die sehr davon profitiert, wenn man die abgebildeten Punkte auf das wirklich Wesentliche reduziert.

6.5.2 Ein ‘unbalancierter’ Plot

An anderes schönes Beispiel ist folgende Abbildung, 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:

Percentage of Employed Who Are Senior Managers,
by Sex, 2008



Selbst mit der Beschreibung im Text ist schwer verständlich was uns diese Abbildung jetzt genau sagen soll. Wahrscheinlich versucht die Autoring 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 %>%
  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()` 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 ausgeben 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:

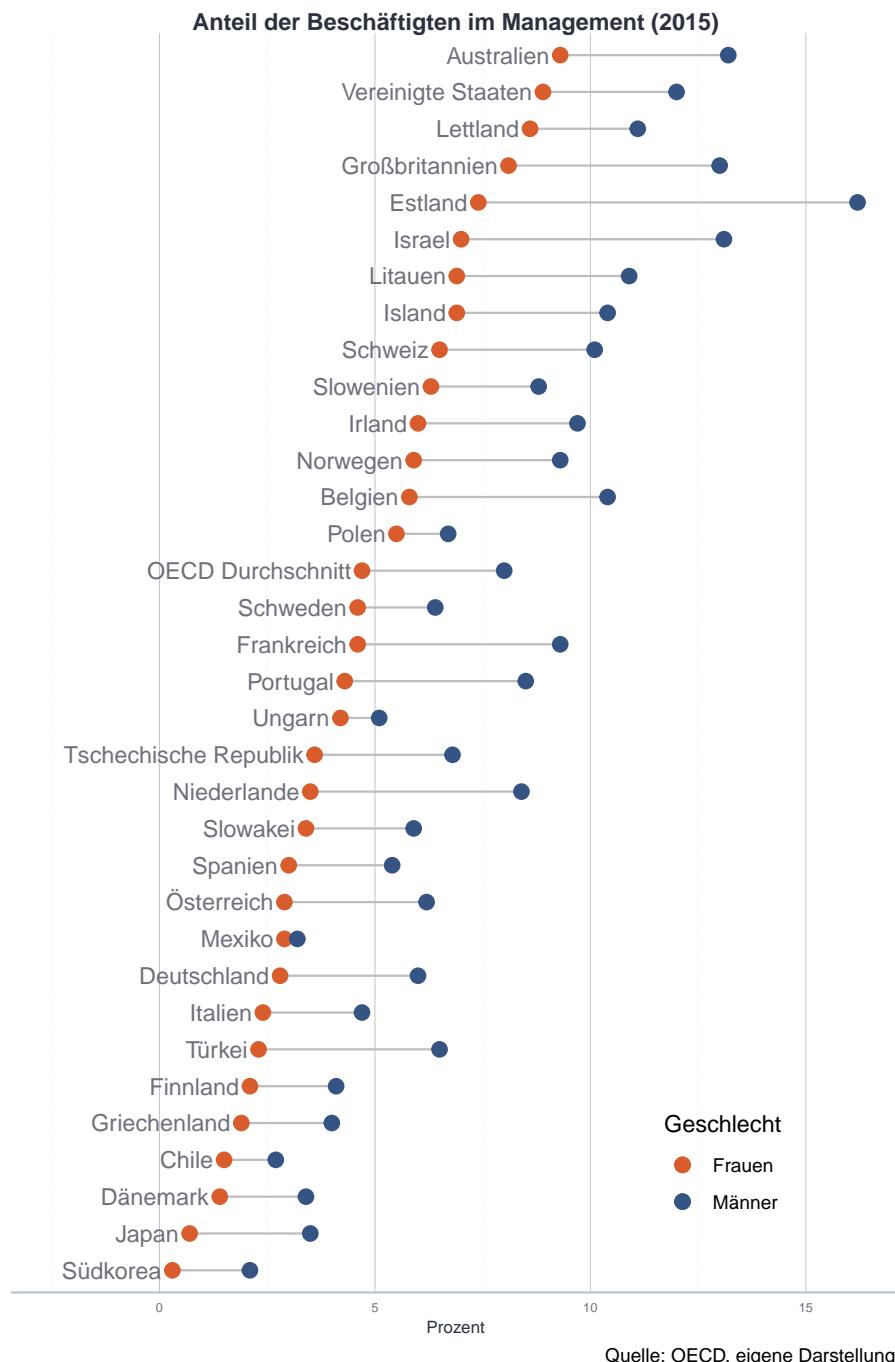
```
oecd_data_plot <- oecd_data %>%
  mutate(COU = ifelse(COU=="OAVG", "OECD Durchschnitt",
                      countrycode(COU, "iso3c", "country.name.de")),
        COU = ifelse(COU=="Korea, Republik von", "Südkorea", COU))
```

Mit diesen erstellen wir den Lollipop-Graphen folgendermaßen:

```
farbe_m <- "#355383"
farbe_w <- "#d95d2c"

ggplot(oecd_data_plot) +
  geom_segment(aes(x=reorder(COU, Women),
                  xend=COU,
                  y=Women,
                  yend=Men),
               color="grey") +
  geom_point(
    aes(x=COU,
```

```
y=Women,
  color="Frauen"),
size=3 ) +
geom_point(
  aes(x=COU,
  y=Men,
  color="Männer"),
size=3 ) +
scale_color_manual(values = c("Männer"=farbe_m, "Frauen"=farbe_w), name="Geschlecht") +
geom_text(
  aes(x=COU, y=Women, label=COU),
  nudge_y = -0.25, hjust=1, color=rgb(110, 113, 123, maxColorValue = 255)
) +
scale_y_continuous(name = "Prozent",
  expand = expand_scale(mult = c(0, 0),
  add = c(3.5, 1)))
) +
coord_flip() +
labs(title = "Anteil der Beschäftigten im Management (2015)",
  caption = "Quelle: OECD, eigene Darstellung.") +
theme_icae() +
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 `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 `expand_scale()` wie oben eingeführt, da die x-Achse sonst nach links zu wenig Platz für die Länderbezeichnungen lassen würde
- Das Argument `hjust=1` innerhalb von `geom_text()` sorgt dafür, dass der Text genau bei dem y-Wert aus `aes()` aufhört, also linksbündig formatiert wird (`hjust=0` korrespondiert entsprechend zu rechtsbündigem,



Figure 6.2: Quelle: <https://thenextweb.com/wp-content/blogs.dir/1/files/2015/05/viz3.jpg>

`hjust=0.5` zu mittig formatierem Text).

- Mit `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.

6.6 Lügen mit grafischer Statistik

Grafiken können sehr leicht zur Manipulation der Betrachter eingesetzt werden. Im folgenden wollen wir das an zwei klassischen Beispielen verdeutlichen. Eine schöne Übersicht finden Sie ansonsten in Krämer (2015)

6.6.1 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 6.2).

Die Autoren 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.¹²

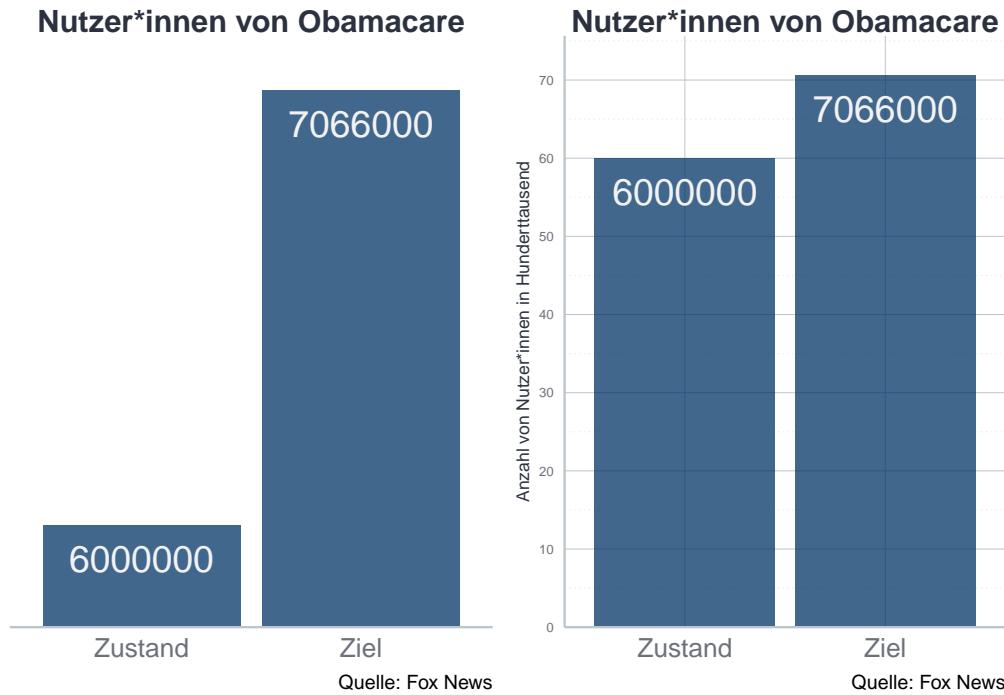
Im folgenden sehen wir die manipulierende und korrekte Grafik nebeneinander:

```
data_used <- data.frame(Werte=c(6000000, 7066000), Art=c("Zustand", "Ziel"))

normal <- ggplot(data = data_used,
                  mapping = aes(x=reorder(Art, Werte), y=Werte)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill="#003366", alpha=0.75) +
```

¹²Wir 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!

```
geom_text(aes(label=as.character(format(Werte, scientific = FALSE))),  
          size=6, vjust=1.75, color="#f2f2f2") +  
scale_y_continuous(  
  name = "Anzahl von Nutzer*innen in Hunderttausend",  
  breaks = seq(0, 8000000, 1000000),  
  labels = seq(0, 80, 10),  
  expand = expand_scale(c(0,0),  
                        c(0, 500000))  
) +  
labs(title = "Nutzer*innen von Obamacare",  
      caption = "Quelle: Fox News") +  
theme_icae() +  
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 +  
  coord_cartesian(ylim=c(5750000, 7200000)) +  
  theme(  
    panel.grid = element_blank(),  
    axis.title = element_blank(),  
    axis.line.y = element_blank(),  
    axis.text.y = element_blank()  
)  
  
ggarrange(manipulativ, normal, ncol = 2)
```



Eine beliebte Variante ist es, die y-Achse zwar im Nullpunkt starten zu lassen, aber einfach die Achse zwischenrein abzuschneiden. Das Prinzip bleibt das gleiche uns so etwas ist in keinem Fall eine gute Idee!

6.6.2 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 <- filter(al_daten, year>2000)

manipulativ <- ggplot(data = agenda_daten,
                       mapping = aes(x=year, y=unemp_rate)
                       ) +
  geom_point() +
  geom_line() +
  geom_vline(xintercept = 2005) +
  scale_y_continuous(
    name = "Arbeitslosigkeit",
    labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
  ) +
  labs(title = "Arbeitslosigkeit seit Einführung der Agenda 2010",
```

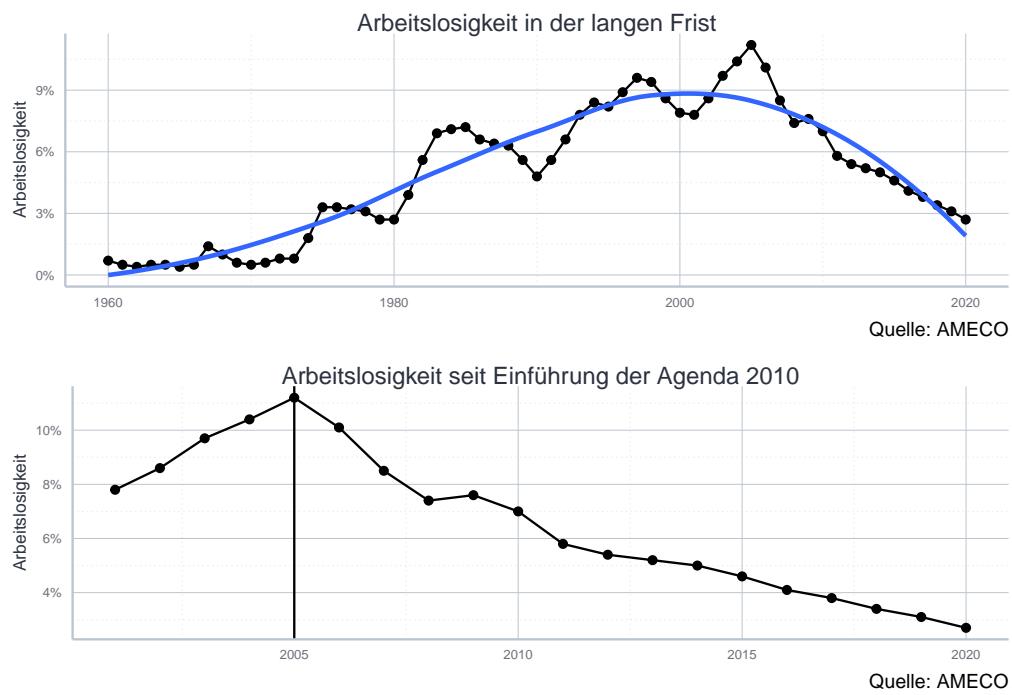
```

caption = "Quelle: AMECO") +
theme_icae() +
theme(axis.title.x = element_blank())

normal <- ggplot(data = al_daten,
                  mapping = aes(x=year, y=unemp_rate)
) +
geom_point() +
geom_line() +
geom_smooth(method = "loess", se = F) +
scale_y_continuous(
  name = "Arbeitslosigkeit",
  labels = scales::percent_format(accuracy = 1, scale = 1)
) +
labs(title = "Arbeitslosigkeit in der langen Frist",
     caption = "Quelle: AMECO") +
theme_icae() +
theme(axis.title.x = element_blank())

ggarrange(normal, manipulativ, nrow=2)

```



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 Staatausgaben 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 eine brauchbares Format bringen müssen:

```
ameco_data <- fread(here("data/raw/AMECO16.TXT"), fill = T, header = T) %>%
  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")) %>%
  select(-one_of("CODE", "COUNTRY", "SUB-CHAPTER", "TITLE", "V68")) %>%
  mutate(UNIT=ifelse(UNIT=="Mrd ECU/EUR", "Abs", "PercGDP")) %>%
  pivot_longer(names_to = "Jahr", values_to = "Wert", cols = -UNIT) %>%
  filter(Jahr>1990) %>%
  pivot_wider(names_from = UNIT, values_from = Wert)
```

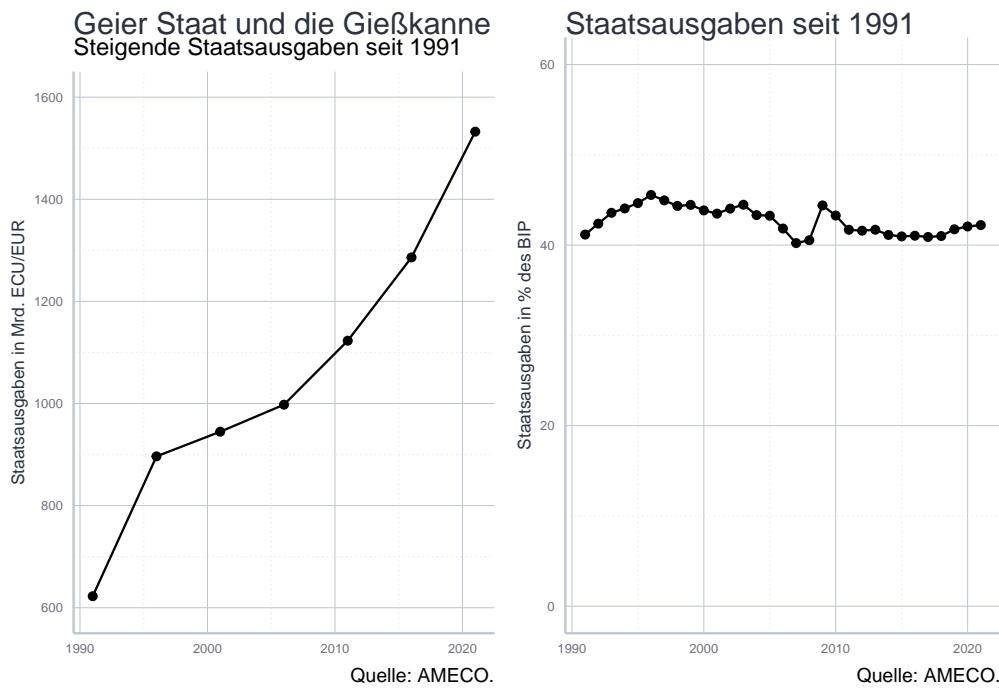
Jetzt können wir die Daten visualisieren:

```
ameco_geier_version <- ameco_data %>%
  filter(Jahr %in% seq(1991, 2021, 5))

manipulativ <- ggplot(data = ameco_geier_version,
                       aes(x=Jahr, y=Abs)) +
  geom_point() +
  geom_line() +
  scale_y_continuous(name = "Staatsausgaben in Mrd. ECU/EUR",
                     limits = c(600, 1600)) +
  labs(title = "Geier Staat und die Gießkanne",
       subtitle = "Steigende Staatsausgaben seit 1991",
       caption = "Quelle: AMECO.") +
  theme_icae() +
  theme(axis.title.x = element_blank(),
        plot.title = element_text(hjust = 0, size = 14))

normal <- ggplot(data = ameco_data,
                  aes(x=Jahr, y=PercGDP)) +
  geom_point() +
  geom_line() +
  scale_y_continuous(name = "Staatsausgaben in % des BIP",
                     limits = c(0, 60)) +
  labs(title = "Staatsausgaben seit 1991",
       caption = "Quelle: AMECO.") +
  theme_icae() +
  theme(axis.title.x = element_blank(),
        plot.title = element_text(hjust = 0, size = 14))

ggarrange(manipulativ, normal, ncol = 2)
```



6.7 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 zitiertes [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 geschriebener 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.”

Für alle die sich mit den theoretischen Grundlagen von `ggplot2` genauer befassen wollen: Die `ggplot2` zugrundeliegende Idee einer *grammar of graphics* geht 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.

Chapter 7

Formale Methoden der Sozioökonomie

7.1 Einleitung und Überblick

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](#), wobei Sie hier einiges schon aus dem Kapitel zu den linearen Modellen und der Einführung in R kennen. Allerdings werden wir anhang 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.

In diesem Kapitel werden die folgenden R Pakete verwendet:

```
library(here)
library(tidyverse)
library(data.table)
library(icaeDesign)
library(ggrepel)
library(ggpubr)
```

```
library(latex2exp)
library(matlib)
library(fitdistrplus)
library(moments)
library(ineq)
library(rmutil)
```

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.

7.2 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 Formen 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 Änderung von einem Prozentpunkt, bzw. einer relativen 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 `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
```

```
#> [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 so sortieren, damit `lag(x, 1)` auch vorherigen Wert ausgibt. Dazu verwenden wir die Funktion `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 %>%
  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 %>%
  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
```

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.

```
#> 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 %>%
  arrange(country, year) %>%
  group_by(country) %>%
  mutate(BIP_Wachstum = (BIP-dplyr::lag(BIP))/abs(dplyr::lag(BIP))*100) %>%
  ungroup()
beispiel_daten
```

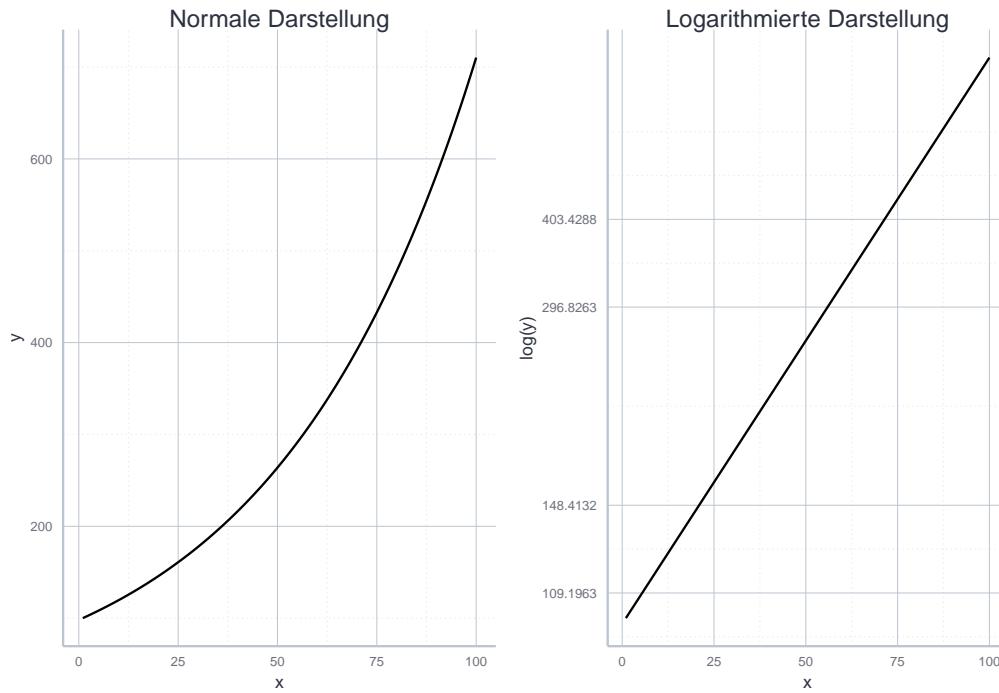
```
#> # A tibble: 10 x 4
#>   country      BIP year BIP_Wachstum
#>   <chr>     <dbl> <int>      <dbl>
#> 1 Austria    36123.  2014       NA
#> 2 Austria    36129.  2015     0.0155
#> 3 Austria    36469.  2016     0.942
#> 4 Austria    37141.  2017     1.84
#> 5 Austria    37941.  2018     2.15
#> 6 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:

$$\left(\left[\frac{X_t}{X_{t-s}} \right]^{\frac{1}{s}} - 1 \right) \approx \ln \left(\frac{X_t}{X_{t-s}} \right) / t = \frac{\ln(X_t) - \ln(X_{t-s})}{t}$$

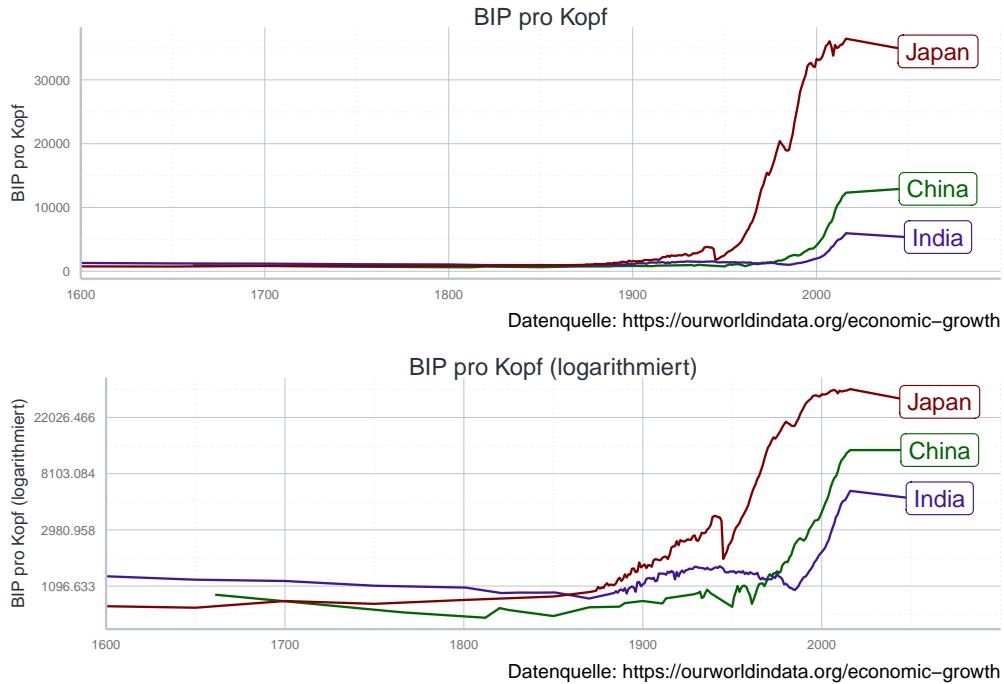
Sie fragen sich vielleicht warum wir uns mit der Verwendung des Logarithmus überhaupt beschäftigen, wo durch die ‘Vereinfachung’ doch eine kleine Ungenauigkeit eingeführt wird? Tatsächlich ist die Verwendung des Logarithmus häufig hilfreich für die grafische Darstellung von Wachstumsraten.²

²Zur Transformation der y-Achse verwenden wir in ggplot2 die Funktion `scale_y_continuous()` und setzen das Argument `trans = "log"`.

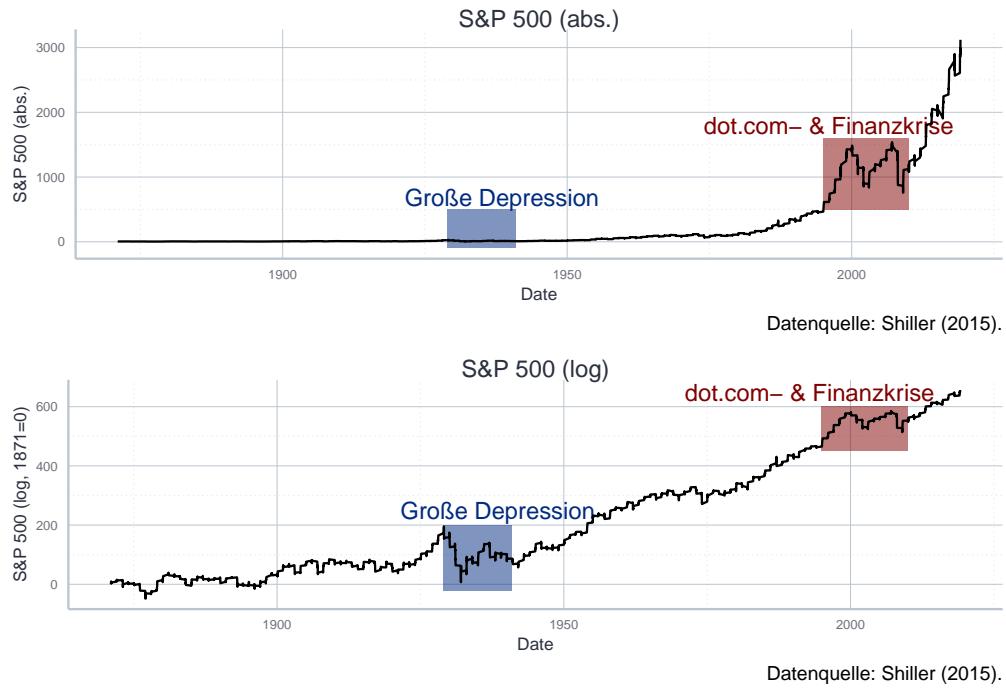


In dieser Darstellung gilt: die Steigung im logarithmierten Plot gibt die *relative* Änderung der Variable an. Das bedeutet, dass wenn wir im logarithmierten Plot eine lineare Steigung haben wächst die Variable konstant mit der gleichen Wachstumsrate über die Zeit - so wie im obigen Beispiel.

Diese Art der Darstellung ist zum Beispiel bei der langfristigen Betrachtung von Wachstumsraten und dem Vergleich zwischen Ländern sehr hilfreich, da Unterschiede in der logarithmierten Darstellung besser erkennbar sind:



Das folgende Beispiel 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 deutlich, dass die Volatilität damals tatsächlich noch größer war.

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.

Später werden wir zudem lernen, dass die logarithmierte Form die Analyse von Wachstumsraten in linearen Regressionsmodellen deutlich vereinfacht.

7.3 Grundlagen der Differentialrechnung

7.3.1 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 Grafisch bedeutet dies, dass man mit den Flächen unter bzw. zwischen Kurven interessiert ist.

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.

7.3.2 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 die Summen-, Produkt- und Quotientenregel. 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, das unter dem Bruchstrich noch einmal explizit angegeben wird 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:

$$f'(x) = u'(x) + v'(x) \quad (7.1)$$

$$u(x) = 3x^2, u'(x) = 6x \quad (7.2)$$

$$v(x) = 4x, v'(x) = 4 \quad (7.3)$$

$$f'(x) = 6x + 4 \quad (7.4)$$

Die Summenregel funktioniert natürlich äquivalent auch für den Fall in dem die Teilfunktionen substriahiert 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:

$$f'(x) = u'(x) \cdot v(x) + u(x) \cdot v'(x) \quad (7.5)$$

$$u(x) = (4 + x^2), u'(x) = 2x \quad (7.6)$$

$$v(x) = (1 - x^3), v'(x) = 3x \quad (7.7)$$

$$f'(x) = 2x(1 - x^3) + 3x(4 + x^2)) = 2x - 2x^4 + 12x + 3x^3 = -2x^4 + 3x^3 + 14x \quad (7.8)$$

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:

$$f'(x) = \frac{u'(x) \cdot v(x) - u(x) \cdot v'(x)}{(v(x))^2} \quad (7.9)$$

$$u(x) = x^2, u'(x) = 2x \quad (7.10)$$

$$v(x) = 2x, v'(x) = 2 \quad (7.11)$$

$$f'(x) = \frac{2x \cdot 2 - x^2 \cdot 2}{(2x)^2} = \frac{2x - 2x^2}{(2x)^2} \quad (7.12)$$

Zuletzt betrachten wir noch die **Kettenregel**, die es uns erlaubt geschachtelte Funktionen abzuleiten. Darunter verstehen wir Funktionen $f(x) = u(x) \circ v(x) = u(v(x))$. 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 ‘äußereren’ 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:

$$f'(x) = u' (v(x_0)) \cdot v'(x_0) \quad (7.13)$$

$$u(v) = v^2, u'(v) = 2v \quad (7.14)$$

$$v(x) = x^2 + 4, v'(x) = 2x \quad (7.15)$$

$$f'(x) = 2(x^2 + 4) \cdot 2x \quad (7.16)$$

7.3.3 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
```

$$\frac{\partial f(x)}{\partial x^2} = 2$$

7.3.4 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.

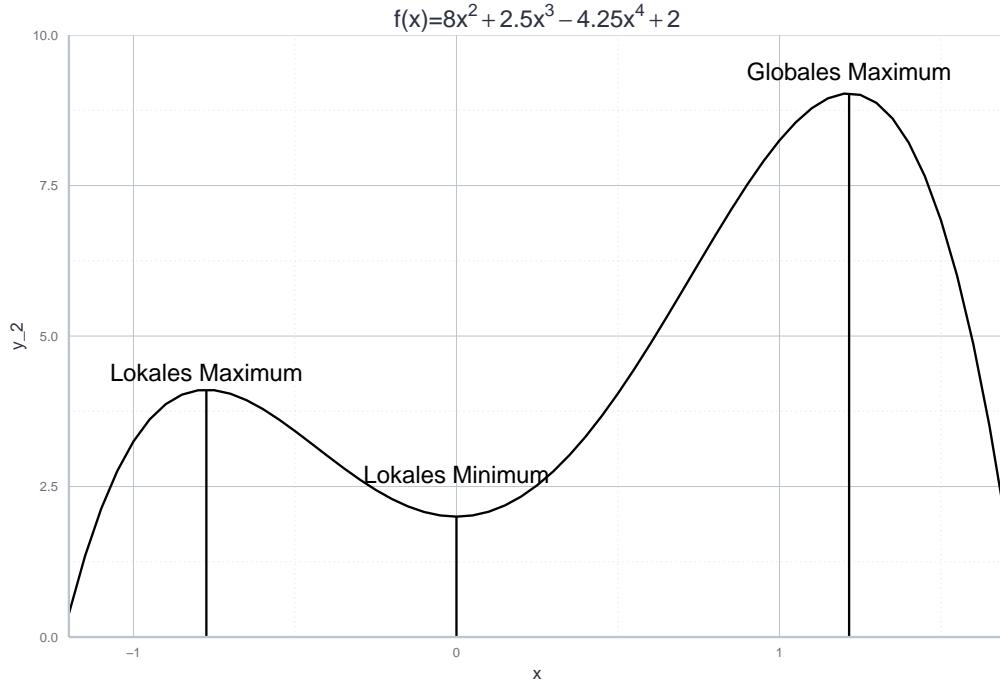
Wichtig ist die Unterscheidung zwischen *lokalen* und *globalen* Extremwerten. Das *globale Maximum* (*Minimum*) liegt an dem Punkt im Definitionsbereich einer Funktion, der zu dem größten (kleinsten) Wert im Wertebereich der Funktion führt. Das *lokale Maximum* (*Minimum*) ist für eine bestimmte Teilmenge 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 *lokalen 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 $f(x^*) \geq f(x) \forall x \in D$.

Im folgenden Beispiel sehen wir die Extremwerte der Funktion $f(x) = 8x^2 + 2.5x^3 - 4.25x^4 + 2$:



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 folgende Heuristik in der Praxis bewährt:³

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.

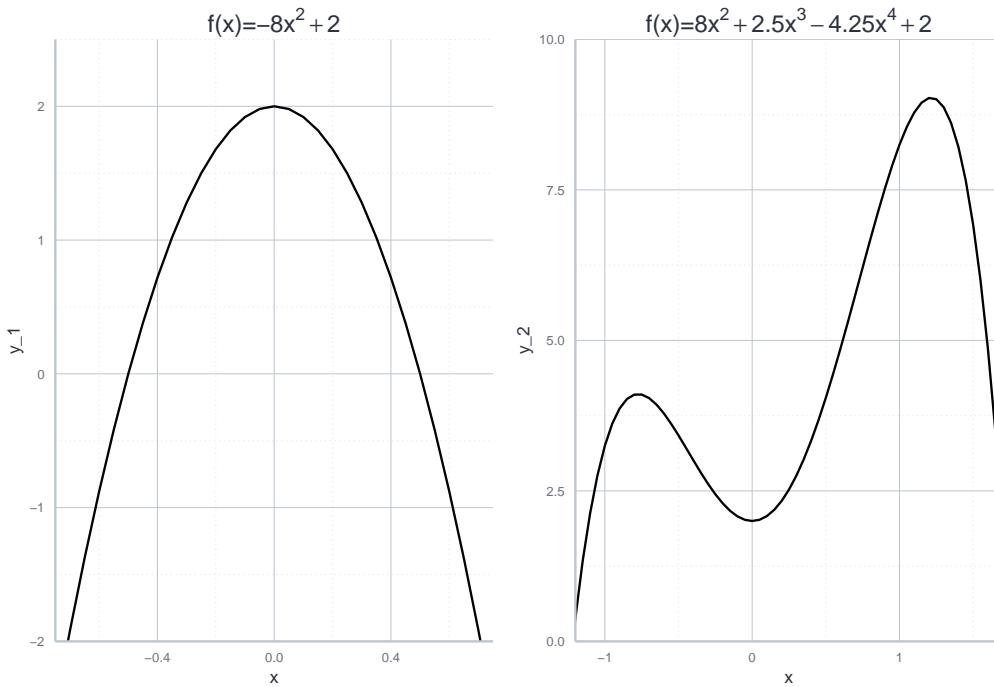
Um herauszufinden ob es sich um ein *globales* Extremum handelt müssen wir die Werte der Extrema vergleichen. Es gibt auch noch einige Heuristiken für besondere Sub-Klassen von Funktionen, die wir hier aber nicht genauer diskutieren wollen.

Wenn die Funktion unter bestimmten *Bedingungen* maximiert (minimiert) werden soll, sprechen wir von einem *Maximierung unter Nebenbedingung*. Die Standard-Methode hier ist die so genannte *Lagrange-Optimierung*. Details finden sich in zahlreichen Lehrbüchern, z.B. in [Wainwright and Chiang \(2005\)](#)

7.3.5 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. Das ist bei einfachen Funktionen kein großes Problem, da Sie sich für folgenden Fall leicht vorstellen können, dass der Computer einfach mit einem beliebigen Startwert x_0 anfängt und sich so lange auf dem Definitionsbereich fortbewegt solange der Funktionsweg steigt und damit dann in jedem Fall den Punkt $x_{globmax}^*$ identifiziert. Für Funktionen mit lokalen Extremwerten funktioniert das natürlich nicht mehr:

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 eine Ableitung gerader Ordnung 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.



Bei der linken Funktion ist es mit einem solchen Vorgang recht einfach das Maximum bei $x = 0$ zu finden, aber bei der rechten Funktion würde das gleiche möglicherweise dazu führen, dass der Computer auf dem lokalen Extremum bei $x = 0.77$ ‘stecken bleibt’.

Um das zu vermeiden verwenden die Optimierungsalgorithmen einige Tricks. Für die R-Funktion `optim()` können Sie z.B. zwischen sieben solcher ausgefitterten 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:

Art	Optimierungsfunktion	Paket
Allgemein	<code>optimize()</code> , <code>optim()</code>	<code>base</code>
LP	<code>lp()</code>	<code>lpSolve</code>
QP	<code>solve.QP()</code>	<code>quadprog</code>

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.

Art	Optimierungsfunktion	Paket
NLP	optimize()	optimize
NLP	optimx()	optimx

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.

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.

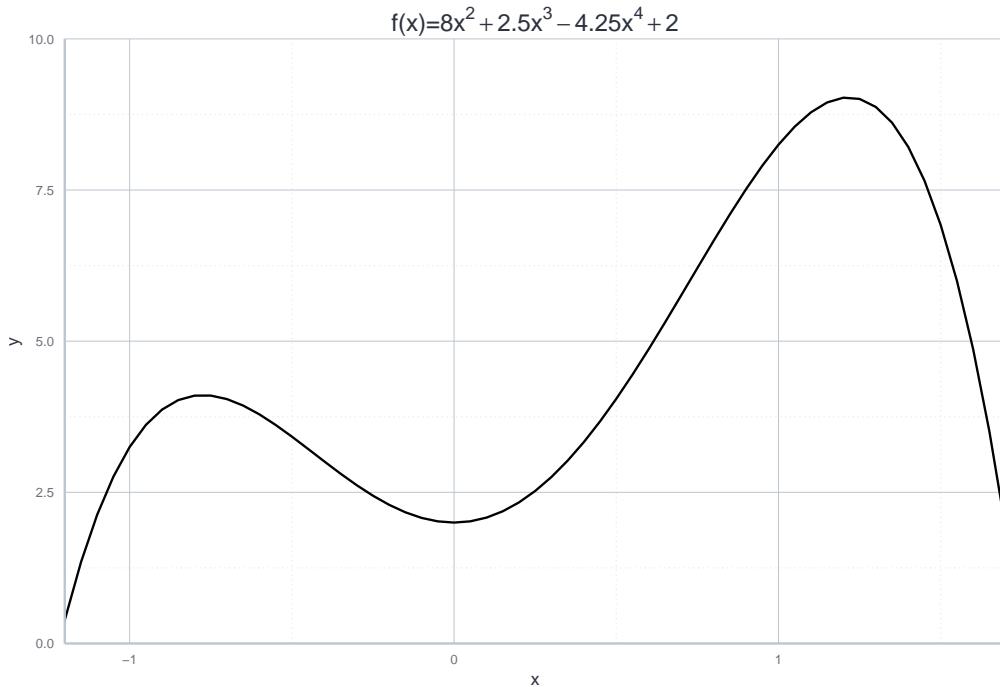
Betrachten wir die folgende Zielfunktion:

$$f(x) = 8x^2 + 2.5x^3 - 4.25x^4 + 2$$

In R:

```
f_1 <- function(x) 8*x^2 + 2.5*x**3 - 4.25*x**4 + 2
```

Grafisch sieht die Funktion folgendermaßen aus, sie verfügt also über ein lokales Maximum bei $x_a = -0.77$, ein lokales Minimum bei $x_b = 0$ und ein globales Maximum bei $x_c = 1.22$:



Wir können für solcherlei eindimensionale Probleme die Funktion `optimize()` verwenden:

```
opt_obj <- optimize(f = f_1,
                      lower = -1.25, upper = 1.75,
                      maximum = FALSE)
```

Das Ergebnis ist eine Liste mit zwei Elementen. Dem x-Wert des gesuchten Minimums:

```
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,
                          lower = -1.25, upper = 1.75,
                          maximum = TRUE)
opt_obj_max
```

```
#> $maximum
#> [1] 1.215492
#>
#> $objective
#> [1] 9.032067
```

Falls wir den Suchbereich entsprechend einschränken finden wir das lokale Maximum auf der linken Seite:

```
opt_obj_max <- optimize(f = f_1,
                          lower = -1.25, upper = 0,
                          maximum = TRUE)
opt_obj_max
```

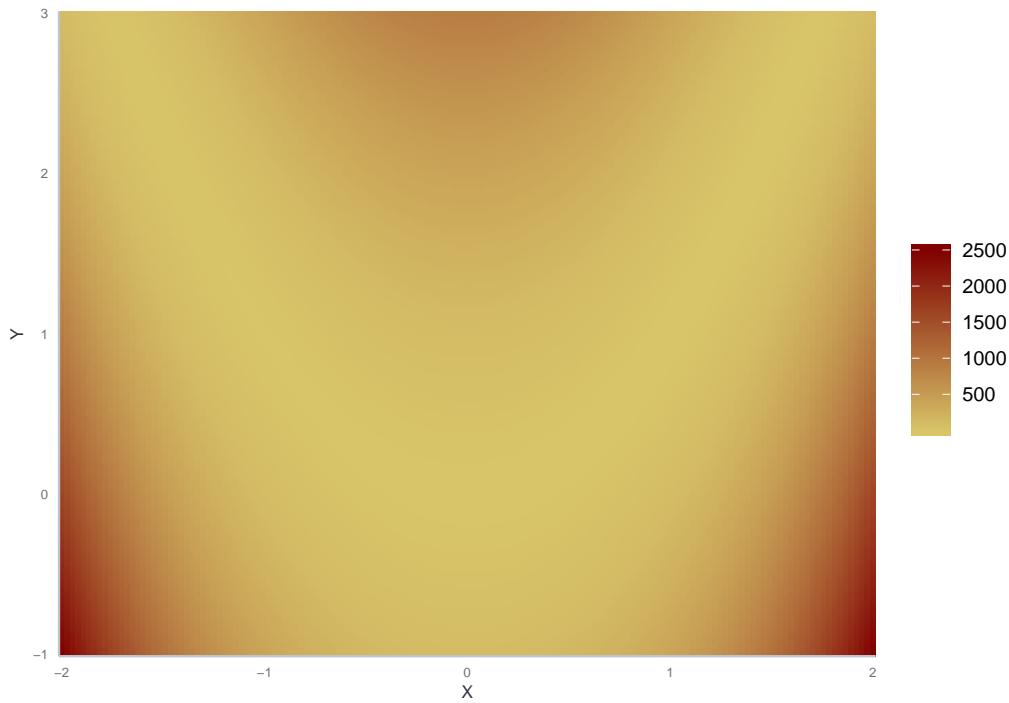
```
#> $maximum
#> [1] -0.7743199
#>
#> $objective
#> [1] 4.108106
```

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 hier annehmen, dass $a = 1$ und $b = 100$:



Da es sich jetzt ein mehrdimensionales Problem handelt verwenden wir die Funktion `optim()` 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 <- optim(
  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 `optim` übrigens zur Maximierung einsetzen wollen müssen wir nichts weiter tun als dem Argument `control` eine Liste mit dem Eintrag `fnscale=-1` zu übergeben:

```
f_x <- function (x) 4*x - x**2
opt_objekt <- optim(
  c(1),
  fn = f_x,
  method = "Brent",
  lower = -4, upper = 4,
  control = list(fnscale=-1)
)

opt_objekt$convergence == 0
```

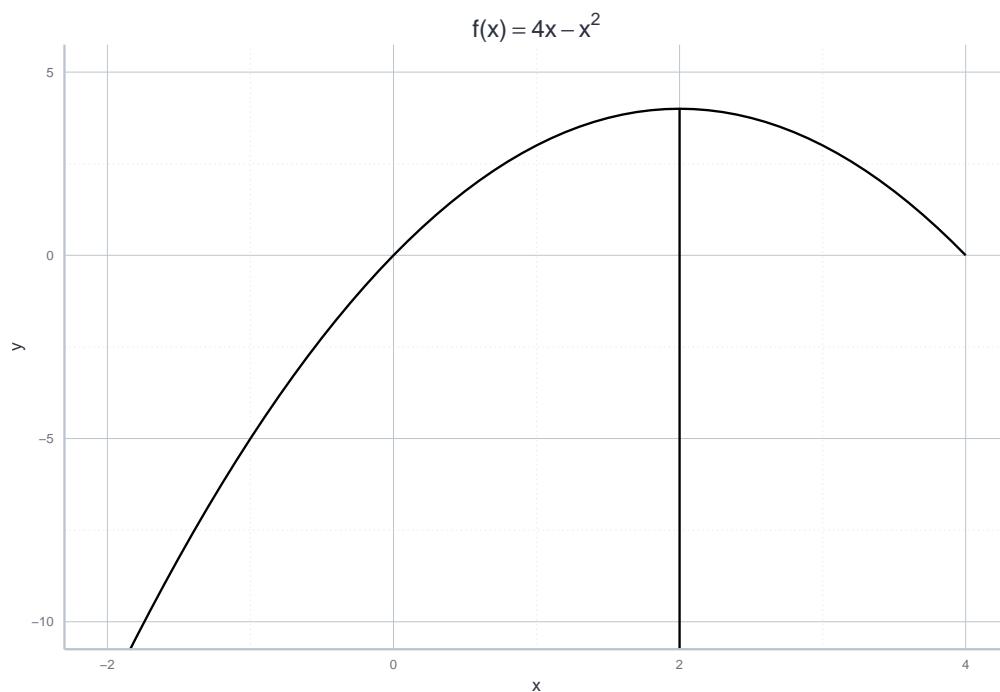
```
#> [1] TRUE
```

```
opt_objekt$par
```

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

```
opt_objekt$value
```

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



7.3.6 Anwendungsbeispiel

Wir betrachten erneut das klassische keynesianische Modell, wobei wir die Notation leicht um T als die Steuerlast erweitern:

$$Y = \frac{c_0 + I + G}{1 - c_1(1 - T)}$$

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_0*(1-T)))
D(expr = keynes_model, name = "G")
#> 1/(1 - c_0 * (1 - T))
```

Es gilt also:

$$\frac{\partial Y}{\partial G} = \frac{1}{1 - c_0(1 - T)} \quad (7.17)$$

Nehmen wir einmal an die marginale Konsumquote c_0 läge bei 20% und der Steuersatz T bei 20%. 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.

7.4 Lineare Algebra

Ebenfalls sehr häufig werden Sie Matrizen und den dazugehörigen Rechenoperationen ('Matrizenalgebra' genannt) in Kontakt kommen. Das Ziel dieses Abschnitts ist keine abschließende Einführung in Matrizen und Matrizenalgebra, sondern Ihnen 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.⁵ Zahlreiche sozioökonomische Konzepte bedienen sich der linearen Algebra, in der Matrizen häufig verwendet werden, um lineare Gleichungssysteme darzustellen. 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.

Das erste Beispiel bezieht sich auf das klassischen Keynesianische Modell, das Sie wahrscheinlich in folgender Form kennen:

$$Y = C + I + G \quad (7.18)$$

$$C = a + bY \quad (7.19)$$

Nehmen wir an die Staatsausgaben und Investitionen wären exogen bekannt. Dann kann dieses Modell äquivalent in Matrixform geschrieben werden:

⁵Das 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 $f(x) = Ax$.

$$Ax = d \quad (7.20)$$

wobei $A = \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ -b & 1 \end{pmatrix}$, $x = \begin{pmatrix} Y \\ C \end{pmatrix}$ und $d = \begin{pmatrix} I + G \\ a \end{pmatrix}$, wobei die beiden Unbekannten in diesem Fall das Einkommen Y und der Konsum C sind.

Matrizen helfen uns solche Gleichungssysteme komprimiert darzustellen und zu analysieren, insbesondere 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. Wir haben im letzten Kapitel das einfache lineare Regressionsmodell kennen gelernt, das wir allgemein für n Beobachtungen und p erklärenden Variablen folgendermaßen geschrieben haben:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{i1} + \beta_2 x_{i2} + \dots + \beta_p x_{ip} + \epsilon_i, i = 1, \dots, n$$

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:

$$\begin{aligned} y_1 &= \beta_0 + \beta_1 x_{11} + \beta_2 x_{21} + \dots + \beta_p x_{1p} + \epsilon_1 \\ y_2 &= \beta_0 + \beta_1 x_{21} + \beta_2 x_{22} + \dots + \beta_p x_{2p} + \epsilon_2 \\ &\vdots \\ y_n &= \beta_0 + \beta_1 x_{n1} + \beta_2 x_{n2} + \dots + \beta_p x_{np} + \epsilon_n \end{aligned} \quad (7.21)$$

Und dann in Matrixform ausdrücken:

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1p} \\ 1 & x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 1 & x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{np} \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \\ \vdots \\ \epsilon_n \end{pmatrix} \quad (7.22)$$

Und letzteres wie folgt schreiben:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \boldsymbol{\epsilon}$$

Dementsprechend können wir auch den OLS-Schätzer in Matrixform darstellen. Das 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.

7.4.1 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.

$$\begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} \\ a_{41} & a_{42} & a_{43} & a_{44} \end{pmatrix}$$

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**:

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 4 \end{pmatrix}$$

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:

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 3 & 0 \\ 1 & 2 & 3 & 4 \end{pmatrix}$$

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 angeht:

$$\mathbb{I}_n = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

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.

7.4.2 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 Beispielmatrizen verwenden:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 6 \\ 5 & 3 \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} 0 & 2 \\ 4 & 8 \end{pmatrix}$$

```
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 Beispielmatrix und ihre Transponierung dargestellt:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 6 \\ 5 & 3 \end{pmatrix} \quad A' = \begin{pmatrix} 1 & 5 \\ 6 & 3 \end{pmatrix}$$

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

$$4 + \mathbf{A} = \begin{pmatrix} 4 + a_{11} & 4 + a_{21} \\ 4 + a_{12} & 4 + a_{22} \end{pmatrix}$$

In R:

```
4 + matrix_a
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    5   10
#> [2,]    9   7
```

Matrizen-Addition

$$\mathbf{A} + \mathbf{B} = \begin{pmatrix} a_{11} + b_{11} & a_{21} + b_{21} \\ a_{12} + b_{12} & a_{22} + b_{22} \end{pmatrix}$$

```
matrix_a + matrix_b
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    1    8
#> [2,]    9   11
```

Skalar-Multiplikation

$$2 \cdot \mathbf{A} = \begin{pmatrix} 2 \cdot a_{11} & 2 \cdot a_{21} \\ 2 \cdot a_{12} & 2 \cdot a_{22} \end{pmatrix}$$

```
2*matrix_a
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    2   12
#> [2,]   10    6
```

Elementenweise Matrix Multiplikation (auch ‘Hadamard-Produkt’)

$$\mathbf{A} \odot \mathbf{B} = \begin{pmatrix} a_{11} \cdot b_{11} & a_{21} \cdot b_{21} \\ a_{12} \cdot b_{12} & a_{22} \cdot b_{22} \end{pmatrix}$$

```
matrix_a * matrix_b
#>      [,1] [,2]
#> [1,]    0   12
#> [2,]   20   24
```

Matrizen-Multiplikation

$$\mathbf{A} \cdot \mathbf{B} = \begin{pmatrix} a_{11} \cdot b_{11} + a_{12} \cdot b_{21} & a_{11} \cdot b_{21} + a_{12} \cdot b_{22} \\ a_{21} \cdot b_{11} + a_{22} \cdot b_{21} & a_{21} \cdot b_{12} + a_{22} \cdot b_{22} \end{pmatrix}$$

```
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 \mathbf{A} , \mathbf{A}^{-1} , ist definiert sodass gilt

$$\mathbf{A}\mathbf{A}^{-1} = \mathbf{I}$$

Sie kann in R mit der Funktion `inv()` aus dem Paket `matlib`⁶ identifiziert werden, wobei wir die Matrix als erstes oder Argument `X` an `inv()` übergeben:

```
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

⁶Alternativ können Sie auch die Funktion `solve()` aus `base` verwenden; hier ist das erste Argument `a` und der Output ist weniger informativ.

$$Ax = b$$

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:

$$A^{-1}Ax = A^{-1}b \quad (7.23)$$

$$x = A^{-1}b \quad (7.24)$$

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.⁷ 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:

```
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
```

⁷Wenn Sie die einzelnen Schritte zur Lösung nachverfolgen wollen, rufen Sie die Funktion mit dem Argument `verbose=TRUE` auf!

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 der Einleitung genauer anschauen.

7.4.3 Anwendungsbeispiel 1: Das einfache Keynesianische Modell

In der Einleitung haben wir schon gesehen, dass wir das einfache Keynesianische Modell

$$Y = C + I + G \tag{7.25}$$

$$C = a + bY \tag{7.26}$$

auch in Matrzenschreibweise darstellen können:

$$Ax = d \tag{7.27}$$

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.

7.4.4 Anwendungsbeispiel 2: OLS-Regression

Aus der Einleitung wissen wir, dass wir das lineare Regressionsmodell mit n Beobachtungen von p Variablen

$$\begin{aligned} y_1 &= \beta_0 + \beta_1 x_{11} + \beta_2 x_{21} + \dots + \beta_p x_{1p} + \epsilon_1 \\ y_2 &= \beta_0 + \beta_1 x_{21} + \beta_2 x_{22} + \dots + \beta_p x_{2p} + \epsilon_2 \\ &\vdots \\ y_n &= \beta_0 + \beta_1 x_{n1} + \beta_2 x_{n2} + \dots + \beta_p x_{np} + \epsilon_n \end{aligned}$$

auch folgendermaßen schreiben können:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} + \boldsymbol{\epsilon}$$

Wobei \mathbf{y} eine $n \times 1$ -Matrix mit den Beobachtungen für die abhängige Variable, \mathbf{X} eine $n \times p$ -Matrix in der jede Spalte zu einem Vektor mit allen n Beobachtungen einer der p erklärenden Variablen korrespondiert. $\boldsymbol{\epsilon}$ schließlich ist die $n \times 1$ -Matrix der Residuen.

Nehmen wir einmal folgende (absurd kleine) Stichprobe an:

```
daten <- data.frame(
  y = c(1, 2),
  x_1 = c(5, 6),
  x_2 = c(2, 7)
)
```

In diesem Fall wäre $\mathbf{y} = \begin{pmatrix} 1 \\ 2 \end{pmatrix}$ $\mathbf{X} = \begin{pmatrix} 5 & 2 \\ 6 & 7 \end{pmatrix}$. Dann lässt sich das Schätzproblem in Matrizenform folgendermaßen schreiben:

$$\begin{pmatrix} 1 \\ 2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 5 & 2 \\ 6 & 7 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta}_1 \\ \hat{\beta}_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \hat{\epsilon}_1 \\ \hat{\epsilon}_2 \end{pmatrix}$$

Es lässt sich allgemein zeigen, dass der gesuchte Vektor $\hat{\beta}$ die Lösung des folgenden Gleichungssystems darstellt:⁸

$$\hat{\beta} = (\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}'\mathbf{y}$$

Dies ergibt folgende Lösung:

```
y_matrix <- matrix(c(1, 2), ncol = 1)
X_matrix <- matrix(c(5, 6, 2, 7), ncol = 2)
Solve(A = X_matrix, b = y_matrix)

#> x1      =  0.13043478
#> x2      =  0.17391304
```

Wir vergleichen mit der Anwendung von `lm()`:

```
lm(y~x_1+x_2, data = daten)

#>
#> Call:
#> lm(formula = y ~ x_1 + x_2, data = daten)
#>
#> Coefficients:
#> (Intercept)      x_1          x_2
#>           -4            1            NA
```

Wie kann das sein? Sollte nicht das gleiche Ergebnis herauskommen? Beachten Sie, dass wir in unserer manuellen Spezifikation keinen Intercept $\hat{\beta}_0$ berücksichtigt haben, `lm()` einen solchen aber standardmäßig miteinbezieht. Um die OLS Schätzung ohne Intercept zu schätzen ergänzen wir `-1` zur Schätzgleichung:

```
lm(y~x_1+x_2-1, data = daten)

#>
#> Call:
#> lm(formula = y ~ x_1 + x_2 - 1, data = daten)
#>
```

⁸Die genaue Herleitung finden Sie hier.

```
#> Coefficients:
#>   x_1     x_2
#> 0.1304  0.1739
```

Wie Sie sehen bekommen wir das gleiche Ergebnis. Dies ist übrigens auch der Grund für die OLS-Annahme, dass keine perfekte Multikollinearität besteht: denn in diesem Fall wäre eine Zeile der Matrix \mathbf{X} eine lineare Kombination einer anderen Zeile und \mathbf{X} wäre damit nicht mehr invertierbar, also \mathbf{X}^{-1} würde nicht existieren und $\hat{\beta}$ wäre nicht mehr definiert.

7.4.5 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.

7.5 Analyse von Verteilungen

Fragen nach Verteilungen stehen im Zentrum vieler sozioökonomischer Arbeiten. Verteilung von Einkommen und Vermögen, sozialem, kulturellem oder physischen Kapital, Firmenproduktivitäten oder natürlichen Ressourcen - in vielen Bereichen geht es 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 die 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 einem grundlegenden Abschnitt zum (mathematischen) [Begriff der Verteilung](#) ein und diskutieren den Zusammen 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 Kennzahlen zur Streuung und Ungleichheit, wie die Standardabweichung oder den Gini Index.

Als nächstes lernen wir einige [grafische Methoden](#) kennen, um die wir die quantitativen Kennzahlen immer ergänzen sollten und schließen das Kapitel schließlich mit einigen [abschließenden Bemerkungen](#) ab.

7.5.1 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.⁹

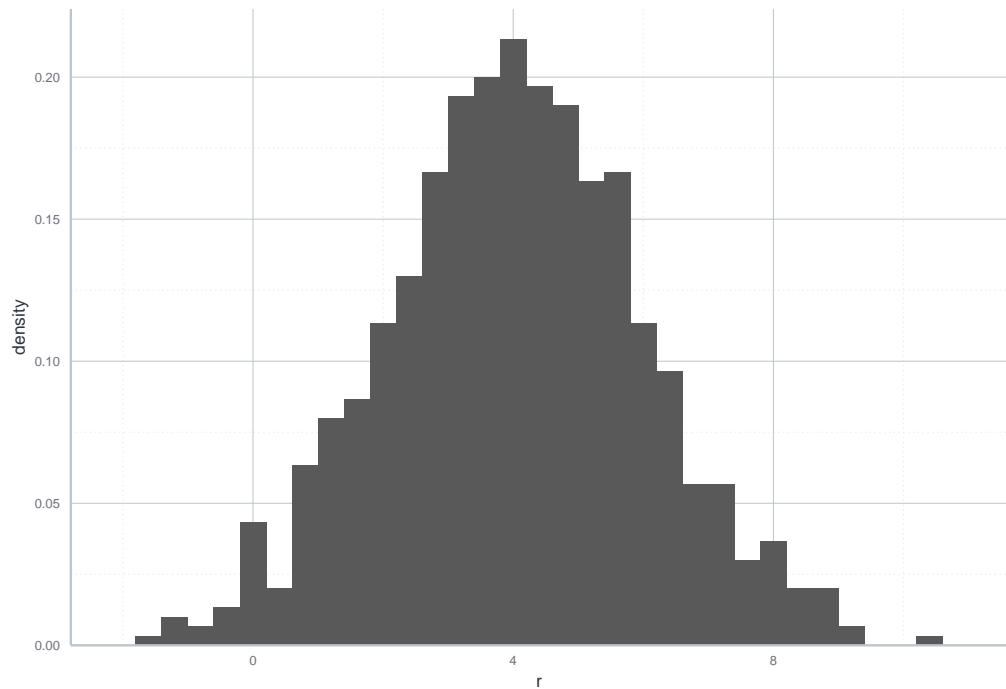
⁹Wir sehen unten aber auch, dass solche Kennzahlen immer mit einer grafischen Darstellung kombiniert werden sollten.

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 ZV interpretieren und die für die theoretische ZV relevanten Parameter dann aus den Daten heraus schätzen.¹⁰ Wenn Sie sich nicht mehr ganz sicher sind was wir unter einer ZV oder einem theoretischen Wahrscheinlichkeitsmodell verstehen, schauen Sie doch noch einmal in den [Anhang zur Wahrscheinlichkeitstheorie](#).

Anwendungsbeispiel

Stellen Sie sich vor Sie haben folgende Stichprobe vor sich:

```
ggplot(data = sample_data) +
  geom_histogram(mapping = aes(x=r, stat(density)), binwidth = 0.4) +
  scale_x_continuous(expand = c(0, 1)) +
  scale_y_continuous(expand = expand_scale(c(0, 0.05), c(0, 0))) +
  theme_icae()
```



Beachten Sie, dass die y-Achse die empirische Dichte der Beobachtungen auf der x-Achse angibt, also ein Maß für die relative Häufigkeit der Beobachtungen.¹¹ Dies haben wir mit der Funktion `stat(density)` innerhalb von `geom_histogram()` erreicht.

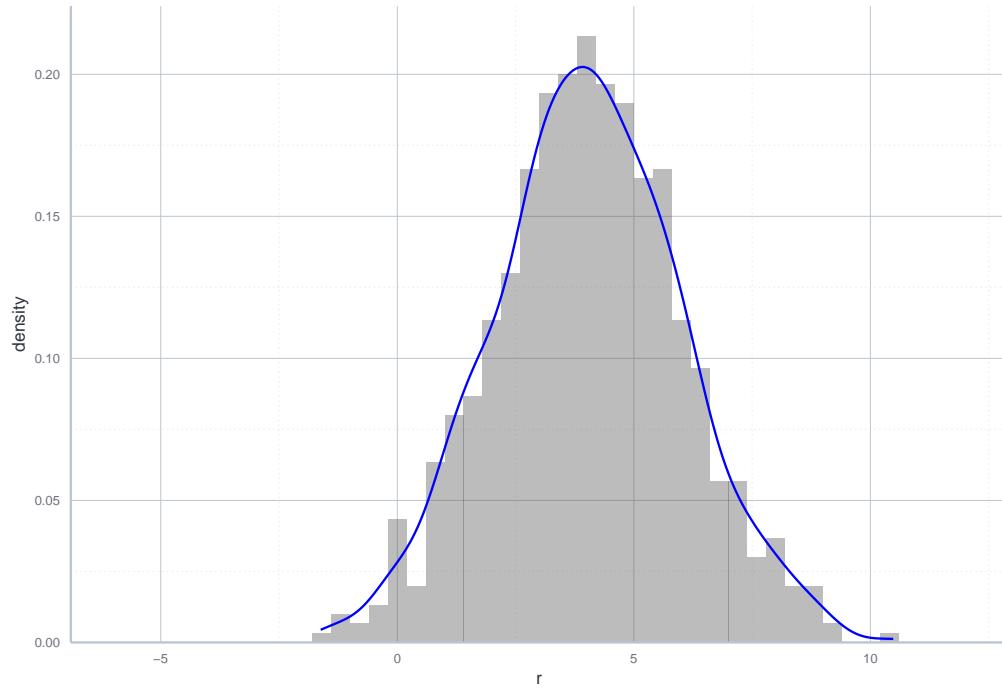
Wenn wir die Daten so betrachten erscheint es naheliegend, Sie als Realisierung einer Normalverteilung zu interpretieren: die Form ist grob glockenförmig und symmetrisch. Wir können diese plausibilisieren indem wir mit `geom_density()` die *empirische Dichtefunktion* der Verteilung schätzen und über die Daten legen:

```
ggplot(data = sample_data) +
  geom_histogram(
    mapping = aes(x=r, stat(density)),
    binwidth = 0.4, alpha=0.4) +
```

¹⁰Ein "parametrischen Warhscheinlichkeitsmodell" meint dabei eine ZV mit bestimmten Parametern.

¹¹Wenn Sie Schwierigkeiten mit derlei Begriffen haben schauen Sie doch einmal in den [Anhang zur Wahrscheinlichkeitstheorie](#).

```
coord_cartesian(xlim = c(-6, 12)) +
stat_density(mapping = aes(x=r),
            color="blue",
            geom="line") +
scale_y_continuous(expand = expand_scale(c(0, 0.05),
                                         c(0, 0))) +
theme_icae()
```



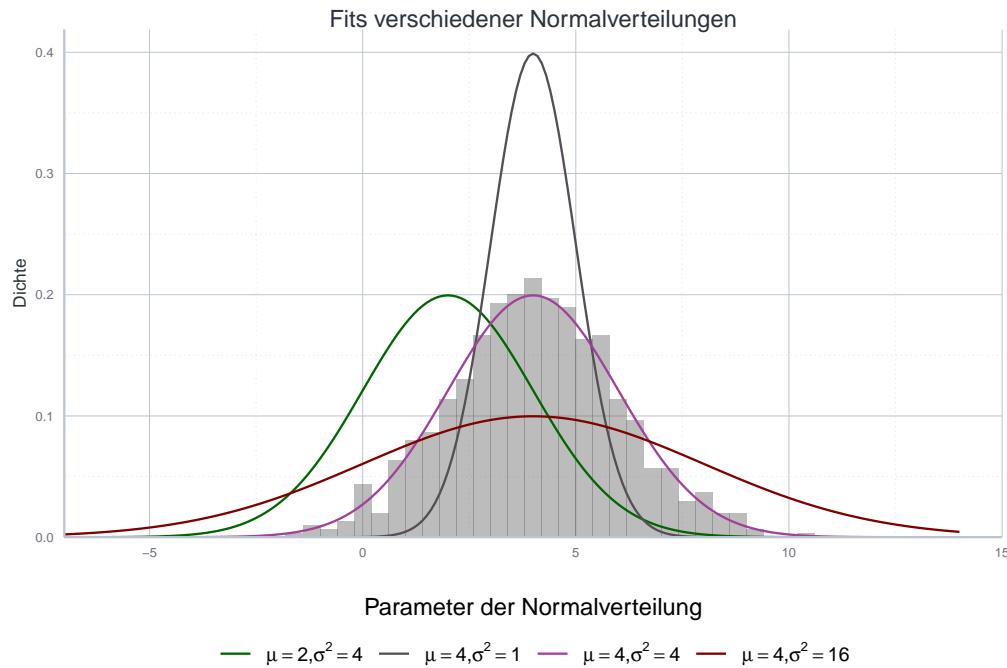
Das bedeutet, dass wir unsere Daten mit Hilfe der Dichtefunktion (*probability density function* - PDF) der Normalverteilung beschreiben können. Die Formel an sich ist dabei weniger illustrativ, aber sie zeigt was wir mit einem *parametrischen* Wahrscheinlichkeitsmodell meinen:

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma^2} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

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 folgender: 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.

Was damit gemeint ist verdeutlicht die folgende Darstellung:



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 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.¹²

```
fit_dist <- fitdist(data = sample_data$r,
                      distr = "norm")
fit_dist[["estimate"]]

#>      mean        sd
#> 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, also ob Sie die Hypothese, dass die Daten aus einer $\mathcal{N}(4, 2)$ -Verteilung gezogen wurden. Für den Fall der Normalverteilung

¹²Die bekanntesten Verteilungen werden im [Anhang zur Wahrscheinlichkeitstheorie](#) beschrieben. Die vollständige Liste der Verteilungskürzel in R finden Sie [hier](#).

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.¹³

```
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.¹⁴ Ansonsten finden Sie [hier](#) oder [hier](#) praktische Anleitungen und Diskussionen.

7.5.2 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. Die folgende Tabelle listet die bekanntesten Kennzahlen in den jeweiligen Bereichen auf.

Kennzahl	Art	R-Funktion
Arithm. Mittel	Lage	<code>mean()</code>
Modus	Lage	<code>NA</code>
Median	Lage	<code>median()</code>
Quantile	Lage	<code>quantile()</code>
Varianz	Streuung	<code>var()</code>
Standardabweichung	Streuung	<code>sd()</code>
Variationskoeffizient	Streuung	<code>sd()/mean()</code>
IQR	Streuung	<code>IQR()</code>
Gini	Streuung	<code>ineq::Gini()</code>
Theil	Streuung	<code>ineq::Theil()</code>
Schiefe	Form	<code>moments::skewness()</code>
Steile	Form	<code>moments::kurtosis()</code>
Cook'sche Distanz	Sonst.	<code>cooks.distance()</code>

¹³Beachten 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](#).

¹⁴Eine frei zugängliche Version des Papers findet sich [hier](#).

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 and Zeileis (2008):¹⁵

```
#>   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.

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:

¹⁵Dieser 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).

$$x_{0.5} = \begin{cases} \frac{1}{2}(x_{0.5 \cdot n} + x_{0.5 \cdot n + 1}) & \text{wenn } 0.5 \cdot n \text{ ganzzahlig} \\ \frac{1}{2}x_{\lfloor 0.5 \cdot n + 1 \rfloor} & \text{wenn } 0.5 \cdot n \text{ nicht ganzzahlig} \end{cases} \quad (7.28)$$

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.¹⁶

In R wird das arithmetische Mittel mit der Funktion `median()` berechnet:

```
med_preis <- mean(journal_daten[["Preis"]])
med_preis

#> [1] 417.7222
```

Da es insgesamt 180 Journale gibt gilt, dass 90 Journale teurer und 90 Journale billiger als 417.72 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:

$$x_\alpha = \begin{cases} \frac{1}{2}(x_{\alpha \cdot n} + x_{\alpha \cdot n + 1}) & \text{wenn } \alpha \cdot n \text{ ganzzahlig} \\ \frac{1}{2}x_{\lfloor \alpha \cdot n + 1 \rfloor} & \text{wenn } \alpha \cdot n \text{ nicht ganzzahlig} \end{cases} \quad (7.29)$$

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:¹⁷

```
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.

¹⁶So ist z.B. $\lfloor 1.9 \rfloor = 1$ und $\lfloor 1.2 \rfloor = 1$

¹⁷Es gibt natürlich noch viele andere Möglichkeiten, siehe z.B. [hier](#).

Die am weitesten verbreiteten Streuungsmaße sind die **Varianz** Var und ihre Quadratwurzel, die **Standardabweichung**, s :

$$s_x = \sqrt{Var(x)} = \sqrt{\frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2}$$

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:

$$v_x = \frac{s_x}{\bar{x}}$$

In R können die drei Maße folgendermaßen berechnet werden:

```
var_preis <- var(journal_daten[["Preis"]])
var_preis

#> [1] 148868.3

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)
Gini(test_data_equality, corr = T)

#> [1] 0

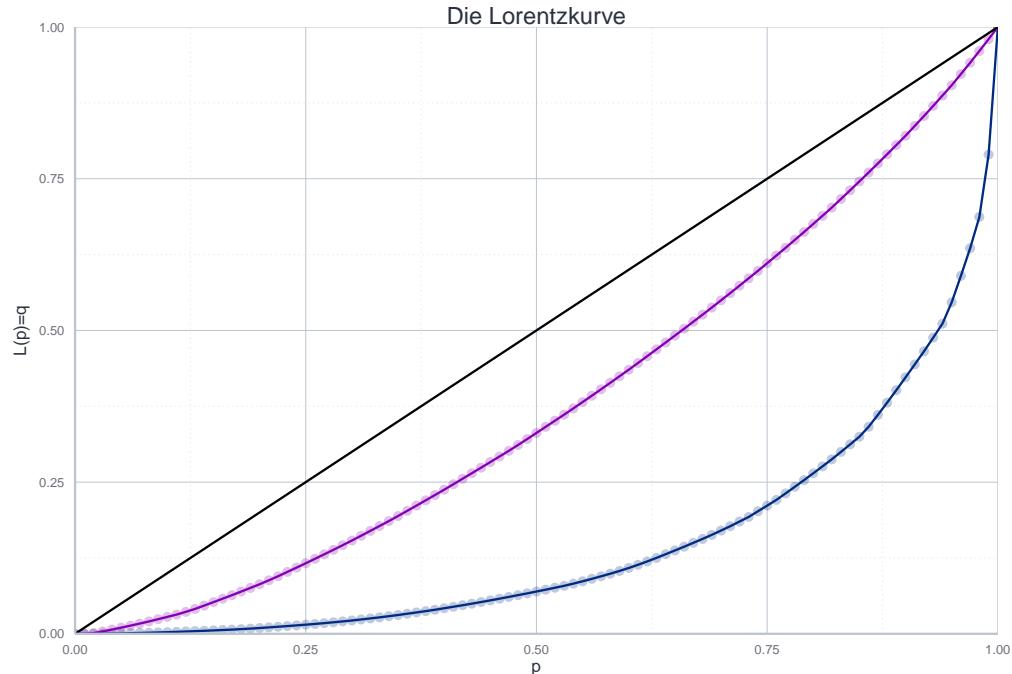
Gini(test_data_inequality, corr = T)

#> [1] 1

```

Um die Besonderheiten des Gini's zu verstehen wollen wir uns genauer mit der Berechnung des Indices 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 der 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 der folgenden Abbildung deutlich, in der zwei mögliche Lorenzkurve 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 Lorenzkurve innerhalb eines 1×1 -Quadrats definiert ist mutliplizieren 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):

$$\mathcal{G} = 2 \cdot \int_0^1 (p - \mathcal{L}(p)) dp = 1 - 2 \cdot \int_0^1 (\mathcal{L}(p)) dp \quad (7.30)$$

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 *asymmetrische* 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.¹⁸ Die Definition ist folgendermaßen:

$$\mathcal{T} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{x_i}{\bar{x}} \ln \frac{x_i}{\bar{x}} \quad (7.31)$$

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)
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-Indices 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.

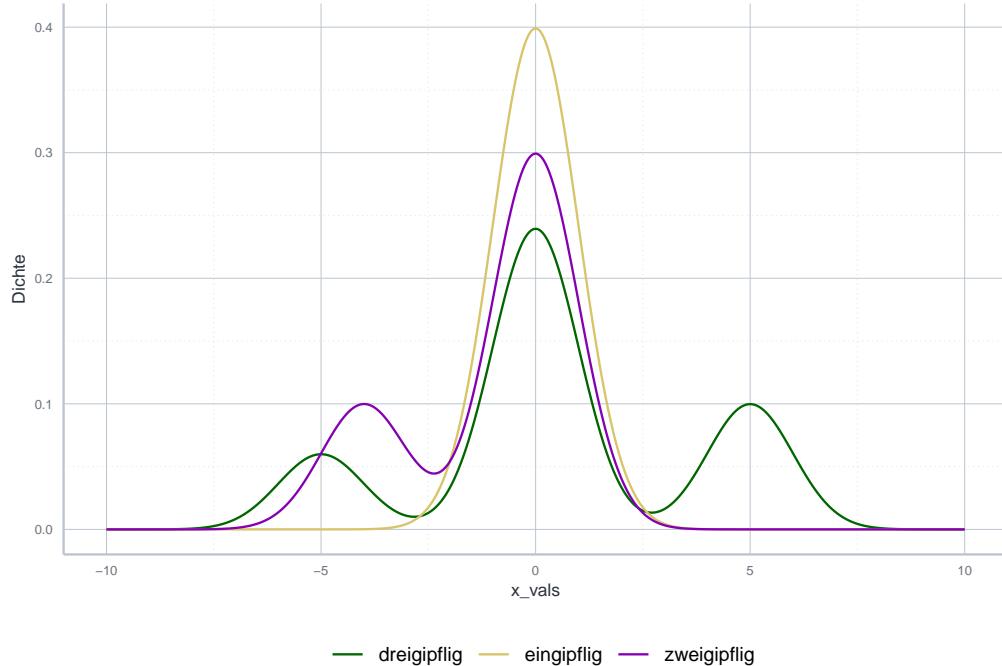
Uni- und Multimodale Verteilungen

¹⁸Der 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. Weitere Informationen finden sich z.B. [hier](#)

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 *eingipfligen, zweigipfligen, ...*) Verteilung.

In der Praxis haben viele Funktionen aber 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:



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:

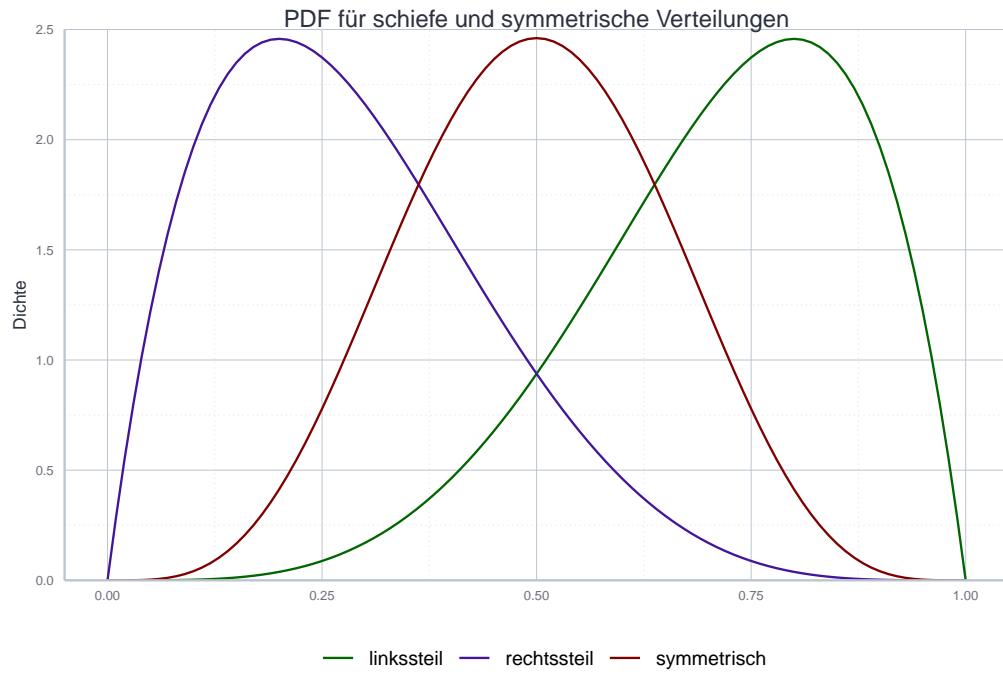
$$\gamma_x = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s} \right)^3$$

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 folgender Abbildung verdeutlichen:

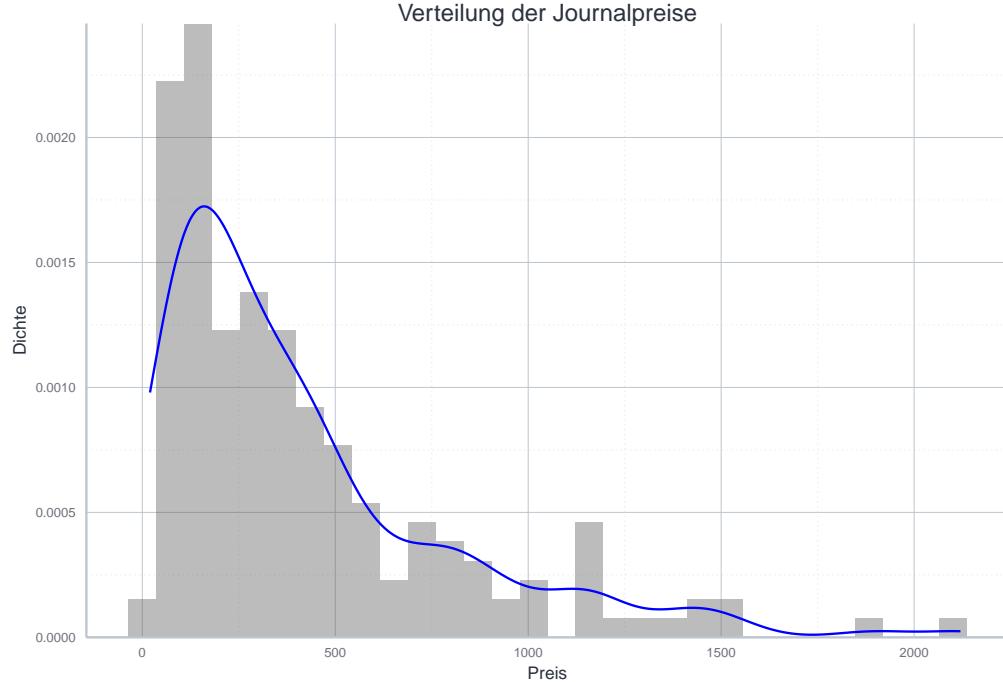


In R können wir die Schiefe einer Verteilung mit der Funktion `skewness()` aus dem Paket `moments` (Komsta and Novomestky, 2015) berechnen:

```
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:



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:

$$\hat{\omega}_x = \frac{1}{(n-1)(n-2)} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s_x} \right)^4$$

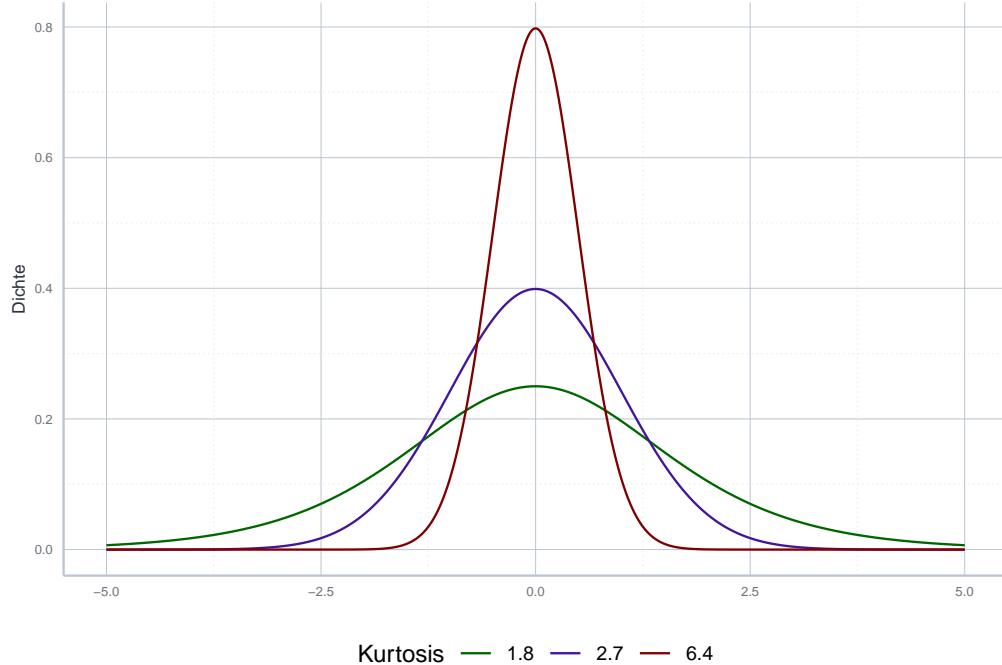
Wir können die Kurtosis einer Verteilung mit der Funktion `kurtosis()` aus dem Paket `moments` berechnen:

```
kurtosis(journal_daten[["Preis"]])
```

```
#> [1] 5.992058
```

Da die Kurtosis an sich nicht leicht zu interpretieren ist wird der Wert häufig mit dem einer Standardnormalverteilung verglichen. Da deren Wert per definitionem 3 beträgt wird die *Exzess-Kurtosis* mit $\tilde{\omega}_x = \omega_x - 3$ berechnet und 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.

Zur Verdeutlichung des Konzepts im folgenden noch ein grafisches Beispiel:



```
kurtosis(filter(kurt_data, Kurtosis=="Normalverteilung")$Dichte)
```

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

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. Gleichermaßen 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"]])

outlier_teuer <- journal_daten %>%
  filter(Preis > obere_grenze)

outlier_billig <- journal_daten %>%
  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)

#> [1] Titel Preis
#> <0 rows> (or 0-length row.names)
```

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.

Das bringt uns zu der zweiten Frage, also die Frage wie wir mit Ausreißern umzugehen haben. 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.

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 aus Ausreißer zu eliminieren. Im vorliegenden Falle 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.

Diese Kategorie ist in diesem Kontext, da bei endlastigen Verteilungen "Ausreißer" sehr viel häufiger vorkommen. Sie sind aber eine wichtige Folge der zugrundeliegenden Prozesse, und die Ignoranz dieser Beobachtungen würde zu sehr irreführenden Schlussfolgerungen führen. 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. Dieses Problem ist häufig auf den Finanzmärkten vor der Finanzkrise 2007ff aufgetreten.

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'schen 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 macht es immer Sinn einfach die Werte mit der größten Distanz genauer anzuschauen. Im vorliegenden Falle wären das:

```
dist_data <- data.frame(
  Index=names(distanzen),
  Distanz=unname(distanzen),
  Titel=journal_daten[as.double(names(distanzen))]\$Titel,
```

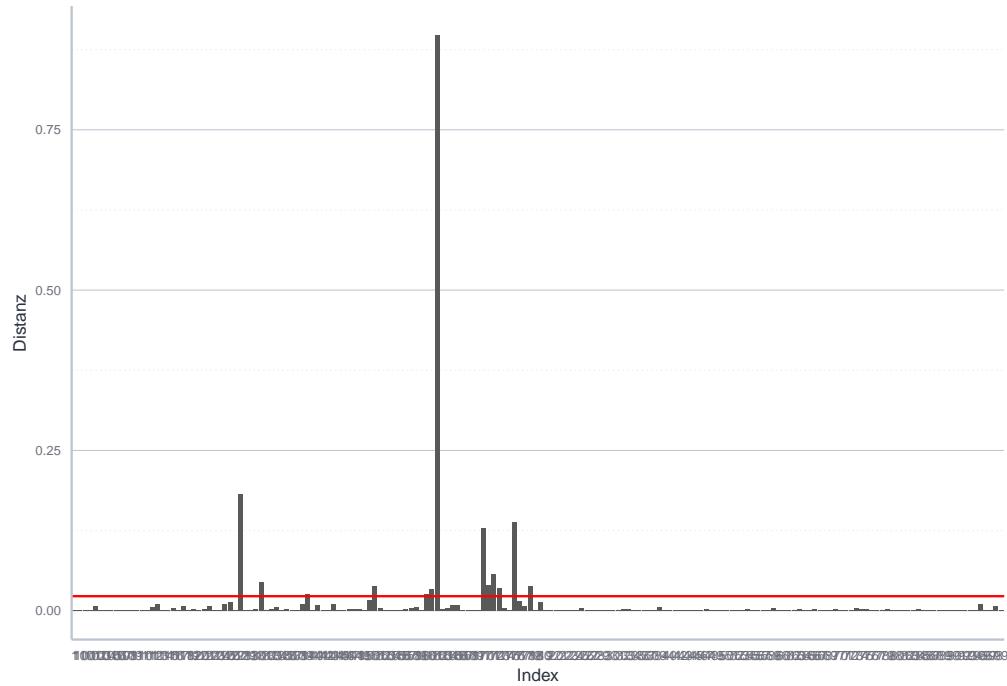
```

  stringsAsFactors = FALSE
)

cook_threshold <- 4 / (reg_objekt$df.residual - 1)

ggplot(data = data.frame(dist_data),
       mapping = aes(x=Index, y=Distanz)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  geom_hline(yintercept = cook_threshold, color="red") +
  theme_icae() +
  theme(panel.grid.major.x = element_blank(),
        panel.grid.minor.x = element_blank())

```



```
filter(dist_data, Distanz>cook_threshold)$Titel
```

```

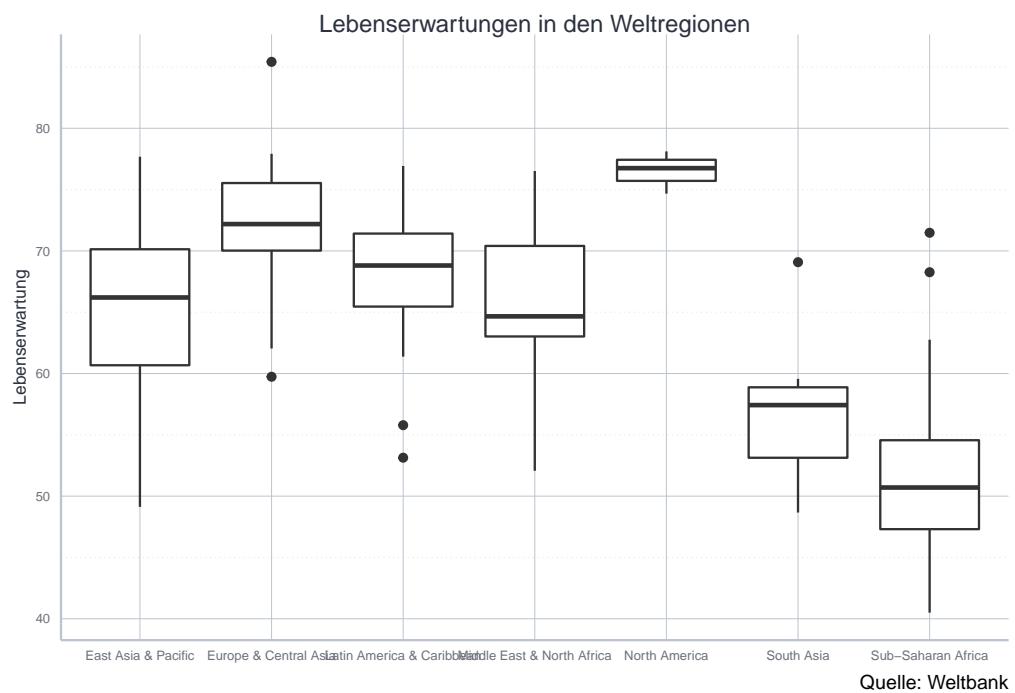
#> [1] "Managerial and Decision Econ"    "Applied Economics"
#> [3] "Journal of Banking and Finance" "Economics Letters"
#> [5] "World Development"              "Journal of Public Economics"
#> [7] "Journal of Economic Literature"  "Journal of Econometrics"
#> [9] "Journal of Economic Theory"     "Economic Journal"
#> [11] "Journal of Financial Economics" "Journal of Finance"
#> [13] "Econometrica"

```

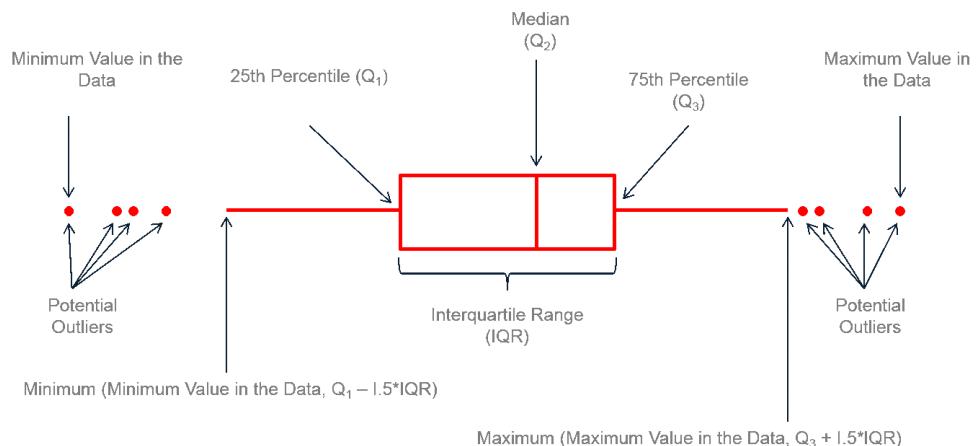
7.5.3 Grafische Komplemente zu klassischen Kennzahlen

Ein hilfreiches Mittel zur Beschreibung von Verteilungen ist der **Boxplot**. Bei dem Boxplot handelt es sich um eine grafischen Zusammenfassung einiger zentraler deskriptiver Kennzahlen:

```
ggplot(data = wb_data,
       mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung)
     ) +
  geom_boxplot() +
  theme_icae() +
  labs(title = "Lebenserwartungen in den Weltregionen",
       caption = "Quelle: Weltbank") +
  theme(axis.title.x = element_blank())
```



Im Boxplot werden mehrere relevante Kennzahlen zusammengefasst. Eine schöne Übersicht bietet diese Abbildung:¹⁹



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

¹⁹Die Abbildung ist von folgendem Blog übernommen: <https://www.leansigmacorporation.com/box-plot-with-minitab/>.

Präferenzen anpassen. Die Parameter dazu sind in der Hilfefunktion beschrieben. Sehr gute Anleitungen finden sich zudem [hier](#) und [hier](#).

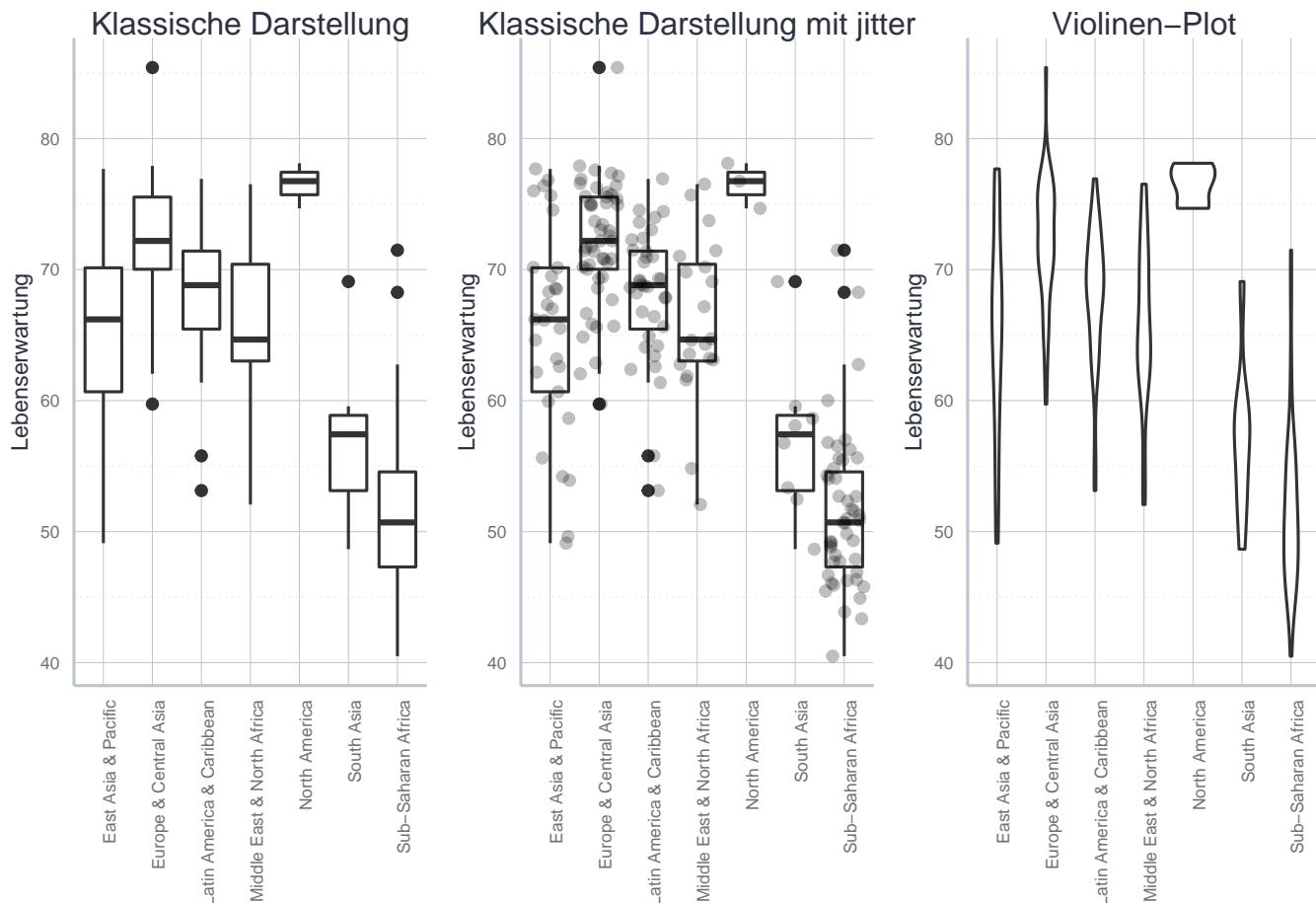
In [diesem Post](#) werden auch die Nachteile dieser Visualisierungsform sehr gut beschrieben. Der größte Nachteil liegt zweifelslos im Verstecken der eigentlichen Verteilung ‘hinter der Box’. Es ist nicht klar, ob sich ein Großteil der Daten am oberen oder unteren Teil befindet oder ob die Daten eher 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 im folgenden Beispiel gezeigt:

```
boxplot_classic <- ggplot(data = wb_data,
  mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung)
) +
  geom_boxplot() +
  theme_icae() +
  labs(title = "Klassische Darstellung") +
  theme(axis.title.x = element_blank(),
  axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1))

boxplot_jitter <- ggplot(data = wb_data,
  mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung)
) +
  geom_boxplot() +
  geom_jitter(alpha=0.25) +
  theme_icae() +
  labs(title = "Klassische Darstellung mit jitter") +
  theme(axis.title.x = element_blank(),
  axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1))

violin_plot <- ggplot(data = wb_data,
  mapping = aes(x=region, y=Lebenserwartung)
) +
  geom_violin() +
  theme_icae() +
  labs(title = "Violinen-Plot") +
  theme(axis.title.x = element_blank(),
  axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1))

ggarrange(boxplot_classic, boxplot_jitter, violin_plot, ncol = 3)
```



Es ist jedoch immer wichtig eine Verteilung nicht nur mit Kennzahlen, sondern auch grafisch zu beschreiben. Dies wurde erstmals durch [Anscombe \(1973\)](#) durch sein ‘‘Anscombe’s Quartett’’ illustriert. 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)
```

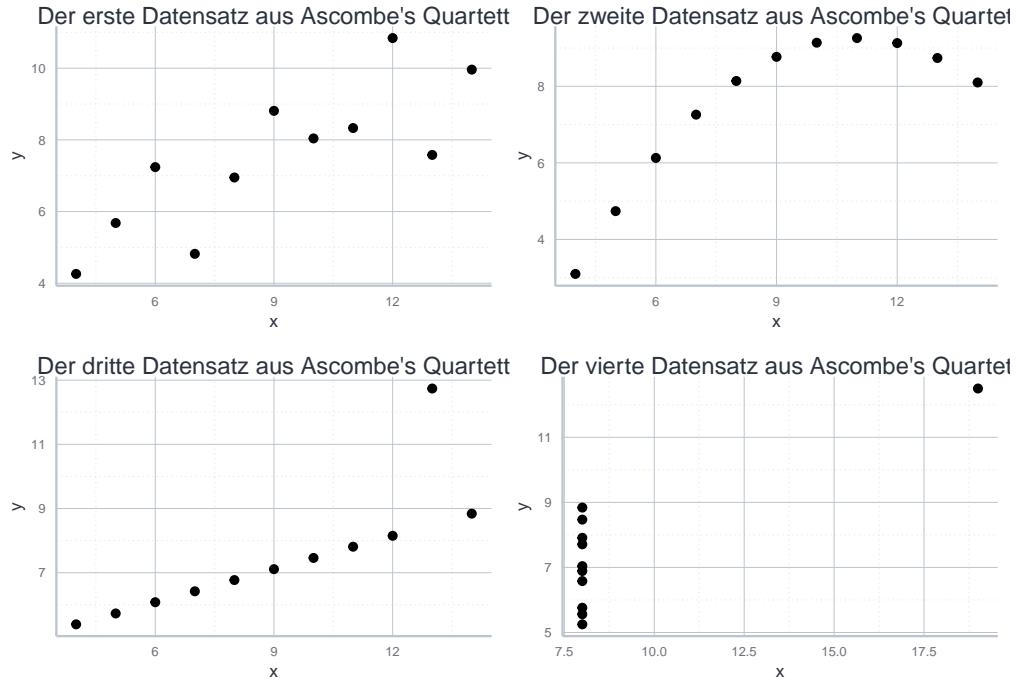
```
#>   x1  x2  x3  x4    y1    y2    y3    y4
#> 1 10  10  10  10  8 8.04 9.14 7.46 6.58
#> 2  8   8   8   8  8 6.95 8.14 6.77 5.76
#> 3 13  13  13  13  8 7.58 8.74 12.74 7.71
#> 4  9   9   9   9  8 8.81 8.77 7.11 8.84
#> 5 11  11  11  11  8 8.33 9.26 7.81 8.47
#> 6 14  14  14  14  8 9.96 8.10 8.84 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

Kennzahl	Wert
Varianz von y	4.13
Korrelation zw. x und y	0.82

Nur die grafische Inspektion zeigt, wie unterschiedlich die Verteilungen tatsächlich sind:



Damit zeigt sich, dass jede gute Beschreibung einer Verteilung sowohl aus quantitativen als auch grafischen Teilen bestehen sollte.²⁰

7.5.4 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. \(2019\)](#).

²⁰Interessanterweise 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.

Appendix A

Eine kurze Einführung in R Markdown

Hier gibt es eine kurze Einführung in R Markdown. Wir beschränken uns dabei auf die grundlegende Idee von Markdown, da die konkrete Syntax im Internet an zahlreichen Stellen wunderbar erläutert ist und man das konkrete Schreiben am besten in der Anwendung lernt.

A.1 Markdown vs. R-Markdown

Bei Markdown handelt es sich um eine sehr einfache Auszeichnungssprache, d.h. eine Programmiersprache, mit der schön formatierte Texte erstellt werden können und die gleichzeitig auch für Menschen sehr einfach lesbar ist. Dateien, die in Markdown geschrieben sind, sind gewöhnlicherweise an der Endung `.md` zu erkennen.

R-Markdown stellt man sich am besten als eine Kombination von Markdown und R vor: R-Markdown Dateien, die immer durch die Dateiendung `.Rmd` gekennzeichnet sind, bestehen sowohl aus Markdown-Code, als auch aus R-Code. Das bedeutet, dass man sein Forschungsprojekt gleichzeitig erklären und durchführen kann. Im Prinzip können ganze Forschungspapiere in R-Markdown verfasst werden und damit vollständig reproduzierbar gestaltet werden.

A.2 Installation von R-Markdown

Für den Fall, dass Sie mit R-Studio arbeiten brauchen Sie lediglich das Paket `rmarkdown` zu installieren:

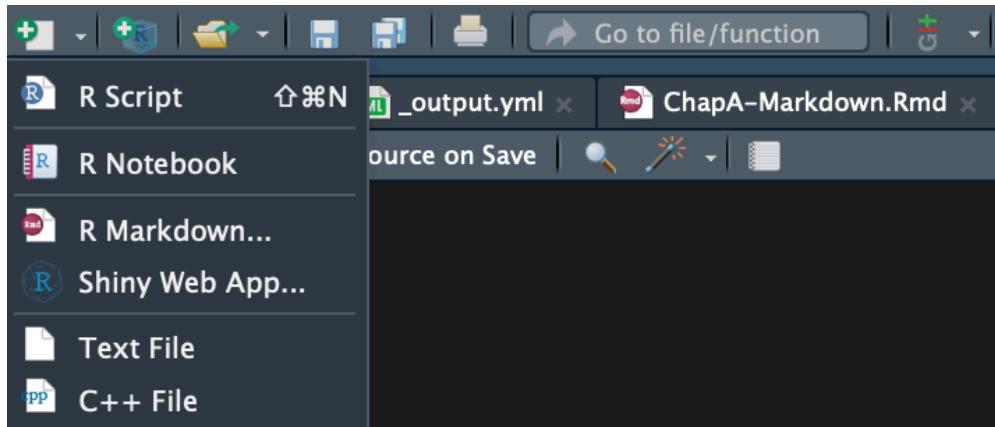
```
install.packages('rmarkdown')
```

Das Standardformat für R-Markdown Dokumente ist `html`. Wenn Sie aber auch PDF Dokumente erstellen wollen, müssen Sie auf Ihrem Computer `LaTeX` installieren. Hierfür finden sich zahlreiche Anleitungen im Internet (z.B. [hier](#) oder [hier](#)).

A.3 Der R-Markdown Workflow

A.3.1 Ein neues R-Markdown Dokument erstellen

R-Studio macht es Ihnen sehr leicht R-Markdown Dokumente zu erstellen. Klicken Sie einfach auf den Button **Neu** und wählen dort dann **R Markdown** aus, wie auf folgendem Screenshot zu sehen ist:



Im folgenden Fenster können Sie getrost die Standardeinstellungen so wie vorgeschlagen belassen, da Sie alles später noch sehr leicht ändern können.

Sie sehen nun eine Datei, das bereits einigen Beispielcode enthält und damit schon einen Großteil der Syntax illustriert.

Ein R-Markdown Dokument besteht in der Regel aus zwei Teilen: dem Titelblock und dem darunter folgenden Dokumentenkörper:

The screenshot shows an R-Markdown document in R-Studio. The code editor displays the following content:

```

1 ---  
2 title: "Mein erstes Markdown Dokument"  
3 author: "Claudius Gräßner"  
4 date: "10/31/2019"  
5 output: html_document  
6 ---  
7  
8 ```{r setup, include=FALSE}  
9 knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)  
10 ```  
11  
12 ## R Markdown  
13  
14 This is an R Markdown document. Markdown is a simple formatting syntax for authoring HTML, PDF, and MS Word documents. For more details on  
using R Markdown see http://rmarkdown.rstudio.com.  
15

```

A red circle highlights the first six lines of code, labeled 'Der Titelblock' (The Title Block).

A.3.2 Der Titelblock

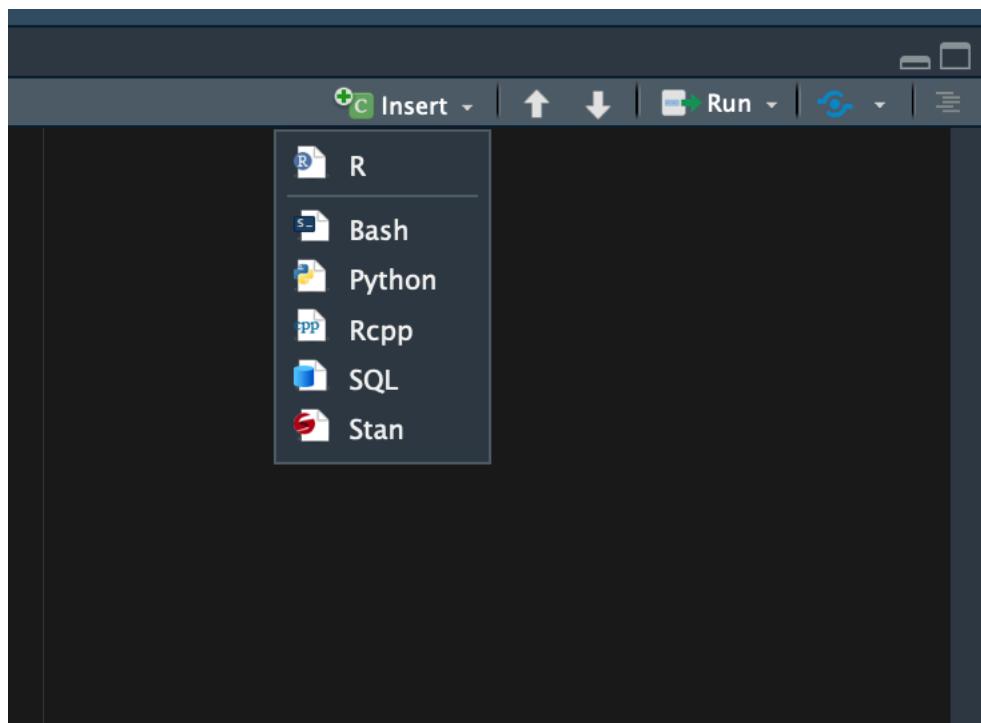
Der Titelblock ist immer durch zwei Zeilen mit dem Inhalt “---” oben und unten abgegrenzt. Die Syntax des Titelblocks folgt der Sprache **YAML**, aber das hat wenig praktische Relevanz. Im Titelblock werden alle globalen Einstellungen für das Dokument vorgenommen. Für einfache Dokumente muss nur wenig an den Standardeinstellungen geändert werden, aber im Laufe der Zeit werden Sie merken, dass Sie über den YAML-Block Ihr Dokument zu ganz großen Teilen individualisieren können. In der Regel finden Sie alle Antworten durch Googlen, daher werde ich hier nicht weiter auf den Header eingehen.

A.3.3 Der Textkörper

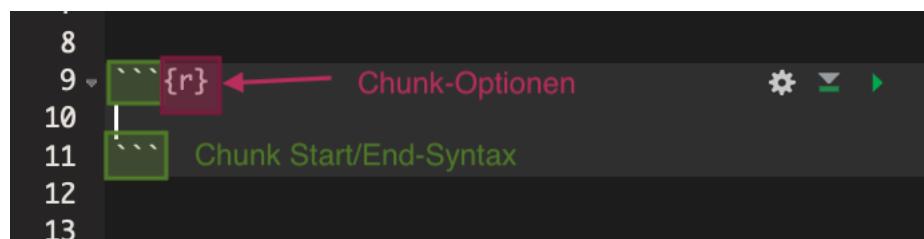
Der Textkörper besteht aus normalem Text, welcher in der Markdown Syntax geschrieben ist, und so genannten *Chunks*. Für die wirklich einfache Syntax für normalen Text gibt es zahlreiche gute Anleitungen im Internet, z.B. dieses eingängige [Cheat Sheet](#).

Innerhalb der Chunks können Sie Code in einer beliebigen Programmiersprache schreiben, insbesondere auch in R. Die Syntax unterscheidet sich dabei überhaupt nicht von einem normalen R Skript.

Um einen Chunk zu Ihrem Dokument hinzuzufügen klicken Sie oben rechts im Skribbereich auf ‘Insert’ und wählen R aus:



Daraufhin wird an der Stelle des Cursors ein Chunk in Ihr Dokument eingefügt. Dieser Chunk wird in der ersten und letzten Zeile durch ` ` begrenzt. In der ersten Zeile wird zusätzlich innerhalb von geschweiften Klammern die Programmiersprache des Chunks definiert:



Darüber hinaus kann das Ausführverhalten für den Chunk durch weitere Argumente innerhalb der geschweiften Klammer weiter spezifiziert werden.

Häufig möchten Sie z.B., dass der Code im Chunk zwar im Dokument angezeigt, aber nicht ausgeführt werden soll. Dies können Sie durch die Option `eval=FALSE` erreichen. In diesem Fall sähe Ihr Chunk so aus:

```

8
9  ````{r, eval=FALSE}
10 x <- 2|
11 ``
12

```

In diesem Beispiel wird die Zuweisung `x <- 4` bei der Kompilierung des Dokuments nicht ausgeführt.

Eine gute Übersicht über die Optionen, die Ihnen offen stehen, finden Sie [hier](#) oder durch Googlen.

Sie können einzelne Chunks auch schon vor dem Kompillieren des Dokuments ausführen indem Sie auf das Play-Zeichen oben links beim Chunk drücken. Damit erhalten Sie eine Vorschau auf das Ergebnis.

A.3.4 Kompillieren von Dokumenten

Der Prozess, der aus dem Quellcode ihres Dokuments (also allem was in der `.Rmd` Datei geschrieben ist) das fertige Dokument erstellt, wird *Kompillieren* genannt. Dabei wird aus dem `.Rmd` Dokument ein gut lesbares `.html` oder `.pdf` Dokument erstellt, wobei alle Chunks normal ausgeführt werden (es sei denn dies wird durch die Option `eval=FALSE` verhindert).

Grundsätzlich gibt es zwei Möglichkeiten ein Dokument zu kompilieren: über die entsprechende R-Funktion, oder über den Knit-Button in R-Studio.

Die klassische Variante verwendet die Funktion `render()` aus dem Paket `rmarkdown`. Die wichtigsten Argumente sind dabei die folgenden: `input` spezifiziert die zu kompillierende `.Rmd`-Datei, `output_format` das für den Output gewünschte Format¹ und `output_file` den Pfad und den Namen der zu erstellenden Outputdatei.

Wenn Sie also das Dokument `FirstMarkdown.Rmd` kompillieren wollen und den Output unter `Output/OurMarkdown.html` als html-Datei speichern wollen, dann können Sie das mit folgendem Code, vorausgesetzt die Datei `FirstMarkdown.Rmd` liegt im Unterordner R:

```

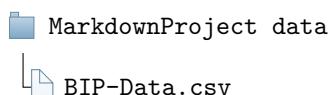
render(input = "R/FirstMarkdown.Rmd",
       output_format = "html",
       output_file = "output/FirstMarkdown.html")

```

Weitere Informationen zu den Parametern finden Sie wie immer über die `help()` Funktion. Alternativ können Sie auch den Button **Knit** in der R-Studio Oberfläche verwenden. Das ist in der Regel bequemer, lässt aber weniger Individualisierung zu.

A.4 Relative Pfade in Markdown-Dokumenten

Der problematischste Teil beim Arbeiten mit R-Markdown ist der Umgang mit relativen Pfaden. Um das Problem zu illustrieren nehmen wir einmal folgende Ordnerstruktur an, wobei der Ordner `MarkdownProject` unser Arbeitsverzeichnis ist:



¹R-Markdown Dateien können in sehr viele verschiedene Formate kompiliert werden, das am häufigsten verwendete Format ist jedoch `html`. Eine Übersicht finden Sie [hier](#).

Das Problem ist nun, dass wenn Sie eine R-Markdown Datei kompilieren, diese Datei alle Pfade **nicht** ausgehend von Ihrem Arbeitsverzeichnis interpretiert, sondern vom *Speicherort* der `.Rmd`-Datei. Das ist natürlich hochproblematisch, denn stellen Sie sich vor, Sie möchten in Ihrem R-Markdown-Skript die Datei `data/BIP-Data.csv` einlesen. Normalerweise würden Sie dafür den folgenden Code verwenden:

```
bip_data <- fread("data/BIP-Data.csv")
```

Zwar würde der Code in einem R-Skript, z.B. in `R/R-Skript.R` perfekt funktionieren. In einem R-Markdown Dokument, das nicht im Arbeitsverzeichnis direkt gespeichert ist, jedoch nicht. Da in R-Markdown-Dokumenten alle Pfade relativ des Speicherorts des Dokuments interpretiert werden, müssten wir hier schreiben:²

```
bip_data <- fread("../data/BIP-Data.csv")
```

Das wäre allerdings unschön, weil wir dann unterschiedlichen Codes in Skripten und in R-Markdown-Dokumenten verwenden müssten und das Ganze dadurch deutlich verwirrender werden würde.

Es wäre also schön, wenn R automatisch wüsste, was das Arbeitsverzeichnis des aktuellen Projekts ist und dieses automatisch berücksichtigt, unabhängig davon ob wir mit einem `.R` oder `.Rmd` Dokument arbeiten und wo dieses Dokument innerhalb unserer Projekt-Struktur gespeichert ist.

Zum Glück können wir genau das mit Hilfe des Pakets `here` erreichen.³ Das Paket enthält eine Funktion `here()` die als Argument einen Dateinamen oder einen relativen Pfad akzeptiert, und daraus einen absoluten Pfad auf dem Computer, auf dem der Code gerade ausgeführt wird, konstruiert.

Wir können also unseren Code von oben einfach folgendermaßen umschreiben:

```
bip_data <- fread(here("data/BIP-Data.csv"))
```

In dieser Form funktioniert er sowohl in `.R` als auch `.Rmd` Dateien ohne Probleme.

Hinweis I: Die Funktion `here()` verwendet verschiedene Heuristiken um das Arbeitsverzeichnis des aktuellen Projekt herauszufinden. Darunter fällt auch das Suchen nach einer `.Rproj` Datei. Überhaupt funktionieren die Heuristiken in der Regel wunderbar und können für Ihren konkreten Fall über die Funktion `dr_here()` angezeigt werden. Um ganz sicherzugehen sollte man aber immer in das Arbeitsverzeichnis eine Datei `.here` ablegen. Diese kann manuell, oder über die Funktion `set_here()`, erstellt werden.

Hinweis II: Die Verwendung von `here()` ist essenziell, wenn Ihre R-Markdown Dokumente auf mehreren Computern funktionieren sollen. Daher ist die Verwendung in den Arbeitsblättern **verpflichtend**.

A.5 Weitere Quellen

Eine gute Übersicht über die häufigsten Befehle enthält dieses [Cheat Sheet](#). Eine sehr umfangreiche Einführung bietet das Online-Buch [R Markdown: The Definitive Guide](#). Aber auch darüber hinaus finden sich im Internet zahlreiche Beispiele für die R-Markdown-Syntax. Dieses Skript wurde übrigens in [R Bookdown](#), einer Erweiterung von R-Markdown für Bücher, geschrieben.

²Mit `../` bewegt man sich bei einem relativen Pfad einen Ordner nach oben.

³Tatsächlich ist `here` dermaßen praktisch, dass ich empfehle grundsätzlich alle Pfade in jedem Projekt - ob R-Markdown oder nicht - mit Hilfe von `here` anzugeben.

Appendix B

Wiederholung: Wahrscheinlichkeitstheorie

In diesem Kapitel werden Grundlagen der Wahrscheinlichkeitstheorie wiederholt. Die zentralen Themen sind dabei:

- Der Zusammenhang zwischen Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik
- Grundbegriffe der Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik
- Zufallsvariablen
- Diskrete und stetige Verteilungen

Grundkonzepte der deskriptiven und schließenden Statistik (insb. Parameterschätzung, Hypothesentests und die Berechnung von Konfidenzintervallen) werden in den beiden Anhängen [zur deskriptiven](#) und [schließenden Statistik](#) wiederholt.

Verwendete Pakete

```
library(here)
library(tidyverse)
library(ggpubr)
library(latex2exp)
library(icaeDesign)
library(data.table)
```

B.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 Zufallsexperimenten 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.

B.2 Grundbegriffe der Wahrscheinlichkeitstheorie

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 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:

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 aber nicht besonders

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 es würde gelten, dass $\Omega = \mathbb{R}^+$ und \mathbb{R}^+ ist nicht abzählbar.

Welches Modell für den konkreten Anwendungsfall vorzuziehen ist, muss auf Basis von theoretischen Überlegungen entschieden werden.

B.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”: $\mathbb{P}(2) + \mathbb{P}(4) + \mathbb{P}(6) = \frac{1}{6} + \frac{1}{6} + \frac{1}{6} = \frac{1}{2}$.

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** 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 $\mathbb{P}(C) = \frac{5}{36}$.

Ein weiteres wichtiges Konzept ist das der **bedingten Wahrscheinlichkeit**: die bedingten Wahrscheinlichkeit von A gegeben B , $\mathbb{P}(A|B)$, bezeichnet die Wahrscheinlichkeit für A , wenn wir wissen, dass B bereits eingetreten ist.

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.

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 $\mathbb{P}(A|B) = \frac{1/6}{1/2} = \frac{1}{3}$.

B.3.1 Bayes Theorem und Gesetz der totalen Wahrscheinlichkeiten

Ganz wichtig: es gilt *nicht notwendigerweise* $\mathbb{P}(A|B) = \mathbb{P}(B|A)$. Vielmehr gilt nach dem **Satz von Bayes**:

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(B)} = \frac{\mathbb{P}(B|A)\mathbb{P}(A)}{\mathbb{P}(B)}$$

Ein in Beweisen sehr häufig verwendeter Zusammenhang ist das **Gesetz der totalen Wahrscheinlichkeit**: seien A_1, \dots, A_k Ereignisse, die sich nicht überschneiden und gemeinsam den kompletten Ereignisraum Ω abdecken, dann gilt:

$$\mathbb{P}(B) = \sum_{i=1}^k \mathbb{P}(B|A_i)\mathbb{P}(A_i)$$

Auch wenn das erst einmal sperrig aussieht, ist der Zusammenhang sehr praktisch und wird häufig in Beweisen in der Stochastik verwendet.

B.3.2 Diskrete Zufallsvariablen

Bei Zufallsvariablen (ZV) handelt es sich um besondere *Funktionen*. Die Definitionsmenge einer Zufallsvariable ist immer der zugrundeliegende 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 .

In der Regel bezeichnen wir Zufallsvariablen (ZV) 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.

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 $\mathbb{P}(B|A) = \mathbb{P}(B)$.

Das bedeutet streng genommen, dass die ZV nicht *selbst* zufällig ist, sondern ihr Input ω . Das impliziert, dass wenn ein Zufallsexperiment zweimal das gleiche Ergebnis ω hat, ist auch der Wert $X(\omega)$ der gleiche.

Das mag im Moment ein wenig nach ‘Pfennigfuchserei’ aussehen, die Unterscheidung zwischen dem nicht-zufälligem funktionalen Zusammenhangs, aber einem zufälligen Input bei ZV ist wichtig, um den Sinn in vielen fortgeschrittenen Beiträgen im Bereich der Ökonometrie zu sehen.

Den unterschiedlichen Realisierungen von einer ZV haben jeweils Wahrscheinlichkeiten, die von den Wahrscheinlichkeiten der zugrundeliegenden Ergebnisse des modellierten Zufallsexperiments abhängen.

Produkte und Summen von ZV sind selbst wieder Zufallsvariables. Man addiert bzw. multipliziert ZV indem man ihre Werte addiert bzw. mutlipliziert.

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** (*Probability Mass Function*, PMF) von X und sie werden häufig visuell dargestellt. Um diese Liste zu erstellen verwenden wir die zu X gehörende **Wahrscheinlichkeitsfunktion**, $(p(x_k))$, die uns für jedes Ergebnis die zugehörige Wahrscheinlichkeit gibt:⁴

$$p(x_k) = \mathbb{P}(X = x_k)$$

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 besprechen. 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 definitiert 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 später 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 :

³Aus den *Kolmogorow Axiomen* oben ergibt sich, dass die Summe all 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.

$$\text{Var}(X) = \sum_{x_k \in W_X} [x_k - \mathbb{E}(X)]^2 p(x_k)$$

Beispiel: Die Standardabweichung einer ZV X , die das Werfen eines fairen Würfels beschreibt ist:

$$\sigma_X = \sqrt{\sum_k^6 [x_k - \mathbb{E}(X)]^2 p(x_k)} = \sqrt{5.83} \approx 2.414.$$

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.

B.3.3 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:

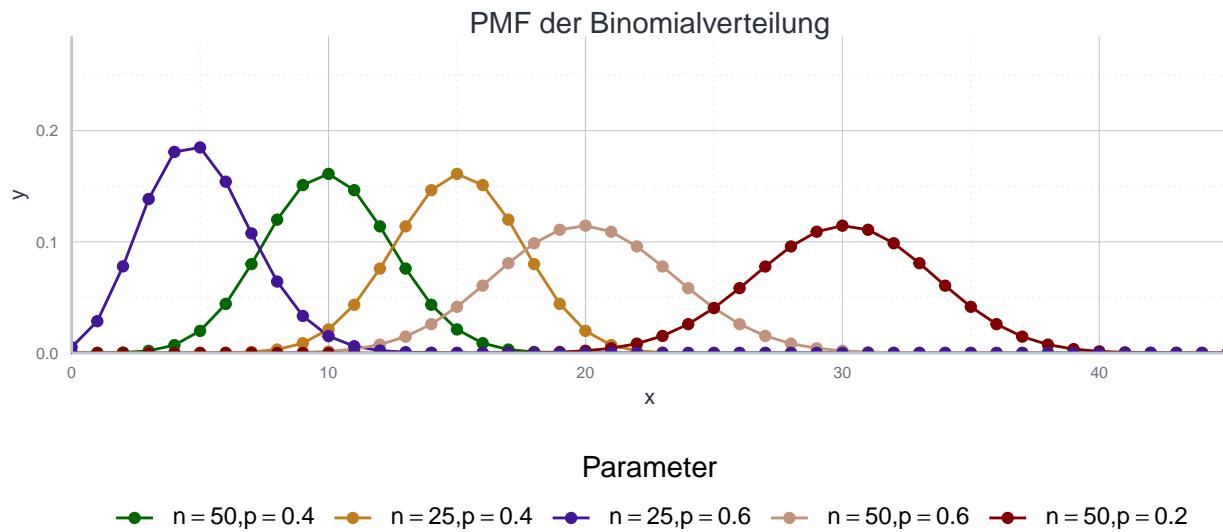
$$\mathbb{P}(X = x) = p(x) = \binom{n}{x} p^x (1-p)^{n-x}$$

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

Im folgenden sehen wir eine Darstellung der Wahrscheinlichkeitsverteilung der Binomialverteilung für verschiedene Parameterwerte:

⁵Die Herleitung finden Sie im Statistikbuch Ihres Vertrauens oder auf [Wikipedia](#).



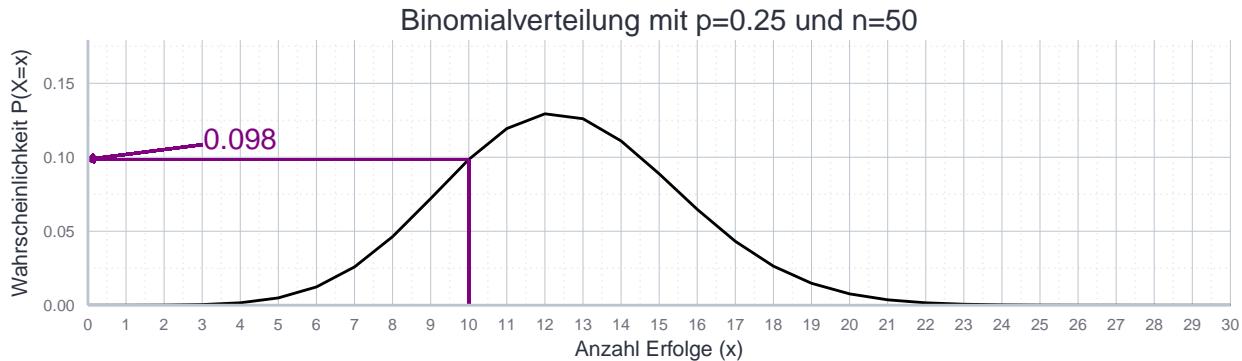
R stellt uns einige nützliche Funktionen bereit, mit denen wir typische Rechenaufgaben einfach lösen können:

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 $X \sim B(50, 0.25)$, dann: $\mathbb{P}(X = 10) = 0.09852$. Die folgende Abbildung illustriert dies:



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
```

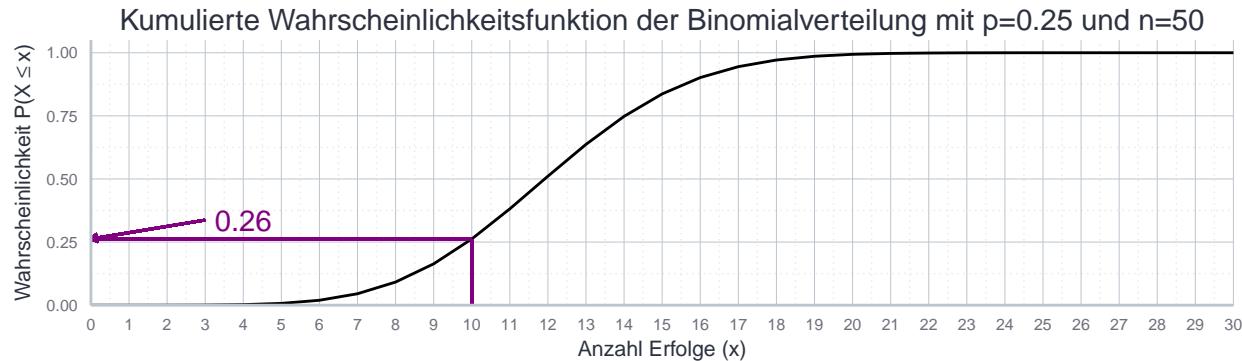
Häufig sind wir auch an der **kumulierten Wahrscheinlichkeitsfunktion** interessiert. Während uns die Wahrscheinlichkeitsfunktion die Wahrscheinlichkeit für genau x Erfolge angibt, also $\mathbb{P}(X = x)$, gibt uns die **kumulierte Wahrscheinlichkeitsfunktion** die Wahrscheinlichkeit für x oder weniger 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)
```

```
## [1] 0.2622023
```

Die Wahrscheinlichkeit 5 oder weniger Erfolge bei 5 Versuchen und einer Erfolgswahrscheinlichkeit von 25% zu erzielen beträgt also 25.2%:



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 $\mathbb{P}(X = x) \geq p$.

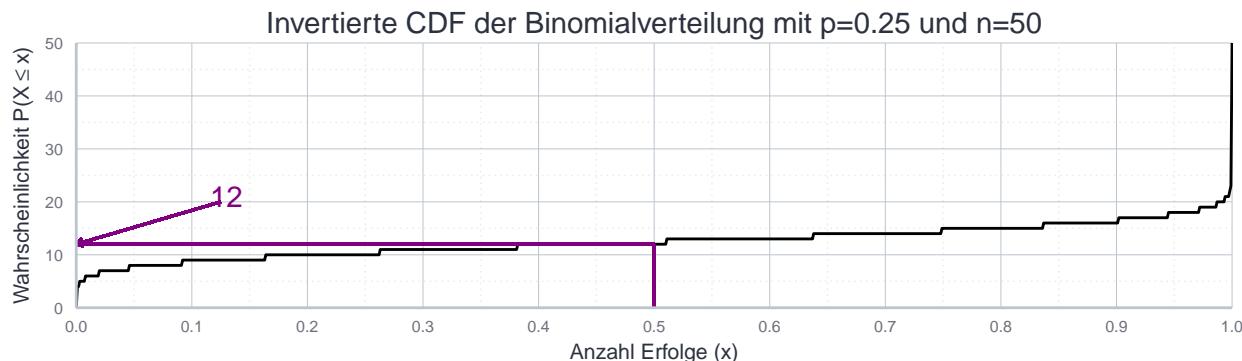
Wenn wir also wissen möchten wie viele Erfolge mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% mindestens zu erwarten sind, dann schreiben wir:

```
qbinom(p = 0.5, size = 50, prob = 0.25)
```

```
## [1] 12
```

Es gilt also: $\mathbb{P}(X = 12) \geq p$.

Wir können dies grafisch verdeutlichen:



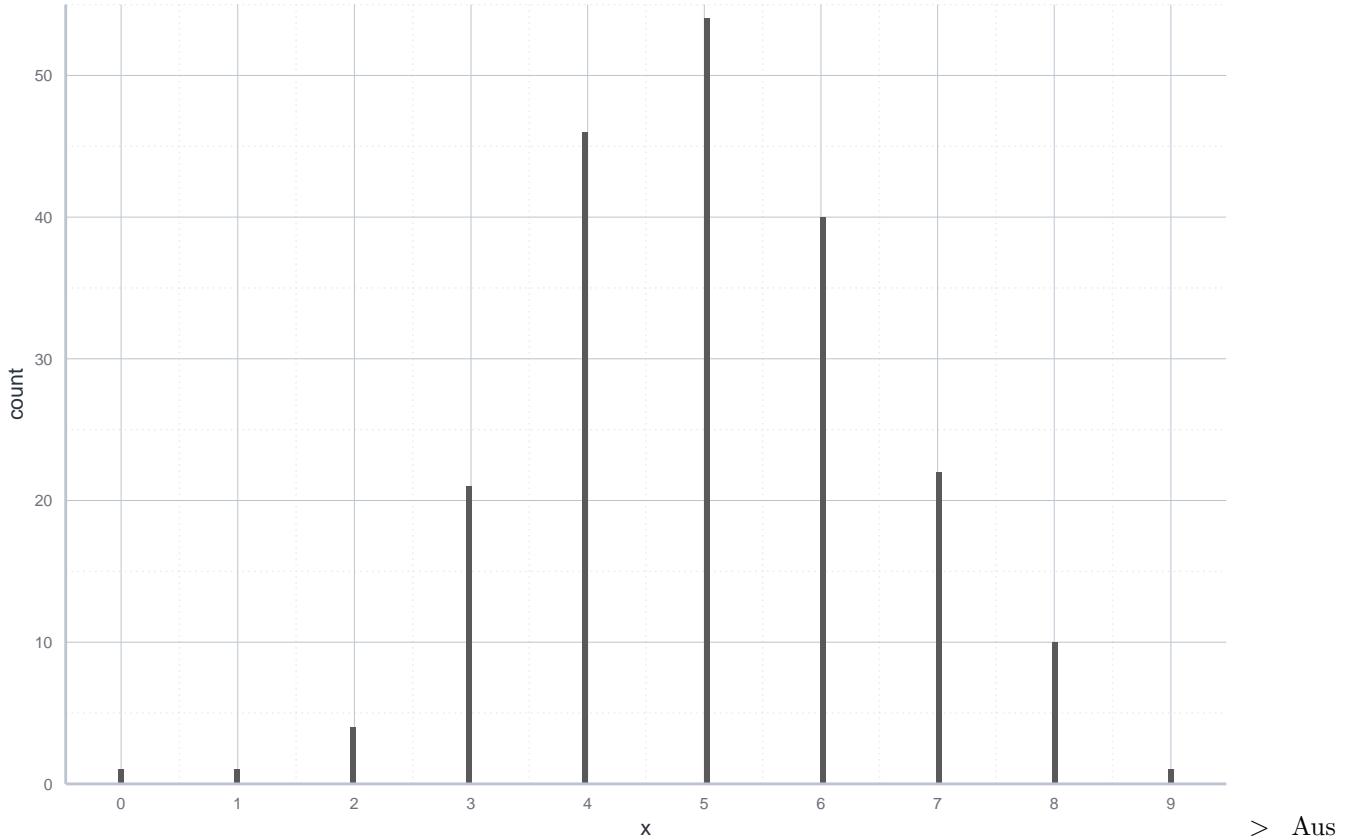
Möchten wir schließlich eine bestimmte Menge an **Realisierungen** aus einer Binomialverteilung ziehen geht das mit `rbinom()`, welches drei Argumente verlangt: `n` für die Anzahl der zu ziehenden Realisierungen, sowie `size` und `prob` als da Parameter n und p der Binomialverteilung:

```
sample_binom <- rbinom(n = 5, size = 10, prob = 0.4)
sample_binom
```

```
## [1] 3 3 1 8 7
```

Anwendungsbeispiel Binomialverteilung: Unser Zufallsexperiment besteht aus dem zehnmaligen Werfen einer fairen Münze. Unter ‘Erfolg’ verstehen wir das Werfen von ‘Zahl’. Nehmen wir an, wir

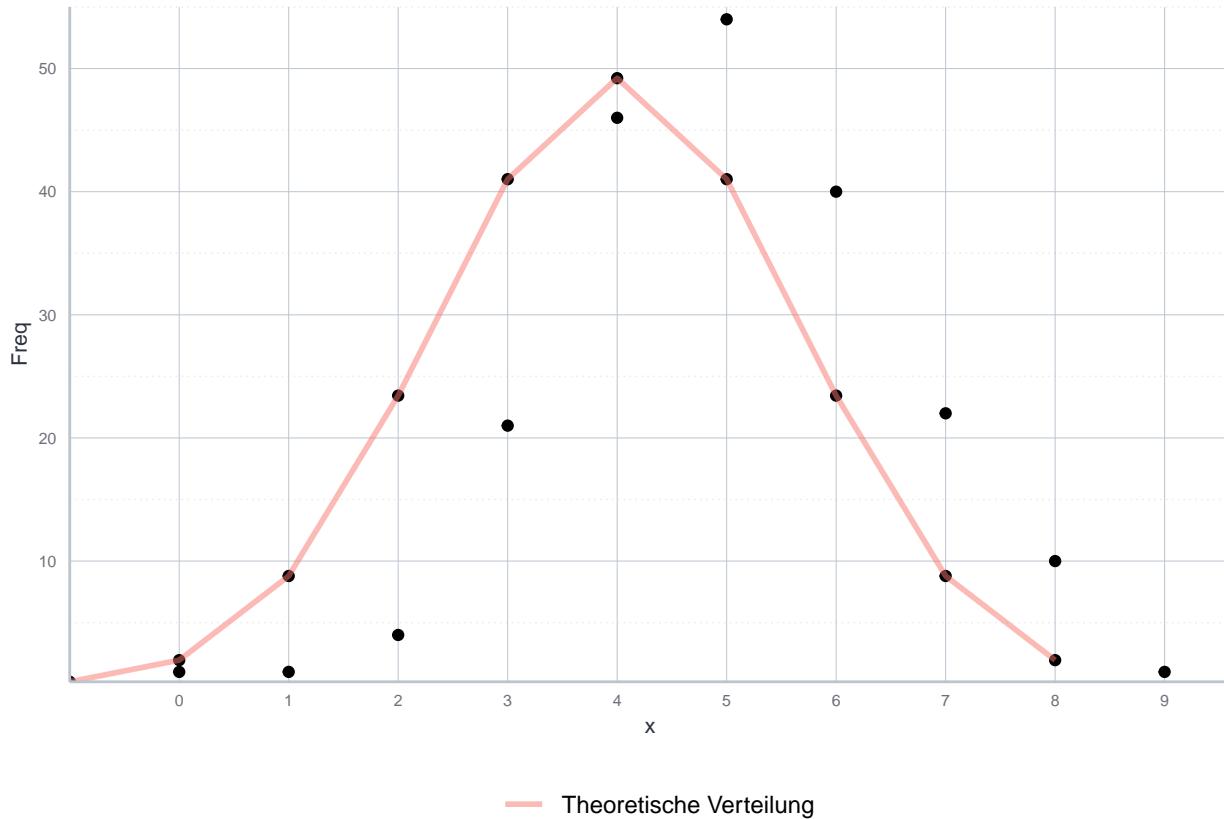
führen das Zufallsexperiment 100 Mal durch, werfen also insgesamt 10 Mal die Münze und schreiben jeweils auf, wie häufig wir dabei einen Erfolg verbuchen konnten. Wenn wir unsere Ergebnisse aufmalen, indem wir auf der x-Achse die Anzahl der Erfolge, und auf der y-Achse die Anzahl der Experimente mit genau dieser Anzahl an Erfolgen aufmalen erhalten wir ein Histogramm, das ungefähr so aussieht:



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 $= 10$ 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 führen:

```
ggplot(data.frame(x=munzwurfe), aes(x=x)) +
  #geom_histogram(bins = wurzanzahl) +
  geom_point(data=data.frame(table(munzwurfe)),
             aes(x=munzwurfe, y=Freq)) +
  geom_point(data = data.frame(x=seq(0, max(munzwurfe), 1),
                               y=dbinom(seq(0, max(munzwurfe), 1), prob = p_zahl,
                                         size = wurfe_pro_experiment)*wurzanzahl),
             aes(x=x, y=y))
  ) +
  geom_line(data = data.frame(x=seq(0, max(munzwurfe), 1),
                             y=dbinom(seq(0, max(munzwurfe), 1), prob = p_zahl,
                                       size = wurfe_pro_experiment)*wurzanzahl),
```

```
aes(x=x, y=y, color="Theoretische Verteilung"), alpha=0.5, lwd=1
) +
scale_y_continuous(expand = expand_scale(c(0,0), c(0,1))) +
scale_color_manual(values=c("blue", "red"), name=c("Theoretische Verteilung", "Empirische Verteilung"))
theme_icae() + theme(legend.position = "bottom")
```



B.3.4 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.

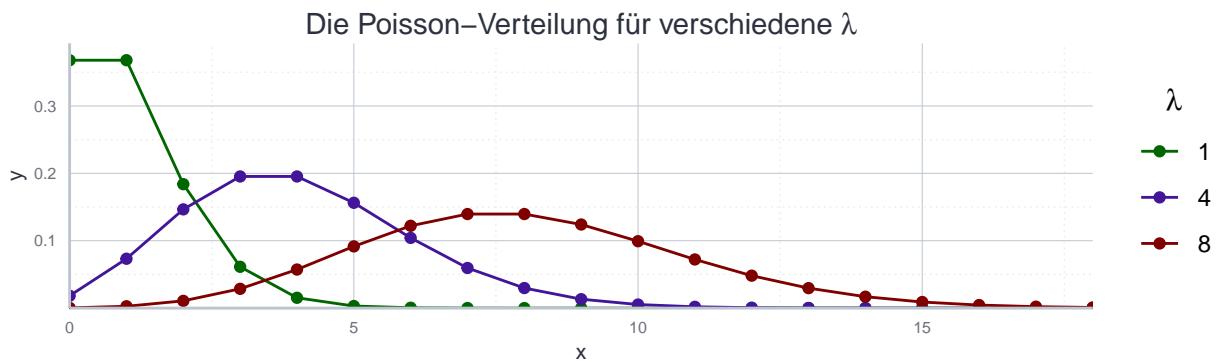
Bei der Poisson-Verteilung handelt es sich um eine **ein-parametrische** Funktion, deren einziger Parameter $\lambda > 0$ ist. λ wird häufig als die mittlere Ereignishäufigkeit interpretiert und ist **zugleich Erwartungswert als auch Varianz** der Verteilung: $E(P_\lambda) = \text{Var}(P_\lambda) = \lambda$.

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:

$$P_\lambda(x) = \frac{\lambda^x}{x!} e^{-\lambda}$$

Die folgende Abbildung zeigt wie sich die Wahrscheinlichkeitsfunktion für unterschiedliche Werte von λ manifestiert:



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`:

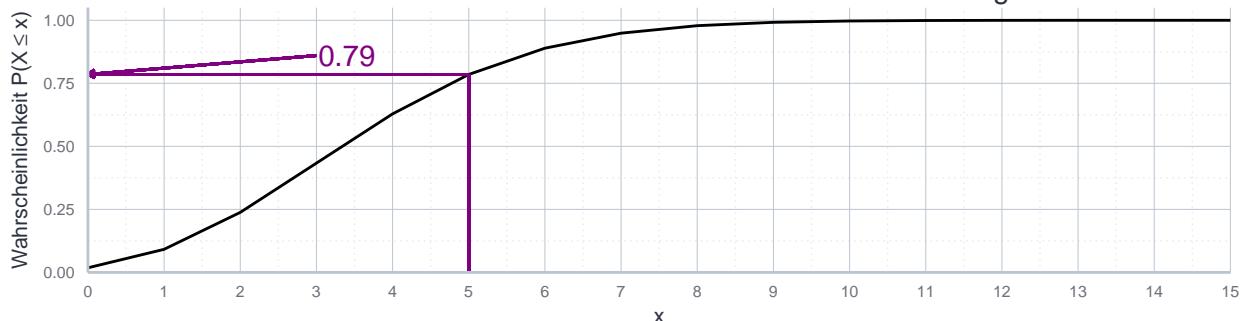
```
dpois(5, lambda = 4)
```

```
## [1] 0.1562935
```



Informationen über die CDF erhalten wir über die Funktion `ppois()`, die zwei Argumente, `q` und `lambda`, annimmt.

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 $\mathbb{P}(X = x) \geq p$.

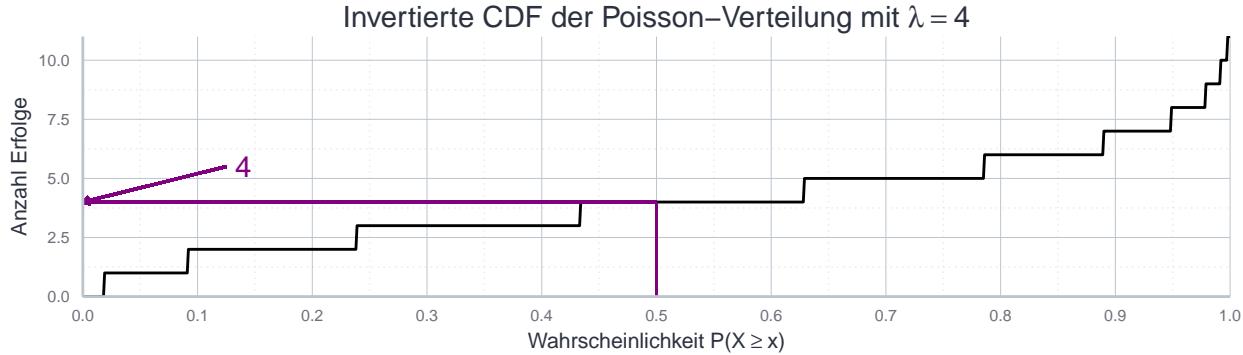
Wenn wir also wissen möchten wie viele Erfolge mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% mindestens zu erwarten sind, dann schreiben wir:

```
qpois(p = 0.5, lambda = 4)
```

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

Es gilt also: $\mathbb{P}(X = 4) \geq 0.5$.

Wir können dies grafisch verdeutlichen:



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
```

B.3.5 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 realisiert. Für das Beispiel der Binomialverteilung, welcher die Abkürzung `binom` zugewiesen wurde, heißen die Funktionen entsprechend `dbinom()`, `pbinom()`, `qbinom()` und `rbinom()`.

Die folgende Tabelle gibt einen Überblick über gängige Abkürzungen und die Parameter der oben besprochenen diskreten Verteilungen.

Verteilung	Abkürzung	Parameter
Binomialverteilung	<code>binom</code>	<code>size, prob</code>
Poisson-Verteilung	<code>pois</code>	<code>lambda</code>

B.4 Stetige Wahrscheinlichkeitsmodelle

B.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 Punktswahrscheinlichkeiten, sondern als Intervallwahrscheinlichkeiten angeben. Aus $\mathbb{P}(X = x)$ im diskreten Fall wird im stetigen Fall also:

$$\mathbb{P}(a < X \leq b), \quad a < b$$

Bei dieser Funktion sprechen wir von einer *kumulative Verteilungsfunktion* $F(x) = \mathbb{P}(X \leq x)$, wobei immer gilt:

$$\mathbb{P}(a < X \leq b) = F(b) - F(a)$$

Wann immer wir im diskreten Fall eine Wahrscheinlichkeitsfunktion verwendet haben um eine ZV zu beschreiben, verwenden wir im stetigen Fall die **Dichtefunktion** (*probability density function* - PDF) einer ZV. Hierbei handelt es sich um eine integrierbare und nicht-negative Funktion $f(x) \geq 0 \forall x \in \mathbb{R}$ mit $\int_{-\infty}^{\infty} f(x)dx = 1$ für die gilt:

$$\mathbb{P}([a, b]) = \int_a^b f(x)dx$$

Dementsprechend können wir den Ausdruck für die kumulative Verteilungsfunktion von oben ergänzen:

$$\mathbb{P}(a < X \leq b) = F(b) - F(a) = \int_a^b f(x)dx$$

Man sieht hier, dass die Dichtefunktion einer ZV die Ableitung ihrer kumulative Verteilungsfunktion ist. Wie oben beschrieben können wir die Werte an einzlnen Punkten nicht als *absolute* Wahrscheinlichkeiten interpretieren, da die Wahrscheinlichkeit für einzelne Punkte immer gleich 0 ist. 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:

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), $[a, b) = \{x \in \mathbb{R} | a \leq x < b\}$ (linksoffenes Intervall) und $(a, b] = \{x \in \mathbb{R} | a < x \leq b\}$ (rechtsoffenes Intervall).

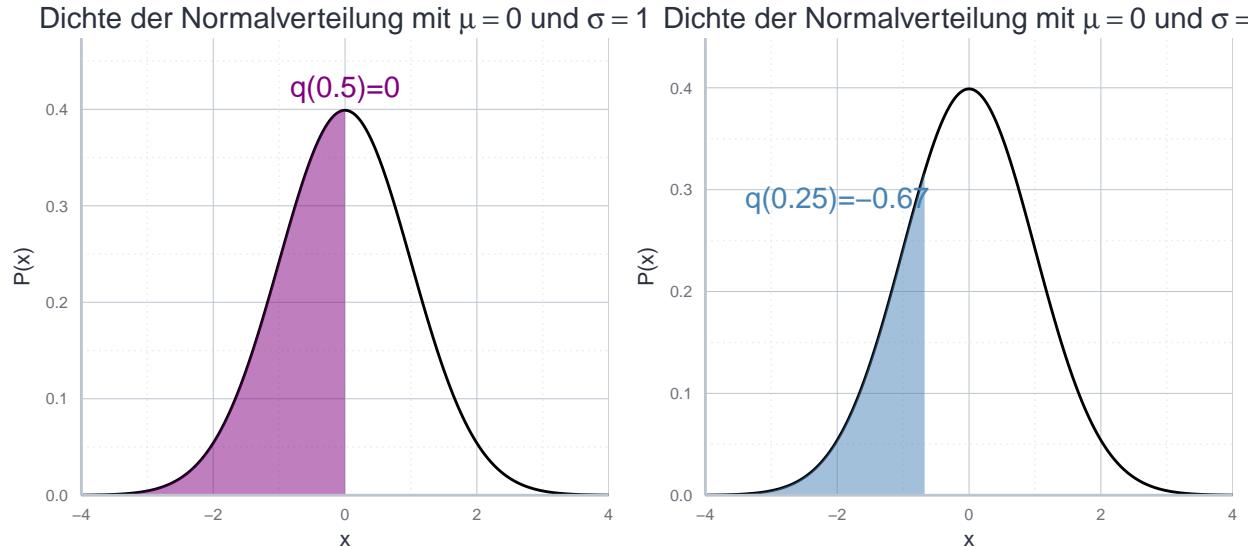
$$Var(X) = \mathbb{E}(X - \mathbb{E}(X))^2 = \int_{-\infty}^{\infty} (x - \mathbb{E}(X))^2 f(x) dx$$

$$\sigma_X = \sqrt{Var(X)}$$

Und, schlussendlich, gilt für das α -Quantil $q(\alpha)$:

$$\mathbb{P}(X \leq q(\alpha)) = \alpha$$

Im folgenden werden das 0.25 und 0.5-Quantil visuell dargestellt:



Abschließend wollen wir nun noch einmal die Definitionen der Kennzahlen und charakteristischer Verteilungen für den stetigen und diskreten Fall vergleichen:

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	$Var(X) = \sum_{x \in W_X} [x - \mathbb{E}(X)]^2 \mathbb{P}(X = x)x$	$Var(X) = \mathbb{E}(X - \mathbb{E}(X))^2$
Standardabweichung	$\sqrt{Var(X)}$	$\sqrt{Var(X)}$
α -Quantil	$\mathbb{P}(X \leq q(\alpha)) = \alpha$	$\mathbb{P}(X \leq q(\alpha)) = \alpha$
Dichtefunktion (PDF)	NA	$\mathbb{P}([a, b]) = \int_a^b f(x)dx$
Wahrsch's-funktion (PMF)	$p(x_k) = \mathbb{P}(X = x_k)$	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.

B.4.2 Beispiel: die Uniformverteilung

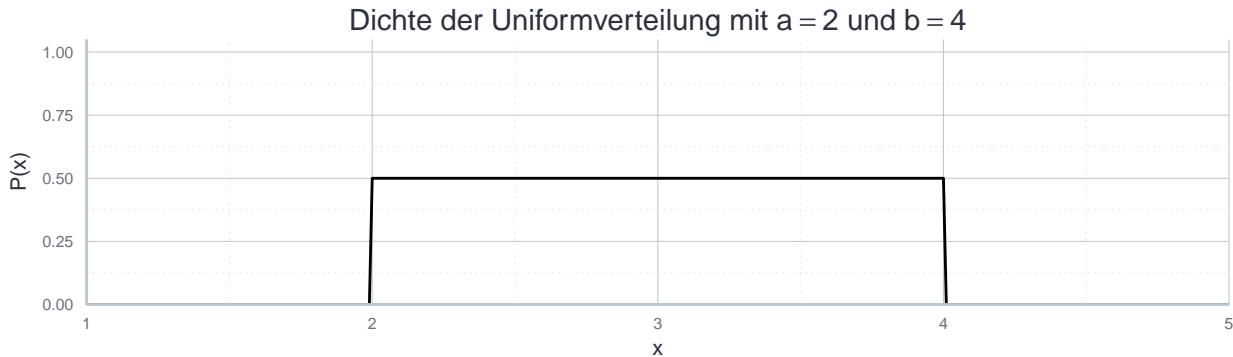
Die Uniformverteilung kann auch einem beliebigen Intervall $[a, b]$ mit $a < b$ definiert werden und ist dadurch gekennzeichnet, dass die Dichte über $[a, b]$ vollkommen konstant ist. Ihre einzigen Parameter sind die Grenzen des Intervalls, a und b .

Da bei stetigen Verteilungen die Dichte für 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 $[a, b]$. Er ist definiert als $\mathbb{E}(X) = \frac{a+b}{2}$ und ihre Varianz mit $Var(X) = \frac{(b-a)^2}{12}$ gegeben.

Ihre Dichtefunktion für $[a, b] = [2, 4]$ ist im folgenden 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)
```

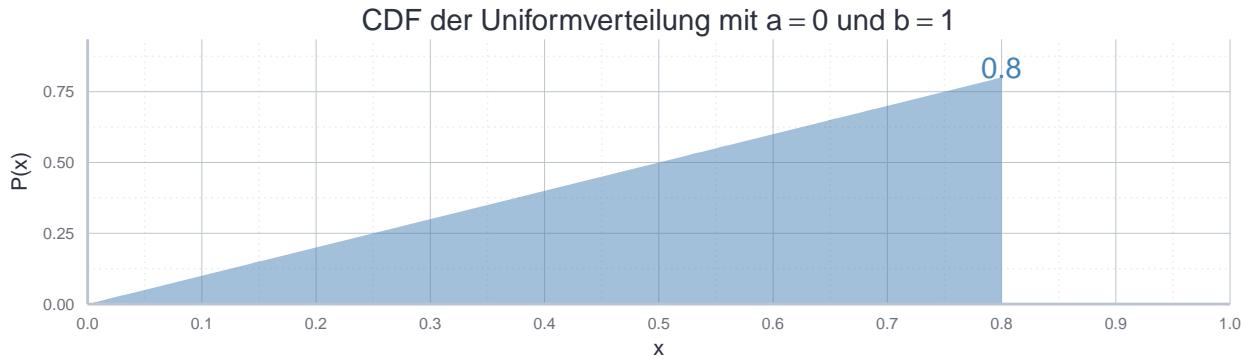
```
## [1] 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25 0.25
```

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
```



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
```

B.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 ist. 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:

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

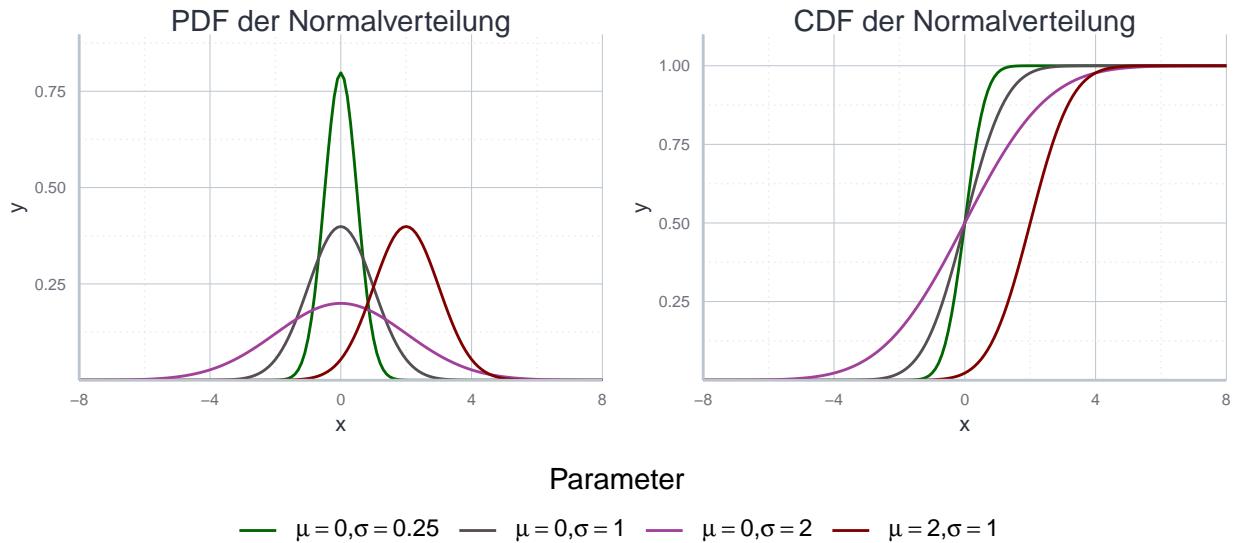
Unter der **Standard-Normalverteilung** verstehen wir eine Normalverteilung mit den Paramtern $\mu = 0$ und $\sigma = 1$.⁷ Sie verfügt über die deutlich vereinfachte PDF:

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}x^2}$$

Die CDF der Normalverteilung ist analytisch nicht einfach darzustellen, die Werte können in R aber leicht über die Funktion `pnorm` (s.u.) abgerufen werden.

Im folgenden sind die PDF und CDF für exemplarische Parameterkombinationen dargestellt:

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 standartisierte ZV, μ den Erwartungswert und σ die Standardabweichung von X bezeichnet



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
```

```
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()`

B.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 $W_X = [0, \infty]$.

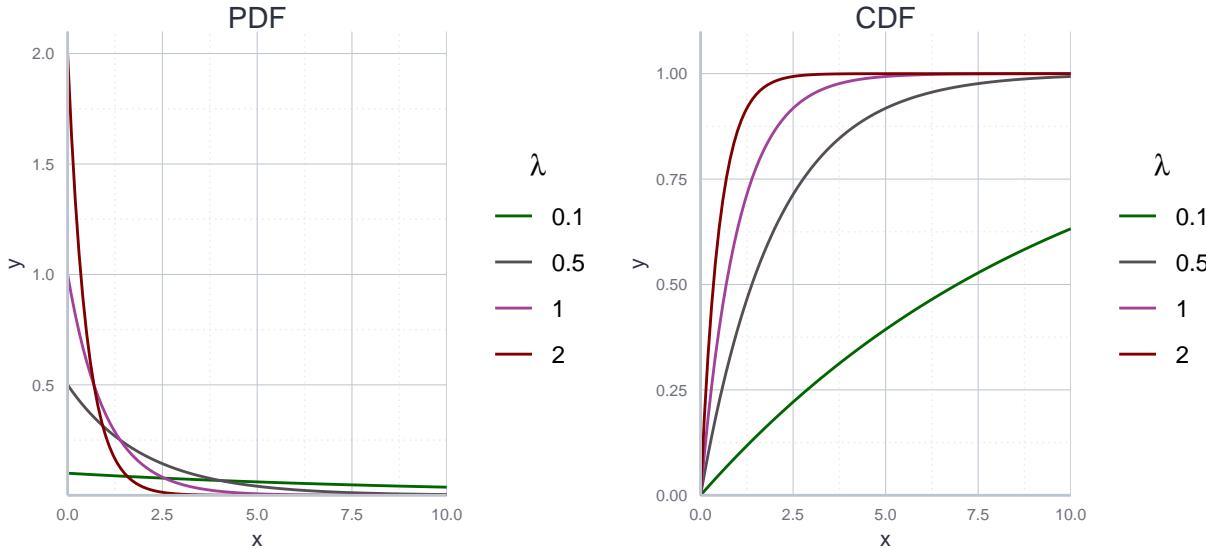
Die PDF der Exponentialverteilung ist:

$$f(x) = \begin{cases} 0 & x < 0 \\ \lambda e^{-\lambda x} & x \geq 0 \end{cases}$$

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 im folgenden dargestellt:



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.

B.5 Zusammenfassung Wahrscheinlichkeitsmodelle

Die folgende Tabelle fasst noch einmal alle Wahrscheinlichkeitsmodelle zusammen, die wir bislang betrachtet haben:

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, 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 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.

Im Großteil dieses Kurses bedeutet das, dass wir für den DGP ein bestimmtes Wahrscheinlichkeitsmodell annehmen und dann auf Basis unserer Daten die Parameter für dieses Modell schätzen wollen. Dieses Vorgehen nennen wir *parametrisch*, weil wir hier vor allem Parameter schätzen wollen.⁸

⁸Die Alternative, *nicht-parametrische* Verfahren, nehmen kein konkretes Wahrscheinlichkeitsmodell an, sondern wählen das Modell auch auf Basis der Daten.

Appendix C

Wiederholung: Deskriptive Statistik

Bevor wir uns im [nächsten Anhang](#) 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 auseinandersetzt 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 Schülerinnen besteht *treffen wir mit den Methoden der deskriptiven Statistik nur Aussagen über genau diese 1000 Schülerinnen*. 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 am Ende des vorherigen Anhangs 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(icaeDesign)
library(MASS)
```

Für die direkte Anwendung in R verwenden wir einen Datensatz zu ökonomischen Journalen:

```

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 Journalen aus der Ökonomik im Jahr 2004.¹

C.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

```

¹Bei den hier verwendeten Daten handelt es sich um eine Übersetzung des Datensatzes `Journals` aus dem Paket `AER` (Kleiber and Zeileis, 2008).

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
```

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 [Erste Schritte in R](#) 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
```

²Man beachte den im Vergleich zur Varianzformel für theoretische Modelle modifizierten Nenner $N - 1$!

³Wenn das teuerste Journal sich im Preis verdoppelt erhöht dies den Mittelwert beträchtlich, ändert den Median aber nicht.

```
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)
quant_differenz <- quantil_75 - quantil_25
quant_differenz
```

```
## [1] 406.25
```

Das optionale Argument `names=FALSE` unterdrückt die Benennung der Ergebnisse. Wenn wir das nicht machen würde, würde `quant_differenz` verwirrenderweise den Namen `75%` tragen.

C.2 Korrelationsmaße

Wie im Beispiel der Journale in diesem Kapitel 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, zu der es ein eigenes Kapitel geben wird, gibt es dafür wichtige quantitative Maße, die häufig in den Bereich der Korrelationsmaße fallen.

Das einfachste Korrelationsmaß ist die empirische **Ko-Varianz**, die zwei stetige Ausprägungen x und y folgendermaßen definiert ist:

$$s_{xy} = \frac{1}{N-1} \sum_{n=1}^N (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})$$

Wenn wir die empirische Kovarianz für den Bereich $[-1, 1]$ normieren erhalten wir die **empirische Korrelation** dieser Ausprägungen Handelt es sich bei den beiden Ausprägungen 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")
```

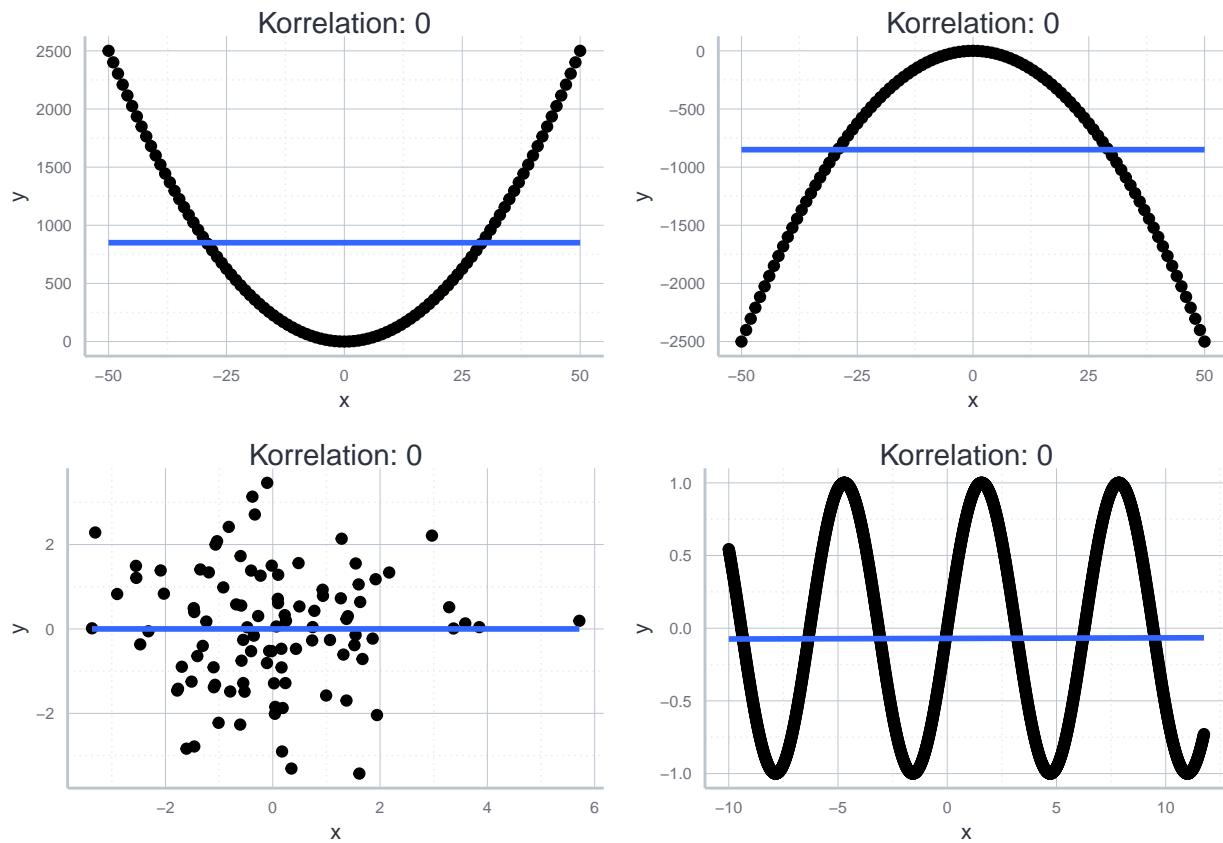
[1] 0.4937243

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) Ko-Varianz 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:



Daher ist es immer wichtig die Daten auch visuell zu inspizieren. Datenvizualisierung ist aber so wichtig, dass sie in einem eigenen Kapitel behandelt wird.

C.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. Sie 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:

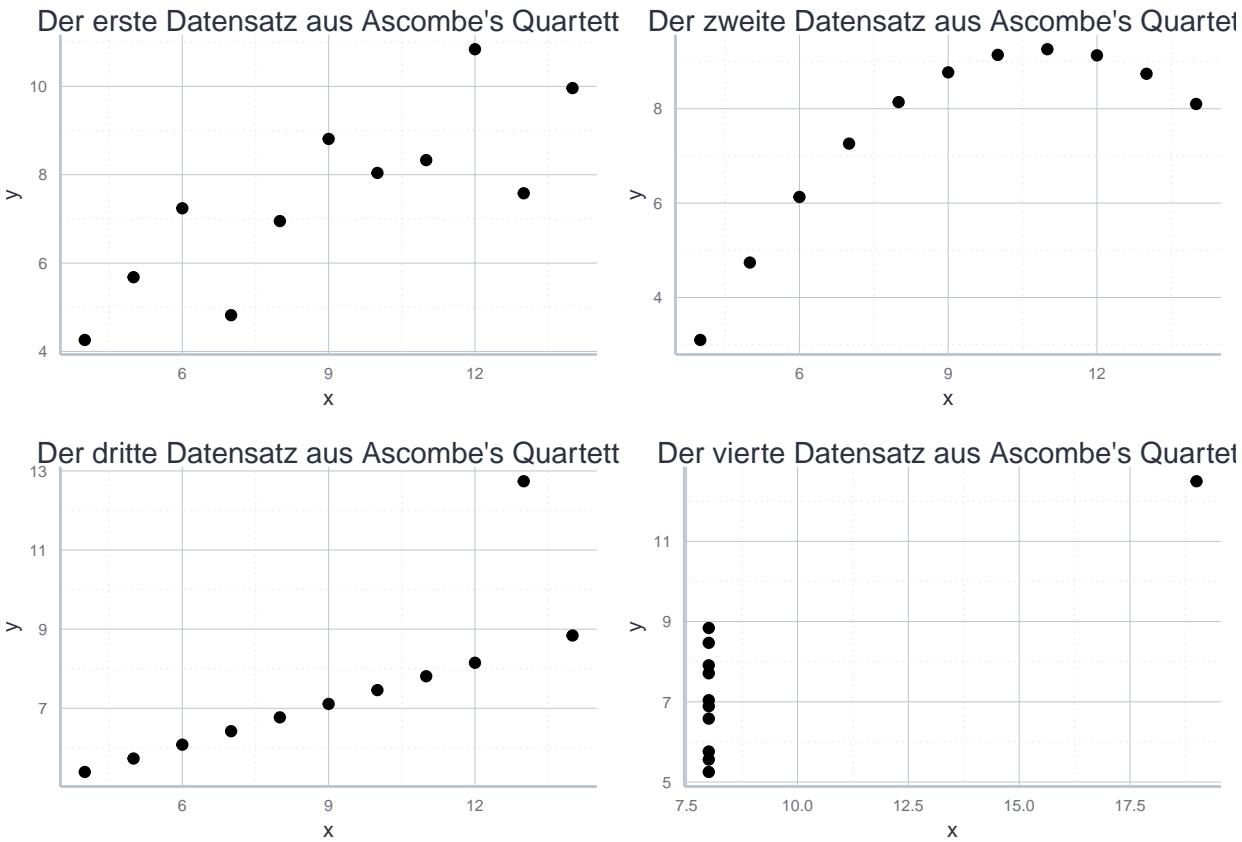
```
data("anscombe")
head(anscombe)
```

```
##   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.

C.4 Zusammenfassung

In der folgenden Tabelle wollen wir noch einmal die hier besprochenen Funktionen für den Themenbereich ‘Deskriptive Statistik’ zusammenfassen:

Maßzahl	Funktion	Beschreibung
Mittelwert	<code>mean()</code>	Wichtiges Lagemaß; arithmetisches Mittel der Daten

Maßzahl	Funktion	Beschreibung
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
Median	<code>quantile(0.5)</code>	Robustes Lagemaß; die Hälfte der Daten sind größer/kleiner
Ko-Varianz (num. Daten)	<code>cov(method = 'pearson')</code>	Nicht-normierter linearer Zusammenhang
Ko-Varianz (Ränge)	<code>cov(method = 'kendall')</code>	Ko-Varianz der Ränge nach der Kendall-Methode
Ko-Varianz (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		

Appendix D

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, die ‘genauen’ Ergebnisse 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 auf 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.²

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(icaeDesign)
library(AER)
library(MASS)
```

D.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 lernen werden.

Um zwischen dem wahren 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 .

¹Wenn Sie nicht mehr wissen, was eine Binomialverteilung ist finden Sie im [Anhang zur Wahrscheinlichkeitstheorie](#) eine Erläuterung.

²Die 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.

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 unbekannt 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. Wir lernen im Laufe der Veranstaltungen verschiedene Methoden, wie die *Momentenmethode* und die *Maximum-Likelihood Methode* genauer kennen.

D.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:³

³Wir 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 und später in dem Kurs besprochen.

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 $\mathcal{B}(n, p)$ angenommen. Diese Entscheidung muss auf Basis von theoretischen und empirischen Überlegungen getroffen werden. Für diskrete Daten macht 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 .⁴ 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 nach dem 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.

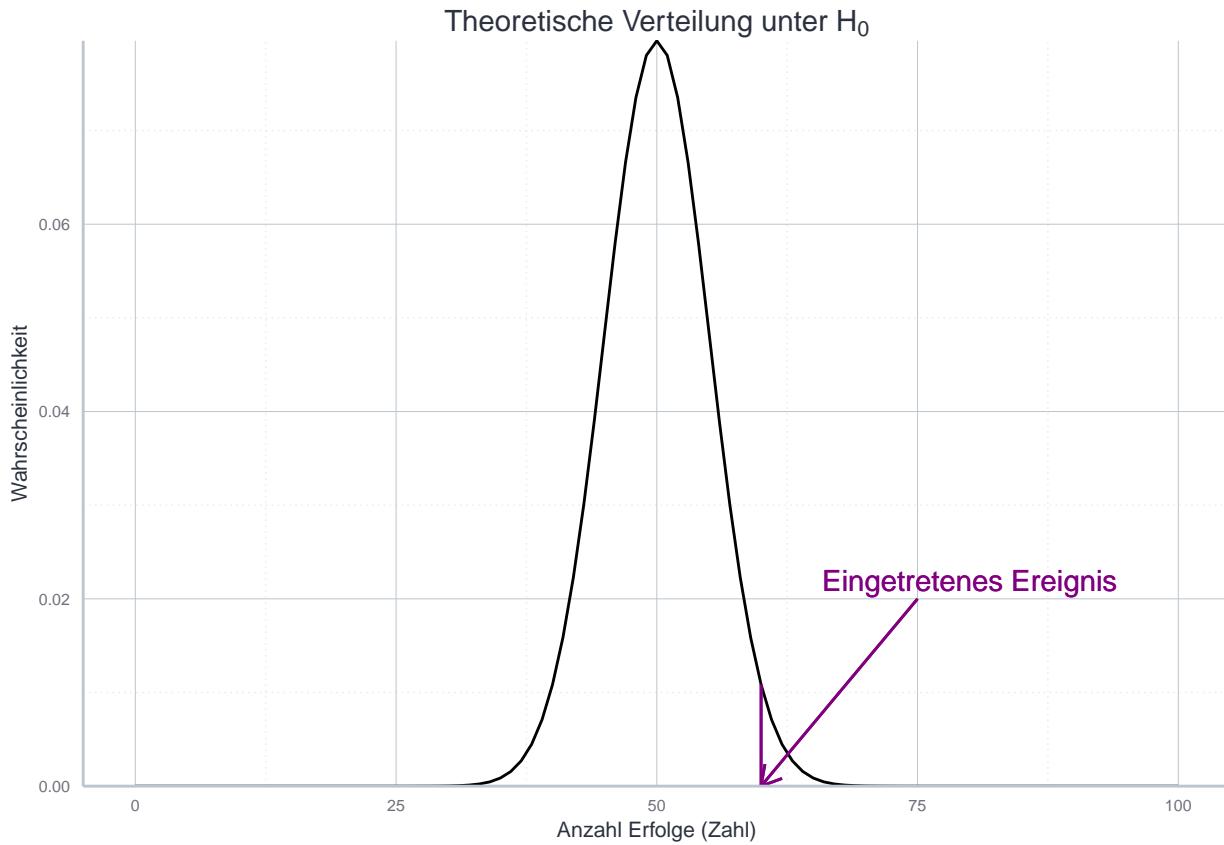
$H_0 : \theta = 0$ und $H_1 : \theta > 0$: Hier sprechen wir von einem **einseitigen Test nach oben**. Wir fragen uns hier nur ob θ größer ist als 0. Der Fall, dass $\theta < 0$, wird nicht beachtet. Natürlich können wir den einseitigen Test auch andersherum formulieren als $H_0 : \theta = 0$ und $H_1 : \theta < 0$. Dann sprechen wir von einem **einseitigen Test nach unten**.

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 $H_1 : p < 0.5$. KONKRETE BERECHNUNGEN FÜR DEN P WERT

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.⁵ 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:

⁴An machen 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 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.

⁵In 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.



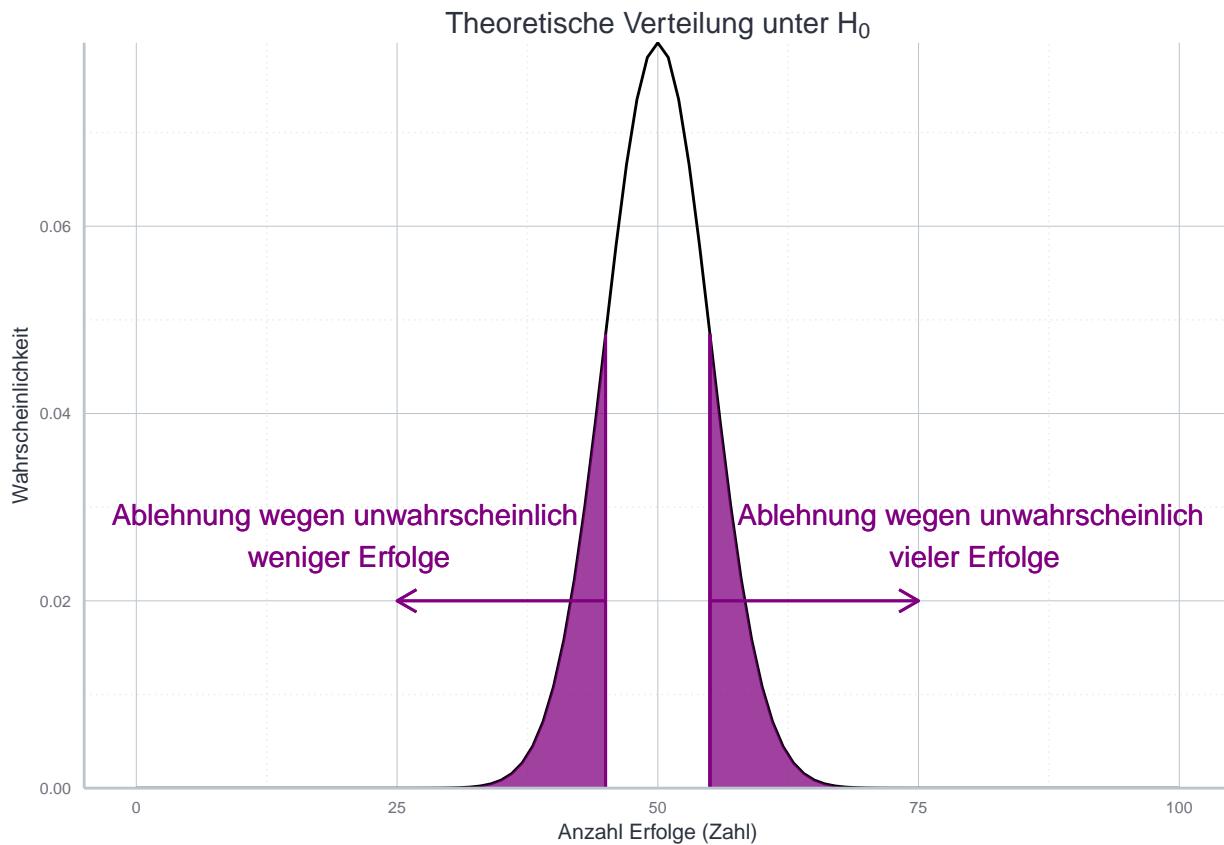
4. Schritt: Festlegung des Signifikanzniveaus: Wir müssen nun festlegen welches Risiko wir bereit sind einzugehen, unsere Nullhypothese H_0 zu verwerfen, obwohl sie eigentlich richtig ist. Die maximale Wahrscheinlichkeit für dieses unglückliche Ereignis bezeichnen wir mit α und sie bestimmt unser Signifikanzniveau. 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.⁶

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.⁷ 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 $\alpha = 0.05$ also folgendermaßen:

⁶Wir 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.

⁷Ganz im Sinne von Popper können mit Hilfe von statistischen Tests alle Hypothesen immer nur verworfen werden. Verifizieren können wir nichts!



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)`).

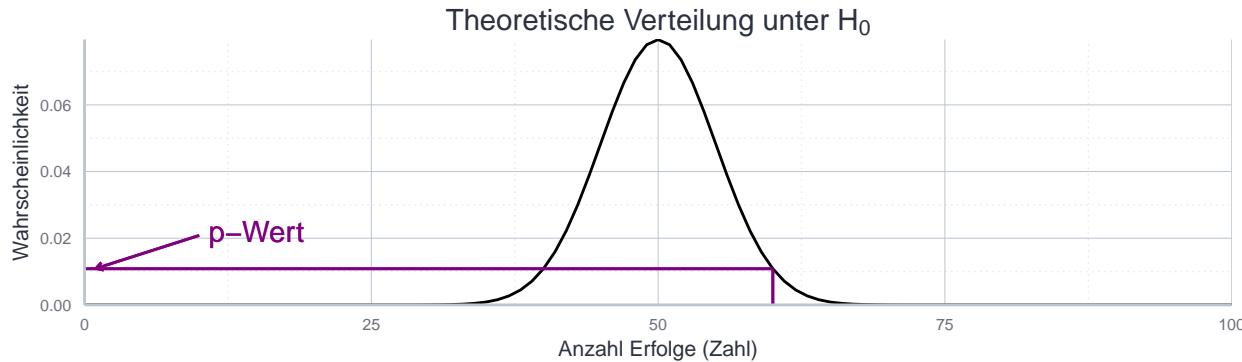
Über das Argument `x` informieren wir R über die tatsächlich beobachtete Anzahl von Erfolgen (in unserem Fall hier 60). Das Argument `n` spezifiziert die Anzahl der Beobachtungen. Mit `p` geben wir den unter H_0 angenommenen Wert für die Erfolgswahrscheinlichkeit an. Mit dem Argument `alternative` informieren 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.

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:



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 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 das 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:

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.

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:

$$\text{Macht} = 1 - \mathbb{P}(\text{Fehler 2. Art})$$

Eine vertiefte Diskussion von Macht und dem Trade-Off zwischen Fehlern 1. und 2. Art findet zu einem späteren Zeitpunkt in der Vorlesung statt.

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.

D.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.⁸

⁸Diese 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

Bibliography

- Aleskerov, F., Ersel, H., and Piontковski, 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.
- 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. (2019). Is Europe disintegrating? Macroeconomic divergence, structural polarization, trade and fragility. *Cambridge Journal of Economics*. DOI 10.1093/cje/bez059.
- 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.
- 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.
- 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>.
- 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.
- 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_sitcproduct2digit_year.
- Wainwright, K. and Chiang, A. (2005). *Fundamental Methods of Mathematical Economics*. McGraw-Hill. ISBN: 978-0071238236.
- 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. (2014). *ineq: Measuring Inequality, Concentration, and Poverty*. R package version 0.2-13.