Empirisch-Wissenschaftliches Arbeiten

Übung zur computergestützen Datenanalyse

© Prof. Dr. Stephan Huber

18. Juli 2024

Inhaltsverzeichnis

Vo	prwort	1
I.	Einleitung	4
1.	Die Programmiersprache R	5
2.	Wissenschaftliche Texte schreiben 2.1. WYSIWYG Anwendungen	6 6 7 8 9 9
II.	Anwendungen	10
3.	Daten einlesen und aufbereiten	11
4.	Zwei-Wege-ANOVA-Modellen 4.1. R-Sitzung einrichten	13 13 15 15 16 18 18 19 21 22 23 25
5.	ANOVA Ergebnisse und Quarto	29
6.	Regression 6.1. Making regression tables using apa_table	30 31 31 32 33 35

In halts verzeichn is

	6.8.	Interpretation of the results	36
	6.9.	Regression diagnostics	36
		6.9.1. Check assumptions	38
7.	Des	criptive Statistics of the NRW80+ Dataset	41
	7.1.	Technical Note	41
	7.2.	Import Data	42
	7.3.	How to Use the NRW80+ Data	42
		7.3.1. Load and Subset Data	
		7.3.2. Get an Overview by Counting	
		7.3.3. First Summary Statistics	
		7.3.4. Make Tables using tt()	
		7.3.5. Use the Likert Scale using gglikert()	
	7.4.	Cross-Referencing in R Markdown	
	7.5.	Exercises	
8.	Stat	istisch testen	62
	8.1.	t-Test	62
		8.1.1. Unterschiedliche Arten	62
		8.1.2. Vorraussetzungen	62
		8.1.3. Gepaarter t-Test	63
		8.1.4. t-Testen mit R	63
	8.2.	Beispiel	65
Lit	teratı	ır	78

Abbildungsverzeichnis

4.1.	Boxplots	17
4.2.	Boxplots mit ggbetweenstats	18
4.3.	Grafische Veranschaulichung des Models	24
7.1.	Experience of Ageing: Proportions of Answers (df_alterl)	58
7.2.	Experience of Ageing: Proportions of Answers (df_alterl_balance)	58
7.3.	Experience of Ageing: Proportions of Answers - Stacked (df_alter)	59
7.4.	Experience of Ageing: Proportions of Answers - Stacked (df_alterl_balance)	59

Tabellenverzeichnis

4.1.	Deskriptive Statistiken	16
4.2.	ANOVA Ergebnisse	21
6.1.	A full regression table	31
6.2.	Regression	37
7.1.	Summary Statistics: Experience of Ageing	55
7.2.	Summary Statistics: Experience of Ageing (psych)	56
7.3.	Summary Statistics: Experience of Ageing (psych)	56
7.4.	Experience of Ageing: Valuing Relationships and Other People More (By Gender)	57

Vorwort

Pine PDF-Version dieser Notizen ist hier verfügbar.

Bitte beachten Sie, dass der Inhalt der PDF-Version identisch ist, sie jedoch nicht für das PDF-Format optimiert wurde. Daher könnten einige Teile nicht wie beabsichtigt erscheinen.

Wikipedia sagt:

"Die Psychologie [...] ist eine empirische Wissenschaft"

Diese Unterlagen helfen...

- die Abfolge und die Inhalte der Übung zur computergestützen Datenanalyse zu überblicken,
- die Übungsaufgaben zu verstehen und zu bearbeiten und
- die Projektarbeit der Veranstaltung Empirisch-Wissenschaftliches Arbeiten erfolgreich zu gestalten.

Die Übung vermittelt...

- Kenntnisse der Programmiersprache R welche eine wissenschaftliche Datenbearbeitung und Datenanalyse ermöglichen.
- Kenntnisse zum programmbasierten Verfassen von wissenschaftlichen Arbeiten (Aufsätze, Bücher, Arbeitspapiere, Hausarbeiten).

Studierende lernen...

- Daten mit der Programmiersprache R und mit Hilfe der integrierten Entwicklungsumgebung RStudio einzulesen, zu bearbeiten und empirisch auszuwerten.
- Empirische Ergebnisse in ein publikationswürdiges Format zu übertragen.
- Einen APA konformes Manuskript mit Quarto, bzw. (R)Markdown, zu erstellen und dies entsprechend zu publizieren.
- Literatur entsprechend wählbaren Zitationsregeln unter Verwendung von Quarto und BibTeX in einen Aufsatz einzuarbeiten.

Studierende sollen...

- Die angeführte Literatur studieren: Ohne eigenständige Vor- und Nachbereitung lassen sich die Programmierkenntnisse nicht erlernen.
- Aktiv um Hilfe bitten: Wenn etwas unklar ist, kann ich individuell während des Kurses versuchen zu helfen. Für eine intensivere Betreuung, bitte ich mich zu kontaktieren, in die Sprechstunde zu kommen, oder eine außerordentliche Sprechstunde zu vereinbaren. Dies ist möglich und erwünscht.
- Inhaltliche Fragen und Wünsche jederzeit kommunizieren. Es besteht die Möglichkeit diese in das Curriculum aufzunehmen.

Liebe Studierende,

das Erlernen einer Programmiersprache in Verbindung mit empirischen Arbeiten ist eine Herausforderung die Vielen keinen Spaß macht. So ist es nur Verständlich, dass die Sinnhaftigkeit dieses Kurses teilweise von Studierenden angezweifelt wird. Tätigkeiten die keinen Spaß machen, sollten sinnstiftend sein oder zumindest ein monetäres Einkommen sichern. Da das Vorhandensein von empirischen Kenntnissen und einer Programmiersprache in einem Lebenslauf zweifelsfrei in der heutigen Zeit die Vermittlungsfähigkeit und die Verhandlungsposition am Arbeitsmarkt wesentlich verbessern, will ich mich hier kurz bemühen, die Sinnhaftigkeit zu thematisieren.

Ich verstehe die Abneigung gegenüber diesen Kurs: Viele haben sich nicht für ein Studium der Psychologie entschieden, um empirische Methoden und deren computergestützte Umsetzung zu erlernen. In der modernen Welt aber, insbesondere in der psychologischen Forschung, ist ein Verständnis von empirischen Methoden sowie deren computergestützten Umsetzung die praktische Voraussetzung zum Erkenntnisgewinns. Ohne dieses Verständnis verharrt man bei rein theoretische und philosophische Überlegungen ohne jede Evidenz. Eine professionell agierende Psychologin und Psychologe, sollte die Fähigkeit besitzen die Literatur in seinem Fach zu begreifen sowie in der Lage ein die Ergebnisse kritisch zu hinterfragen und/oder zu überprüfen.

Ich bemühe mich, die Veranstaltung so attraktiv wie möglich zu gestalten. Ich biete...

- ein ausführliches Skript zur Programmiersprache R an, welches
 - eine Batterie an Übungsaufgaben mit Lösungskripten und
 - eine Vielzahl an interaktive Übungen zum eigenständigen bearbeiten enthält.
- dieses Skript, welches
 - Psychologie-spezifische empirische Inhalte aufgreift und
 - Software vorstellt, welche die Erstellung der Projektarbeit erleichtert.
- mündliche Erklärungen in der Veranstaltung.
- die Möglichkeit spezifische Fragen zu stellen und Unklarheiten anzusprechen.
- individuelle Betreuung während und außerhalb der Sprechstunde.

Wenn sie Vorschläge und Wünsche bezüglich der Inhalte oder der didaktischen Aufbereitung haben, bitte ich diese auszusprechen. Konstruktive Kritik ist sehr willkommen. Ich nehme diese an und ernst. Ob Sie diesen Kurs letztendlich als gelungen betrachten, ist ihrer Wahrnehmung überlassen. Bevor Sie den Kurs aber schlecht evaluieren, bitte ich sie um Folgendes: Fragen Sie sich, ob ihr Wille und ihr Wunsch ausgeprägt genug waren, um sich ernsthaft mit den Inhalten

Vorwort

und den Angeboten auseinanderzusetzen und ob sie mir evtl. die Gelegenheit gegeben haben auf Ihre Wünsche einzugehen.

Abschließend wünsche ich Ihnen viel Freude mit dem Kurs und den angebotenen Unterlagen und Inhalten. Ich freue mich, diesen Kurs halten zu dürfen und zu können. Es ist mir stets eine Freude, den anwesenden Studierenden R, Quarto, BibTeX und Co. erklären zu können. Ich wünsche mir, möglichst Viele mit den dargebotenen Inhalten, das Studium zu bereichern und die Bearbeitung der Projektarbeit sowie der Abschlußarbeit zu erleichtern.

Ihr Stephan Huber



• Lizenz

Attribution-NonCommercial-Dieses Skript wird unter der CreativeCommonsNoDerivatives 4.0 International Lizenz veröffentlicht. Das bedeutet, dass die Inhalte wiederverwendet, remixt, behalten, überarbeitet und weiterverbreitet werden können, solange den Autoren angemessenes Credit gegeben wird. Wenn Sie die Originalversion dieses offenen Skirpts remixen oder modifizieren, müssen Sie alle Versionen dieses offenen Skripts unter derselben Lizenz weiterverbreiten.

Teil I. Einleitung

1. Die Programmiersprache R

Ich bitte Sie, studieren sie das Skript How to use R for data science [Huber, 2024c].

In den ersten Wochen werden wir uns ausschließlich damit beschäftigen, die Programmiersprache R zu erlernen. Das ist ähnlich mühsam wie das Erlernen einer wirklichen Sprache. Wer keine Lust darauf hat, wird es schwer haben. Ich beispielsweise hatte in der Schule überhaupt keine Lust auf Englisch und Latein. Dementsprechend schlecht waren meine Noten. Ich musste die siebte Klasse wiederholen und bis zum Abitur waren Sprachen für mich ein nötiges Übel. Erst als ich im Studium sah, dass praktisch alle relevanten und für mich interessanten Artikel und Bücher in englischer Sprache verfasst sind, machte das Erlernen der Sprache einen Sinn für mich. Jetzt lehre ich abseits dieses Kurses ausschließlich auf Englisch und publiziere in englischer Sprache. Interesse und Freude sind mächtige Katalysatoren für Erfolg.

Das Schreiben von Code ist für die meisten Studierenden Neuland. Studierende im Jahr 2024 sind zumeist mit dem Smartphone aufgewachsen und demnach sind Sie es gewohnt, ihre Geräte (Smartphone, Tablet, Desktop-PC) ohne zur Hilfenahme einer Programmiersprache zu steuern. Das ist wunderbar: Die grafische Benutzeroberfläche heutzutage erlaubt eine effiziente und intuitive Art der Steuerung mit der Computermaus, durch Wischen, Tippen oder durch Spracheingabe. Leider hat diese Art der Steuerung massive Nachteile beim wissenschaftlich orientierten Arbeiten mit Daten. Insbesondere was die Reproduzierbarkeit der Ergebnisse und die Flexibilität des Arbeitsprozesses anbelangt, stößt man bei Applikationen ohne Code an Grenzen. Die Vor- und Nachteile von Script-basierten Arbeiten werden im Kapitel *The limitations of no-code applications* [Huber, 2024c] ausführlich erläutert.

Zusammenfassend sollten Studierende nach den ersten 5-6 Unterrichtseinheiten folgendes getan haben beziehungsweise erlernt haben:

- Installation von
 - -R
 - RStudio und der
 - gängisten Pakete.
- Wissen über...
 - den Aufbau von R Skripten.
 - die Verwendung von Funktionen, Objekten und Pakete in R.
 - die grundsätzlichen Eigenheiten der Programmiersprache R.
 - das Ausführen von Code (Ctrl+Enter, Klicken von Run, oder durch die Funktion source()).
 - die Verwendung von Pipes mit dem Pipe Operator (|>).
 - die Verwendung von logischen und relativen Operatoren.
 - die Funktionen des Pakets dplyr (filter(), select(), mutate(), summarise(),
 etc.)

2. Wissenschaftliche Texte schreiben

Studierende verwenden zum Verfassen wissenschaftlicher Texte gerne Microsoft Word, Apples Pages oder LibreOffice. Diese Textverarbeitungsprogramme zeigen das Dokumentenlayout bereits während des Schreibens an. Dies wird auch als "What you see is what you get" (WYSIWYG) Prinzip bezeichnet. Dieses Prinzip und die entsprechenden Anwendungen sind weit verbreitet und erscheinen vielen als alternativlos. Dies trifft jedoch keineswegs zu: Es gibt eine Vielzahl alternativer Textsatz-Systeme wie LaTeX, Markdown, R Markdown und Quarto, die beachtenswerte Vorteile bieten. Nicht ohne Grund nutzen viele professionell arbeitende Wissenschaftler und Publizisten diese Alternativen. Eine große Anzahl von Doktorarbeiten und wissenschaftlichen Aufsätzen wird mit LaTeX verfasst, und nahezu alle Herausgeber und Verlage arbeiten mit codebasierten Alternativen, die nicht dem WYSIWYG-Prinzip folgen.

Bei codebasierten Alternativen werden die Angaben zum Layout entweder an den Anfang des Textes oder direkt in den Fließtext eingefügt. Das endgültige Dokument wird erst nach der Umwandlung (auch Kompilieren oder Rendern genannt) in ein Dokumentformat wie PDF sichtbar. Dies mag zunächst gewöhnungsbedürftig sein und sicherlich weniger intuitiv als eine WYSIWYG-Benutzeroberfläche. Doch die intuitivste Lösung ist nicht zwangsläufig die beste oder einfachste. Die vielen Studienarbeiten, die ich betreuen durfte, zeigen deutlich, dass die intuitiven Features von MS Word und Pages sich mittel- und langfristig oft als zeitaufwändig erweisen und Nutzer nur unzureichend dabei unterstützen, Fehler beim Verfassen von wissenschaftlichen Arbeiten zu vermeiden. Studierende, die sich gegen eine WYSIWYG-Office-Anwendung entscheiden, sind in der Regel weniger frustriert und erfolgreicher – zumindest trifft dies auf die von mir betreuten Arbeiten zu.

Codebasierte Anwendungen ermöglichen es den Schreibenden, sich auf die eigentliche Textarbeit zu konzentrieren. Die Feinheiten des Formats und die Einhaltung von Zitationsregeln werden größtenteils automatisch von der Software übernommen. Die notwendige Anfangsinvestition, sich etwa mit Quarto vertraut zu machen, macht sich schnell bezahlt, und die Qualität der wissenschaftlichen Texte verbessert sich spürbar.

In den folgenden Unterabschnitten werde ich zunächst die typische Nutzung von WYSIWYG-Anwendungen umreißen. Anschließend werde ich die Vorteile des codebasierten Verfassens von Texten am Beispiel von Quarto beleuchten, um dann zu erläutern, wie das Verfassen von Texten mit Quarto gelingen kann.

2.1. WYSIWYG Anwendungen

Die Nutzung klassischer Textverarbeitungsprogramme wie Microsoft Word oder Apple Pages zum Verfassen wissenschaftlicher Texte ist in der studentischen Welt weit verbreitet. Obwohl diese Programme für alltägliche Schreibprojekte benutzerfreundlich sind, erzeugen sie erheblichen Mehraufwand, um den Ansprüchen wissenschaftlicher Arbeit gerecht zu werden.

Ein erstes Problem ist die Einbindung von Literatur. Die korrekte Formatierung nach verschiedenen Zitierrichtlinien ist oft alles andere als intuitiv und Fehler treten leicht auf. Dies gilt insbesondere, wenn die von der Software bereitgestellten Zitat- und Bibliografiefunktionen

nicht oder nicht richtig genutzt werden. Anstelle externer Zitationsmanager zu nutzen und sich in deren Gebrauch einzuarbeiten, verfassen viele Studierende Zitate und Literaturlisten manuell. Dies führt erfahrungsgemäß zu zahlreichen kleinen und manchmal größeren Fehlern, die vermeidbar wären.

Ein weiterer Schwachpunkt von studentischen Arbeiten ist die Einhaltung spezifischer Formatierungsvorgaben. Akademische Institutionen und Journale fordern oft eine strenge Beachtung von Formatierungsrichtlinien, inklusive der Gestaltung von Titelseiten, Kopf- und Fußzeilen, Seitenrändern und Überschriftenhierarchien. Zwar bieten Word und Pages Vorlagen und Stile an, diese müssen jedoch für jedes Dokument individuell angepasst und oft aufgrund geringfügiger Änderungen im Text modifiziert werden. Wenn eine Formatanpassung erforderlich wird, ist dies meistens nur mit großem Aufwand möglich.

Das Einfügen empirischer Ergebnisse wie statistischer Daten und Grafiken stellt eine zusätzliche Hürde dar. In Word und Pages gestaltet sich der Vorgang häufig manuell: Forschungsdaten müssen aus Statistiksoftware exportiert, als Bilder abgespeichert und anschließend in das Dokument eingebunden werden. Ändert sich etwas an den Daten, so muss dieser mühsame Prozess wiederholt werden, was den Arbeitsaufwand signifikant erhöht und die Fehleranfälligkeit steigert.

2.2. Vorteile von codebasierten Anwendungen

Der traditionelle Ansatz zum Verfassen wissenschaftlicher Texte mittels MS Word oder Pages kann für Studierende zeitaufwendig und fehleranfällig sein. Im folgenden Abschnitt möchte ich Quarto (bzw. R Markdown) vorstellen, eine moderne Alternative, die folgende Vorteile bietet:

- Mit Quarto lassen sich mühelos verschiedene Ausgabeformate generieren. So kann derselbe Text beispielsweise als Website (HTML), Manuskript (PDF, DOCX), Buch (EPUB, PDF) oder in Form von Präsentationsfolien (PDF). Diese Flexibilität erlaubt es, sich eher auf den Inhalt als auf das Format zu konzentrieren.
- Die Formatierung kann in Quarto einfach geändert werden indem bestimmte Vorlagen verwendet werden.
- Literaturreferenzen lassen sich unkompliziert einbinden, während die Einhaltung von Zitierregeln von der Software übernommen wird. Quartos Integration mit Zitationsverwaltungssystemen ermöglicht es, Literaturverweise und Bibliografien effizienter und konsistenter zu handhaben als beispielsweise in Word.
- Querverweise auf Abschnitte, Tabellen und Abbildungen lassen sich leicht erstellen.
- Die Datenanalyse und das Erstellen von Datenoutputs erfolgen direkt in Quarto. Dadurch sind dargestellte Grafiken und Tabellen stets aktuell und manuelles Nachbearbeiten entfällt, wodurch die Reproduzierbarkeit der Ergebnisse gewährleistet ist.
- Forschende können ihre Datenvisualisierungen ohne manuelle Zwischenschritte direkt in den Text einbetten.
- Versionskontrollsysteme wie Git erleichtern die Zusammenarbeit an wissenschaftlichen Dokumenten, da Änderungen nachverfolgbar sind und integriert werden können, ohne auf komplexe und konfliktträchtige Vergleichstools angewiesen zu sein.

• Lesetipp

Für Interessierte empfehle ich den Onlinekurs *Introduction to Reproducible Publications with RStudio*, der explizit erläutert, wie man empirisch nachvollziehbar arbeitet. Eine etwas kompaktere Einführung bietet Bauer and Landesvatter [2023] und das Standardwerk zum

Thema stammt von Gandrud [2020].

2.3. Einführung in Quarto

Quarto kann in RStudio genutzt werden, um APA-konforme Texte zu erstellen. Gehen Sie dazu bitte wie folgt vor:

- Installieren Sie R und R Studio.
- Installieren Sie Quarto folgendermaßen:

```
install.packages("quarto")
```

• Installieren Sie das Paket tinytex, um PDF-Dateien zu generieren:

```
install.packages("tinytex")
tinytex::install_tinytex()
```

• Es ist zudem ratsam, weitere Pakete zu installieren, die später benötigt werden könnten:

```
if (!require(pacman)) install.packages("pacman")
pacman::p_load(knitr, rmarkdown, papaja)
```

- Eignen Sie sich Kenntnisse in Markdown an. Markdown ist eine leichtgewichtige Markup-Language zur Formatierung von Klartext. Sie ist eine essenzielle Fähigkeit für die effektive Nutzung von Quarto. Beginnen Sie damit, ausreichend Markdown für die Strukturierung Ihrer Arbeit zu erlernen, einschließlich Überschriften, Listen, Links und Codeblöcken. Markdown ist schnell zu erlernen; ich empfehle dazu den Besuch von www.markdowntutorial.com und das Durcharbeiten der interaktiven Lektionen sowie des Abschnitts Markdown Basics auf quarto.org.
- Machen Sie sich vertraut mit Quarto. Als Lektüre dient Telford [2023]: Enough Markdown
 to Write a Thesis, welcher fast alles abdeckt, was für das akademische Schreiben hilfreich
 ist. Alternativ finden Sie umfassende Informationen zur Arbeit mit Quarto direkt auf der
 Webseite quarto.org/docs/guide.

i Quarto und R markdown

Quarto ist ein relativ neues Werkzeug und kann als Nachfolger von R Markdown betrachtet werden. Die meisten R Markdown-Dokumente sind mit Quarto kompatibel. Allerdings bietet Quarto einige verbesserte Funktionen gegenüber R Markdown, die die Benutzerfreundlichkeit steigern. Einen detaillierten Überblick über die Unterschiede und Gemeinsamkeiten zwischen den beiden Plattformen finden Sie in [diesem Artikel] (https://quarto.org/docs/faq/rmarkdown.html).

2.4. Erste Schritte mit Quarto

- Öffnen Sie RStudio.
- Wählen Sie "File" -> "New File" -> "Quarto Document" und dann "Create".
- Speichern Sie die neue Datei in einem leeren Ordner und definieren Sie diesen Ordner als Ihr Arbeitsverzeichnis.
- Klicken Sie auf "Render".
- Besuchen Sie die Webseite *Markdown Basics*, fügen Sie etwas Markdown in Ihr Dokument ein und klicken Sie erneut auf "Render".
- Klicken Sie auf den Pfeil neben dem "Render"-Knopf. Hier können Sie andere Dateiformate auswählen und diese generieren. Probieren Sie es aus.
- Konsultieren Sie die Webseite PDF Basics und ergänzen Sie Ihren Header mit den dort gefundenen Informationen.
- Versuchen Sie das Paper von Huber and Rust [2016], das Sie hier finden, in Ihrem Dokument zu zitieren.
 - Klicken Sie dazu auf "Visual",
 - gehen Sie an die Stelle im Text, an der Sie das Paper zitieren möchten, und wählen Sie "Insert" -> "Citation".
 - Suchen Sie im Kontextmenü mithilfe der entsprechenden DOI (https://doi.org/10.1177/1536867X160 nach dem Papier und fügen Sie es ein.
- Um mit dem APA Version 7-Stil zu zitieren, schreiben Sie folgendes in den YAML-Header:

csl: "https://www.zotero.org/styles/apa"

• Wählen Sie einen anderen Zitierstil von www.zotero.org/styles. Rendern Sie dann das Dokument erneut und beobachten Sie die Unterschiede.

2.5. APA konformes Manuscript erstellen mit Quarto (apaquarto)

Um ein APA konformes Manuscript zu erstellen, empfiehlt es sich, die *Quarto Extension* apaquarto zu benutzen. Wie das geht wird hier genau beschrieben. Durch die Verwendung der Vorlage werden alle APA Regeln automatisch berücksichtigt. Da auch APA viel Spielraum lässt und jeder Gutachter Sonderwünsche hat, erlaubt es apaquarto, eine Vielzahl von Einstellungen. Beispielsweise kann in der Preamble (YAML header) die Sprache geändert werden oder der allgemeine Stil des Dokumentes verändert werden.

2.6. Vorlage zur Hausarbeit mit Quarto

Ich habe eine Vorlage erstellt, die Sie zur Erstellung ihrer Hausarbeit verwenden können. Sollte bei Ihnen etwas nicht funktionieren oder sie Hinweise zur Verbesserung haben, freue ich mich über eine Nachricht. Um die Vorlage zu verwenden, folgen Sie bitte den anweisungen auf meinem GitHub Account im Repository $temp_apa_de$:

https://github.com/hubchev/temp_apa_de

Teil II. Anwendungen

3. Daten einlesen und aufbereiten

Dieses Dokument beschreibt exemplarisch die Datenaufbereitung der Datei 'Dataset 71.txt'. Alle Schritte werden mit R durchgeführt. Der Code ist in die Quarto Datein eingebettet. Die Ergebniss sind vollständig replizierbar. Der verwendete Code kann wieder und anderweitig verwendet werden.

? Tipp

Die PDF Datei kann hier heruntergeladen werden: https://github.com/hubchev/ewa/raw/main/ss_24/read_in_71/doc_read_in_71.pdf.

Um die komplette Arbeit zu replizieren und gegebenfalls auf einen anderen Datensatz anzuwenden, kann das Repository "ewa" von meinem GitHub Account heruntergeladen werden. Alle entsprechenden Dateien befinden sich im Verzeichnis "ewa/ss_24/read_in_71". Hier ist der Link zu dem entsprechenden Repository: https://github.com/hubchev/ewa/

Wie das alles im Detail von statten geht, wurde in der Übung behandelt.

```
Hier finden sie den Ausschnitt des Codes der für die Datenbereinigung zuständig
if (!require(pacman)) install.packages("pacman")
pacman::p_load(tidyverse, janitor, psych, tinytable, ggstats,
               modelsummary, knitr, kableExtra, labelled)
rm(list = ls())
setwd("~/Dropbox/hsf/github/ewa/ss_24/read_in_71")
df_raw <- read.delim("Dataset 71.txt")</pre>
df_cosmetic <- df_raw |>
 clean_names() |>
 as tibble() |>
 mutate(across(everything(), ~ if_else(is.nan(.), NA, .))) |>
 rowwise() |>
 filter(!all(across(starts_with("item_"), ~ is.na(.)))) |>
  ungroup()
df <- df_cosmetic |>
 rowwise() |>
 mutate(outlier = max(abs(c across(starts_with("item_"))), na.rm = TRUE)) ||>
 mutate(has_outlier = if_else(outlier > 5 | outlier == 0, TRUE, FALSE)) | >
 mutate(count_larger_5 =
           sum( c_across(starts_with("item_")) > 5 |
                  c_across(starts_with("item_")) == 0, na.rm = TRUE)) |>
 mutate(count_typos = sum(c_across(starts_with("item_")) %in%
                              c(11, 22, 33, 44, 55), na.rm = TRUE)) |>
 mutate(has_larger_5_notypos = (count_typos < count_larger_5)) |>
 mutate(has_typos = count_typos > 0 ) |>
 mutate(has_nas = if_else(anyNA(pick(starts_with("item_"))), TRUE, FALSE)) |>
  mutate(complete = (has_outlier == FALSE & has_nas == FALSE)) |>
  ungroup()
likert_levels <- c(</pre>
  "Stimme überhaupt nicht zu",
  "Stimme nicht zu",
  "Neutral",
  "Stimme zu",
  "Stimme voll und ganz zu"
df chr <- df |>
 mutate(across(starts_with("item_"),
                ~ case_when(
                  . == 1 ~ "Stimme überhaupt nicht zu",
                   . == 2 ~ "Stimme nicht zu",
                  . == 3 ~ "Neutral",
                  . == 4 ~ "Stimme zu",
                  . == 5 ~ "Stimme voll und ganz zu",
                  TRUE ~ as.character(.)
                )))|>
 mutate(across(starts_with("item_")2 ~ factor(.x, levels = likert_levels)))
df_complete <- df_chr |>
```

4. Zwei-Wege-ANOVA-Modellen

Dies ist eine Übung, bei der Datenmanagement mit den dplyr-Funktionen pivot_longer, rename und bind_rows geübt wird. Außerdem zeige ich, wie eine ANOVA-Analyse mit R durchgeführt und in Quarto veranschaulicht werden kann. Dabei beziehe ich mich auf den Inhalt von Childs et al. [2021, Kapitel 27].

Unser Ziel ist es, zu lernen, wie man mit Zwei-Wege-ANOVA-Modellen in R arbeitet, anhand eines Beispiels aus einem Pflanzenwettbewerbsexperiment. Der Arbeitsablauf ist sehr ähnlich wie bei der Einweg-ANOVA in R. Wir beginnen mit dem Problem und den Daten und arbeiten dann durch die Modellanpassung, die Bewertung der Annahmen, den Signifikanztest und schließlich die Darstellung der Ergebnisse.

4.1. R-Sitzung einrichten

4.2. Daten einlesen

Pflanzen haben einen optimalen Boden-pH-Wert für ihr Wachstum, und dieser variiert zwischen den Arten. Folglich würden wir erwarten, dass wenn wir zwei Pflanzen im Wettbewerb zueinander unter verschiedenen pH-Werten anbauen, der Effekt des Wettbewerbs je nach Boden-pH-Wert unterschiedlich ausfallen könnte. In einer aktuellen Studie wurde das Wachstum des Grases Festuca ovina (Schaf-Schwingel) im Wettbewerb mit der Besenheide Calluna vulgaris (Heidekraut) in Böden mit unterschiedlichen pH-Werten untersucht. Calluna ist gut angepasst, auf sehr sauren Böden wie dem Millstone Grit und den Hochmoorflächen um Sheffield zu wachsen. Festuca wächst auf Böden mit einem viel breiteren pH-Bereich. Wir könnten die Hypothese aufstellen, dass Calluna in sehr sauren Böden ein besserer Konkurrent von Festuca sein wird als in mäßig sauren Böden. Hier sind die Daten: Die Spalten pH 3.5 und pH 5.5 enthalten das Gewicht, die Spalte Condition enthält die Anwesenheit oder Abwesenheit von Calluna.

Dies ist ein vollständig faktorielles Zwei-Wege-Design. Die Gesamtanzahl der unterschiedlichen Behandlungsgruppen beträgt $2 \times 2 = 4$. Für jede der Behandlungen gab es 5 Messwerte bzw. Pflanzen, was insgesamt $2 \times 2 \times 5 = 20$ Beobachtungen ergibt. Hier sind die vorliegenden Daten:

```
data_present <- data.frame(
   Condition = rep(c("Calluna Present"), each = 5),
   `ph_3_5` = c(2.76, 2.39, 3.54, 3.71, 2.49),
   `ph_5_5` = c(3.21, 4.10, 3.04, 4.13, 5.21),
   check.names = FALSE
)
data_present</pre>
```

```
Condition ph_3_5 ph_5_5
1 Calluna Present 2.76 3.21
2 Calluna Present 2.39 4.10
3 Calluna Present 3.54 3.04
4 Calluna Present 3.71 4.13
5 Calluna Present 2.49 5.21
```

```
data_absent <- data.frame(
   Condition = rep(c("Calluna Absent"), each = 5),
   `ph_3_5`= c(4.10, 2.72, 2.28, 4.43, 3.31),
   `ph_5_5` = c(5.92, 7.31, 6.10, 5.25, 7.45),
   check.names = FALSE
)
data_absent</pre>
```

```
Condition ph_3_5 ph_5_5
1 Calluna Absent 4.10 5.92
2 Calluna Absent 2.72 7.31
3 Calluna Absent 2.28 6.10
4 Calluna Absent 4.43 5.25
5 Calluna Absent 3.31 7.45
```

Um diese zwei Datensätze zu kombinieren, verwende ich die Funktion bind_rows (siehe R Dokumentation):

```
data <- bind_rows(data_present, data_absent)
data</pre>
```

```
Condition ph_3_5 ph_5_5
1 Calluna Present
                  2.76 3.21
2 Calluna Present
                  2.39
                        4.10
3 Calluna Present 3.54 3.04
4 Calluna Present 3.71 4.13
5 Calluna Present 2.49 5.21
  Calluna Absent 4.10
6
                        5.92
7
   Calluna Absent 2.72 7.31
  Calluna Absent 2.28 6.10
8
9
   Calluna Absent 4.43 5.25
10 Calluna Absent
                  3.31 7.45
```

Um diesen Datensatz nun im sogenannten *Long-Format* darzustellen, verwende ich die Funktion pivot_longer. Dieses Format hat bei der Verwendung einiger Befehle vorteile. Wie zwischen dem *Long-Format* und den *Wide-Format* gewechselt werden kann, bitte ich Wickham and Grolemund [2023]: 5.3 Lengthening data zu entnehmen.

```
festuca <- data |>
  pivot_longer(cols = starts_with("pH"), names_to = "ph", values_to = "weight") |>
  rename(calluna = Condition) |>
  mutate(across(c(calluna, ph), as.factor))

festuca
```

```
# A tibble: 20 x 3
   calluna
                          weight
                   ph
   <fct>
                   <fct>
                           <dbl>
                            2.76
 1 Calluna Present ph_3_5
                            3.21
 2 Calluna Present ph_5_5
 3 Calluna Present ph_3_5
                            2.39
 4 Calluna Present ph_5_5
                            4.1
 5 Calluna Present ph 3 5
                            3.54
 6 Calluna Present ph 5 5
                            3.04
7 Calluna Present ph_3_5
                            3.71
                            4.13
8 Calluna Present ph_5_5
9 Calluna Present ph_3_5
                            2.49
10 Calluna Present ph_5_5
                            5.21
11 Calluna Absent ph_3_5
                            4.1
12 Calluna Absent ph_5_5
                            5.92
13 Calluna Absent ph_3_5
                            2.72
14 Calluna Absent ph_5_5
                            7.31
                            2.28
15 Calluna Absent ph_3_5
16 Calluna Absent ph_5_5
                            6.1
17 Calluna Absent ph_3_5
                            4.43
                            5.25
18 Calluna Absent ph 5 5
19 Calluna Absent ph_3_5
                            3.31
20 Calluna Absent ph_5_5
                            7.45
```

4.3. Deskriptive Statistik

Um Aussagen über die Beziehung des pH-Werts mit der Pflanzenart tätigen zu können, sollte zunächst ein deskriptiver Blick auf die Daten getätigt werden. Lassen Sie uns also auf den Mittelwert und die Standardabweichung der vier Gruppen blicken. Dies kann tabellarisch oder grafisch geschehen.

4.3.1. Tabellarisch

Dies geht flexibel mit den Funktionen group_by in Kombination mit summarize:

```
summary_stats <- festuca |>
  group_by(calluna, ph) |>
  summarize(
    mean = mean(weight),
    sd = sd(weight)
) |>
  ungroup()

summary_stats
```

```
# A tibble: 4 x 4

calluna ph mean sd

<fct> <fct> <fct> <dbl> <dbl>

1 Calluna Absent ph_3_5 3.37 0.904

2 Calluna Absent ph_5_5 6.41 0.945

3 Calluna Present ph_3_5 2.98 0.609

4 Calluna Present ph_5_5 3.94 0.869
```

Wenn wir schließlich eine publikationswürdige Tabelle haben wollen, geht das wie folgt:

```
'``{r , echo=FALSE, warning=FALSE, message=FALSE}
#| label: tbl-desc_calluna
#| tbl-cap: Deskriptive Statistiken
#| tbl.align: left
summary_stats |>
    kable()
```

Das Ergebnis, ist in Tabelle 4.1 zu sehen.

Tabelle 4.1.: Deskriptive Statistiken

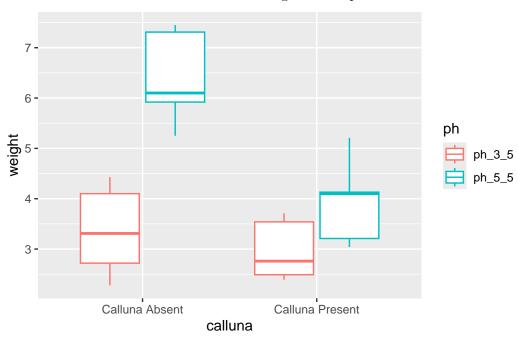
calluna	ph	mean	sd	
Calluna Absent	ph_3_5	3.368	0.9042511	
Calluna Absent	ph_5_5	6.406	0.9451614	
Calluna Present	ph_3_5	2.978	0.6089089	
Calluna Present	ph_5_5	3.938	0.8685448	

4.3.2. Grafisch

Boxplots bieten einen guten Einblick in die Häufigkeitsverteilung, ohne die Grafik zu überfrachten. Bei wenigen Beobachtungen, wie in unserem Fall, können sie aber problematisch sein da die Datengrundlage (5 Beobachtungen pro Boxplot) nicht ersichtlich ist, siehe Abbildung 4.1.

```
ggplot(data = festuca, aes(x = calluna, y = weight, colour = ph)) +
  geom_boxplot()
```

Abbildung 4.1.: Boxplots

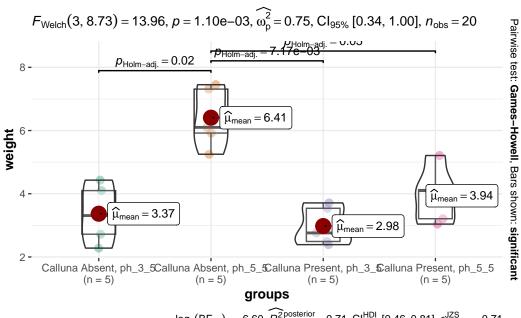


Mit der Funktion ggbetweenstats aus dem Paket ggstatsplot können die einzelnen Beobachtungen und die statistischen Test zu den Mittelwertvergleichen angezeigt werden, siehe Abbildung 4.2.

```
festuca_group <- festuca |>
  mutate(groups = paste(calluna, ph, sep = ", "))

plt <- ggbetweenstats(
  data = festuca_group,
  x = groups,
  y = weight
)</pre>
```

Abbildung 4.2.: Boxplots mit ggbetweenstats



 $log_e(BF_{01}) = -6.60$, $\widehat{R^2}_{Bayesian}^{posterior} = 0.71$, $Cl_{95\%}^{HDI}$ [0.46, 0.81], $r_{Cauchy}^{JZS} = 0.71$

4.4. t-Test

4.4.1. One Sample t-test

```
t.test(festuca$weight, mu = 4)
```

One Sample t-test

data: festuca\$weight
t = 0.49085, df = 19, p-value = 0.6292
alternative hypothesis: true mean is not equal to 4
95 percent confidence interval:
 3.436939 4.908061
sample estimates:
mean of x
 4.1725

t.test(festuca\$weight, mu = 1)

One Sample t-test

data: festuca\$weight
t = 9.0273, df = 19, p-value = 2.664e-08
alternative hypothesis: true mean is not equal to 1

```
95 percent confidence interval:
3.436939 4.908061
sample estimates:
mean of x
4.1725
```

2.978

3.938

```
4.4.2. Two sided t-test
t.test(data$ph_3_5, data$ph_5_5, paired = FALSE)
    Welch Two Sample t-test
data: data$ph_3_5 and data$ph_5_5
t = -3.6529, df = 13.013, p-value = 0.002917
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -3.1811156 -0.8168844
sample estimates:
mean of x mean of y
    3.173
              5.172
t.test(data_absent$ph_3_5, data_absent$ph_5_5, paired = FALSE)
   Welch Two Sample t-test
data: data_absent$ph_3_5 and data_absent$ph_5_5
t = -5.1934, df = 7.9844, p-value = 0.0008343
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -4.387422 -1.688578
sample estimates:
mean of x mean of y
    3.368
              6.406
t.test(data_present$ph_3_5, data_present$ph_5_5, paired = FALSE)
    Welch Two Sample t-test
data: data_present$ph_3_5 and data_present$ph_5_5
t = -2.0237, df = 7.1669, p-value = 0.08173
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -2.0764347 0.1564347
sample estimates:
mean of x mean of y
```

t.test(data_absent\$ph_3_5, data_present\$ph_5_5, paired = FALSE)

Welch Two Sample t-test data: data_absent\$ph_3_5 and data_present\$ph_5_5 t = -1.0165, df = 7.9871, p-value = 0.3392 alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 095 percent confidence interval: -1.8633899 0.7233899 sample estimates: mean of x mean of y 3.368 3.938 t.test(data_present\$ph_3_5, data_absent\$ph_5_5, paired = FALSE) Welch Two Sample t-test data: data_present\$ph_3_5 and data_absent\$ph_5_5 t = -6.8177, df = 6.8324, p-value = 0.0002776 alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0 95 percent confidence interval: -4.622899 -2.233101 sample estimates: mean of x mean of y 2.978 6.406 t.test(weight ~ ph, data = festuca) Welch Two Sample t-test data: weight by ph t = -3.6529, df = 13.013, p-value = 0.002917 alternative hypothesis: true difference in means between group ph_3_5 and group ph_5_5 is no 95 percent confidence interval: -3.1811156 -0.8168844 sample estimates: mean in group ph_3_5 mean in group ph_5_5 3.173 5.172 t.test(weight ~ calluna, data = festuca) Welch Two Sample t-test

data: weight by calluna

Tabelle 4.2.: ANOVA Ergebnisse

4.5. ANOVA

Verwenden Sie dieses Modell, um die ANOVA zu berechnen: weight ~ ph + calluna + ph:calluna

```
festuca_model <- aov(weight ~ ph + calluna + ph:calluna, data = festuca)
anova(festuca_model)</pre>
```

Analysis of Variance Table

```
Response: weight

Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)

ph 1 19.9800 19.9800 28.1792 7.065e-05 ***

calluna 1 10.2102 10.2102 14.4001 0.00159 **

ph:calluna 1 5.3976 5.3976 7.6126 0.01397 *

Residuals 16 11.3446 0.7090

---

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Diese Ergebnis können publikationswürdig mit den Funktionen apa_print aus dem Paket papaja und kable dargestellt werden, siehe Tabelle 4.2:

```
'``{r, echo=FALSE, eval=TRUE, message=FALSE, warning=FALSE}
#| label: tbl-festuca_model
#| tbl-cap: "ANOVA Ergebnisse"

apa_anova <- apa_print(festuca_model)
knitr::kable( apa_anova$table, booktabs=T)</pre>
```

4.6. Diagnostics

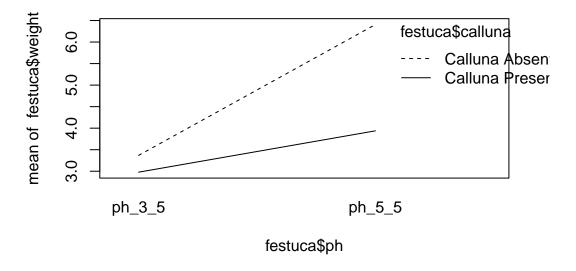
Lesen Sie Childs et al. [2021]: 27.5 Diagnostics. Außerdem ist diese Seite einen Blick wert. Dort finden Sie einige für die ANOVA-Diagnostik hilfreiche R-Funktionen.

4.7. Interaktions Diagramm

Ein Interaktionsdiagramm illustriert, wie zwei oder mehr unabhängige Variablen gemeinsam die abhängige Variable beeinflussen. Es hilft dabei, Wechselwirkungen zwischen Faktoren visuell darzustellen und besser zu verstehen, ob der Effekt einer unabhängigen Variablen von der Ausprägung einer anderen abhängt. Dies ist besonders wichtig, um mögliche Interaktionen identifizieren und interpretieren zu können, die in einer ANOVA-Analyse auftreten.

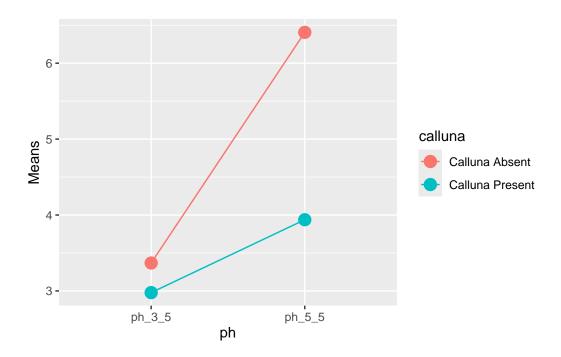
So ein Diagramm kann mit der Funktion interaction.plot erstellt werden:

```
interaction.plot(festuca$ph, festuca$calluna, response = festuca$weight)
```



Hier ist eine viel ansprechendere und flexiblere Methode, um Interaktionsdiagramme mithilfe der tidyverse-Funktionen zu erstellen:

```
# step 1. calculate means for each treatment combination
festuca_means <-
   festuca |>
   group_by(calluna, ph) |> # <- remember to group by *both* factors
   summarise(Means = mean(weight))</pre>
```



Bitte lesen Sie Childs et al. [2021]: 27.6.1 und berücksichtigen Sie Abbildung 4.3.

4.8. Multiple-Vergleichs-Test

Ein Multiple-Vergleichs-Test, wie der TukeyHSD-Test, wird verwendet, um nach einer ANOVA-Analyse die Unterschiede zwischen den Gruppenpaaren genauer zu untersuchen. Er hilft dabei, festzustellen, welche spezifischen Gruppen sich signifikant voneinander unterscheiden, indem er alle möglichen Paarvergleiche berücksichtigt. Dies ist besonders nützlich, um nach signifikanten Ergebnissen aus der ANOVA detailliertere Erkenntnisse zu gewinnen.

```
TukeyHSD(festuca_model, which = 'ph:calluna')
```

Tukey multiple comparisons of means 95% family-wise confidence level

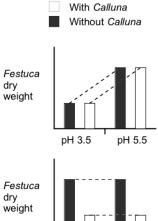
Fit: aov(formula = weight ~ ph + calluna + ph:calluna, data = festuca)

\$`ph:calluna`

```
diff
                                                             lwr
ph_5_5:Calluna Absent-ph_3_5:Calluna Absent
                                               3.038
                                                       1.5143518
                                                                  4.5616482
ph_3_5:Calluna Present-ph_3_5:Calluna Absent
                                              -0.390 -1.9136482
                                                                  1.1336482
ph_5_5:Calluna Present-ph_3_5:Calluna Absent
                                               0.570 -0.9536482
                                                                  2.0936482
ph_3_5:Calluna Present-ph_5_5:Calluna Absent
                                               -3.428 -4.9516482 -1.9043518
ph_5_5:Calluna Present-ph_5_5:Calluna Absent
                                               -2.468 -3.9916482 -0.9443518
ph_5_5:Calluna Present-ph_3_5:Calluna Present
                                               0.960 -0.5636482 2.4836482
                                                  p adj
                                               0.0001731
ph_5_5:Calluna Absent-ph_3_5:Calluna Absent
ph_3_5:Calluna Present-ph_3_5:Calluna Absent
                                              0.8826936
ph_5_5:Calluna Present-ph_3_5:Calluna Absent
                                               0.7117913
ph_3_5:Calluna Present-ph_5_5:Calluna Absent
                                              0.0000443
```

4. Zwei-Wege-ANOVA-Modellen

Abbildung 4.3.: Grafische Veranschaulichung des Models

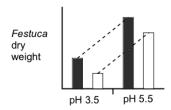


- Significant effect of soil pH
- No significant effect of Calluna
- No significant interaction

Festuca grows better at higher pH regardless of whether Calluna is present

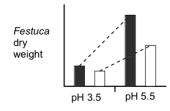
- pH 5.5 pH 3.5
- No significant effect of soil pH
- Significant effect of Calluna
- No interaction

Calluna reduces Festuca growth, but does so equally in both soil pHs. pH itself has no effect.



- significant effect of soil pH
- significant effect of Calluna
- no significant interaction

Festuca grows better in the absence of Calluna and also grows better at higher pH, but the effect of Calluna is the same magnitude at both pH levels.



- significant effect of soil pH
- significant effect of Calluna
- significant interaction

Festuca grows better in the absence of Calluna and also grows better at higher pH; however, Calluna has a much greater effect on Festuca growth at high pH than at low pH (giving the interaction).

Festuca weight pH 5.5 pH 3.5

- no significant effect of soil pH
- no significant effect of Calluna
- significant interaction

The growth of Festuca is the same, on average, at both pH levels (compare the means of the two bars at pH 3.5 and the two at pH 5.5), and it is also the same, on average, with and without Calluna (compare the means of the two white bars and of the two grey bars). However, the growth is affected by the pH / Calluna combination - at higher pH there is a higher growth without Calluna, but at lower pH it grows better with Calluna present.

```
ph_5_5:Calluna Present-ph_5_5:Calluna Absent 0.0014155
ph_5_5:Calluna Present-ph_3_5:Calluna Present 0.3079685
```

```
HSD.test(festuca_model, trt = c("ph", "calluna"), console = TRUE)
Study: festuca_model ~ c("ph", "calluna")
HSD Test for weight
Mean Square Error: 0.709035
ph:calluna,
            means
                      weight
                                               se Min Max Q25 Q50 Q75
ph_3_5:Calluna Absent 3.368 0.9042511 5 0.3765727 2.28 4.43 2.72 3.31 4.10
ph_3_5:Calluna Present 2.978 0.6089089 5 0.3765727 2.39 3.71 2.49 2.76 3.54
ph_5_5:Calluna Absent 6.406 0.9451614 5 0.3765727 5.25 7.45 5.92 6.10 7.31
ph_5_5:Calluna Present 3.938 0.8685448 5 0.3765727 3.04 5.21 3.21 4.10 4.13
```

Alpha: 0.05; DF Error: 16

Critical Value of Studentized Range: 4.046093

Minimun Significant Difference: 1.523648

Treatments with the same letter are not significantly different.

```
weight groups
ph_5_5:Calluna Absent 6.406
ph_5_5:Calluna Present 3.938
                                 b
ph_3_5:Calluna Absent
                       3.368
                                 b
ph_3_5:Calluna Present 2.978
                                 b
```

4.9. Schlussfolgerungen ziehen und Ergebnisse präsentieren

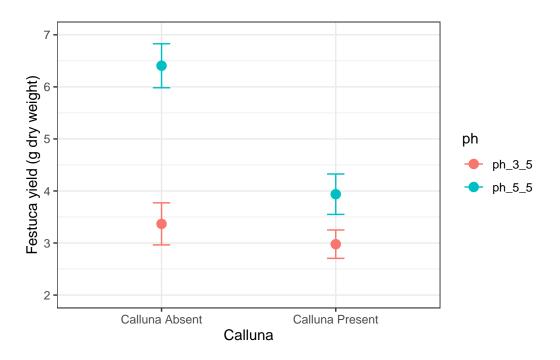
Hier sind einige Code-Beispiele, wie die oben gezeigten Diagramme viel schöner gestaltet werden könnten.

```
# step 1. calculate means for each treatment combination
festuca_stats <-
 festuca |>
 group_by(calluna, ph) %% # <- remember to group by the two factors
 summarise(means = mean(weight), SEs = sd(weight)/sqrt(n()))
```

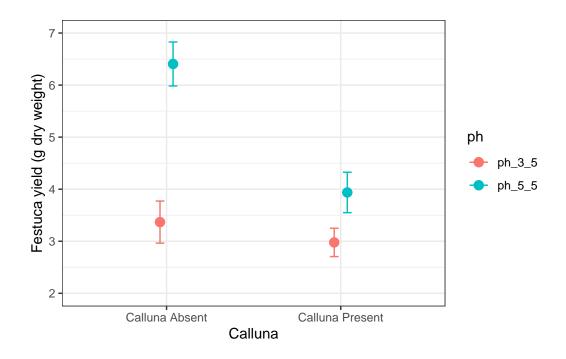
[`]summarise()` has grouped output by 'calluna'. You can override using the `.groups` argument.

4. Zwei-Wege-ANOVA-Modellen

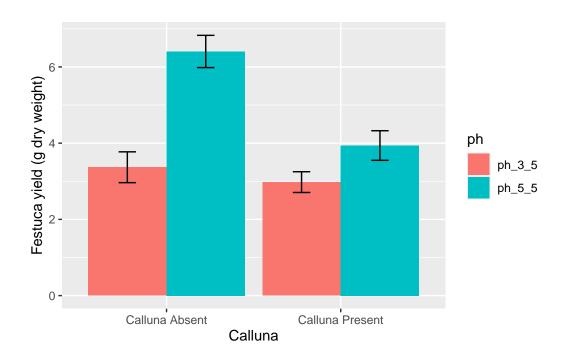
```
# step 1. calculate means for each treatment combination
festuca_stats <-
  festuca |>
  group_by(calluna, ph) %>% # <- remember to group by the two factors
  summarise(means = mean(weight), ses = sd(weight)/sqrt(n()))</pre>
```



```
scale_y_continuous(limits = c(2, 7)) +
xlab("Calluna") + ylab("Festuca yield (g dry weight)") +
# use a more professional theme
theme_bw()
```



4. Zwei-Wege-ANOVA-Modellen



5. ANOVA Ergebnisse und Quarto

In den folgenden zwei Abschnitten präsentiere ich zwei Dokumente. Beide Dokumente zeigen exemplarisch auf, wie ANOVA Analysen mit R durchgeführt und mit Hilfe von Quarto veranschaulicht werden können.

Um die dargestellten Ergebniss zu replizieren und den Code gegebenfalls auf einen anderen Datensatz anzuwenden, kann das Repository "ewa" von meinem GitHub Account heruntergeladen werden. Alle entsprechenden Dateien befinden sich im entsprechenden Unterverzeichnis "ewa/ss_24". Hier ist der Link zu dem entsprechenden Repository: https://github.com/hubchev/ewa/



Die PDF Datei kann hier heruntergeladen werden: https://github.com/hubchev/ewa/raw/main/ss_24/desc_aov/desc_aov.pdf.

Die dazu gehörende Quarto Datei sowie alle sonstigen Dateien, sind auf meinem GitHub Account zu finden [Huber, 2024b]: https://github.com/hubchev/ewa/

Wie das alles im Detail von statten geht, wurde in der Übung behandelt.

6. Regression

Please consider my lecture notes concerning **Regression Analysis** which you find here [Huber, 2024a].

Moreover, I highly recommend reading Wysocki et al. [2022] which is freely available here: https://journals.sagepub.com/doi/10.1177/25152459221095823. They explain how difficult it is to use regression analysis to dentify a causal impact. The main insights of the paper are nicely summarized here: https://osf.io/38mxq.

6.1. Making regression tables using apa_table

Here is an example how to use apa_table from the papaja package to make regression output tables.

```
rm(list = ls())

if (!require(pacman)) install.packages("pacman")
pacman::p_load(tidyverse, stargazer, kableExtra, papaja, haven, tinytable)

# Load the mtears detaget
```

```
# Load the mtcars dataset
data("mtcars")

# Fit a linear regression model
m1 <- lm(mpg ~ wt + hp, data = mtcars)
m2 <- lm(mpg ~ wt , data = mtcars)

# Summary of the model
summary(m1)</pre>
```

6. Regression

Tabelle 6.1.: A full regression table.

term	estimate	conf.int	statistic	df	p.value
Intercept	37.23	[33.96, 40.50]	23.28	29	< .001
Wt	-3.88	[-5.17, -2.58]	-6.13	29	< .001
Нр	-0.03	[-0.05, -0.01]	-3.52	29	.001

```
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Residual standard error: 2.593 on 29 degrees of freedom Multiple R-squared: 0.8268, Adjusted R-squared: 0.8148 F-statistic: 69.21 on 2 and 29 DF, p-value: 9.109e-12

```
apa_lm <- apa_print(m1)</pre>
```

```
'``{r , echo=FALSE, warning=FALSE, message=FALSE}
#| label: tbl-reg_class
#| tbl-cap: Deskriptive Statistiken
#| tbl.align: left

tt(apa_lm$table)
```

6.2. Data

In the statistic course of WS 2020, I asked 23 students about their weight, height, sex, and number of siblings:

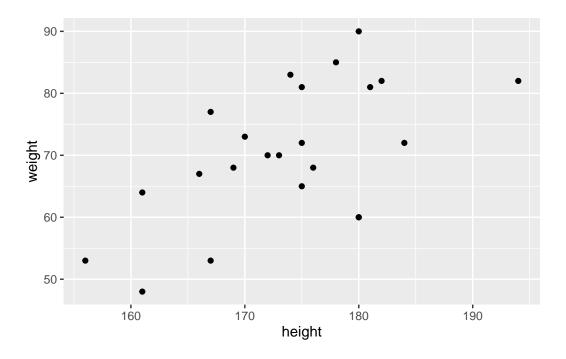
classdata <- read.csv("https://raw.githubusercontent.com/hubchev/courses/main/dta/classdata
head(classdata)</pre>

```
id sex weight height siblings row
1
 1
     W
          53
                156
                         1
                            g
2 2
          73
               170
                         1 g
     W
3 3 m
          68 169
                         1 g
          67 166
4 4
                         1 g
     W
5 5
          65
               175
                         1 g
     W
6 6
                         0
          48
                161
                            g
```

6.3. First look at data

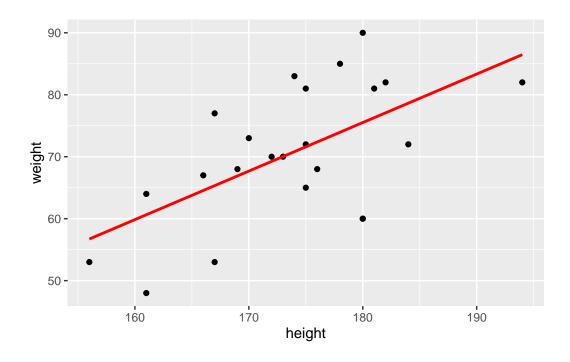
```
ggplot(classdata, aes(x=height, y=weight)) + geom_point()
```

6. Regression



6.4. Include a regression line:

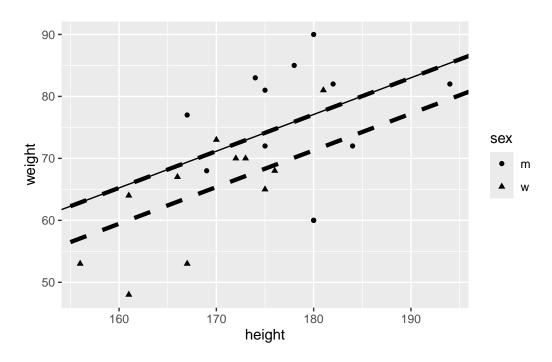
```
ggplot(classdata, aes(x=height, y=weight)) +
  geom_point() +
  stat_smooth(formula=y~x, method="lm", se=FALSE, colour="red", linetype=1)
```



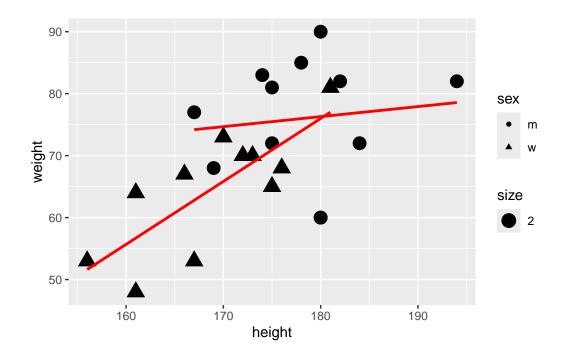
6.5. Regression: Distinguish male/female by including a seperate constant:

```
## baseline regression model
model <- lm(weight ~ height + sex , data = classdata )</pre>
show(model)
Call:
lm(formula = weight ~ height + sex, data = classdata)
Coefficients:
(Intercept)
                 height
                                sexw
   -29.5297
                 0.5923
                             -5.7894
interm <- model$coefficients[1]</pre>
slope <- model$coefficients[2]</pre>
interw <- model$coefficients[1]+model$coefficients[3]</pre>
summary(model)
Call:
lm(formula = weight ~ height + sex, data = classdata)
Residuals:
           1Q Median
   Min
                            3Q
                                   Max
-17.086 -3.730 2.850 7.245 12.914
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -29.5297 47.6606 -0.620 0.5425
                        0.2671 2.217
                                         0.0383 *
height
             0.5923
sexw
            -5.7894
                        4.4773 -1.293 0.2107
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 8.942 on 20 degrees of freedom
                              Adjusted R-squared: 0.3537
Multiple R-squared: 0.4124,
F-statistic: 7.019 on 2 and 20 DF, p-value: 0.004904
ggplot(classdata, aes(x=height, y=weight, shape = sex)) +
 geom_point() +
  geom_abline(slope = slope, intercept = interw, linetype = 2, size=1.5)+
 geom_abline(slope = slope, intercept = interm, linetype = 2, size=1.5) +
  geom_abline(slope = coef(model)[[2]], intercept = coef(model)[[1]])
```

Warning: Using `size` aesthetic for lines was deprecated in ggplot2 3.4.0. i Please use `linewidth` instead.

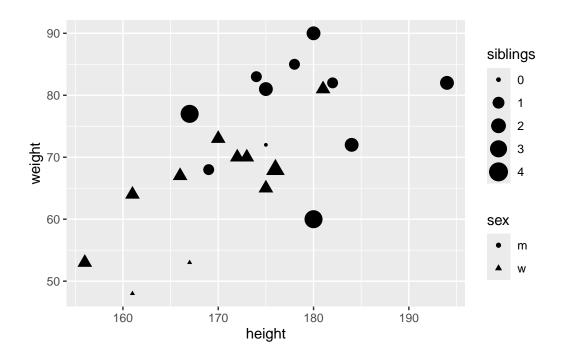


That does not look good. Maybe we should introduce also different slopes for male and female.

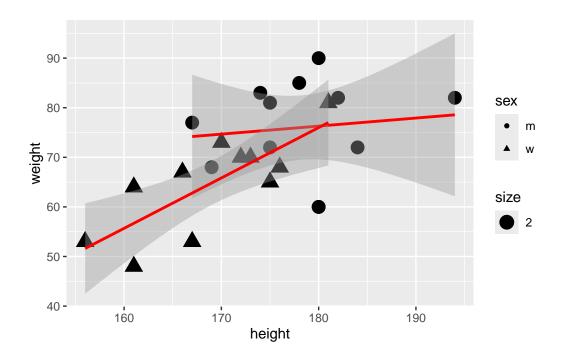


6.6. Can we use other available variables such as siblings?

```
ggplot(classdata, aes(x=height, y=weight, shape = sex)) +
  geom_point( aes(size = siblings))
```



6. Regression



6.7. Let us look at regression output:

```
m1 <- lm(weight ~ height , data = classdata )
m2 <- lm(weight ~ height + sex , data = classdata )
m3 <- lm(weight ~ height + sex + height * sex , data = classdata )
m4 <- lm(weight ~ height + sex + height * sex + siblings , data = classdata )
m5 <- lm(weight ~ height + sex + height * sex , data = subset(classdata, siblings < 4 ))</pre>
```

6.8. Interpretation of the results

- We can make predictions about the impact of height on male and female
- As both, the intercept and the slope differs for male and female we should interpret the regressions separately:
- One centimeter more for **MEN** is on average and ceteris paribus related with 0.16 kg more weight.
- One centimeter more for **WOMEN** is *on average* and *ceteris paribus* related with 1.01 kg more weight.

6.9. Regression diagnostics

Linear Regression makes several assumptions about the data, the model assumes that:

- The relationship between the predictor (x) and the dependent variable (y) has linear relationship.
- The residuals are assumed to have a constant variance.
- The residual errors are assumed to be normally distributed.

Tabelle 6.2.: Regression

		De	pendent varie	able:	
	Model-1	Model-2	$\begin{array}{c} \text{weight} \\ \text{Model-3} \end{array}$	Model-4	Model-5
	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)
height	0.78*** (0.23)	0.59** (0.27)	0.16 (0.36)	0.16 (0.37)	0.28 (0.39)
sexw		-5.79 (4.48)	-153.96^* (88.96)	-161.92^* (91.68)	-134.51 (90.65)
siblings				-1.16 (2.05)	
height:sexw			$0.85 \\ (0.51)$	$0.89 \\ (0.53)$	0.74 (0.52)
Constant	-65.44 (39.35)	-29.53 (47.66)	47.14 (64.81)	50.27 (66.23)	27.69 (70.36)
Observations R ² Adjusted R ² Residual Std. Error	23 0.36 0.33 9.08	23 0.41 0.35 8.94	23 0.49 0.41 8.57	23 0.50 0.38 8.73	21 0.57 0.50 8.04
F Statistic	11.98***	7.02***	6.02***	4.44**	7.59***

Note:

 $^* p{<}0.1; \,^{**} p{<}0.05; \,^{***} p{<}0.01$ Here are my notes.

• Error terms are independent and have zero mean.

More on regression Diagnostics can be found Applied Statistics with R: 13 Model Diagnostics

6.9.1. Check assumptions

When performing regression analysis, it is crucial to validate that the underlying assumptions of the model are met. These assumptions include linearity, independence, homoscedasticity (constant variance of residuals), absence of multicollinearity, and normality of residuals. Diagnosing these assumptions helps ensure the reliability and validity of the model.

In this section, we will explore how to perform regression diagnostics in R using the performance and see packages, which provide comprehensive tools for evaluating model assumptions and performance. Here is a sample code to illustrate these concepts:

```
# Load the required packages using pacman
pacman::p_load(performance, see)

# Check for heteroscedasticity (non-constant variance of residuals)
check_heteroscedasticity(m4)
```

OK: Error variance appears to be homoscedastic (p = 0.630).

```
# Check for multicollinearity (correlations among predictors)
check_collinearity(m4)
```

Model has interaction terms. VIFs might be inflated.

You may check multicollinearity among predictors of a model without interaction terms.

Check for Multicollinearity

Low Correlation

```
Term VIF VIF 95% CI Increased SE Tolerance Tolerance 95% CI height 2.90 [ 1.93, 4.90] 1.70 0.34 [0.20, 0.52] siblings 1.30 [ 1.07, 2.37] 1.14 0.77 [0.42, 0.94]
```

High Correlation

```
Term VIF VIF 95% CI Increased SE Tolerance Tolerance 95% CI sex 633.56 [359.01, 1118.64] 25.17 1.58e-03 [0.00, 0.00] height:sex 597.51 [338.60, 1054.98] 24.44 1.67e-03 [0.00, 0.00]
```

```
# Check for normality of residuals
check_normality(m4)
```

OK: residuals appear as normally distributed (p = 0.086).

6. Regression

```
# Check for outliers in the model
check_outliers(m4)
```

OK: No outliers detected.

- Based on the following method and threshold: cook (0.816).

- For variable: (Whole model)

```
# Evaluate overall model performance
model_performance(m4)
```

Indices of model performance

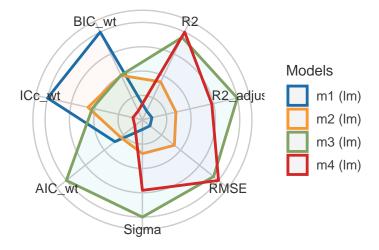
```
# Compare performance of multiple models and rank them
compare_performance(m1, m2, m3, m4, rank = TRUE, verbose = FALSE)
```

Comparison of Model Performance Indices

Name	1	Model	1		R2	1	R2	(adj.)	1	RMSE		Sigma	1	AIC weights		AICc weights		BIC weights
m3		lm		0	.487			0.407		7.788		8.568		0.381		0.240		0.241
m4		lm	-	0	.496			0.385	-	7.719	-	8.726		0.172	-	0.046	-	0.062
m2		lm	-	0	.412			0.354	-	8.338	-	8.942		0.215	-	0.260		0.240
m1		lm	-	0	.363			0.333	-	8.680	-	9.084		0.232	-	0.454		0.457

```
# Plot the performance comparison of multiple models
plot(compare_performance(m1, m2, m3, m4, rank = TRUE, verbose = FALSE))
```

Comparison of Model Indices



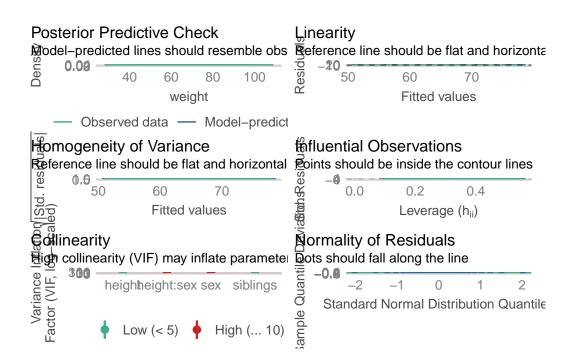
6. Regression

Perform statistical tests on the model performance
test_performance(m1, m2, m3, m4)

Name		Model		BF		df		df_diff		Chi2		р
m1		lm				3						
m2	1	lm	1	0.525	-	4		1.00	1	1.85	1	0.174
mЗ	-	lm	-	1.00	-	5	1	1.00	-	3.14		0.076
m4	-	lm	-	0.256	-	6	1	1.00	-	0.41		0.524

Models were detected as nested (in terms of fixed parameters) and are compared in sequential

Comprehensive check of the model's assumptions
check_model(m4)



7. Descriptive Statistics of the NRW80+ Dataset

In this chapter, I illustrate the process of importing NRW80+ data [see Zank et al., 2022] into R. Additionally, I present descriptive statistics and graphical visualizations to gain insights into Likert-scaled surveys. The paper adheres to the APA style, implementing the R template provided by the 'papaja' package [Aust and Barth, 2023].

7.1. Technical Note

In the following, I load (and install) packages that I use later on and I show information about my R session with sessionInfo().

```
# (Install and) load pacman package
if (!require(pacman)) install.packages("pacman")
# load packages that are already installed and install packages that are not
# installed yet and then load them:
pacman::p_load(tinylabels,
               papaja,
               haven,
               labelled,
               janitor,
               skimr,
               rstatix,
               HH,
               likert,
               expss,
               tidyr,
               ggstats,
               psych,
               sjlabelled,
               sjmisc,
               tidyverse,
               MASS,
               dplyr,
               magick,
               tinytable)
# sessionInfo()
```

7.2. Import Data

I host a R script on my GitHub account (see https://raw.githubusercontent.com/hubchev/courses/main/scr/readin_GESIS.R) that explains how to import the NRW80+ data. I have manually saved the data, gesis.RData, in a subfolder named data.

7.3. How to Use the NRW80+ Data

7.3.1. Load and Subset Data

I load the data and select some variables that are of particular interest to me.

```
getwd()
```

[1] "/home/sthu/Dropbox/hsf/courses/ewa"

For simplification, let us focus on the questions that refer to the "Experience of Ageing" and create a new dataset df_alterl that contains only those questions:

```
df_alterl <- df |>
    select(alterl1,
        alterl2,
        alterl3,
        alterl4,
        alterl5,
        alterl6,
        alterl7,
        alterl8,
        alterl9,
        alterl10) |>
    drop_unused_labels()
# to remove unused labels you can use drop_unused_labels():
```

```
df_alterl_un <- df_alterl |>
    drop_unused_labels()

summary(df_alterl)
```

```
alterl1
                    alter12
                                      alter13
                                                       alter14
Min.
       :-2.000
                 Min.
                        :-2.000
                                          :-2.000
                                                           :-2.000
                 1st Qu.: 2.000
1st Qu.: 1.000
                                  1st Qu.: 1.000
                                                    1st Qu.: 2.000
Median : 3.000
                 Median : 4.000
                                                    Median : 3.000
                                  Median : 2.000
Mean
      : 2.656
                 Mean
                       : 3.282
                                  Mean
                                        : 2.349
                                                    Mean
                                                           : 2.763
                 3rd Qu.: 4.000
                                  3rd Qu.: 3.000
3rd Qu.: 4.000
                                                    3rd Qu.: 4.000
                                                           : 5.000
Max.
      : 5.000
                 Max.
                        : 5.000
                                  Max.
                                        : 5.000
                                                    Max.
   alter15
                   alter16
                                    alter17
                                                      alter18
Min.
       :-2.00
                Min.
                       :-2.000
                                 Min.
                                         :-2.000
                                                   Min.
                                                          :-2.000
1st Qu.: 2.00
                1st Qu.: 2.000
                                 1st Qu.: 2.000
                                                   1st Qu.: 1.000
Median: 3.00
                Median : 4.000
                                 Median : 3.000
                                                   Median : 3.000
      : 2.99
                     : 3.405
                                        : 3.237
                                                   Mean : 2.712
Mean
                Mean
                                 Mean
3rd Qu.: 4.00
                3rd Qu.: 5.000
                                 3rd Qu.: 4.000
                                                   3rd Qu.: 4.000
                                        : 5.000
                                                   Max. : 5.000
Max.
       : 5.00
                Max.
                       : 5.000
                                 Max.
   alter19
                    alterl10
       :-2.000
                        :-2.000
Min.
                 Min.
1st Qu.: 2.000
                 1st Qu.: 1.000
Median : 3.000
                 Median : 2.000
Mean
       : 2.969
                 Mean
                        : 2.305
3rd Qu.: 4.000
                 3rd Qu.: 3.000
     : 5.000
                        : 5.000
Max.
                 Max.
```

7.3.2. Get an Overview by Counting

7.3.2.1. table() of R base

With the table() function, you can count how many observations of each unique value a variable contains:

```
table(df_alterl$alterl1)
```

```
Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark Sehr stark 80 6 390 266 451 511 159
```

To do that for each variable of a dataset is easy using ~, the pipe operator, and map() of the package purrr [Wickham and Henry, 2023]:

```
df_alterl |>
  map(~ table(.))
```

7. Descriptive Statistics of the NRW80+ Dataset

\$alterl1					
Weiß nicht Verweigert 80 6	Gar nicht 390	_	Mäßig 451		
\$alter12					
Weiß nicht Verweigert 36 4		Ein wenig 245			
\$alter13					
Weiß nicht Verweigert 20 3	Gar nicht 500	_	Mäßig 403		
\$alter14					
Weiß nicht Verweigert 122 8	Gar nicht 222	_	_	Stark 543	
\$alter15					
Weiß nicht Verweigert 101 4	Gar nicht 199	_	Mäßig 452		
\$alter16					
Weiß nicht Verweigert 19 3	Gar nicht 149	_	Mäßig 358		
\$alter17					
Weiß nicht Verweigert 20 2	Gar nicht 145		Mäßig 471	Stark 525	
\$alter18					
Weiß nicht Verweigert 20 3	Gar nicht 516	_	Mäßig 325	Stark 340	Sehr stark 309
\$alter19					
Weiß nicht Verweigert 83 10	Gar nicht 261	_	Mäßig 425		Sehr stark 292
<pre>\$alterl10 .</pre>					
Weiß nicht Verweigert 44 7	Gar nicht 537	Ein wenig 433	Mäßig 486	Stark 251	Sehr stark 105

Using proportions() returns the conditional proportions:

df_alterl |> map(~ proportions(table(.)))

\$alterl1

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.042941492 0.003220612 0.209339775 0.142780462 0.242082662 0.274288782 Sehr stark 0.085346216

\$alter12

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.019323671 0.002147075 0.105206656 0.131508320 0.203435319 0.347826087 Sehr stark 0.190552872

\$alter13

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.010735373 0.001610306 0.268384326 0.309715513 0.216317767 0.130971551 Sehr stark 0.062265164

\$alter14

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.065485776 0.004294149 0.119162641 0.139559850 0.282877080 0.291465378 Sehr stark 0.097155126

\$alter15

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.054213634 0.002147075 0.106816962 0.113258186 0.242619431 0.365002684 Sehr stark 0.115942029

\$alter16

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.010198604 0.001610306 0.079978529 0.173913043 0.192163178 0.288244767 Sehr stark 0.253891573

\$alter17

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.010735373 0.001073537 0.077831455 0.194310252 0.252818035 0.281803543 Sehr stark

0.181427805

\$alter18

•

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.010735373 0.001610306 0.276972625 0.187869028 0.174449812 0.182501342 Sehr stark 0.165861514

\$alter19

•

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.044551798 0.005367687 0.140096618 0.122383253 0.228126677 0.302737520 Sehr stark 0.156736447

\$alterl10

•

Weiß nicht Verweigert Gar nicht Ein wenig Mäßig Stark 0.023617821 0.003757381 0.288244767 0.232420827 0.260869565 0.134728932 Sehr stark 0.056360709

7.3.2.2. tabyl() of janitor

With tabyl() which is part of janitor [Firke, 2023], we can get both nicely:

df_alterl |> tabyl(alterl1)

alterl1 n percent
-2 80 0.042941492
-1 6 0.003220612
1 390 0.209339775
2 266 0.142780462
3 451 0.242082662
4 511 0.274288782
5 159 0.085346216

df_alterl |> map(~ tabyl(.))

\$alterl1

. n percent
-2 80 0.042941492
-1 6 0.003220612
1 390 0.209339775
2 266 0.142780462
3 451 0.242082662

7. Descriptive Statistics of the NRW80+ Dataset

- 4 511 0.274288782
- 5 159 0.085346216

\$alter12

- . n percent
- -2 36 0.019323671
- -1 4 0.002147075
- 1 196 0.105206656
- 2 245 0.131508320
- 3 379 0.203435319
- 4 648 0.347826087
- 5 355 0.190552872

\$alter13

- . n percent
- -2 20 0.010735373
- -1 3 0.001610306
- 1 500 0.268384326
- 2 577 0.309715513
- 3 403 0.216317767
- 4 244 0.130971551
- 5 116 0.062265164

\$alter14

- . n percent
- -2 122 0.065485776
- -1 8 0.004294149
- 1 222 0.119162641
- 2 260 0.139559850
- 3 527 0.282877080
- 4 543 0.291465378
- 5 181 0.097155126

\$alter15

- . n percent
- -2 101 0.054213634
- -1 4 0.002147075
- 1 199 0.106816962
- 2 211 0.113258186
- 3 452 0.242619431
- 4 680 0.365002684
- 5 216 0.115942029

\$alter16

- . n percent
- -2 19 0.010198604
- -1 3 0.001610306
- 1 149 0.079978529
- 2 324 0.173913043
- 3 358 0.192163178
- 4 537 0.288244767

5 473 0.253891573

\$alter17

- . n percent
 -2 20 0.010735373
 -1 2 0.001073537
- 1 145 0.077831455
- 2 362 0.194310252
- 3 471 0.252818035
- 4 525 0.281803543
- 5 338 0.181427805

\$alter18

- . n percent
- -2 20 0.010735373
- -1 3 0.001610306
- 1 516 0.276972625
- 2 350 0.187869028
- 3 325 0.174449812
- 4 340 0.182501342
- 5 309 0.165861514

\$alter19

- . n percent
- -2 83 0.044551798
- -1 10 0.005367687
- 1 261 0.140096618
- 2 228 0.122383253
- 3 425 0.228126677
- 4 564 0.302737520
- 5 292 0.156736447

\$alterl10

- . n percent
- -2 44 0.023617821
- -1 7 0.003757381
- 1 537 0.288244767
- 2 433 0.232420827
- 3 486 0.260869565
- 4 251 0.134728932
- 5 105 0.056360709

7.3.2.3. frq() of sjmisc

As the variables df_alterl1 are factors. Thus, we can use the sjmisc package, see Lüdecke [2018] and the cheatsheet of sjmisc http://strengejacke.de/sjmisc-cheatsheet.pdf. Also worth a reading is browseVignettes("sjmisc").

For example, we can use frq() for nice frequency tables:

```
df_alterl |>
  map(~ frq(. , show.na = T))
```

\$alterl1
Beziehungen und andere Menschen mehr schätzen (x) <numeric>
total N=1863 valid N=1863 mean=2.66 sd=1.61

Value			Label		N		Raw %		${\tt Valid}~\%$		Cum. %
-2	-	Weiß	nicht	1	0		0.00	-	0.00		0.00
-1		Verwe	eigert	1	0		0.00	1	0.00		0.00
1		Gar	nicht	1	80		4.29	1	4.29	1	4.29
2		Ein	wenig	1	6		0.32	1	0.32	1	4.62
3			Mäßig	1	390		20.93	1	20.93	1	25.55
4			Stark	1	266		14.28	1	14.28	1	39.83
5		Sehr	stark	1	451		24.21	1	24.21	1	64.04
6			<na></na>	1	511		27.43	1	27.43	1	91.47
7	1		<na></na>	1	159	1	8.53	1	8.53	1	100.00
<na></na>	1		<na></na>	1	0	1	0.00	1	<na></na>		<na></na>

\$alter12

Gesundheit mehr Aufmerksamkeit widmen (x) <numeric> # total N=1863 valid N=1863 mean=3.28 sd=1.45

Value		I	Label		N		Raw	%		Valid	%		${\tt Cum.}$	%
-2		Weiß n	nicht		0	1	0.0	0		0.0	00		0.	00
-1	-	Verwei	igert	1	0	1	0.0	0	1	0.0	0		0.	00
1	-	Gar n	nicht	1	36	1	1.9	3	1	1.9	93		1.	93
2	-	Ein w	venig	1	4	1	0.2	1	1	0.2	21		2.	15
3	-	M	läßig		196	1	10.5	2	1	10.5	52		12.	67
4		S	Stark		245	1	13.1	5	1	13.1	.5		25.	82
5	1	Sehr s	stark	1	379	1	20.3	4		20.3	34	1	46.	16
6	1		<na></na>	1	648	1	34.7	8	1	34.7	78	1	80.	94
7	1		<na></na>	1	355	1	19.0	6	1	19.0)6	1	100.	00
<na></na>	1		<na></na>	Ι	0	Ι	0.0	0	1	<na< td=""><td>\></td><td></td><td><n.< td=""><td>A></td></n.<></td></na<>	\ >		<n.< td=""><td>A></td></n.<>	A>

\$alter13

geistige Leistungsfähigkeit nimmt ab (x) <numeric>
total N=1863 valid N=1863 mean=2.35 sd=1.28

Value			Label		N		Raw %		Valid %		Cum. %
-2		Weiß	nicht		0		0.00		0.00		0.00
-1		Verwe	eigert	1	0	1	0.00	1	0.00	1	0.00
1		Gar	nicht	1	20		1.07	1	1.07	-	1.07
2	1	Ein	wenig	1	3		0.16	1	0.16	1	1.23
3			Mäßig	1	500		26.84	1	26.84	-	28.07
4	-		Stark	1	577		30.97	1	30.97	-	59.04
5	-	Sehr	stark	1	403	1	21.63	1	21.63		80.68

7. Descriptive Statistics of the NRW80+ Dataset

6	<na> </na>	244	13.10	13.10	93.77
7	<na> </na>	116	6.23	6.23	100.00
<na> </na>	<na> </na>	0	0.00	<na></na>	<na></na>

\$alterl4

mehr Erfahrung, um Dinge und Menschen einzuschätzen (x) <numeric> # total N=1863 valid N=1863 mean=2.76 sd=1.72

Value			Label		N		Raw %		${\tt Valid}~\%$		Cum. %
-2		Weiß	nicht	-	0	1	0.00	-	0.00	-	0.00
-1		Verwe	eigert	-	0		0.00	-	0.00		0.00
1		Gar	nicht	-	122	1	6.55	-	6.55	-	6.55
2		Ein	wenig	-	8	1	0.43	-	0.43	-	6.98
3			Mäßig	-	222	1	11.92	-	11.92	-	18.89
4			Stark	1	260	1	13.96	1	13.96	1	32.85
5		Sehr	stark	1	527	1	28.29	1	28.29	1	61.14
6			<na></na>	-	543	1	29.15	-	29.15	-	90.28
7			<na></na>	1	181	1	9.72	1	9.72	1	100.00
<na></na>	1		<na></na>	1	0	1	0.00	1	<na></na>	1	<na></na>

\$alter15

besseres Gespür, was wichtig ist (x) <numeric> # total N=1863 valid N=1863 mean=2.99 sd=1.66

Value		Label		N		Raw %		Valid %		Cum. %
-2		Weiß nicht	-	0		0.00	1	0.00		0.00
-1		Verweigert	-	0		0.00		0.00	-	0.00
1		Gar nicht	-	101		5.42		5.42		5.42
2		Ein wenig	1	4		0.21		0.21	-	5.64
3		Mäßig	1	199		10.68		10.68		16.32
4		Stark	- 1	211		11.33		11.33		27.64
5		Sehr stark	-	452		24.26		24.26		51.91
6		<na></na>	-	680		36.50		36.50		88.41
7		<na></na>	-	216		11.59		11.59		100.00
<na></na>		<na></na>	-	0		0.00		<na></na>		<na></na>

\$alter16

Einschränkung der Aktivitäten (x) <numeric> # total N=1863 valid N=1863 mean=3.40 sd=1.38

Value	Label		N	1	Raw %		Valid %		Cum. %
-2	Weiß nicht		0		0.00		0.00		0.00
-1	Verweigert		0	-	0.00	1	0.00		0.00
1	Gar nicht		19		1.02	1	1.02		1.02
2	Ein wenig		3		0.16	1	0.16		1.18
3	Mäßig		149		8.00	1	8.00	1	9.18
4	Stark	-	324	1	17.39	1	17.39	1	26.57
5	Sehr stark	-	358	1	19.22		19.22		45.79

6	<na></na>	537	28.82		28.82		74.61
7	<na></na>	473	25.39		25.39	-	100.00
<na> </na>	<na></na>	0	0.00		<na></na>	-	<na></na>

\$alter17

weniger Energie (x) <numeric>

total N=1863 valid N=1863 mean=3.24 sd=1.32

Value			Label		N		Raw %		Valid %		Cum. %
-2		Weiß	nicht		0	1	0.00		0.00		0.00
-1		Verw	eigert	-	0	-	0.00	-	0.00		0.00
1		Gar	nicht	1	20		1.07	1	1.07		1.07
2		Ein	wenig	1	2		0.11	1	0.11		1.18
3			Mäßig	-	145		7.78	-	7.78		8.96
4			Stark	1	362		19.43	1	19.43		28.40
5		Sehr	stark	1	471		25.28	1	25.28		53.68
6			<na></na>	1	525		28.18	1	28.18		81.86
7			<na></na>	1	338		18.14	1	18.14		100.00
<na></na>			<na></na>		0		0.00		<na></na>	-	<na></na>

\$alter18

Abhängigkeit von der Hilfe Anderer (x) <numeric> # total N=1863 valid N=1863 mean=2.71 sd=1.53

Value		Labe:	L	N		Raw %		Valid %		Cum. %
-2		Weiß nich	5	0		0.00		0.00		0.00
-1		Verweiger	t	0		0.00		0.00		0.00
1		Gar nich	t	20		1.07		1.07	-	1.07
2		Ein wenig	3	3		0.16		0.16	-	1.23
3		Mäßi	3	516		27.70		27.70	-	28.93
4		Star	ζ	350		18.79		18.79	-	47.72
5		Sehr star	ζ	325		17.44		17.44	-	65.16
6		<na:< td=""><td>></td><td>340</td><td>-</td><td>18.25</td><td></td><td>18.25</td><td>-</td><td>83.41</td></na:<>	>	340	-	18.25		18.25	-	83.41
7		<na:< td=""><td>></td><td>309</td><td></td><td>16.59</td><td></td><td>16.59</td><td>-</td><td>100.00</td></na:<>	>	309		16.59		16.59	-	100.00
<na></na>		<na:< td=""><td>></td><td>0</td><td> </td><td>0.00</td><td> </td><td><na></na></td><td></td><td><na></na></td></na:<>	>	0		0.00		<na></na>		<na></na>

\$alter19

Freiheit, Tage nach eigenem Willen zu verleben (x) <numeric> # total N=1863 valid N=1863 mean=2.97 sd=1.68

Value			Label		N		Raw %		Valid %	1	Cum. %
	 I	Woiß	 nicht	 I		 I	0.00	 I	0.00	 I	0.00
			nicht							•	
			eigert						0.00		
			nicht						4.46		4.46
			wenig						0.54	ı	4.99
3			Mäßig		261		14.01		14.01		19.00
4			Stark		228		12.24		12.24		31.24
5	Ι	Sehr	stark	Ι	425	Τ	22.81	Τ	22.81	Ι	54.05

\$alterl10

Motivation fällt schwerer (x) <numeric> # total N=1863 valid N=1863 mean=2.31 sd=1.38

Value	1		Label	1	N	1	Raw %	1	Valid %	١	Cum. %
-2		Weiß	nicht	1	0	1	0.00	-	0.00		0.00
-1		Verwe	eigert		0	-	0.00	-	0.00		0.00
1		Gar	nicht		44	-	2.36		2.36	1	2.36
2		Ein	wenig		7	-	0.38		0.38	1	2.74
3			Mäßig		537	-	28.82		28.82	1	31.56
4			Stark	1	433	-	23.24	-	23.24		54.80
5		Sehr	stark	1	486	1	26.09	-	26.09	1	80.89
6			<na></na>	1	251	1	13.47	-	13.47	1	94.36
7			<na></na>	1	105	1	5.64	-	5.64	1	100.00
<na></na>			<na></na>	1	0	-	0.00	-	<na></na>		<na></na>

7.3.3. First Summary Statistics

7.3.3.1. Using summary() and get_summary_stats()

First, I am interested in the class of the data and some very basic summary statistics.

summary(df)

alterl1	alter12	alter13	alter14
Min. :-2.000	Min. :-2.000	Min. :-2.000	Min. :-2.000
1st Qu.: 1.000	1st Qu.: 2.000	1st Qu.: 1.000	1st Qu.: 2.000
Median : 3.000	Median : 4.000	Median : 2.000	Median : 3.000
Mean : 2.656	Mean : 3.282	Mean : 2.349	Mean : 2.763
3rd Qu.: 4.000	3rd Qu.: 4.000	3rd Qu.: 3.000	3rd Qu.: 4.000
Max. : 5.000	Max. : 5.000	Max. : 5.000	Max. : 5.000
alter15	alter16	alter17	alter18
Min. :-2.00	Min. :-2.000	Min. :-2.000	Min. :-2.000
1st Qu.: 2.00	1st Qu.: 2.000	1st Qu.: 2.000	1st Qu.: 1.000
Median: 3.00	Median : 4.000	Median : 3.000	Median : 3.000
Mean : 2.99	Mean : 3.405	Mean : 3.237	Mean : 2.712
3rd Qu.: 4.00	3rd Qu.: 5.000	3rd Qu.: 4.000	3rd Qu.: 4.000
Max. : 5.00	Max. : 5.000	Max. : 5.000	Max. : 5.000
alter19	alterl10	alter_int	alter_cont
Min. :-2.000	Min. :-2.000	Min. : 80.00	Min. : 80.11
1st Qu.: 2.000	1st Qu.: 1.000	1st Qu.: 82.00	1st Qu.: 82.99
Median : 3.000	Median : 2.000	Median : 86.00	Median : 86.59
Mean : 2.969	Mean : 2.305	Mean : 86.48	Mean : 86.98

7. Descriptive Statistics of the NRW80+ Dataset

```
3rd Qu.: 4.000
                3rd Qu.: 3.000
                                3rd Qu.: 90.00
                                                3rd Qu.: 90.56
     : 5.000
               Max. : 5.000
                                      :102.00
Max.
                                Max.
                                                Max.
                                                       :102.92
                                NA's
                                      :6
                                               NA's
                                                       :6
 alterl m1
                alterl m2
                                 alterp
                                               ALT_agegroup
                            Min.
Min.
      :1.000
              Min. :1.000
                                    :-4.000 Min. :1.000
1st Qu.:2.600
             1st Qu.:2.200
                             1st Qu.:-4.000 1st Qu.:1.000
Median :3.200 Median :2.800
                            Median :-4.000 Median :2.000
                              Mean : 2.632
Mean
      :3.168
              Mean :2.877
                                              Mean
                                                    :1.883
3rd Qu.:3.800
               3rd Qu.:3.600
                              3rd Qu.:-4.000
                                              3rd Qu.:3.000
Max.
      :5.000
              Max.
                     :5.000
                              Max.
                                    :99.000
                                              Max.
                                                    :3.000
NA's
      :16
               NA's :14
  ALT_sex
                                   famst7
                  famst1
                                                demtectcorr
      :1.000
              Min. :-1.000
                               Min.
                                     :-3.000
                                               Min.
                                                     :-11.000
Min.
1st Qu.:1.000
              1st Qu.: 1.000
                               1st Qu.:-3.000
                                               1st Qu.: -1.000
Median :2.000
              Median : 4.000
                               Median : 0.000
                                               Median : 0.000
Mean
     :1.502
              Mean : 2.765
                               Mean :-1.179
                                               Mean : -1.742
                                               3rd Qu.: 0.000
3rd Qu.:2.000
               3rd Qu.: 4.000
                               3rd Qu.: 0.000
Max. :2.000
              Max. : 5.000
                               Max. : 1.000
                                               Max. : 2.000
  kogstat
                  final
                                geschlecht
Min.
      :-4.00
              Min. :81.00
                              Min. :1.000
1st Qu.:-4.00
              1st Qu.:81.00
                              1st Qu.:1.000
Median :-4.00
               Median :81.00
                              Median :2.000
Mean
     :-3.21
                    :81.09
                                   :1.502
              Mean
                              Mean
3rd Qu.:-4.00
               3rd Qu.:81.00
                              3rd Qu.:2.000
Max. : 7.00
               Max. :82.00
                              Max. :2.000
get_summary_stats(
```

```
sumstat_alter <- df |>
  get_summary_stats(
    alterl1,
    alterl2,
    alterl3,
    alterl4,
    alterl5,
    alterl6,
    alterl7,
    alterl8,
    alterl9,
    alterl10,
    type = "five_number")
```

Warning: attributes are not identical across measure variables; they will be dropped

```
sumstat_alter
```

```
1 alterl1
            1863
                     -2
                            5
                                  1
                                         3
                                               4
                     -2
                            5
                                  2
                                         4
2 alter12
            1863
                                               4
3 alter13
             1863
                     -2
                            5
                                         2
                                               3
                                  1
4 alterl4
            1863
                     -2
                            5
                                  2
                                         3
                                               4
                                  2
5 alter15
             1863
                     -2
                            5
                                         3
                                               4
                    -2
6 alter16 1863
                            5
                                  2
                                         4
                                               5
7 alter17 1863
                     -2
                            5
                                  2
                                         3
                                               4
                     -2
                            5
                                         3
                                               4
8 alter18
            1863
                                  1
9 alter19
            1863
                     -2
                            5
                                  2
                                         3
                                               4
                                         2
                                               3
10 alterl10 1863
                     -2
                            5
                                  1
```

7.3.3.2. Using psych::describe()

A powerful alternative for descriptive summary statistics is provided by the function describe() of the psych package [William Revelle, 2023].

```
sumstat_alter_psych <- df |>
  select(starts_with("alterl")) |>
  select(-ends_with("m1"), -ends_with("m2")) |>
  psych::describe() |>
  as_tibble(rownames="Question") |>
  select(-skew, -kurtosis, -range, -vars)
sumstat_alter_psych
```

```
# A tibble: 10 x 10
  Question
             n mean
                         sd median trimmed
                                           mad
                                                 min
                                                      max
                                                              se
  <chr>
           <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <
                                    <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <
                                                           <dbl>
1 alterl1
          1863 2.66 1.61
                                3
                                     2.76 1.48
                                                  -2
                                                        5 0.0374
2 alterl2 1863 3.28 1.45
                                4
                                     3.43 1.48
                                                  -2
                                                        5 0.0336
3 alterl3 1863 2.35 1.28
                                2
                                     2.28
                                          1.48
                                                  -2
                                                        5 0.0296
4 alter14 1863 2.76 1.72
                                3
                                     2.96
                                          1.48
                                                  -2
                                                        5 0.0398
5 alter15 1863 2.99 1.66
                                     3.20
                                          1.48
                                                  -2
                                3
                                                        5 0.0385
                                                  -2
6 alter16 1863 3.40 1.38
                                4
                                     3.54 1.48
                                                        5 0.0321
                                                  -2
7 alter17
           1863 3.24 1.32
                                3
                                     3.33 1.48
                                                        5 0.0306
8 alter18
           1863 2.71 1.53
                                3
                                     2.68 1.48
                                                  -2
                                                        5 0.0355
9 alter19
           1863 2.97 1.68
                                3
                                     3.14 1.48
                                                  -2
                                                        5 0.0389
10 alterl10 1863 2.31 1.38
                                2
                                     2.28 1.48
                                                  -2
                                                        5 0.0321
```

7.3.3.3. Using summarize() and the tidyverse

As you may be aware, the tidyverse package provides powerful and flexible functions such as filter, select, group_by, and summarize. Here is an example demonstrating how these functions can be utilized to create descriptive statistic tables:

```
descriptives <- dfdta |>
  # filter(alterl1 > 0) |>
  group_by(geschlecht) |>
  summarize(
```

Tabelle 7.1.: Summary Statistics: Experience of Ageing.

variable	n	min	max	q1	median	q3
alterl1	1863	-2	5	1	3	4
alterl2	1863	-2	5	2	4	4
alterl3	1863	-2	5	1	2	3
alterl4	1863	-2	5	2	3	4
alterl5	1863	-2	5	2	3	4
alterl6	1863	-2	5	2	4	5
alterl7	1863	-2	5	2	3	4
alterl8	1863	-2	5	1	3	4
alterl9	1863	-2	5	2	3	4
alterl10	1863	-2	5	1	2	3

Note: This table contains all variables of 'alterl*'.

```
Mean = mean(alterl1)
, Count = n()
, SD = sd(alterl1)
, Min = min(alterl1)
, Max = max(alterl1)
)

descriptives
```

7.3.4. Make Tables using tt()

```
```{r, echo=FALSE, eval=TRUE, message=FALSE, warning=FALSE}
#| label: tbl-tabrstatix
#| tbl-cap: "Summary Statistics: Experience of Ageing."

tt(sumstat_alter, output = "markdown",
 note = "Note: This table contains all variables of `alterl*`.")
```

```
```{r, echo=FALSE, eval=TRUE, message=FALSE, warning=FALSE}
#| label: tbl-tabsumstatalterpsych
#| tbl-cap: "Summary Statistics: Experience of Ageing (psych)"
```

7. Descriptive Statistics of the NRW80+ Dataset

Tabelle 7.2.: Summary Statistics: Experience of Ageing (psych)

variable	n	min	max	q1	median	q3
alterl1	1863	-2	5	1	3	4
alterl2	1863	-2	5	2	4	4
alterl3	1863	-2	5	1	2	3
alterl4	1863	-2	5	2	3	4
alterl5	1863	-2	5	2	3	4
alterl6	1863	-2	5	2	4	5
alterl7	1863	-2	5	2	3	4
alterl8	1863	-2	5	1	3	4
alterl9	1863	-2	5	2	3	4
alterl10	1863	-2	5	1	2	3

Note: This table contains all variables of 'alterl*'.

Tabelle 7.3.: Summary Statistics: Experience of Ageing (psych)

Question	n	mean	sd	median	$\operatorname{trimmed}$	mad	min	max	se
alterl1	1863	2.655931	1.613659	3	2.757210	1.4826	-2	5	0.03738568
alterl2	1863	3.281804	1.449666	4	3.429913	1.4826	-2	5	0.03358626
alterl3	1863	2.348900	1.278429	2	2.277666	1.4826	-2	5	0.02961898
alterl4	1863	2.763285	1.716885	3	2.963783	1.4826	-2	5	0.03977726
alterl5	1863	2.990338	1.661439	3	3.196512	1.4826	-2	5	0.03849266
alterl6	1863	3.404724	1.384050	4	3.537894	1.4826	-2	5	0.03206605
alterl7	1863	3.236715	1.320460	3	3.325956	1.4826	-2	5	0.03059276
alterl8	1863	2.712292	1.534387	3	2.684775	1.4826	-2	5	0.03554909
alterl9	1863	2.969404	1.677112	3	3.142186	1.4826	-2	5	0.03885578
alterl10	1863	2.305421	1.383735	2	2.284373	1.4826	-2	5	0.03205875

```
tt(sumstat_alter, output = "markdown",
  note = "Note: This table contains all variables of `alterl*`.")
```
```

```
```{r, echo=FALSE, eval=TRUE, message=FALSE, warning=FALSE}
#| label: tbl-tabsumstatalterpsychbal
#| tbl-cap: "Summary Statistics: Experience of Ageing (psych)"

tt(sumstat_alter_psych, output = "markdown",
   note = "This table contains all variables of `alterl*` and only observations where all quence."``
```

Tabelle 7.4.: Experience of Ageing: Valuing Relationships and Other People More (By Gender)

geschlecht	Mean	Count	SD	Min	Max
1	2.713053	927	1.500062	-2	5
2	2.599359	936	1.717715	-2	5

```
```{r, echo=FALSE, eval=TRUE, message=FALSE, warning=FALSE}
#| label: tbl-tabdescriptives
#| tbl-cap: "Experience of Ageing: Valuing Relationships and Other People More (By Gender)"
tt(descriptives, output = "markdown")
```

Table Tabelle 7.1 was created with the function get\_summary\_stats() of the rstatix package [Kassambara, 2023], Tables Tabelle 7.2 and Tabelle 7.3 were created with the function describe() of the psych package [William Revelle, 2023], and Table Tabelle 7.4 was created with the function summarize() of the dplyr package [Wickham et al., 2023].

#### **7.3.5.** Use the Likert Scale using gglikert()

We have seen that the data contain not only the five different (Likert scaled) answers. Thus, let us remove all values that have, in one or multiple questions, no answer of the Likert scale. The cleaned dataset is named df\_alterl\_balance.

```
df_alterl_balance <- df_alterl %>%
 rowwise() %>%
 mutate(has_negative = ifelse(any(c(across(alterl1:alterl10)) < 0), 1, 0)) |>
 filter(has_negative == 0) |>
 select(starts_with("alter")) |>
 as_tibble()
```

Using the gglikert() of the ggstats package [Larmarange, 2023] allows us to draw nice graphs. I highly recommend reading the vignette of the package in the R documentation which you get with vignette("gglikert").

Figures Abbildung 7.1 and Abbildung 7.3 shows the proportions of answers using df\_alterl data and Figures Abbildung 7.2 and Abbildung 7.4 does so using the df\_alterl\_balance data whereby the latter to show the proportions stacked. Do you see any difference and can you explain the differences?

As we are interested in the differences of the two samples, it makes sense to look as the summary statistics for the df\_alter\_balance sample. This is shown in Table Tabelle 7.3.

Abbildung 7.1.: Experience of Ageing: Proportions of Answers (df\_alterl)

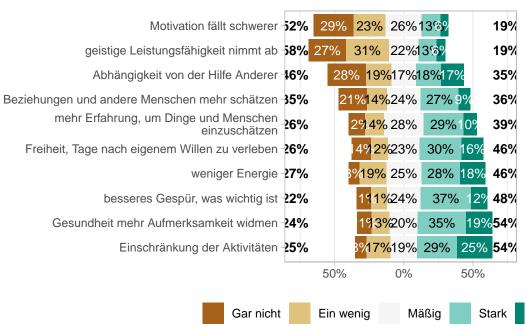


Abbildung 7.2.: Experience of Ageing: Proportions of Answers (df\_alterl\_balance)

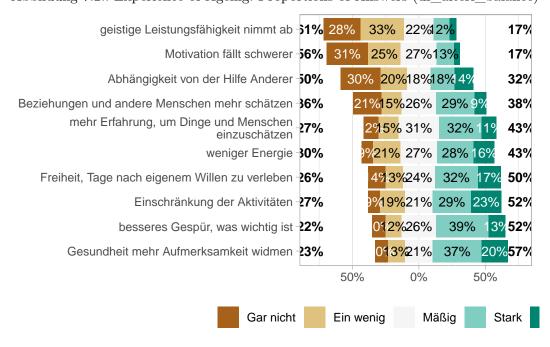


Abbildung 7.3.: Experience of Ageing: Proportions of Answers - Stacked (df\_alter)

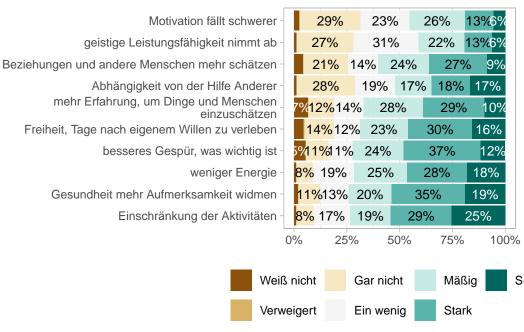
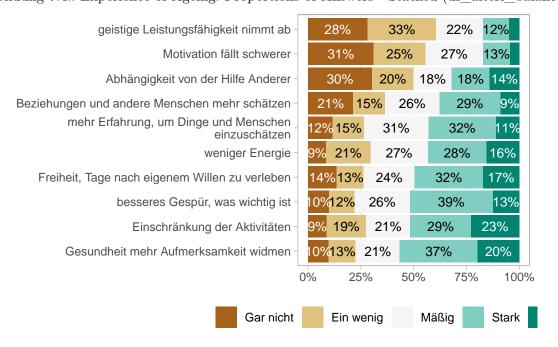


Abbildung 7.4.: Experience of Ageing: Proportions of Answers - Stacked (df\_alterl\_balance)



# 7.4. Cross-Referencing in R Markdown

In adherence to the APA style guidelines [Association et al., 2022], it is imperative to reference all figures and tables by their respective numbers within the text. Avoid using generic phrases like "the table above" or "the figure below." Additionally, refrain from hard-coding the numbers for a more dynamic and standardized approach. Xie et al. [2023] explains concisely how to do that with R Markdown, see: https://bookdown.org/yihui/rmarkdown-cookbook/cross-ref.html.

For example, I can refer to Table Tabelle 7.1 with @tbl-tabrstatix because I have specified the corresponding label in the R code-chunk, see:

# 7.5. Exercises

- 1. With knitr::purl("desc\_NRW80.Rmd") you can extract the whole R code from the R Markdown file and write it into the R script desc\_NRW80.R. Try it.
- 2. The dataset gesis.RData comes with two different tibbles: dfsav and dfdta. Is there a difference between these two when it comes to the statistics that are shown in this paper? To check that, rename the pdf file desc\_NRW80.pdf, change the code in Section @ref(secload) so that you are using the other data (df <- dfdta |> ... vs. df <- dfsav |> ...), knit the Rmd again, and compare the stats.
- 3. Check possible differences in the gglikert plots when using df\_alterl\_un instead of df\_alterl.
- 4. The stats above show that dealing with missing or non-standard answers is a crucial thing. Please read chapter *Missing Values* of Wickham and Grolemund [2023], see: https://r4ds.hadley.nz/missing-values.
- 5. The labels of the variables alterl1:alterl10 have "Alternserleben:" at the beginning. This is not necessary and overloads the graphs. Please change the labels for all graphs using the following code in the respective place in the rmd and then knit it again.

```
Remove the common prefix from all variables
df <- df |>
 mutate_all(~ set_label(., gsub("^Alternserleben: ", "", get_label(.))))
```

# 8. Statistisch testen

#### 8.1. t-Test

Der Begriff "t-Test" und "Student's t-Test" werden oft synonym verwendet. Der t-Test ist aber nur einer von vielen Tests um zu bestimmen, ob es signifikante Unterschiede zwischen den Mittelwerten zweier Gruppen gibt.

#### 8.1.1. Unterschiedliche Arten

Ein t-Test kann auf verschiedene Arten durchgeführt werden, je nach Situation und Vorannahmen:

- Ein-Stichproben-t-Test: Testet, ob der Mittelwert einer Stichprobe von einem bekannten Mittelwert abweicht.
- Unabhängiger t-Test / Zweistichproben-t-Test: Testet Unterschiede zwischen den Mittelwerten von zwei unabhängigen Gruppen.
- Abhängiger t-Test / Paarweiser t-Test: Testet Unterschiede zwischen den Mittelwerten von verbundenen oder gepaarten Stichproben (z.B. Vorher-Nachher-Messungen).

#### 8.1.2. Vorraussetzungen

Der einfache t-Test setzt die folgenden Charakteristika der Daten voraus:

- Unabhängigkeit der Beobachtungen: Jede Versuchsperson sollte nur einer Gruppe angehören. Es sollte keine Beziehung zwischen den Beobachtungen in jeder Gruppe geben.
  - Sollte diese Annahme nicht erfüllt sein, muss ein paarweiser t-Test verwendet werden.
- Keine signifikanten Ausreißer in den beiden Gruppen: Ausreißer können das Testergebnis stark beeinflussen und sollten daher vermieden werden.
  - Sollte diese Annahme nicht erfüllt sein, sollte man sich Gedanken machen, ob ein statistischer Test mit den Aussreißern Sinn ergibt. Eventuell ist eine Datenbereinigung sinnvoll oder die Verwendung von Teststatistiken die empfindlich gegenüber Ausreißern sind (z.B.: Mann-Whitney-U-Test).
- Varianzgleichheit: Die Varianz der abhängigen Variable sollte in jeder Gruppe gleich sein. Zu beachten ist, dass der Welch-t-Test diese Annahme nicht voraussetzt.
  - Sollte diese Annahme nicht erfüllt sein, ist der Welch-t-Tests eine Alternative, die zwar eine niedrigere statistische *Power* hat, aber die Annahme der Varianzgleichheit nicht benötigt.



Wenn Sie einen Test durchführen wollen, stellen Sie sicher, dass Ihre Daten die oben genannten Voraussetzungen erfüllen.

#### 8.1.3. Gepaarter t-Test

Ein gepaarter t-Test (paired t-test) wird durchgeführt, wenn man zwei Variablen verbundener Beobachtungen hat. Der gepaarte t-Test ist geeignet, wenn die Beobachtungen innerhalb jedes Paares korreliert (abhängig) sind und man überprüfen möchte, ob es einen statistisch signifikanten Unterschied in ihren Mittelwerten gibt. Typische Situationen sind:

- Wiederholte Messungen: Die gleiche Gruppe von Subjekten oder Einheiten wird unter verschiedenen Bedingungen, Behandlungen oder Zeitpunkten gemessen. Beispiel: Vorher-Nachher-Messungen derselben Personen.
- Gepaarte Paare: Beobachtungen sind auf irgendeine Weise natürlich gepaart, z.B. bei einem Cross-Over-Studien-Design, wo jedes Subjekt beide Behandlungen erhält und die Ergebnisse für jedes Subjekt verglichen werden.
- Vorher-Nachher-Vergleiche: Messungen vor und nach einer Intervention oder einem Ereignis für dieselbe Gruppe von Subjekten.
- Links-rechts-Vergleiche: Vergleich von Messungen von der linken und rechten Seite des Körpers oder von zwei eng verwandten Proben, wie Geschwistern oder Zwillingen.

#### 8.1.4. t-Testen mit R

In R bietet die Funktion t.test mehrere Argumente, die angepasst werden können. Um die voreingestellten Werte der Argumente zu sehen, ist ein Blick in die Dokumentation notwendig. Hierzu einfach ?t.test in die R-Konsole eingeben. Im Folgenden gebe ich eine Übersicht über die wichtigsten Argumente und deren Standardwerte:

```
t.test(x, y = NULL,
 alternative = c("two.sided", "less", "greater"),
 mu = 0,
 paired = FALSE,
 var.equal = FALSE,
 conf.level = 0.95)
```

#### Beschreibung der Argumente:

- x: Ein numerischer Vektor der Datenwerte.
- y: Ein optionaler numerischer Vektor der Datenwerte. Wenn y nicht NULL ist, wird ein Zweistichprobentest durchgeführt.
- alternative: Gibt die Form der Alternativhypothese an. Kann sein:

```
"two.sided" (zweiseitig) (Standard)
"less" (einseitig, Test auf kleiner)
"greater" (einseitig, Test auf größer)
```

- mu: Der wahre Mittelwert oder die Differenz der Mittelwerte unter der Nullhypothese. Standard ist 0.
- paired: Ein logischer Wert, der angibt, ob ein gepaarter Test durchgeführt wird. Standard ist FALSE.
- var.equal: Ein logischer Wert, der angibt, ob die beiden Populationen gleiche Varianzen haben. Standard ist FALSE.
- conf.level: Das Konfidenzniveau des Intervalls. Standard ist 0.95.

#### **?** Tipp Stellen Sie sicher, dass ihre Daten numerische Variablen sind. In dem Datensatz df\_cleaned, den ich in Kapitel 3 beschreibe sind die Daten aber als Faktor Variablen kodiert. Dies kann einfach geändert werden: if (!require(pacman)) install.packages("pacman") Loading required package: pacman pacman::p\_load(tidyverse, janitor, psych, tinytable, ggstats, car, ggstatsplot, modelsummary, knitr, kableExtra, ggpubr, rstatix, rempsyc) rm(list = ls())load("~/Dropbox/hsf/github/ewa/ss\_24/read\_in\_71/data\_71.RData") df\_test <- df\_cleaned |> mutate\_at(vars(starts\_with("item\_")), as.numeric) head(df\_test) # A tibble: 6 x 31 id group item\_1 item\_2 item\_3 item\_4 item\_5 item\_6 item\_7 item\_8 item\_9 <int> <int> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> # i 20 more variables: item\_10 <dbl>, item\_11 <dbl>, item\_12 <dbl>, item\_13 <dbl>, item\_14 <dbl>, item\_15 <dbl>, item\_16 <dbl>, item\_17 <dbl>, item\_18 <dbl>, item\_19 <dbl>, item\_20 <dbl>, item\_21 <dbl>, outlier <dbl>, has\_outlier <lgl>, count\_larger\_5 <int>, count\_typos <int>, has\_larger\_5\_notypos <lgl>, has\_typos <lgl>, has\_nas <lgl>, complete <lgl>

## • Long und Wide Format

Oft ist es empfehlenswert den Datensatz in das sogenannte *Long* Format zu überführen. Wie zwischen dem *Long-Format* und den *Wide-Format* gewechselt werden kann, bitte ich Wickham and Grolemund [2023]: 5.3 Lengthening data zu entnehmen. Hier ein Beispiel:

# 8.2. Beispiel

i Kopieren Sie dieses Skript und führen Sie es aus:

```
t.test(df_test$item_1, mu = 3)
```

```
Standardmäßig führt t.test einen zweiseitigen Test durch:
t.test(df_test$item_1, mu = 3, alternative = "two.sided")
```

```
t.test(df_test$item_1,
 mu = 3,
 alternative = "greater")
```

```
t.test(df_test$item_1,
 mu = 3,
 alternative = "less")
```

```
Student's t-Test
t.test(df_test$item_1, df_test$item_2, data = df_test, var.equal = TRUE)
```

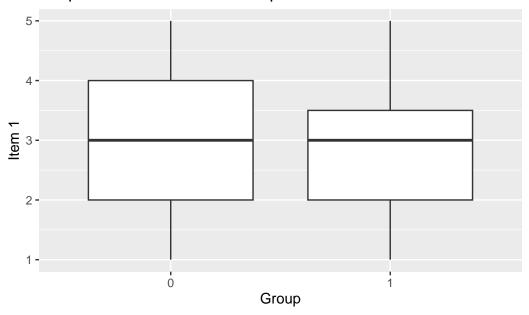
```
Die Antworten kommen von der selben Person, daher paired = TRUE

Für Daten im Langformat:

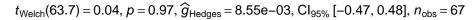
Test, ob das item_1 in beiden Gruppen gleich ist

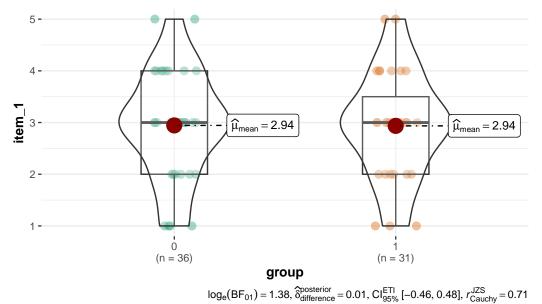
Erstelle ein Boxplot von item_1 über Gruppen mit ggplot2
ggplot(df_test, aes(x = factor(group), y = item_1)) +
 geom_boxplot() +
 labs(x = "Group", y = "Item 1") +
 ggtitle("Boxplot of Item 1 Across Groups")
```

# Boxplot of Item 1 Across Groups



```
ggbetweenstats(
 data = df_test,
 x = group,
 y = item_1
)
```

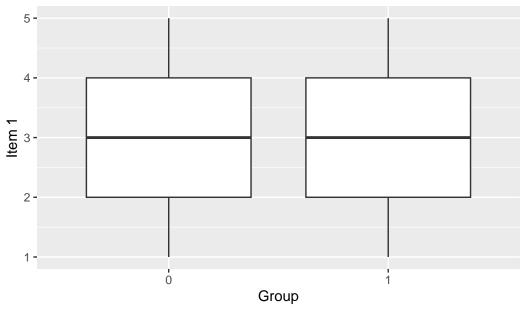




```
loge(Di (1)) = 1.35, odifference = 0.01, Olg5% [=0.40, 0.40], Cauchy = 0.71
```

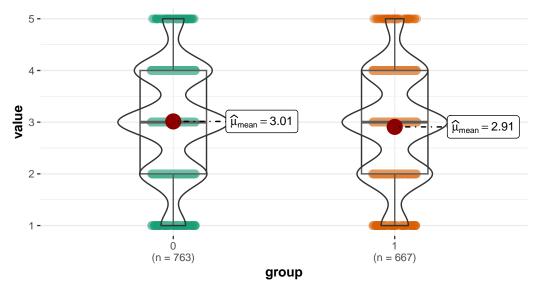
```
Wenn Normalitäts- und Varianzannahmen erfüllt sind:
t.test(item_1 ~ group, data = df_test, var.equal = FALSE)
```

# Boxplot of all items Across Groups



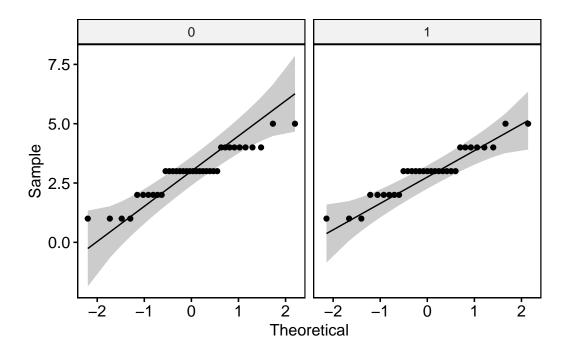
```
ggbetweenstats(
 data = df_test_long,
 x = group,
 y = value
)
```

```
t_{\text{Welch}}(1400.69) = 1.91, p = 0.06, \widehat{g}_{\text{Hedges}} = 0.10, \text{Cl}_{95\%} [-2.86e - 03, 0.20], n_{\text{obs}} = 1,430
```



 $\log_{\text{e}}(\text{BF}_{01}) = 1.02, \ \, \widehat{\delta}_{\text{difference}}^{\text{posterior}} = 0.10, \ \, \text{Cl}_{95\%}^{\text{ETI}} \ \, [-5.89\text{e}-03, \ \, 0.21], \ \, r_{\text{Cauchy}}^{\text{JZS}} = 0.71$ 

```
Mit QQ-Plots
ggqqplot(df_test, x = "item_1", facet.by = "group")
```



```
Mit bartlett.test
bartlett.test(item_1 ~ group, data = df_test)
```

```
Mit Fligner-Kelleen
fligner.test(item_1 ~ group, data = df_test)
```

```
Wenn Normalität erfüllt ist und Varianz nicht:
t.test(item_1 ~ group, data = df_test, var.equal = FALSE)
```

```
Wenn Normalität nicht erfüllt ist:
wilcox.test(item_1 ~ group, data = df_test)
```

# Literatur

```
https://github.com/crsh/papaja
 \rm https://doi.org/10.31219/osf.io/ur4xn
 https://dzchilds.github.io/stats-for-bio
 https:
//CRAN.R-project.org/package=janitor
 https://hubchev.github.io/qm/
https://github.com/hubchev/ewa
 https://hubchev.github.io/ds/
 https://CRAN.R-project.org/package=rstatix
 https://
CRAN.R-project.org/package=ggstats
 https://biostats-r.github.
io/biostats/quarto/
 https://r4ds.
hadley.nz/
 https:
//CRAN.R-project.org/package=purrr
 https://CRAN.R-project.org/package=dplyr
```

## Literatur

https:/	//CRAN.R-project.org/
1100000./	/ CIGILITIE PROJECTIONS

package=psych

 $\rm https://doi.org/10.1177/25152459221095823$ 

https://bookdown.org/yihui/rmarkdown-cookbook/