Statistische Grundlagen

Eine Einführung mit Beispielen aus der Sprachforschung

Jan Vanhove

Universität Freiburg/Fribourg, Schweiz
Departement für Mehrsprachigkeitsforschung und Fremdsprachendidaktik

jan.vanhove@unifr.ch
https://janhove.github.io

letzte Änderung: September 2022

Inhaltsverzeichnis

Kapitel 1

Ziele und Philosophie

Das vorliegende Skript hat zum Ziel, Studierenden und Forschenden in den Geistes- und Sozialwissenschaften statistische Grundkenntnisse zu vermitteln, die ihnen sowohl bei der Lektüre quantitativer Forschungsberichte als auch bei der Gestaltung und Auswertung eigener Studien nützlich sind. Zuallerst möchte ich erklären, welche Überlegungen diesem Skript zu Grunde liegen und was Sie von ihm erwarten können.

Der *ist*- und der *soll*-Zustand. Zumindest in der angewandten Linguistik, meinem eigenen Forschungsgebiet, existiert eine erhebliche Kluft zwischen der Art und Weise, wie statistische Analysen ausgeführt und berichtet werden, und der Art und Weise, wie sie hätten ausgeführt und berichtet werden sollen. Was alles zu dieser Diskrepanz gehört, ist wohl Ansichtssache; dies ist mein persönliches Résumé:

- In vielen Artikeln wird einem mit Unmengen von Signifikanztests um die Ohren gehaut. Die meisten von denen sind aber kaum relevant für die Forschungsfragen, sodass man als LeserIn zuerst die relevanten von den irrelevanten Informationen trennen muss—eine Verantwortung, die eigentlich bei den AutorInnen liegen sollte. Ich vermute, dass der Überfluss von sinnlosen Informationen der Tatsache zuzuschreiben ist, dass viele Forschende bei der Analyse ihrer Daten nach einem Schema *F* vorgehen und sich zu wenig überlegen, ob die Berechnungen, die sie durchführen und berichten, im Kontext ihrer Studie überhaupt einen Sinn haben.
- Trotz der grossen Menge an Zahlen in Forschungsberichten erfährt man als LeserIn kaum, wie die Daten und Zusammenhänge zwischen den Variablen überhaupt aussehen. Die Gefahren von blindem Herumrechnen werden in diesem Skript an ein paar Stellen illustriert.
- Der Output statistischer Modelle wird vorschnell hinsichtlich der Theorien und Vermutungen, die der Studie zu Grunde lagen, interpretiert, ohne dass man wirklich zu wissen scheint, was all diese Zahlen *buchstäblich* bedeuten. Natürlich ist es wünschenwert, dass ein Bezug zu Theorien und Vermutungen hergestellt wird. Aber wenn man nicht weiss, was die buchstäbliche Bedeutung des Outputs ist, ist die Gefahr gross, dass man sich selbst nur Dinge weismacht. Entsprechend gibt es in diesem Skript mehrere Übungen, in denen man die buchstäbliche Bedeutung von Zahlen in einem Modelloutput erläutern muss.
- Einige Forschende verlieren bei der Anwendung komplexerer statistischer Verfahren ihr Ziel—die Beantwortung einer Forschungsfrage—aus dem Auge und scheinen die Anwendung solcher Verfahren als Ziel an sich zu sehen (Ich gehöre wohl öfters auch zu dieser Gruppe.)

In diesem Skript werden wir nicht allzu viele Worte an gängige fragwürdige und sinnlose Praktiken verlieren, aber mehrere Aufgaben sind sozusagen als Prophylaxe gegen sie gedacht. Trotzdem empfiehlt es sich, sich irgendwann mit diesen Praktiken auseinanderzusetzen (siehe dazu Kapitel 16 und 17 sowie einige der Literaturempfehlungen).

Curb your enthusiasm. Viele gängige fragwürdige Praktiken verdanken ihre Omnipräsenz wohl der Tatsache, dass sich Geistes- und SozialwissenschaftlerInnen zu viel von statistischen Verfahren versprechen. Eine scheinbar raffinierte statistische Analyse kann eine schlecht geplante oder durchgeführte Datenerhebung aber nicht retten. Wichtiger als rein statistische Kenntnisse sind daher grundlegende Kenntnisse im Bereich Forschungsdesign (siehe dazu ein anderes Skript, *Quantitative methodology: An introduction*). Auch sollten Sie nicht erwarten, dass eine ausgeklügelte statistische Analyse Ihnen eine brauchbare Antwort auf eine schlecht formulierte Forschungsfrage liefern wird.

Inhalt. In Kapitel 2 erfahren Sie, wie man die Software, die wir verwenden werden (R und RStudio), richtig einstellt. Da die Erfahrung gezeigt hat, dass Studierende oft Schwierigkeiten haben, ihre eigenen Datensätze so zu gestalten, dass diese einfach in einem Computerprogramm ausgewertet werden können, ist Kapitel 3 diesen Schritten gewidmet. In diesem Kapitel lernen Sie auch mehrere nützliche Befehle, um Datensätze in R einzulesen, diese umzuordnen und mit anderen zusammenzufügen.

Der Fokus des Skripts liegt auf dem Schätzen relevanter Informationen anhand von Stichproben (z.B. das Mittel einer Population oder die Form des Zusammenhangs von zwei Variablen) und dem Quantifizieren der Unsicherheit dieser Schätzung. Kapitel 4 bis 7 legen dafür die Fundamente. Konzepte wie Stichprobenfehler und Konfidenzintervalle werden hier hauptsächlich anhand von Simulationen und verwandten Methoden (*bootstrapping*) illustriert. Hiervon verspreche ich mir, dass sie diese Konzepte besser veranschaulichen und die ihnen zu Grunde liegenden Annahmen klarer darlegen als eine rein mathematische Erklärung dies täte.

In Kapiteln 8 bis 12 nehmen wir das wichtigste Werkzeug unter die Lupe: das allgemeine lineare Modell. Die allermeisten statistischen Verfahren, die Sie in den Sozial- und Geisteswissenschaften antreffen werden, sind Instanzen des allgemeinen linearen Modells oder eben Verallgemeinerungen von ihm.

Auch wenn ich den gelegentlichen Nutzen von Signifikanztests nicht abstreiten will, halte ich diese vermehrt für überverwendet. Um zu vermeiden, dass Lesende den Eindruck erhalten, dass p-Werte das A und O einer statistischen Analyse sein sollten, werden diese daher erst in Kapiteln 13 bis 17, unter Begleitung vieler Wenn und Aber, besprochen.

Kapitel 18 und 19 geben Ihnen Empfehlungen, wo Sie sich über komplexere Verfahren, die m.E. nicht zu den Grundlagen gehören, schlau machen können.

Im Anhang ab Seite 234 finden Sie eine Erklärung der häufigsten Fehlermeldungen in R sowie eine Übersicht über die in diesem Skript verwendeten Softwareversionen.

Voraussetzungen. Da ich an einem Departement für Mehrsprachigkeitsforschung und Fremdsprachendidaktik arbeite und Studierende in unseren Programmen höchstens geringe Erfahrung mit quantitativer Datenanalyse ins Studium mitbringen, setzt dieses Skript keine Vorkenntnisse in diesem Bereich voraus. Es wird aber schon davon ausgegangen, dass sich die Leserschaft nicht abschrecken lässt von ein bisschen mathematischer Notation. Die meisten Gleichungen werden in diesem Skript ohnehin in Softwarebefehle umgesetzt, was ihre Bedeutung auch transparenter machen sollte.

Lernen lernen. Ich gehe von einer gesunden Portion Neugier und Eigeninitiative aus. So habe ich zwar versucht, die meisten Einstellungen bei den verwendeten Softwarebefehlen zu erklären. Aber wenn Ihnen nicht klar ist, was eine bestimmte Einstellung bewirkt, dann sollten Sie auf der Hilfeseite des Befehls nachschlagen oder eben die Einstellung ändern, um zu sehen, was sich im Output ändert.

Weiter muss ich deswegen von Neugier und Eigeninitiative ausgehen, weil es schlicht unmöglich ist, in einem halbwegs lesbaren Skript alle relevanten Einsichten zu vermitteln. Die Idee hinter diesem Skript ist es eben, Ihnen die Grundlagen zu vermitteln, die es Ihnen ermöglichen sollen, sich weiteres Wissen selber anzueignen. Sie werden in diesem Skript dazu viele Literaturempfehlungen finden. Tun Sie sich diese nicht alle sofort und aufs Mal an, sondern betrachten Sie diese Vorschläge als Leseprogramm für die nächsten paar Jahre. Viele der in diesem Skript behandelten Konzepte diskutiere ich übrigens auch auf meinem Blog unter `https://janhove.github.io`.

Ein m.E. überaus nützliches Werkzeug beim Statistik Lernen sind Simulationen. Wir werden daher nicht nur bestehende Datensätze analysieren, sondern auch selber Datensätze generieren und analysieren. Solche Simulationen bieten den Vorteil, dass man genau weiss, was in die Daten eingeflossen ist, sodass man feststellen kann, wie sich dies im Output der Modelle widerspiegelt. Spielen Sie mit diesen Simulationen herum und schreiben Sie sie um—Sie werden dabei Einiges lernen. Und wenn Sie sich neue Techniken aneignen, wenden Sie diese doch zunächst einmal auf solche simulierte Datensätze an, sodass Sie kontrollieren können, ob Sie den Output dieser Techniken tatsächlich richtig verstehen.

Skript in Überarbeitung. Das vorliegende Skript ist die zigte Überarbeitung eines Skripts, an dem ich seit 2012 arbeite. Vermutlich ist es nicht die letzte. Für jegliche inhaltliche und sprachliche Hinweise bin ich daher dankbar. Mein Dank gilt insbesondere Isabelle Udry, die mich auf etliche sprachliche Fehler und inhaltliche Unklarheiten in einer der neueren Versionen hingewiesen hat. Diese habe ich dann prompt durch neue ersetzt.

Viel Erfolg, Mut und Spass—und haben Sie Geduld mit sich selbst :)

Kapitel 2

Software

2.1 R und RStudio installieren und konfigurieren

Um alle Schritte in diesem Skript mitverfolgen zu können, brauchen Sie die Gratis-Software R. Zwar gibt es noch andere Gratis-Software, mit der man gut Daten analysieren kann (z.B. Python, Julia, JASP), aber im Vergleich zu diesen Alternativen hat R die Vorteile, dass es in den Geistes- und Sozialwissenschaften stärker verbreitet ist und dass ich mich eben selber mit R am besten auskenne. Auf das weitere Preisen von R verzichte ich hier, siehe dazu `https://adv-r.hadley.nz/introduction.html#why-r`.

Aufgabe 1. Laden Sie R unter `https://www.r-project.org` herunter und installieren Sie es. Stellen Sie dabei sicher, dass Sie mindestens über Version 4.2.0 verfügen.

Nachdem Sie R installiert haben, lohnt es sich, RStudio zu installieren. Dies ist ein benutzerfreundlicheres und kostenloses Interface, in dem Sie mit R arbeiten können.

Aufgabe 2. Laden Sie die Open Source Desktop-Version von RStudio unter `https://rstudio.com` herunter und installieren Sie diese.

Öffnen Sie RStudio. Ihr Bildschirm soll jetzt so aussehen wie in Abbildung 2.1. Wenn Sie statt vier Quadranten nur drei sehen, klicken Sie auf `File, New File, R Script`.

- Links unten sehen Sie die R-Konsole. Befehle, die hier eingetragen werden, werden von R ausgeführt. Auch der Output dieser Befehle erscheint hier.
- Links oben sehen Sie einen Texteditor. Anstatt Ihre Befehle direkt in die Konsole (links unten) einzutragen, sollten Sie diese zunächst hier eintragen. Dies macht es einfacher, die Befehle klar zu strukturieren und zu formattieren und Tippfehler aufzudecken. Ausserdem können Sie diese Skripts als .R-Datei speichern, sodass Sie Ihre Analyse nachher reproduzieren können.
- Rechts oben werden alle Objekte in der R-Arbeitsumgebung aufgelistet. Da Sie noch keine Daten eingelesen oder kreiert haben, ist diese Umgebung momentan leer.
- Wenn Sie eine Grafik zeichnen, sehen Sie diese rechts unten. Wenn Sie eine Hilfeseite abfragen, erscheint diese ebenfalls hier. Dieses Fenster kann auch als Dateimanager (wie Windows-Explorer) verwendet werden.

Bevor wir richtig loslegen, ist es sinnvoll, ein paar Einstellungen zu ändern.

Aufgabe 3. Klicken Sie dazu in RStudio auf `Tools > Global options...` Stellen Sie sicher, dass unter `General > Basic` die Option 'Restore .RData into workspace at startup' *nicht* angekreuzt ist und dass bei 'Save workspace to .RData on exit' die Option 'never' ausgewählt wurde. Mit diesen Einstellungen vermeiden Sie, dass bei einem Neustart noch alte Resultate und Objekte in der Arbeitsumgebung herumliegen, die Ihre neuen Berechnungen beeinflussen, ohne dass

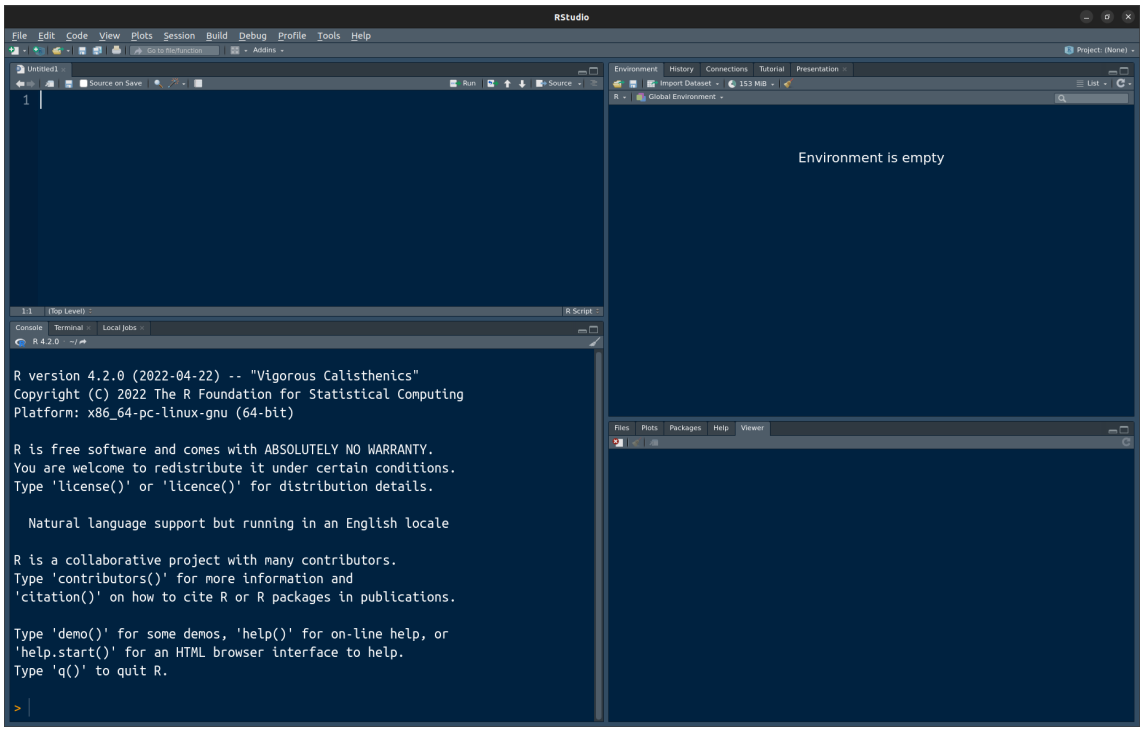


Abbildung 2.1: RStudio mit links unten der R-Konsole, links oben einem Texteditor, rechts oben dem Verzeichnis über die Arbeitsumgebung (jetzt noch leer) und rechts unten allfällige Hilfeseiten und Grafiken.

Sie sich dessen bewusst sind. Weiter sollten Sie unter `Code > Editing` das Kästchen 'Use native pipe operator, |>' ankreuzen. Was dieser 'pipe operator' vermag, werden Sie schon bald merken. Zum Schluss empfehle ich Ihnen, dass Sie unter `Code > Saving` noch die 'Default text encoding' auf UTF-8 wechseln. Das sollte die Wahrscheinlichkeit erhöhen, dass Ihre Skripts auf anderen Computern richtig angezeigt werden, wenn diese Sonderzeichen (wie Umlaute) enthalten.

2.2 R als Rechenmaschine

Mit R verfügen Sie über eine Rechenmaschine. Summen, Produkte und Quotienten können Sie berechnen, indem Sie Befehle wie die unten stehenden auf die Konsole (unten links) eintragen. Das vorangestellte Symbol '>' gehört nicht zum Befehl selber, aber Sie sehen es bereits auf der Konsole. Auch die Ergebnisse gehören nicht zu den Befehlen; diese werden auf der Konsole angezeigt, sobald Sie den Befehl eingetragen haben und mit ENTER bestätigt haben.

```
> 10 + 7
[1] 17
> 12 - 28
[1] -16
> 7 * 3.5
[1] 24.5
> 11 / 3
[1] 3.6667
```

Für Exponentiation verwendet man den Operator '^':

```
> 6 ^ 3
[1] 216
```

Quadratwurzeln ziehen können Sie mit der `sqrt()`-Funktion.

```
> sqrt(64)
[1] 8
```

Fürs Ziehen von beliebigen Wurzeln ist zu bemerken, dass $\sqrt[n]{x} = x^{1/n}$ gilt. Somit lässt sich $\sqrt[3]{216}$ als $216^{1/3}$ berechnen:

```
> 216 ^ (1/3)
[1] 6
```

Logarithmen berechnet man mit der `log()`-Funktion. Die folgenden Befehlen berechnen so $\log_{10} 1000$ (d.h., wie oft muss man 10 mit sich selbst multiplizieren, um 1000 zu erhalten?) und $\log_2 256$ (d.h., wie oft muss man 2 mit sich selbst multiplizieren, um 256 zu erhalten?):

```
> log(1000, 10)
[1] 3
> log(256, 2)
[1] 8
```

Für $\log_{10}$ und $\log_2$ existieren auch noch die Funktionen `log10()` bzw. `log2()`:

```
> log10(1000)
[1] 3
> log2(256)
[1] 8
```

R respektiert die übliche Operatorrangfolge (z.B. Multiplikation vor Addition). Verwenden Sie daher runde Klammern, um Berechnungen innerhalb eines Ausdrucks vor anderen zu berechnen:

```
> 8 * 0 + 4
[1] 4
> 8 * (0 + 4)
[1] 32
```

Anderen Rechenoperationen widmen wir uns dann, wenn wir sie im Skript brauchen.

2.3 Erweitungspakete installieren

Es gibt für R jede Menge Erweiterungspakete, mit denen man z.B. informative Grafiken gestalten kann oder spezialisierte statistische Modelle rechnen kann. Mit dem unten stehenden Befehl installieren Sie das `tidyverse`-Bündel: eine Sammlung unterschiedlicher Pakete, die alle auf der gleichen Philosophie basieren und die das Arbeiten mit Datensätzen wesentlich erleichtern.

Aufgabe. Tippen Sie diesen Befehl in RStudio ins Fenster links oben ein. Und ich meine tatsächlich 'tippen', nicht 'selektieren, kopieren und einkleben': Sie werden viel mehr lernen, wenn Sie die Befehle in diesem Skript abtippen als wenn Sie diese einfach aus dem PDF kopieren und einkleben! Selektieren Sie dann die Zeile, klicken Sie auf `Code, Run Selected Line(s)` oder drücken Sie CTRL + ENTER (Mac: CMD + ENTER). Der Befehl wird nun an die Konsole (links unten) weitergeleitet. Im Prinzip können Sie diese kurzen Befehl auch sofort in die Konsole eintragen, aber Sie sollten es sich angewöhnen, im Texteditor zu arbeiten. Fehler können so wesentlich einfacher aufgedeckt und behoben werden. Ausserdem erleichtert das Arbeiten im Texteditor das Dokumentieren Ihrer Analyse, da Sie Ihre Skripts abspeichern können.

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

Für die Erweitungspakete, die im `tidyverse`-Bündel zusammengepackt wurden, finden Sie unter `https://www.tidyverse.org/` Anleitungen und weitere Informationen.

2.4 R-Projekte

Es ist sinnvoll, wenn die Skripts, Datensätze, Grafiken, usw., die Sie für ein Forschungsprojekt brauchen oder kreiert haben, alle im gleichen Ordner ('Arbeitsordner') stehen. Am besten richten Sie dazu für jedes Forschungsprojekt, an dem Sie beteiligt sind (inklusive Seminar- und Masterarbeiten), ein R-Projekt ein. Auch für diesen Kurs sollten Sie ein solches Projekt einrichten.

Aufgabe. Klicken Sie in RStudio auf `File, New Project..., New directory, Empty project` und geben Sie dem Projekt einen Namen (z.B. Statistikkurs). Für diesen Kurs brauchen Sie die Optionen `Create a git repository` und `Use renv with this project` nicht einzuschalten.[1] Es wird jetzt ein Ordner kreiert, der eine Datei mit der Endung `.Rproj` enthält. Um das R-Projekt zu öffnen, können Sie diese Datei öffnen oder das Projekt in RStudio unter `File, Open Project...` auswählen.

Wenn Sie das Projekt geöffnet haben, sollten Sie im Fenster rechts unten noch die Registerkarte `Files` öffnen und mit `New Folder` die Unterordner `data` und `figs` kreieren. Die Datensätze, mit denen wir arbeiten werden, sollten Sie in `data` ablegen; in `figs` werden wir Abbildungen (Grafiken) speichern.

2.5 Softwareversionen und Updates

R und seine Erweiterungspakete sind in ständiger Entwicklung. Um ein Update der installierten R-Packages durchzuführen, können Sie den Befehl `update.packages()` verwenden. Um R selber auf den neusten Stand zu bringen, finde ich es eigentlich am einfachsten, die alte Version komplett zu löschen und die neue zu installieren. Danach muss ich dann aber die Packages, die ich brauche, erneut installieren. Dies kann recht mühsam sein, weshalb ich Ihnen empfehle, solche Upgrades in der vorlesungsfreien Zeit durchzuführen statt mitten im Semesterstress.

Aber Achtung: Es kommt nicht selten vor, dass alter R-Code nach einem Update nicht mehr oder etwas anders funktioniert. Für grössere Forschungsprojekte empfiehlt es sich daher, die Option `Use renv with this project` anzukreuzen. Diese sorgt dafür, dass die Versionen der Packages, die Sie im Projekt verwenden, als Teil des Projekts gespeichert werden. Die verwendeten Packages müssen jedoch im Projekt neu installiert werden. Auch wenn Sie nachher für ein anderes Projekt eine neuere Version des Packages verwenden, werden die Befehle im ersten Projekt noch mit der alten Version ausgeführt. Dies verringert die Gefahr, dass Ihr alter Code ein paar Jahre später nicht mehr funktioniert. Für mehr Informationen, siehe `https://rstudio.github.io/renv/articles/renv.html`.

Für dieses Skript wurde R-Version 4.2.0 verwendet. Eine Übersicht über die Packageversionen finden Sie im Anhang B.

2.6 Software zitieren

R und R-Pakete sind gratis und werden mehrheitlich von anderen Forschenden entwickelt. Wenn Sie bei Ihrer Arbeit sehr von R oder einem Erweiterungspaket profitiert haben, ziehen Sie es dann bitte in Erwägung, diesen Freiwilligen mit einer Referenz zu danken.

Eine Referenz für R erhalten Sie, wenn Sie den folgenden Befehl in die Konsole eintippen. Den Output dieses Befehls wird hier im Skript nicht gezeigt.

[1] Erstere kann aber nützlich sein, wenn Sie mit anderen am gleichen R-Projekt arbeiten. Siehe dazu `https://happygitwithr.com/`. Zum Nutzen von `renv` erfahren Sie im nächsten Abschnitt mehr.

```
> citation()
```

Wenn Sie ein bestimmtes Erweiterungspaket zitieren möchten, stellen Sie den Namen des Pakets zwischen Klammern und Anführungszeichen, etwa so:

```
> # Output nicht im Skript
> citation("tidyverse")
```

Es ist eine gute Idee, der Referenz an ein Erweitungspaket auch noch die Softwareversion hinzuzufügen. Es kann nämlich vorkommen, dass gewisse Berechnungen je nach der Softwareversion ein anderes—eventuell falsches—Ergebnis liefern. Um die Softwareversion von R und eventuell geladenen Erweitungspaketen abzurufen, können Sie den Befehl `sessionInfo()` verwenden.

```
> # Output nicht im Skript
> sessionInfo()
```

2.7 Aufgaben

1. Ein nützliches Erweiterungspaket, das wir bald verwenden werden, ist das `here`-Package.
   (a) Installieren Sie das `here`-Package.
   (b) Wer hat das `here`-Package geschrieben?
   (c) Welche Version des `here`-Pakets haben Sie installiert?
2. Das Arbeiten im Texteditor erleichtert das Dokumentieren von Analysen.
   (a) Kreieren Sie ein neues R-Skript (`File, New File, R Script`) und tragen Sie hier die R-Befehle aus Abschnitt 2.2 ein.
   (b) Fügen Sie am Ende des Skripts noch eine Zeile mit dem folgenden Befehl hinzu:
   ```
   > sessionInfo()
   ```
   (c) Speichern Sie das Skript mit der Endung `.R` (z.B. `rechenmaschine.R`).
   (d) Klicken Sie dann auf `File, Compile Report...` und wählen Sie dort HTML als Outputformat aus. (Eventuell müssen Sie dann noch ein zusätzliches Paket installieren.) Hiermit wird eine HTML-Datei hergestellt, die sowohl die Befehle als auch deren Output enthält. Dank des Outputs von `sessionInfo()` ist auch klar, welche Softwareversionen Sie für Ihre Berechnungen verwendet haben.

   Wenn der R-Code Syntaxfehler enthält, kann übrigens keine HTML-Datei hergestellt werden. So bietet das Arbeiten mit Skripts und HTML-Berichten eine minimale Qualitätskontrolle.
   (e) Fügen Sie am Anfang Ihres R-Skripts noch folgende Zeilen hinzu.
   ```
   #' ---
   #' author: '<Ihr Name>'
   #' title: 'R als Rechenmaschine'
   #' ---
   ```
   Kompilieren Sie den HTML-Bericht erneut.
   (f) Übrigens können Sie dem Bericht auch noch Text hinzufügen und seine Struktur mit Überschriften klarer machen. Stellen Sie hierzu den Textzeilen die Symbolen `#'` voran. Fügen Sie zum Beispiel dieses Textchen noch irgendwo hinzu und kompilieren Sie den Bericht erneut:
   ```
   #' Um Ihre Überlegungen und Erkenntnisse zu dokumentieren,
   #' können Sie Absätze wie diese in Ihre Skripts einbauen.
   #' Solche Absätze werden von R <i>ignoriert</i>, aber sind
   #' sowohl im Skript als auch im HTML-Bericht <b>sichtbar</b>.
   #' Sie können hier auch HTML-Markup verwenden.
   ```

```
#' <h1>Beschriftung (1. Stufe)</h1>
#' Lorem ipsum.

#' <h2>Beschriftung (2. Stufe)</h2>
#' <h3>Beschriftung (3. Stufe, etc.)</h3>
```

Kapitel 3

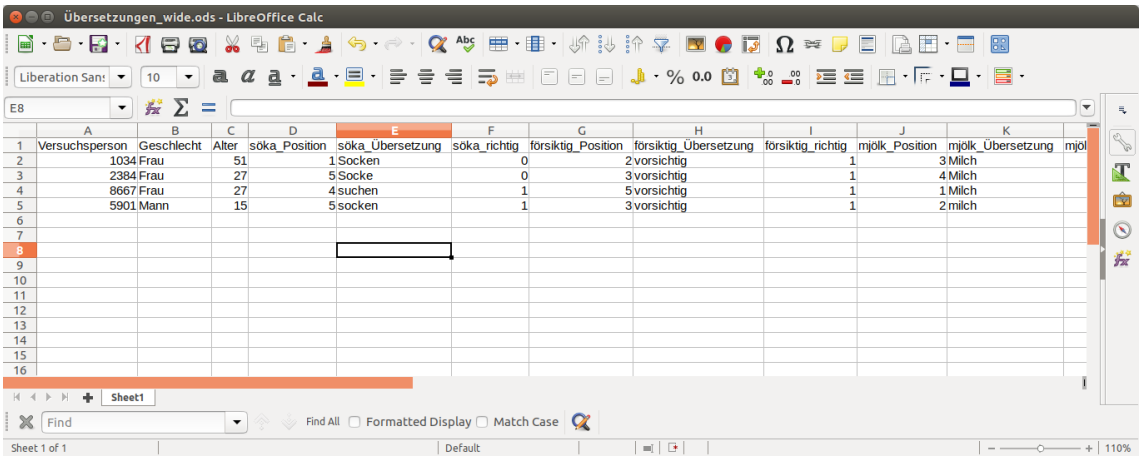
Arbeiten mit Datensätzen

Die erste Hürde, die es bei einer quantitativen Analyse zu überwinden gilt, ist, die Daten so zu organisieren, dass diese überhaupt analysierbar sind. Hat man dies geschafft, muss man die Daten noch in das Computerprogramm, mit dem man sie analysieren wird (hier: R), einlesen. Öfters muss man die eingelesen Datensätze anschliessend mit anderen Datensätzen kombinieren und umgestalten und in der Regel will man auch noch gewisse Informationen aus den Datensätzen herauslesen. Dieses Kapitel ist diesen Schritten gewidmet.

3.1 Daten organisieren

Stellen Sie sich die folgende Datenerhebung vor. Sie möchten untersuchen, wie sich die Fähigkeit, die Bedeutung von Wörtern in einer nicht beherrschten Sprache auf der Basis ihrer Ähnlichkeit zu Wörtern in beherrschten Sprachen zu erschliessen, im Laufe des Lebens verändert. Dazu legen Sie einer Reihe von deutschsprachigen Versuchspersonen unterschiedlichen Alters eine Anzahl geschriebener schwedischer Wörter vor und bitten Sie sie, diese ins Deutsche zu übersetzen. Der Übersichtlichkeit halber werden hier die Übersetzungen von vier Versuchspersonen für fünf Wörter gezeigt, und zwar für jede Versuchsperson in der Reihenfolge, in der die Wörter übersetzt wurden.

- Versuchsperson 1034. Frau, 51 Jahre.
  - Wort: *söka*. Übersetzung: *Socken* (falsch).
  - Wort: *försiktig*. Übersetzung: *vorsichtig* (richtig).
  - Wort: *mjölk*. Übersetzung: *Milch* (richtig).
  - Wort: *behärska*. Keine Übersetzung gegeben.
  - Wort: *fiende*. Übersetzung: *finden* (falsch).
- Versuchsperson 2384. Frau, 27 Jahre.
  - Wort: *fiende*. Keine Übersetzung gegeben.
  - Wort: *behärska*. Keine Übersetzung gegeben.
  - Wort: *försiktig*. Übersetzung: *vorsichtig* (richtig).
  - Wort: *mjölk*. Übersetzung: *Milch* (richtig).
  - Wort: *söka*. Übersetzung: *Socke* (falsch).
- Versuchsperson 8667. Frau, 27 Jahre.
  - Wort: *mjölk*. Übersetzung: *Milch* (richtig).
  - Wort: *behärska*. Keine Übersetzung gegeben.
  - Wort: *fiende*. Übersetzung: *finden* (falsch).



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	
1	Versuchsperson	Geschlecht	Alter	söka_Position	söka_Übersetzung	söka_richtig	försiktig_Position	försiktig_Übersetzung	försiktig_richtig	mjölk_Position	mjölk_Übersetzung	mjöl
2	1034	Frau	51	1	Socken	0	2	vorsichtig	1	3	Milch	
3	2384	Frau	27	5	Socke	0	3	vorsichtig	1	4	Milch	
4	8667	Frau	27	4	suchen	1	5	vorsichtig	1	1	Milch	
5	5901	Mann	15	5	socken	1	3	vorsichtig	1	2	milch	

Abbildung 3.1: Ein breiter Datensatz mit einer Zeile pro Versuchsperson.

  - Wort: *söka*. Übersetzung: *suchen* (richtig).
  - Wort: *försiktig*. Übersetzung: *vorsichtig* (richtig).
- Versuchsperson 5901. Mann, 15 Jahre.
  - Wort: *behärska*. Übersetzung: *beherrschen* (richtig).
  - Wort: *mjölk*. Übersetzung: *milch* (sic.) (richtig).
  - Wort: *försiktig*. Übersetzung: *vorsichtig* (richtig).
  - Wort: *fiende*. Übersetzung: *feinde* (sic.) (richtig; eigentlich *Feind*).
  - Wort: *söka*. Übersetzung: *socken* (sic.) (falsch).

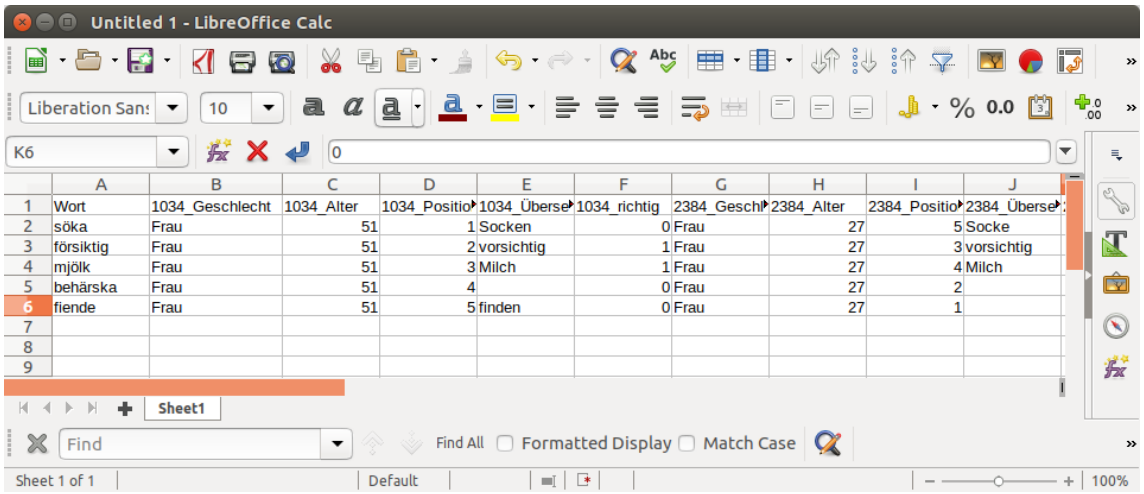
Wie trägt man solche Angaben am besten in ein Spreadsheet ein? Bevor wir uns ein paar Faustregeln anschauen, möchte ich ein bisschen Werbung für ein Spreadsheetprogramm machen, dass Sie vielleicht noch nicht kennen.

Ein kostenloses Spreadsheetprogramm. LibreOffice.org ist eine kostenlose Applikationssuite, die—wie Microsoft Office—aus einem Textbearbeitungsprogramm (Write), einem Spreadsheetprogramm (Calc), einem Präsentationsprogramm (Impress) usw., besteht. Selber finde ich LibreOffice Calc nützlicher als MS Excel, weil man beim Speichern von Spreadsheets gewisse Einstellungen viel einfacher ändern kann. Darauf werden wir später zurückkommen.

3.1.1 Lange Datensätze sind praktischer als breite

Wir befassen uns in diesem Kurs mit sog. rechteckigen Datensätzen, d.h., Datensätze, in denen die Informationen in Zeilen und Spalten organisiert werden und in denen alle Zeilen und Spalten gleich lang sind. (Beispiele von anderen Datensatzformaten sind XML und JSON.) Die zwei üblichsten Formate, in denen Datensätze organisiert werden, sind das breite und das lange Format. Im breiten Format werden alle Angaben zu einer bestimmten **Erhebungseinheit** (z.B., zu einer Versuchsperson) in die gleiche Zeile eingetragen. In unserem Beispiel könnte ein breiter Datensatz wie in Abbildung 3.1 aussehen (7 Spalten werden nicht gezeigt). Bemerken Sie, dass es für jedes Wort drei Spalten gibt: eine, in der steht, an welcher Stelle das Wort übersetzt wurde; eine, in der die Übersetzung steht; und eine, in der vermerkt wird, ob die Übersetzung richtig war. Auch die Anordnung in Abbildung 3.2, in der es eine Zeile pro Wort gibt und alle Übersetzungen für dieses Wort auf der gleichen Zeile stehen, ist ein Beispiel eines breiten Datensatzes (10 Spalten nicht werden nicht gezeigt).

Im langen Format werden die Angaben zu einer **Beobachtungseinheit** in der gleichen Zeile arrangiert. Eine Definition von ‘Erhebungseinheit’ und ‘Beobachtungseinheit’ ist schwierig zu geben (siehe Wickham, 2014) und würde ausserdem wenig bringen. In diesem Beispiel wären die Beobachtungseinheiten aber die einzelnen Übersetzungen. Die gleichen Daten im langen



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Wort	1034_Geschlecht	1034_Alter	1034_Positio	1034_Überse	1034_richtig	2384_Geschl	2384_Alter	2384_Positio	2384_Überse
2	söka	Frau	51	1	Socken	0	Frau	27	5	Socke
3	försiktig	Frau	51	2	vorsichtig	1	Frau	27	3	vorsichtig
4	mjölk	Frau	51	3	Milch	1	Frau	27	4	Milch
5	behärska	Frau	51	4		0	Frau	27	2	
6	fiende	Frau	51	5	finden	0	Frau	27	1	
7										
8										
9										

Abbildung 3.2: Ein breiter Datensatz mit einer Zeile pro Stimulus.

Format könnten aussehen wie in Abbildung 3.3. Es ist in der Regel wesentlich einfacher mit langen Datensätzen als mit breiten zu arbeiten. Und falls es trotzdem einmal nötig sein sollte, mit einem breiten Datensatz zu arbeiten: Lange Datensätze zu breiten zu konvertieren, ist einfacher als umgekehrt; siehe hierzu Abschnitt 3.5.

Um zu vermeiden, dass das absichtliche oder versehentliche Löschen einer Zeile dazu führt, dass die anderen Zeilen nicht mehr interpretiert werden können, werden die Angaben zu den Versuchspersonen in jeder Zeile wiederholt. Lassen Sie weder im langen noch im breiten Format Informationen weg, die man einer anderen Zeile entnehmen kann. Also *nicht* so wie in Abbildung 3.4!

Bemerken Sie auch, dass es eine Spalte gibt, welche die Reihenfolge, in der die Wörter übersetzt wurden, explizit macht. Im Prinzip könnte man diese Information aus der Struktur des Datensatzes ableiten. Indem man diese Information jedoch explizit hinzufügt, vermeidet man, dass sie verloren geht, wenn der Datensatz anders sortiert wird.

Sowohl breite als auch lange Datensätze sind **rechteckig**:

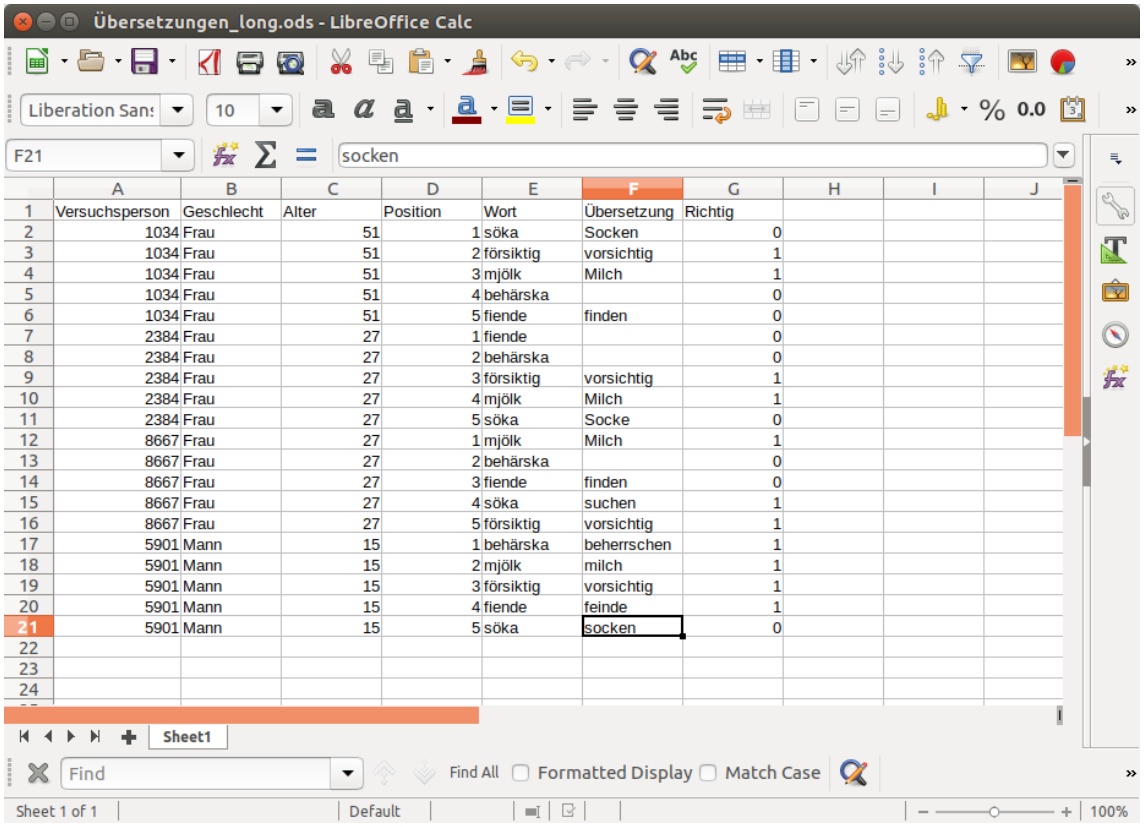
- Sie haben eine Anzahl Zeilen und Spalten. Alle Zeilen sind gleich lang. Dies gilt auch für die Spalten.
- Es gibt keine komplett leeren Zeilen und Spalten. Einzelne leere Zellen gibt es öfters schon, aber es ist nicht so, dass es Angaben in Spalten A–D gibt, überhaupt keine in Spalten E–F und dann wieder welche in Spalte G.
- In der Regel haben alle Spalten einen Namen. Manchmal kommt es zwar vor, dass keine einzige Spalte einen Namen hat, aber geben Sie nicht ein paar Spalten einen Namen und anderen nicht.
- Alle Spaltennamen stehen in *einer* Zeile. Die Spaltenbezeichnungen stellen sich also nicht aus mehreren Zellen zusammen.

Zum Vergleich: Das Spreadsheet in Abbildung 3.5 zeigt einen nicht-rechteckigen Datensatz. Die Zusammenfassungen unten haben in diesem Datensatz nichts zu suchen und würden beim Einlesen zu Problemen führen.

3.1.2 Kurze, aber selbsterklärende Bezeichnungen verwenden

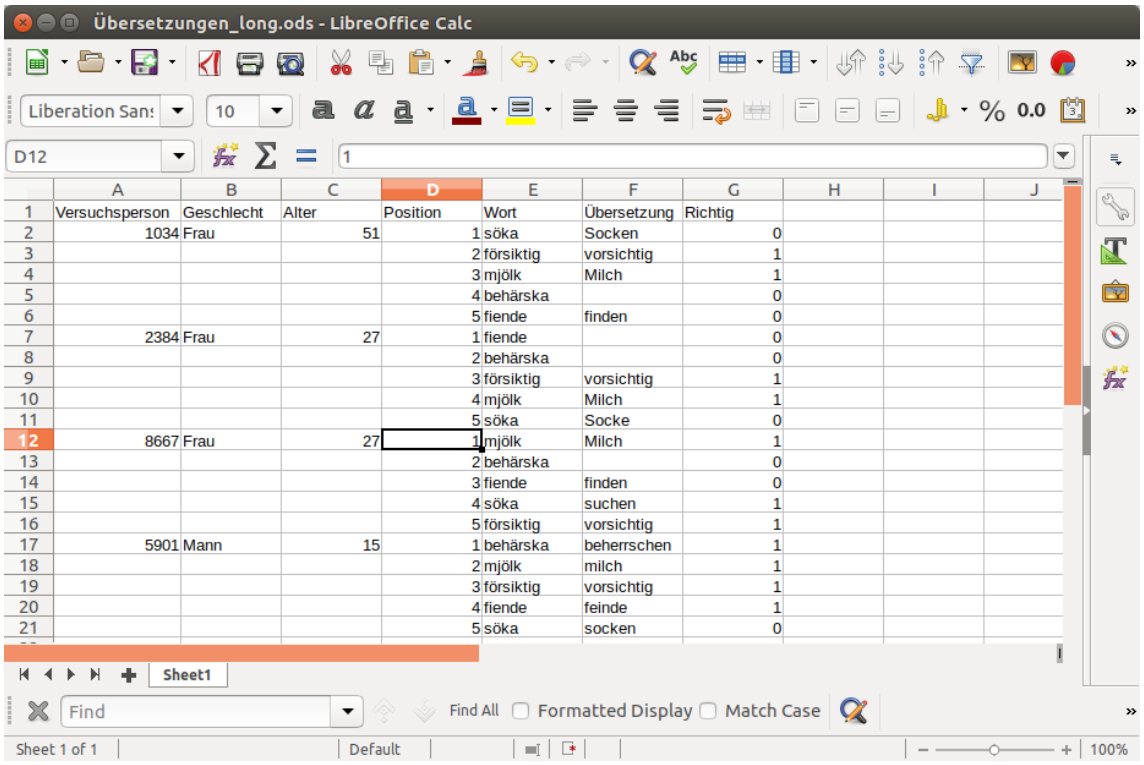
Machen Sie sich die spätere Analyse einfacher, indem Sie den Spalten und anderen Angaben in Ihren Datensätzen deutliche Namen geben. Dadurch vermeiden Sie, dass Sie während der Analyse ständig wieder nachschlagen müssen, was die Angaben überhaupt heissen. Dies verringert wiederum die Wahrscheinlichkeit, dass Sie Fehler machen.

Ein paar Beispiele:



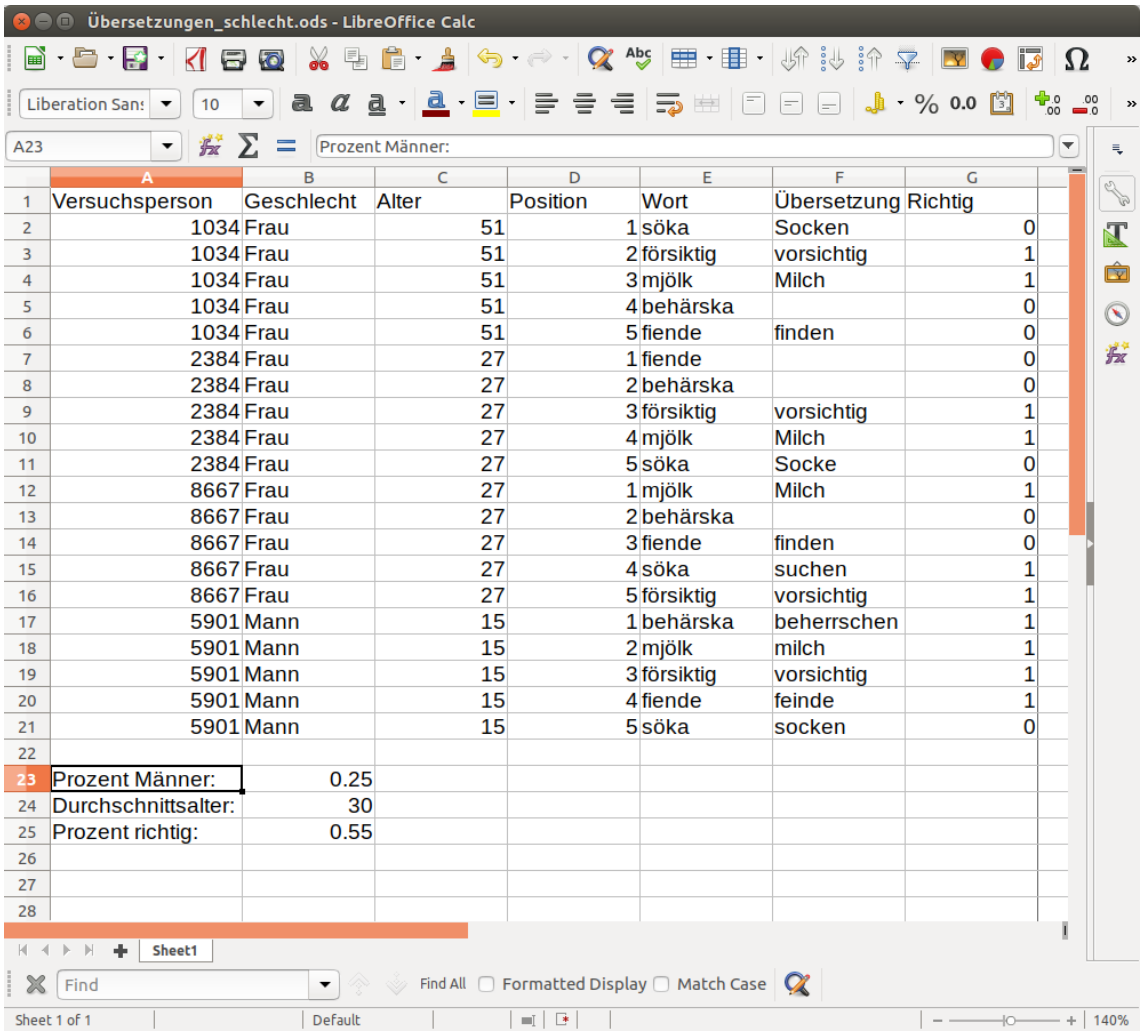
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Versuchsperson	Geschlecht	Alter	Position	Wort	Übersetzung	Richtig			
2	1034	Frau	51	1	söka	Socken	0			
3	1034	Frau	51	2	försiktig	vorsichtig	1			
4	1034	Frau	51	3	mjölk	Milch	1			
5	1034	Frau	51	4	behärska		0			
6	1034	Frau	51	5	fiende	finden	0			
7	2384	Frau	27	1	fiende		0			
8	2384	Frau	27	2	behärska		0			
9	2384	Frau	27	3	försiktig	vorsichtig	1			
10	2384	Frau	27	4	mjölk	Milch	1			
11	2384	Frau	27	5	söka	Socke	0			
12	8667	Frau	27	1	mjölk	Milch	1			
13	8667	Frau	27	2	behärska		0			
14	8667	Frau	27	3	fiende	finden	0			
15	8667	Frau	27	4	söka	suchen	1			
16	8667	Frau	27	5	försiktig	vorsichtig	1			
17	5901	Mann	15	1	behärska	beherrschen	1			
18	5901	Mann	15	2	mjölk	milch	1			
19	5901	Mann	15	3	försiktig	vorsichtig	1			
20	5901	Mann	15	4	fiende	feinde	1			
21	5901	Mann	15	5	söka	socken	0			
22										
23										
24										

Abbildung 3.3: Ein langer Datensatz mit einer Zeile pro Stimulus pro Versuchsperson. Lange Datensätze sind in der Regel einfacher zu verwalten und zu analysieren als breite.



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Versuchsperson	Geschlecht	Alter	Position	Wort	Übersetzung	Richtig			
2	1034	Frau	51	1	söka	Socken	0			
3				2	försiktig	vorsichtig	1			
4				3	mjölk	Milch	1			
5				4	behärska		0			
6				5	fiende	finden	0			
7	2384	Frau	27	1	fiende		0			
8				2	behärska		0			
9				3	försiktig	vorsichtig	1			
10				4	mjölk	Milch	1			
11				5	söka	Socke	0			
12	8667	Frau	27	1	mjölk	Milch	1			
13				2	behärska		0			
14				3	fiende	finden	0			
15				4	söka	suchen	1			
16				5	försiktig	vorsichtig	1			
17	5901	Mann	15	1	behärska	beherrschen	1			
18				2	mjölk	milch	1			
19				3	försiktig	vorsichtig	1			
20				4	fiende	feinde	1			
21				5	söka	socken	0			

Abbildung 3.4: Nicht so! In diesem Datensatz wurden mehrere Zellen leer gelassen, da man deren Inhalt anderen Zellen entnehmen kann. Dies wird bei einer Analyse aber zu Schwierigkeiten führen. Ausserdem kann das Löschen einer Zeile dafür sorgen, dass die Infos auf anderen Zeilen nicht mehr rekonstruiert werden können.



	A	B	C	D	E	F	G
1	Versuchsperson	Geschlecht	Alter	Position	Wort	Übersetzung	Richtig
2	1034	Frau	51	1	söka	Socken	0
3	1034	Frau	51	2	försiktig	vorsichtig	1
4	1034	Frau	51	3	mjölk	Milch	1
5	1034	Frau	51	4	behärska		0
6	1034	Frau	51	5	fiende	finden	0
7	2384	Frau	27	1	fiende		0
8	2384	Frau	27	2	behärska		0
9	2384	Frau	27	3	försiktig	vorsichtig	1
10	2384	Frau	27	4	mjölk	Milch	1
11	2384	Frau	27	5	söka	Socke	0
12	8667	Frau	27	1	mjölk	Milch	1
13	8667	Frau	27	2	behärska		0
14	8667	Frau	27	3	fiende	finden	0
15	8667	Frau	27	4	söka	suchen	1
16	8667	Frau	27	5	försiktig	vorsichtig	1
17	5901	Mann	15	1	behärska	beherrschen	1
18	5901	Mann	15	2	mjölk	milch	1
19	5901	Mann	15	3	försiktig	vorsichtig	1
20	5901	Mann	15	4	fiende	feinde	1
21	5901	Mann	15	5	söka	socken	0
22							
23	Prozent Männer:	0.25					
24	Durchschnittsalter:	30					
25	Prozent richtig:	0.55					
26							
27							
28							

Abbildung 3.5: Nicht so! Dieser Datensatz ist nicht rechteckig: “Prozent Männer:” ist keine Versuchspersonnummer, und “0.25” ist kein Geschlecht. Ausserdem ist Zeile 22 komplett leer.

- Sie werten einen Fragebogen aus. Machen Sie in jeder Spalte deutlich, worum es in den Fragen ging. Vermeiden Sie also Spaltennamen wie 'Q3' oder 'Frage8'. Verwenden Sie stattdessen Spaltennamen wie 'DiplomVater' (wenn die Frage war, welchen Schulabschluss der Vater der Gewährsperson hat) oder 'DialectUse' (wenn die Frage war, wie oft die Gewährsperson Dialekt redet).
- Wenn Sie eine Spalte namens 'Geschlecht' haben, die mit Nullen und Einsen gefüllt ist, müssten Sie ständig nachschlagen, ob 0 jetzt für 'Frau' oder 'Mann' steht. Verwenden Sie stattdessen lieber direkt 'Frau' und 'Mann', oder sogar 'f' und 'm'. Eine andere Möglichkeit ist, dass Sie die Spalte zu 'Frau' umbenennen, sodass es deutlich ist, dass eine 1 heisst, dass die Gewährsperson eine Frau war, und eine 0, dass es sich um einen Mann handelte.
- Verwenden Sie eher kurze Bezeichnungen. In der späteren Analyse werden Sie nämlich insbesondere die Spaltennamen mehrmals wieder eintippen müssen. Vermeiden Sie daher Spaltennamen wie 'wie_oft_sprechen_Sie_Hochdeutsch' und verwenden Sie stattdessen 'use_hochdeutsch' oder Ähnliches.

Am besten verwenden Sie übrigens keine Leertasten und Lesezeichen in den Spaltennamen.

3.1.3 Fehlende Angaben unzweideutig vermerken

Im Beispiel oben habe ich fehlende Übersetzungen einfach leer gelassen. Daraus kann ich ableiten, dass der Versuchsperson das Wort zwar vorgelegt wurde, aber sie dieses nicht übersetzt hat. Es wäre jedoch auch möglich gewesen, dass einigen Versuchspersonen bestimmte Wörter gar nie vorgelegt wurden, z.B. aufgrund eines Softwarefehlers. Es wäre wichtig, solche Fälle von den ersten zu unterscheiden, indem man diese Fälle mit einer Kürzel (z.B. 'NA' für 'not available' oder 'not applicable') vermerkt.

Gegebenenfalls kann man auch mehrere Kürzel verwenden, um unterschiedliche Gründe für das Nicht-Vorhanden-Seins voneinander zu unterscheiden. In der Regel ist es aber am einfachsten, sämtliche fehlende Daten mit 'NA' zu vermerken und den Grund hierfür in eine Kommentarspalte einzutragen.

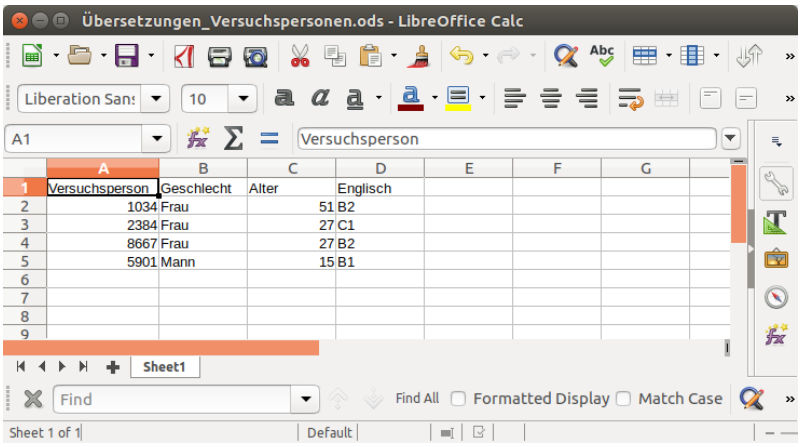
Verwenden Sie aber keine Zahlen (wie -99 oder -9999), um fehlende Angaben zu vermerken. Der Grund ist, dass solche Zahlen manchmal zulässige Werte sind. Ausserdem können solche Angaben schwieriger auf den ersten Blick erkannt werden, wenn man eine Zusammenfassung des Datensatzes generiert.

3.1.4 Mehrere kleinere Datensätze sind handlicher als ein riesiger

In den Spreadsheets oben wurden bestimmte Informationen mehrfach wiederholt. Zum Beispiel musste man bei den Übersetzungen von Versuchsperson 1034 fünf Mal eintragen, dass sie eine Frau im Alter von 51 Jahren war. In diesem Fall ist der Datensatz trotz wiederholten Informationen übersichtlich. Wenn man sich aber überlegt, dass in der Regel für jede Versuchsperson viel mehr Informationen vorliegen (z.B., Daten aus einem Hintergrundsfragebogen) und dass man öfters auch Informationen zu den verwendeten Stimuli (hier: den Wörtern) mit einbeziehen will, wird klar, dass man es schnell mit grossen Datensätzen zu tun hat, in denen viele Informationen mehrfach wiederholt werden.

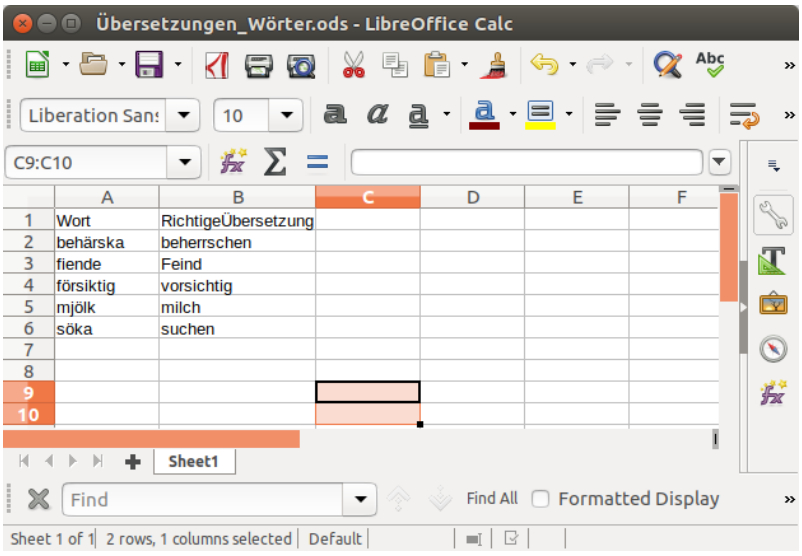
Um die Übersicht zu bewahren und um sich eine Menge Tipp- oder Kopierarbeit zu sparen, lohnt es sich, statt eines grossen Datensatzes mehrere kleinere zu verwalten. In unserem Beispiel würde man dann ein Spreadsheet mit Informationen zu den Versuchspersonen gestalten (Abbildung 3.6). Daneben kann man noch ein Spreadsheet mit Informationen zu den Wörtern anfertigen (Abbildung 3.7). In einem dritten Spreadsheet kann man dann die Antworten bei der Übersetzungsaufgabe aufführen (Abbildung 3.8).

Da im letzten Spreadsheet sowohl eine Spalte mit den Identifikationen der Versuchspersonen als auch mit den Bezeichnungen der Stimuli vorhanden ist, können ihm die Informationen aus den ersten zwei kleineren Datensätzen nachher problemlos hinzugefügt werden. Wie man dies in R machen kann, erfahren Sie in Abschnitt 3.3.



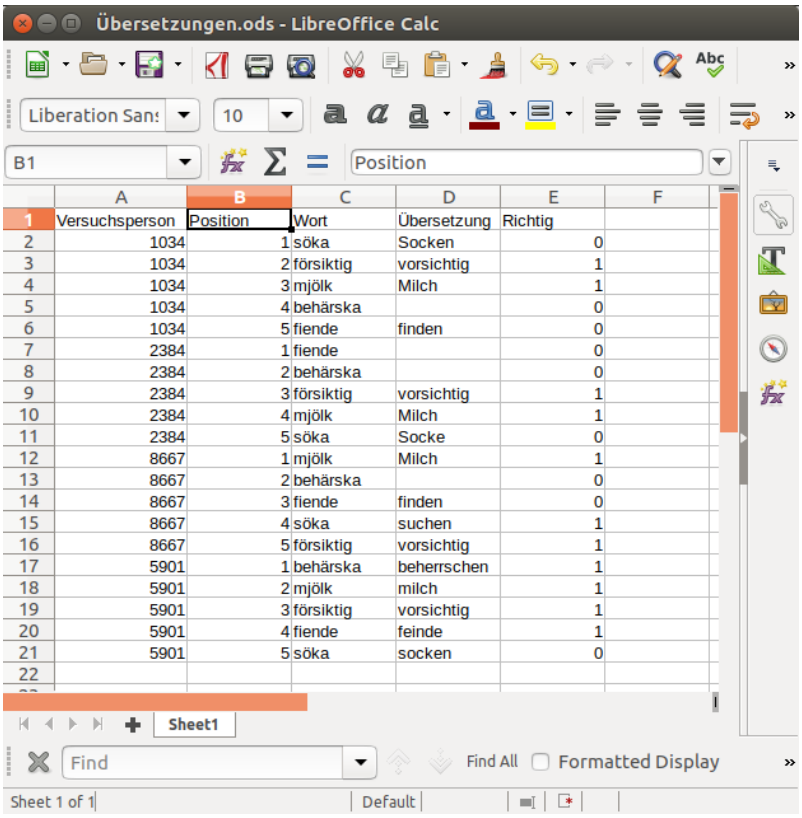
	A	B	C	D
1	Versuchsperson	Geschlecht	Alter	Englisch
2	1034	Frau	51	B2
3	2384	Frau	27	C1
4	8667	Frau	27	B2
5	5901	Mann	15	B1

Abbildung 3.6: Ein erster Datensatz mit Informationen, die nur die Versuchspersonen betreffen.



	A	B
1	Wort	RichtigeÜbersetzung
2	behärska	beherrschen
3	fiende	Feind
4	försiktig	vorsichtig
5	mjölk	milch
6	söka	suchen

Abbildung 3.7: Ein zweiter Datensatz mit Informationen, die nur die Stimuli betreffen.



	A	B	C	D	E	F
1	Versuchsperson	Position	Wort	Übersetzung	Richtig	
2	1034	1	söka	Socken	0	
3	1034	2	försiktig	vorsichtig	1	
4	1034	3	mjölk	Milch	1	
5	1034	4	behärska		0	
6	1034	5	fiende	finden	0	
7	2384	1	fiende		0	
8	2384	2	behärska		0	
9	2384	3	försiktig	vorsichtig	1	
10	2384	4	mjölk	Milch	1	
11	2384	5	söka	Socke	0	
12	8667	1	mjölk	Milch	1	
13	8667	2	behärska		0	
14	8667	3	fiende	finden	0	
15	8667	4	söka	suchen	1	
16	8667	5	försiktig	vorsichtig	1	
17	5901	1	behärska	beherrschen	1	
18	5901	2	mjölk	milch	1	
19	5901	3	försiktig	vorsichtig	1	
20	5901	4	fiende	feinde	1	
21	5901	5	söka	socken	0	
22						

Abbildung 3.8: Ein dritter Datensatz, in dem die Übersetzungen aufgeführt werden.

3.1.5 Weitere Bemerkungen

- Beachten Sie Gross- und Kleinschreibung. Für manche Statistikprogramme ist ‘Frau‘ gleich ‘frau’, für andere (darunter R) nicht.
- Sonderzeichen, wie Umlaute, führen manchmal zu Problemen.
- Beachten Sie Leerzeichen. Für ein Computer ist ‘Mann’ nicht gleich ‘Mann ’ (mit Leerzeichen).
- Wenn Sie in Ihren Spreadsheets gerne mit Farben arbeiten: Diese gehen verloren, wenn Sie das Spreadsheet in R einlesen. Wenn die Farben Informationen kodieren, die nicht den Angaben im Spreadsheet entnommen werden können, fügen Sie diese Informationen also besser noch selbst hinzu.
- Arbeiten Sie möglichst wenig im Spreadsheet! Nachdem Sie die Daten eingetragen haben, sollten Sie grundsätzlich nicht mehr im Spreadsheet, sondern in R selber arbeiten. Also nicht in Excel herumrechnen, sortieren, kopieren, kleben, neu formattieren usw. Wenn Sie diese Schritte in R ausführen und Ihren Code speichern, ist eindeutig festgelegt, wie Sie den Datensatz umgestaltet haben, um Grafiken zu zeichnen und Modelle zu rechnen. Der ursprüngliche Datensatz bleibt dabei aber unverändert, sodass Sie immer wieder aufs Original zurückgreifen können.

3.2 Datensätze einlesen

Wenn die Daten in einem analysierbaren Format vorliegen, besteht die nächste Herausforderung darin, diese in R einzulesen. Wir behandeln hier nur zwei Fälle: das Einlesen von Excel-Spreadsheets im XLS(X)-Format und das Einlesen von Spreadsheets im CSV-Format.

3.2.1 Excel-Spreadsheets (XLS, XLSX)

Speichern Sie den Datensatz `uebersetzungen.xlsx` im Ordner `data` in Ihrem Arbeitsordner. Dieser Datensatz ist eine Exceldatei, die aus einem einzigen Spreadsheet besteht. Um ihn in R einzulesen, verwenden wir die Funktion `read_excel()` aus dem `readxl`-Package. Dieses Package ist Teil des `tidyverse`-Bündels, das wir bereits installiert haben. Wenn wir seine Funktionen aber verwenden möchten, müssen wir das Package noch laden. Das machen wir mit der Funktion `library()`:

```
> library(readxl)
```

Wenn keine Fehlermeldung kommt, ist gut!

Aufgabe. Welche Version von `readxl` haben Sie installiert?

Installieren müssen Sie Packages übrigens nicht immer wieder, aber Sie müssen die Packages, deren Funktionen Sie verwenden schon bei jeder neuen Session wieder mit `library()` laden.

Um den Datensatz einzulesen, verwenden wir nun die Funktion `read_excel()`, der wir den Pfad zur Exceldatei übergeben. R akzeptiert sowohl absolute als auch relative Pfade, aber damit Sie bereits jetzt gute Gewohnheiten entwickeln, verweisen wir auf Dateien ab dem Ordner, in der sich die .Rproj-Datei des aktuellen Projekts befindet. Das geht am einfachsten mit der `here()`-Funktion aus dem `here`-Package, das wir auch noch laden müssen. Für unsere jetzigen Zwecke ist die Verwendung von `here()` eigentlich übertrieben, aber für grössere Projekte ist es eine sehr nützliche Funktion, sodass wir sie hier sofort verwenden.

```
> library(here)

here() starts at /home/jan/ownCloud/statintro

> translations <- read_excel(here("data", "uebersetzungen.xlsx"))
```

Wie Sie sehen, erkennt die `here()`-Funktion, dass sich (bei mir) die .Rproj-Datei im Ordner `home/jan/ownCloud/StatIntro2022` befindet. Bei Ihnen wird dieser Pfad natürlich anders aussehen. Die Alternative ohne `here()` und mit einem relativen Pfad sähe übrigens so aus:

```
> translations <- read_excel("data/uebersetzungen.xlsx")
```

Der Vorteil von der `here()`-Funktion ist, dass der Befehl auch genau so funktioniert, wenn das Skript, in dem es vorkommt, in einem Unterordner gespeichert ist: Die einzulesende Datei wird ab dem *project root* gesucht, nicht ab dem Pfad des Skripts.

Angezeigt wird der Datensatz übrigens noch nicht, aber im Fenster rechts oben sollten Sie jetzt ein Objekt namens `translations` sehen, zusammen mit der Angabe '20 obs. of 5 variables'.

Der Datensatz ist nun zugänglich in einem sog. *tibble* namens `translations`.[1]

Einschub: <-, = und ==. Die Symbolenfolge <- ist der *assignment operator*. Sie kreiert ein neues Objekt im Arbeitsgedächtnis bzw. überschreibt ein bereits vorhandenes Objekt. Dieses Objekt trägt den Namen links von <-. Kürzel in RStudio: ALT + -.

Oft wird auch das Ist-Gleich-Zeichen (=) als *assignment operator* verwendet. Es wird aber auch verwendet, um Parameter in Funktionen festzulegen (wie Sie bald sehen werden). Zwecks *one form, one function* werde ich daher ausschliesslich <- als *assignment operator* verwenden.

Dann gibt es noch die Symbolenfolge ==. Diese überprüft, ob zwei Werte identisch sind. Beispiel:

[1] Rechteckige Datensätze heissen in R eigentlich *data frames*. *Tibbles* sind die Entsprechung von *data frames* in den *tidyverse*-Paketen, darunter auch das Paket `readxl`. Wer schon viel Erfahrung mit R hat, wird im Laufe des Skripts vielleicht ein paar subtile Unterschiede zwischen *data frames* und *tibbles* feststellen, aber im Grossen und Ganzen sind sie klein.

```
> 4 == 2 * 2
[1] TRUE
> 8 == 2 * 3
[1] FALSE
```

Fehlermeldungen. Fehlermeldungen in R sind notorisch unverständlich. In Anhang A finden Sie eine Liste mit den häufigsten Fehlermeldungen sowie möglichen Auslösern und Lösungen. Wenn der Anhang Ihnen nicht weiterhilft, kleben Sie die Fehlermeldung am besten in Google ein.

Wenn Sie die folgende Fehlermeldung erhalten, heisst das, dass R die Datei am falschen Ort gesucht hat.

```
> translations <- read_excel(here("Data", "uebersetzungen.xlsx"))
Error: `path` does not exist:
  '/home/jan/ownCloud/StatIntro2022/Data/uebersetzungen.xlsx'
```

Haben Sie die Befehle richtig eingetippt? Haben Sie den Arbeitsordner richtig eingestellt? Haben Sie die Datei am richtigen Ort gespeichert? Hier ist das Problem, dass der Ordner `data` und nicht `Data` heisst.

Kontrollieren, ob die Daten richtig eingelesen wurden. Auch wenn Sie keine Fehlermeldung erhalten, sollten Sie kontrollieren, ob der Datensatz richtig eingelesen wurde. Dazu können Sie beispielsweise die ersten paar Zeilen des Datensatzes anzeigen lassen. Mit dem folgenden Befehl sollten die ersten vier Zeilen gezeigt werden.

```
> slice_head(translations, n = 4)
Error in slice_head(translations, n = 4): could not find function "slice_head"
```

Die Fehlermeldung sollte uns nicht beunruhigen. Die Funktion `slice_head()` ist Teil des `dplyr`-Pakets, welches wiederum zum `tidyverse`-Bündel gehört. Dieses Bündel haben wir zwar installiert, aber noch nicht geladen. Laden wir das `tidyverse`-Bündel, so funktioniert die Funktion schon; die Mitteilungen über `Attaching packages` und `Conflicts` sind eben nur das: Mitteilungen, keine Fehlermeldungen.

```
> library(tidyverse)
- Attaching packages ---------- tidyverse 1.3.1 -
v ggplot2 3.3.6     v purrr   0.3.4
v tibble  3.1.7     v dplyr   1.0.9
v tidyr   1.2.0     v stringr 1.4.0
v readr   2.1.2     v forcats 0.5.1
- Conflicts ----------- tidyverse_conflicts() -
x dplyr::filter() masks stats::filter()
x dplyr::lag()    masks stats::lag()
```

```
> slice_head(translations, n = 4)
# A tibble: 4 x 5
  Versuchsperson Position Wort      Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>     <chr>         <dbl>
1           1034        1 söka      Socken            0
2           1034        2 försiktig vorsichtig        1
3           1034        3 mjölk     Milch             1
4           1034        4 behärska  <NA>              0
```

Alles scheint in Ordnung zu sein. Bemerken Sie aber, dass leere Zellen als `NA` vermerkt wurden.

Auch können Sie der Sicherheit halber kontrollieren, ob der Datensatz die richtige Anzahl Zeilen und Spalten zählt:

```
> # Anzahl Zeilen
> nrow(translations)

[1] 20

> # Anzahl Spalten
> ncol(translations)

[1] 5
```

Um den ganzen Datensatz in RStudio anzuschauen, können Sie die `View()`-Funktion verwenden:

```
> View(translations)
```

Wenn die Daten nicht richtig eingelesen wurden, kontrollieren Sie am besten nochmals, ob das Spreadsheet nach den Regeln der Kunst formattiert wurde.

Hilfeseiten abrufen. Für mehr Details zur `read_excel()`-Funktion, siehe `https://readxl.tidyverse.org/`. Sie können auch immer eine Hilfeseite zu einer Funktion abrufen, indem Sie `?funktionsname` (z.B. `?read_excel`) in die Konsole eintragen.

3.2.2 CSV-Dateien

Ein beliebtes Format, um Datensätze zu speichern und mit anderen zu teilen, ist das CSV-Format. CSV steht für *comma-separated values*: Die Zellen auf der gleichen Zeile werden durch Kommas voneinander getrennt; siehe Abbildung 3.9.

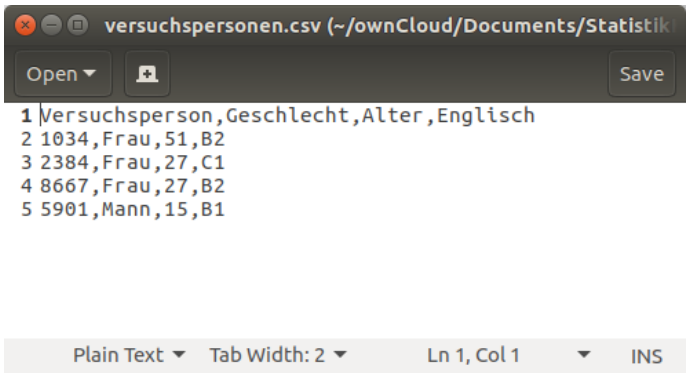


Abbildung 3.9: Ein Datensatz, der als *comma-separated values* gespeichert ist.

In Excel ist es blöderweise eher schwierig, Datensätze im CSV-Format zu speichern: Zwar gibt es diese Option, aber auf deutsch- oder französischsprachigen Systemen werden statt Kommas Semikolonen als Trennzeichen verwendet. In LibreOffice.org hingegen wird man jedes Mal gefragt, ob man Kommas oder Semikolonen verwenden will.

Manchmal werden Texteinträge auch noch zwischen Anführungszeichen gestellt, sodass Kommas auch in einem Textfeld vorkommen können. Die folgenden Funktionen erkennen dies in der Regel automatisch.[2] Die `read_csv()`-Funktion gehört zum `readr`-Package, das automatisch geladen wird, wenn das `tidyverse`-Bündel geladen wird.

```
> participants <- read_csv(here("data", "versuchspersonen.csv"))

Rows: 4 Columns: 4
- Column specification ------------------
Delimiter: ","
```

[2]Wenn Sie vorher schon mit R gearbeitet haben, ist die Wahrscheinlichkeit gross, dass Sie statt der `read_csv()`-Funktion (mit `_`) die `read.csv()`-Funktion (mit `.`) verwendet haben. `read.csv()` ist die Einlesefunktion von *base R*; `read_csv()` ist ihre Entsprechung aus dem *tidyverse*.

```
chr (2): Geschlecht, Englisch
dbl (2): Versuchsperson, Alter

i Use ‘spec()‘ to retrieve the full column specification for this data.
i Specify the column types or set ‘show_col_types = FALSE‘ to quiet this message.
```

Beim Ausführen dieser Befehle werden ein paar Mitteilungen (keine Fehlermeldungen!) angezeigt, die unter anderem zeigen, dass die `read_csv()`-Funktion erkannt hat, dass in den Spalten `Versuchsperson` und `Alter` nur Zahlen stehen ('dbl' für 'double', ein Zahlenformat) und in den Spalten `Geschlecht` und `Englisch` auch Buchstaben ('chr' für 'character'). Lesen Sie nun noch den Datensatz mit den zu übersetzenden Wörtern ein; die Mitteilungen, die Sie in der R-Konsole beim Ausführen solcher Befehle sehen werden, werden in diesem Skript nicht mehr angezeigt.

```
> items <- read_csv(here("data", "woerter.csv"))

Rows: 5 Columns: 2
- Column specification ----------------
Delimiter: ","
chr (2): Wort, RichtigeÜbersetzung

i Use ‘spec()‘ to retrieve the full column specification for this data.
i Specify the column types or set ‘show_col_types = FALSE‘ to quiet this message.
```

Aufgabe. Inspizieren Sie die beiden Datensätze `participants` und `items`.

Einschub: Unterschiedliche CSV-Formate. Wenn Sie auf einem französisch- oder deutschsprachigen Computersystem in Excel ein Spreadsheet im 'CSV-Format' speichern, werden die unterschiedlichen Zellen nicht mit Kommas sondern mit Semikolonen voneinander getrennt. Der Grund ist, dass das Komma in diesen Sprachen als Dezimaltrennzeichen dient und daher nicht mehr zur Trennung von Zellen verwendet werden kann. 'CSV'-Dateien, in denen Zellen durch Semikolonen getrennt werden, können Sie in R einlesen, indem Sie statt der Funktion `read_csv()` die Funktion `read_csv2()` verwenden.

In LibreOffice.org kann man für jede Datei selber einstellen, ob Kommas oder Semikolonen zur Trennung von Zellen verwendet werden sollten, und welches Symbol als Dezimaltrennzeichen dienen soll.

3.3 Datensätze zusammenfügen

Wir haben nun drei Datensätze eingelesen: einen mit den Antworten in der Übersetzungsaufgabe (`translations`), einen mit Informationen zu den zu übersetzenden Wörtern (`items`), und einen mit Informationen zu den Teilnehmenden (`participants`). Um die Daten auszuwerten, müssten diese Datensätze miteinander verknüpft werden. Zum Beispiel müssten wir dem Datensatz `translations` drei Spalten mit Informationen zu den jeweiligen Versuchspersonen hinzufügen: `Geschlecht`, `Alter`, `Englisch`. Für Zeilen in `translations`, für die `Versuchsperson` `1034` ist, sind die Einträge also `Frau`, `51` respektive `B2`; ist `Versuchsperson` = `5901`, sind die Einträge `Mann`, `15` respektive `B1`. Wenn die gemeinsame Spalte in den beiden Datensätzen identisch heisst, ist dies ein Kinderspiel:

```
> all_data <- left_join(x = translations, y = participants)

Joining, by = "Versuchsperson"
```

Aufgabe. Verwenden Sie die `View()`-Funktion, um `all_data` zu inspizieren.

Die `left_join()`-Funktion erkennt, dass es in beiden Datensätzen eine Spalte `Versuchsperson` gibt und verwendet diese als 'Reissverschluss'. Wenn die Funktion Schwierigkeiten hat, zu erkennen, welche Variable oder welche Variablen sie als Reissverschluss nehmen soll, kann man diese auch explizit einstellen:

```
> all_data <- left_join(x = translations, y = participants,
+                       by = "Versuchsperson")
```

Um auch noch Informationen zu den zu übersetzenden Wörtern hinzuzufügen, wiederholen wir den Befehl mit `y = items`. Das Ergebnis dieser Aktion sollten Sie wiederum selber inspizieren.

```
> all_data <- left_join(x = all_data, y = items, by = "Wort")
```

Die `left_join()`-Funktion bewirkt, dass alle Einträge in Datensatz `x` bewahrt bleiben und diesem Datensatz die entsprechenden Informationen aus Datensatz `y` hinzugefügt werden, insofern welche vorhanden sind. Wenn es keine Entsprechung in `y` gibt, erscheint in den hinzugefügten Spalten `NA`. Weitere 'join'-Funktionen sind die folgenden; siehe `https://dplyr.tidyverse.org/reference/join.html` für Details:

- `right_join()`: Alle Einträge aus Datensatz `y` bleiben bewahrt; Entsprechungen aus `x` werden hinzugefügt, falls vorhanden.
- `full_join()`: Alle Einträge aus beiden Datensätzen bleiben bewahrt. `NA`, falls es im jeweils anderen Datensatz keine Entsprechung gibt.
- `inner_join()`: Nur Einträge aus Datensatz `x`, für die es eine Entsprechung in `y` gibt, bleiben bewahrt. Diese Entsprechungen werden hinzugefügt.
- `semi_join()`: Nur Einträge aus Datensatz `x`, für die es eine Entsprechung in `y` gibt, bleiben bewahrt. Diese Entsprechungen werden nicht hinzugefügt.
- `anti_join()`: Nur Einträge aus Datensatz `x`, für die es keine Entsprechung in `y` gibt, bleiben bewahrt.

In diesem Beispiel würden `left_join()`, `right_join()`, `full_join()` und `inner_join()` zum gleichen Resultat führen, aber dies ist nicht immer der Fall. Siehe hierzu die Übungen am Ende dieses Kapitels.

3.4 Informationen abfragen

Wir wissen bereits, dass wir mit `View()` einen ganzen *tibble* oder *data frame* (siehe Fussnote 1) inspizieren kann. Um diese auf der Konsole zu zeigen, kann man stattdessen auch einfach den Namen des Objekts eintippen. Wenn der Datensatz zu gross ist, werden dann aber nur einige Zeilen und Spalten gezeigt:

```
> all_data

# A tibble: 20 x 9
  Versuchsperson Position Wort      Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>     <chr>         <dbl>
1           1034        1 söka      Socken            0
2           1034        2 försiktig vorsichtig        1
3           1034        3 mjölk     Milch             1
4           1034        4 behärska  <NA>              0
5           1034        5 fiende    finden            0
6           2384        1 fiende    <NA>              0
7           2384        2 behärska  <NA>              0
# ... with 13 more rows, and 4 more variables:
#   Geschlecht <chr>, Alter <dbl>, Englisch <chr>,
#   RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Bei grösseren Datensätzen wird es natürlich auch schwieriger, spezifische Informationen im Datensatz selber nachzuschlagen. Im Folgenden werden daher einige Techniken vorgestellt, um die Suche zu erleichtern.

3.4.1 Zeilen nach Zeilennummer auswählen

Mit diesem Befehl zeigen wir die dritte Zeile des Datensatzes `all_data` an. Am Datensatz ändert sich hierdurch nichts. Wir verlieren die anderen 19 Zeilen also nicht.

```
> slice(all_data, 3)

# A tibble: 1 x 9
  Versuchsperson Position Wort  Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr> <chr>         <dbl>
1           1034        3 mjölk Milch             1
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Eine alternative Schreibweise ist die folgende. Mit der Symbolenfolge `|>` wird das Objekt vor ihr (hier: `all_data`) der Funktion nach ihr als erster Funktionsparameter übergeben:

```
> all_data |>
+   slice(3)

# A tibble: 1 x 9
  Versuchsperson Position Wort  Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr> <chr>         <dbl>
1           1034        3 mjölk Milch             1
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Einschub: `|>`? Die Symbolenfolge `|>` wird *pipe* genannt und wird verwendet, um Befehle übersichtlicher zu organisieren. Sie wird als *dann* (*then*) ausgesprochen. Für einfache Befehle wie diesen gibt es eigentlich keinen Mehrwert. Aber sobald wir mehrere Befehle kombinieren, ist die Notation mit *pipes* wesentlich einfacher zu lesen und zu verstehen.

Kürzel in RStudio: CTRL + SHIFT + M.

Im Folgenden werden die Ergebnisse der Befehle nicht mehr angezeigt. Probieren Sie die Befehle aber dennoch aus. Bemerken Sie die Verwendung von `c()` (für 'combine') sowie von `:`. Auch können mehrere Befehle verkettet werden.

```
> # Zeilen 5 und 7 auswählen.
> all_data |>
+   slice(c(5, 7))
>
> # Zeilen 5 bis 7 einschliesslich auswählen
> all_data |>
+   slice(5:7)
>
> # Zeilen 5 bis 7 auswählen, dann vollständig zeigen
> all_data |>
+   slice(5:7) |>
+   View()
```

Mit den obigen Befehlen werden nur gewisse Zeilen in der Konsole angezeigt. Man kann den Output stattdessen auch als neues Objekt speichern:

```
> zeilen7_12 <- all_data |>
+   slice(7:12)
```

Jetzt werden die Zeilen nicht angezeigt, aber sie sind fortan verfügbar als neues Objekt im Arbeitsspeicher. Um dieses Objekt zu inspizieren, können Sie seinen Namen eintippen oder `View` verwenden:

```
> zeilen7_12
```

```
# A tibble: 6 x 9
  Versuchsperson Position Wort      Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>     <chr>         <dbl>
1           2384        2 behärska  <NA>              0
2           2384        3 försiktig vorsichtig        1
3           2384        4 mjölk     Milch             1
4           2384        5 söka      Socke             0
5           8667        1 mjölk     Milch             1
6           8667        2 behärska  <NA>              0
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

3.4.2 Zeilen nach bestimmten Werten auswählen

Mit `slice()` können wir Zeilen je nach ihrer Position im Datensatz auswählen. In der Regel wählen wir jedoch die Zeilen je nach gewissen Eigenschaften dieser Zeilen aus. Dazu verwenden wir die `filter()`-Funktion. Beispielsweise können wir nur jene Zeilen, die das Wort `fiende` betreffen auswählen. Bemerken Sie, dass die Zeichenkombination `==` verwendet wird, um auf Gleichheit zu testen:

```
> all_data |>
+   filter(Wort == "fiende")

# A tibble: 4 x 9
  Versuchsperson Position Wort   Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>  <chr>         <dbl>
1           1034        5 fiende finden            0
2           2384        1 fiende <NA>              0
3           8667        3 fiende finden            0
4           5901        4 fiende feinde            1
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Um nur die Zeilen auszuwählen, die nicht das Wort `fiende` betreffen, kann man `==` durch `!=` ersetzen.

Wir können auch jene Zeilen auswählen, die Versuchspersonen mit einem Alter über 30 betreffen:

```
> all_data |>
+   filter(Alter > 30)

# A tibble: 5 x 9
  Versuchsperson Position Wort      Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>     <chr>         <dbl>
1           1034        1 söka      Socken            0
2           1034        2 försiktig vorsichtig        1
3           1034        3 mjölk     Milch             1
4           1034        4 behärska  <NA>              0
5           1034        5 fiende    finden            0
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Für Versuchpersonen unter 30 würde man `<` verwenden; für Versuchspersonen unter 30 einschliesslich `<=`.

Wir können auch nur jene Zeilen beibehalten, für die keine Übersetzung (also mit `NA` als Übersetzung) gegeben wurde. Dann verwendet man aber am besten die Hilfefunktion `is.na()`:

```
> all_data |>
+   filter(is.na(Übersetzung))
```

```
# A tibble: 4 x 9
  Versuchsperson Position Wort     Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>    <chr>         <dbl>
1           1034        4 behärska <NA>              0
2           2384        1 fiende   <NA>              0
3           2384        2 behärska <NA>              0
4           8667        2 behärska <NA>              0
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Mit `!is.na()` selektieren wir dann wieder nur jene Zeilen, wo die Übersetzung nicht fehlt:

```
> all_data |>
+   filter(!is.na(Übersetzung))
```

```
# A tibble: 16 x 9
  Versuchsperson Position Wort      Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>     <chr>         <dbl>
1           1034        1 söka      Socken            0
2           1034        2 försiktig vorsichtig        1
3           1034        3 mjölk     Milch             1
4           1034        5 fiende    finden            0
5           2384        3 försiktig vorsichtig        1
6           2384        4 mjölk     Milch             1
7           2384        5 söka      Socke             0
# ... with 9 more rows, and 4 more variables:
#   Geschlecht <chr>, Alter <dbl>, Englisch <chr>,
#   RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Wir können auch mehrere `filter()`-Befehle verketten. Beispielsweise können wir aus dem Datensatz jene Zeilen auslesen, für die Position gleich 1 ist und für die eine falsche Antwort gegeben wurde:

```
> all_data |>
+   filter(Position == 1) |>
+   filter(Richtig == 0)
```

```
# A tibble: 2 x 9
  Versuchsperson Position Wort   Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>  <chr>         <dbl>
1           1034        1 söka   Socken            0
2           2384        1 fiende <NA>              0
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Eine Alternative ist diese:

```
> # Output nicht im Skript
> all_data |>
+   filter(Position == 1 & Richtig == 0)
```

Wollen wir die Zeilen auslesen, für die Position gleich 1 ist oder für die eine falsche Antwort gegeben wurde, so verwenden wir diesen Befehl:

```
> # Output nicht im Skript
> all_data |>
+   filter(Position == 1 | Richtig == 0)
```

Die Ergebnisse all dieser Auswählaktionen können auch als separate Objekte gespeichert und angezeigt werden.

```
> nur_fiende <- all_data |>
+   filter(Wort == "fiende")
>
> nur_fiende

# A tibble: 4 x 9
  Versuchsperson Position Wort   Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>  <chr>         <dbl>
1           1034        5 fiende finden            0
2           2384        1 fiende <NA>              0
3           8667        3 fiende finden            0
4           5901        4 fiende feinde            1
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

3.4.3 Spalten auswählen

Manchmal enthält ein Datensatz schlicht zu viele Spalten, die für die aktuelle Analyse nicht relevant sind. Mit `select()` können wir die Spalten auswählen, die wir gerade brauchen:[3]

```
> all_data |>
+   select(Wort, RichtigeÜbersetzung, Übersetzung) |>
+   slice_head(n = 5)

# A tibble: 5 x 3
  Wort      RichtigeÜbersetzung Übersetzung
  <chr>     <chr>               <chr>
1 söka      suchen              Socken
2 försiktig vorsichtig          vorsichtig
3 mjölk     milch               Milch
4 behärska  beherrschen         <NA>
5 fiende    Feind               finden
```

Es gibt auch ein paar Hilfefunktionen, mit denen man effizienter Spalten auswählen kann. Diese sind insbesondere bei grossen Datensätzen nützlich. Beispiele sind `contains()` und `starts_with()`.

```
> all_data |>
+   select(contains("Übersetzung")) |>
+   slice(5:7)

# A tibble: 3 x 2
  Übersetzung RichtigeÜbersetzung
  <chr>       <chr>
1 finden      Feind
2 <NA>        Feind
3 <NA>        beherrschen

> all_data |>
+   select(starts_with("Richt")) |>
+   slice_tail(n = 4)

# A tibble: 4 x 2
  Richtig RichtigeÜbersetzung
    <dbl> <chr>
1       1 milch
2       1 vorsichtig
3       1 Feind
4       0 suchen
```

[3] Für diejenigen unter Ihnen mit SQL-Erfahrung: Beachten Sie, dass der SQL-Befehl `SELECT` nicht dem R-Befehl `select()`, sondern `filter()` entspricht.

Für weitere Hilfefunktionen, siehe `https://tidyselect.r-lib.org`.

3.4.4 Weitere Beispiele

Die unterschiedlichen Befehle können verkettet werden. So können wir nur die Übersetzungen fürs Wort `fiende` abrufen:

```
> all_data |>
+   filter(Wort == "fiende") |>
+   select(Übersetzung)

# A tibble: 4 x 1
  Übersetzung
  <chr>
1 finden
2 <NA>
3 finden
4 feinde
```

Oder wir können mit `distinct()` auch nur die unterschiedlichen Übersetzungen fürs Wort `behärska` abrufen:

```
> all_data |>
+   filter(Wort == "behärska") |>
+   select(Übersetzung) |>
+   distinct()

# A tibble: 2 x 1
  Übersetzung
  <chr>
1 <NA>
2 beherrschen
```

Führen Sie auch einmal diesen Befehl ohne `distinct()` aus. Im letzten Beispiel wird auch langsam klar, wieso es sich lohnt, das *pipe* (`|>`) zu verwenden. Ohne sähe diese Befehlenkombination nämlich so aus:

```
> distinct(select(filter(all_data, Wort == "behärska"), Übersetzung))
```

`filter()` ist der Befehl, der zuerst ausgeführt werden muss, aber in dieser Notation wird er als letzter geschrieben. Mit der pipe-Notation schreibt man die Befehle in der Reihenfolge, in der sie ausgeführt werden müssen.

3.5 Datensätze umgestalten

Die meiste Zeit, die man sich für die Analyse eines Datensatzes reserviert, verbringt man oft nicht mit Berechnungen und mit dem Modellieren, sondern mit sog. *data wrangling*: Man muss zunächst einmal dafür sorgen, dass der Datensatz in einem Format vorliegt, in dem er analysiert werden kann. Data wrangling eignet sich wohl am besten für *learning by doing*. Eine Technik, die man aber oft braucht, ist das Konvertieren zwischen langen bzw. längeren und breiten bzw. breiteren Formaten. Diese Technik soll hier illustriert werden anhand eines Datensatzes zu einer Längsschnittstudie zur Entwicklung von Lese- und Schreibfähigkeiten bei Portugiesisch–Französisch- und Portugiesisch–Deutsch-Zweisprachigen (Desgrippes et al., 2017; Pestana et al., 2017).

Aufgabe. Lesen Sie den Datensatz `helascot_skills.csv` als `skills` ein und inspizieren Sie seine Struktur.

Sie werden bemerken, dass pro Versuchsperson (`Subject`) pro Zeitpunkt und pro getestete Sprache drei Messungen vorliegen: `Reading`, `Argumentation` und `Narration`. Wir können diesen

Datensatz länger machen, indem wir diese Messungen unter- statt nebeneinander stellen. Hierzu verwenden wir die Funktion `pivot_longer()`. Die drei Spalten, die wir dem Parameter `cols` übergeben, werden nun untereinander gestellt; die neue Spalte `Skill` gibt an, aus welcher Spalte die Messungen stammen; die neue Spalte `Score` enthält die Werte, die in den drei ursprünglichen Spalten standen.

```
> skills_longer <- skills |>
+   pivot_longer(cols = c("Reading", "Argumentation", "Narration"),
+                names_to = "Skill",
+                values_to = "Score")
> skills_longer

# A tibble: 5,712 x 5
  Subject  Time LanguageTested Skill          Score
  <chr>   <dbl> <chr>          <chr>          <dbl>
1 A_PLF_1     1 French         Reading        0.211
2 A_PLF_1     1 French         Argumentation  7
3 A_PLF_1     1 French         Narration     NA
4 A_PLF_1     1 Portuguese     Reading        0.579
5 A_PLF_1     1 Portuguese     Argumentation  9
6 A_PLF_1     1 Portuguese     Narration      6
7 A_PLF_1     2 French         Reading        0.684
# ... with 5,705 more rows
```

Jetzt, wo die Daten in diesem noch längeren Format vorliegen, können wir den Datensatz zu einem breiteren Format umgestalten, wo aber die Angaben zu den unterschiedlichen Zeitpunkten (statt zu den unterschiedlichen Fähigkeiten) nebeneinander stehen. Hierzu verwenden wir die Funktion `pivot_wider()`. Da die Werte in der Spalte `Time` numerisch sind, fügen wir ihnen mit dem Parameter `names_prefix` noch ein `T` hinzu:

```
> skills_wider_time <- skills_longer |>
+   pivot_wider(names_from = "Time",
+               names_prefix = "T",
+               values_from = "Score")
> skills_wider_time

# A tibble: 2,100 x 6
  Subject  LanguageTested Skill             T1     T2     T3
  <chr>    <chr>          <chr>          <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 A_PLF_1  French         Reading        0.211  0.684  0.947
2 A_PLF_1  French         Argumentation  7     14     14
3 A_PLF_1  French         Narration     NA     10      8
4 A_PLF_1  Portuguese     Reading        0.579  0.737  0.842
5 A_PLF_1  Portuguese     Argumentation  9     13     13
6 A_PLF_1  Portuguese     Narration      6      9     NA
7 A_PLF_10 French         Reading        0.579  0.474  0.316
# ... with 2,093 more rows
```

Dieses Format wäre zum Beispiel praktisch, wenn wir die Unterschiede zwischen den T1-, T2- und T3-Messungen berechnen möchten. Diese können wir mit dem Befehl `mutate()` noch hinzufügen:

```
> skills_wider_time |>
+   mutate(
+     ProgressT1_T2 = T2 - T1,
+     ProgressT3_T2 = T3 - T2
+   ) |>
+   select(Subject, LanguageTested, Skill, ProgressT1_T2, ProgressT3_T2)

# A tibble: 2,100 x 5
  Subject  LanguageTested Skill  ProgressT1_T2 ProgressT3_T2
  <chr>    <chr>          <chr>          <dbl>         <dbl>
```

```
1 A_PLF_1  French         Readi~         0.474         0.263
2 A_PLF_1  French         Argum~         7             0
3 A_PLF_1  French         Narra~        NA            -2
4 A_PLF_1  Portuguese     Readi~         0.158         0.105
5 A_PLF_1  Portuguese     Argum~         4             0
6 A_PLF_1  Portuguese     Narra~         3            NA
7 A_PLF_10 French         Readi~        -0.105        -0.158
# ... with 2,093 more rows
```

Wir könnten auch die Angaben zu den unterschiedlichen Sprachen nebeneinander stellen. Die ersten Versuchspersonen waren alle Portugiesisch–Französisch-Zweisprachige, die nicht auf Deutsch getesten wurden. Daher enthält die letzte Spalte scheinbar nur `NA` (*not available*), aber mit `View()` können Sie sehen, dass diese Angaben für viele Versuchspersonen tatsächlich vorliegen.

```
> skills_wider_language <- skills_longer |>
+   pivot_wider(names_from = "LanguageTested",
+               values_from = "Score")
> skills_wider_language

# A tibble: 3,999 x 6
  Subject  Time Skill         French Portuguese German
  <chr>   <dbl> <chr>          <dbl>      <dbl>  <dbl>
1 A_PLF_1     1 Reading         0.211      0.579     NA
2 A_PLF_1     1 Argumentation  7          9          NA
3 A_PLF_1     1 Narration     NA          6          NA
4 A_PLF_1     2 Reading         0.684      0.737     NA
5 A_PLF_1     2 Argumentation 14         13          NA
6 A_PLF_1     2 Narration     10          9          NA
7 A_PLF_1     3 Reading         0.947      0.842     NA
# ... with 3,992 more rows
```

Dieses Format wäre dann wieder praktischer, wenn wir pro Versuchsperson die Unterschiede zwischen den `French`-, `Portuguese`- und `German`-Messungen zu jedem Zeitpunkt berechnen möchten:

```
> skills_wider_language |>
+   mutate(
+     DiffGer_Port = German - Portuguese,
+     DiffFre_Port = French - Portuguese
+   ) |>
+   select(Subject, Time, Skill, DiffGer_Port, DiffFre_Port)

# A tibble: 3,999 x 5
  Subject  Time Skill         DiffGer_Port DiffFre_Port
  <chr>   <dbl> <chr>                <dbl>        <dbl>
1 A_PLF_1     1 Reading                 NA      -0.368
2 A_PLF_1     1 Argumentation           NA      -2
3 A_PLF_1     1 Narration               NA      NA
4 A_PLF_1     2 Reading                 NA      -0.0526
5 A_PLF_1     2 Argumentation           NA       1
6 A_PLF_1     2 Narration               NA       1
7 A_PLF_1     3 Reading                 NA       0.105
# ... with 3,992 more rows
```

Wir können den Datensatz sogar noch breiter machen:

```
> skills_wider_time_language <- skills_longer |>
+   pivot_wider(names_from = c("LanguageTested", "Time"),
+               values_from = "Score")
> skills_wider_time_language

# A tibble: 1,410 x 11
```

```
  Subject  Skill French_1 Portuguese_1 French_2 Portuguese_2
  <chr>    <chr>    <dbl>        <dbl>    <dbl>        <dbl>
1 A_PLF_1  Read~    0.211        0.579    0.684        0.737
2 A_PLF_1  Argu~    7            9       14           13
3 A_PLF_1  Narr~   NA            6       10            9
4 A_PLF_10 Read~    0.579        0.316    0.474        0.579
5 A_PLF_10 Argu~    5            6       10            7
6 A_PLF_10 Narr~   10            7        8           NA
7 A_PLF_12 Read~    0.895       NA        1            0.947
# ... with 1,403 more rows, and 5 more variables:
#   French_3 <dbl>, Portuguese_3 <dbl>, German_1 <dbl>,
#   German_2 <dbl>, German_3 <dbl>
```

Wenn dies nötig wäre, könnten wir diesen breiten Datensatz wieder zum langen Format konvertieren. Langsam wird der Code etwas schwieriger (bei `names_pattern` wird ein sog. regulärer Ausdruck verwendet) und für diesen Kurs ist es nicht so wichtig, dass Sie solche schwierigere Fälle bereits bewältigen können. Vielmehr soll dieser letzte Codeblock illustrieren, dass solche Konversionen möglich sind. Wenn man das weiss, kann man auf der Hilfeseite von `pivot_longer()` (dazu `?pivot_longer` eintippen) nachschauen, wie die Beispiele dort aussehen und diese ans eigene Problem anpassen.

```
> skills_back <- skills_wider_time_language |>
+   pivot_longer(cols = French_1:German_3,
+                names_to = c("Language", "Time"),
+                names_pattern = "(.*)_(.*)",
+                values_to = "Score")
> skills_back

# A tibble: 12,690 x 5
  Subject Skill   Language   Time   Score
  <chr>   <chr>   <chr>      <chr>  <dbl>
1 A_PLF_1 Reading French     1      0.211
2 A_PLF_1 Reading Portuguese 1      0.579
3 A_PLF_1 Reading French     2      0.684
4 A_PLF_1 Reading Portuguese 2      0.737
5 A_PLF_1 Reading French     3      0.947
6 A_PLF_1 Reading Portuguese 3      0.842
7 A_PLF_1 Reading German     1     NA
# ... with 12,683 more rows
```

Die Notation `French_1:German_3` selektiert übrigens alle Spalten zwischen `French_1` und `German_3` inklusive. Eine Alternative für wenn die Spalten nicht schön praktisch nebeneinander stehen, ist diese:

```
> skills_back <- skills_wider_time_language |>
+   pivot_longer(cols = starts_with(c("French", "Portuguese", "German")),
+                names_to = c("Language", "Time"),
+                names_pattern = "(.*)_(.*)",
+                values_to = "Score")
> skills_back

# A tibble: 12,690 x 5
  Subject Skill   Language   Time   Score
  <chr>   <chr>   <chr>      <chr>  <dbl>
1 A_PLF_1 Reading French     1      0.211
2 A_PLF_1 Reading French     2      0.684
3 A_PLF_1 Reading French     3      0.947
4 A_PLF_1 Reading Portuguese 1      0.579
5 A_PLF_1 Reading Portuguese 2      0.737
6 A_PLF_1 Reading Portuguese 3      0.842
```

```
7 A_PLF_1 Reading German     1     NA
# ... with 12,683 more rows
```

3.6 Zusammenfassungen kreieren

Die `summarise()`-Funktion kann man verwenden, um etwa Durchschnitte von Variablen in einem Datensatz zu berechnen. So berechnet der nächste Codeblock die Mittel der `Narration`- und `Argumentation`-Variablen im `skills`-Datensatz. Bei der `mean()`-Funktion wird der Parameter `na.rm` noch auf `TRUE` gestellt. Dies bewirkt, dass beim Berechnen des Mittels fehlende Werte (`NA`) ignoriert werden; andernfalls wären beide Mittel nämlich auch `NA`.

```
> skills |>
+   summarise(mittel_narr = mean(Narration, na.rm = TRUE),
+             mittel_arg = mean(Argumentation, na.rm = TRUE))

# A tibble: 1 x 2
  mittel_narr mittel_arg
        <dbl>      <dbl>
1        8.51       13.0
```

Mit `group_by()` können wir solche Zusammenfassungen auch für durch die Kombinationen der in dieser Funktion aufgeführten Variablen definierte Untergruppen generieren. Der Codeblock unten spaltet daher zunächst den Datensatz `skills` auf in 9 Untergruppen: eine pro Kombination der Werte von `Time` (1, 2, 3) und `LanguageTested` (French, German, Portuguese). Anschliessend werden die Durchschnitte für jede Untergruppe separat berechnet und in einem tibble zusammengefasst. Die Parametereinstellung `.groups = "drop"` bewirkt, dass der resultierende tibble sich nicht merken muss, wie die Gruppen definiert wurden, aber das ist nicht so wichtig; sie können dies auch weglassen.

```
> skills |>
+   group_by(Time, LanguageTested) |>
+   summarise(mittel_narr = mean(Narration, na.rm = TRUE),
+             mittel_arg = mean(Argumentation, na.rm = TRUE),
+             .groups = "drop")

# A tibble: 9 x 4
   Time LanguageTested mittel_narr mittel_arg
  <dbl> <chr>                <dbl>      <dbl>
1     1 French                7.79      11.2
2     1 German                6.33       9.46
3     1 Portuguese            8.50      11.4
4     2 French                8.37      13.2
5     2 German                7.06      12.2
6     2 Portuguese            9.16      13.3
7     3 French               10.1       16.3
# ... with 2 more rows
```

Auch solche Zusammenfassungstibbles können Sie natürlich länger oder—wie hier—breiter machen:

```
> skills |>
+   group_by(Time, LanguageTested) |>
+   summarise(mittel_narr = mean(Narration, na.rm = TRUE),
+             .groups = "drop") |>
+   pivot_wider(names_from = "Time",
+               names_prefix = "T",
+               values_from = "mittel_narr")

# A tibble: 3 x 4
  LanguageTested    T1    T2    T3
  <chr>          <dbl> <dbl> <dbl>
```

```
1 French          7.79  8.37 10.1
2 German          6.33  7.06  7.68
3 Portuguese      8.50  9.16 10.2
```

3.7 Viele Wege nach Rom

R bietet einem in der Regel mehrere Möglichkeiten, um das Gleiche zu bewirken. Gerade für die `tidyverse`-Funktionen `slice()` und `select()` existieren Alternativen, die durchaus praktisch sein können und im Verlauf dieses Skripts auftauchen werden.

Um Zeilen 1 bis 3 von `all_data` zu selektieren, kann man statt

```
> all_data |> slice(1:3)
```

auch diese Notation verwenden:

```
> all_data[1:3, ]

# A tibble: 3 x 9
  Versuchsperson Position Wort      Übersetzung Richtig
           <dbl>    <dbl> <chr>     <chr>         <dbl>
1           1034        1 söka      Socken            0
2           1034        2 försiktig vorsichtig        1
3           1034        3 mjölk     Milch             1
# ... with 4 more variables: Geschlecht <chr>, Alter <dbl>,
#   Englisch <chr>, RichtigeÜbersetzung <chr>
```

Wenn man dahingegen die dritte Spalte auswählen möchte, kann man die Zahl 3 nach der Komma in den eckigen Klammern ausführen:

```
> all_data[, 3]

# A tibble: 20 x 1
  Wort
  <chr>
1 söka
2 försiktig
3 mjölk
4 behärska
5 fiende
6 fiende
7 behärska
# ... with 13 more rows
```

Diese Spalte kann man auch mit seinem Namen (zwischen Anführungszeichen) auswählen:

```
> all_data[, "Wort"]

# A tibble: 20 x 1
  Wort
  <chr>
1 söka
2 försiktig
3 mjölk
4 behärska
5 fiende
6 fiende
7 behärska
# ... with 13 more rows
```

Beide Ansätze können kombiniert werden. So werden mit dem folgenden Befehl die Zeilen 13 bis 15 der vierten Spalte ausgewählt:

```
> all_data[13:15, 4]

# A tibble: 3 x 1
  Übersetzung
  <chr>
1 finden
2 suchen
3 vorsichtig
```

Um die siebte und die dreizehnte Zeile der Spalten namens `Geschlecht` und `Alter` auszuwählen:

```
> all_data[c(7, 13), c("Geschlecht", "Alter")]

# A tibble: 2 x 2
  Geschlecht Alter
  <chr>      <dbl>
1 Frau          27
2 Frau          27
```

Mit dem Dollarzeichen kann man ebenso eine Spalte anhand ihres Namens auswählen. Das Ergebnis ist jedoch kein tibble, sondern ein Vektor, d.h., eine Art Liste, in der nur Daten des gleichen Typs vorhanden sind:

```
> all_data$Wort

 [1] "söka"      "försiktig" "mjölk"     "behärska"
 [5] "fiende"    "fiende"    "behärska"  "försiktig"
 [9] "mjölk"     "söka"      "mjölk"     "behärska"
[13] "fiende"    "söka"      "försiktig" "behärska"
[17] "mjölk"     "försiktig" "fiende"    "söka"
```

Um auf das vierzehnte und das achtzehnte Element dieses Vektors zuzugreifen, können wir wieder die Klammernotation verwenden:

```
> all_data$Wort[c(14, 18)]

[1] "söka"      "försiktig"
```

3.8 Weiterführende Literatur

Zum Verwalten von Spreadsheets, siehe meinen Blogeintrag zu *Some tips on preparing your data for analysis* (18.6.2015). Broman & Woo (2017) haben weitere nützliche Hinweise.

Das Referenzwerk schlechthin für die Arbeit mit dem tidyverse ist Wickham und Grolemunds *R for Data Science* und ist gratis verfügbar unter `https://r4ds.had.co.nz/`.

3.9 Aufgaben

1. Slavin et al. (2011) berichten die Ergebnisse einer mehrjährigen Evaluationsstudie, in der zwei Unterrichtsprogramme miteinander verglichen wurden. Schülern und Schülerinnen (SuS) in beiden Programmen wurden unter anderem ein spanischer und ein englischer Vokabeltest vorgelegt, und zwar in der 1., der 2., der 3. und der 4. Klasse. Die vier Tabellen auf Seite 36 zeigen einen Teil der Ergebnisse, die Slavin et al. (2011) berichten; es handelt sich dabei um die durchschnittlichen Vokabeltestergebnisse der getesteten SuS.

   (a) Tragen Sie diese Daten in ein Spreadsheet im langen Format ein. Jede Zeile soll das Ergebnis in einer einzigen Klasse, in einer einzigen Sprache und von einem einzigen Programm enthalten. Sie brauchen also 16 Zeilen mit Daten und eine Zeile mit passenden Spaltennamen.

(b) Speichern Sie dieses Spreadsheet im CSV-Format. Lagern Sie diese CSV-Datei in dem Unterordner `data` in Ihrem Projektordner ab.

(c) Lesen Sie das Spreadsheet in R ein.

(d) Kontrollieren Sie, ob das Spreadsheet richtig eingelesen wurde.

(e) Zeigen Sie in R nun nur die Englischergebnisse im *transitional bilingual*-Programm an.

(f) Zeigen Sie die Spanischergebnisse in der 1. und 2. Klasse im *English immersion*-Programm an.

2. (a) Erklären Sie, was der folgende Codeblock bewirkt:

```
> d1 <- all_data |>
+   filter(Übersetzung == "vorsichtig")
> d2 <- all_data |>
+   filter(Übersetzung != "vorsichtig")
```

(b) Wie viele Zeilen zählen `d1` und `d2`? Wie viele Zeilen zählt `all_data`? Wie erklären Sie sich dies?

(c) Kreieren Sie nun einen tibble `d3`, der tatsächlich alle Zeilen aus `all_data` enthält, wo die Versuchsperson das Wort nicht als `vorsichtig` übersetzt hat.

3. Das Ziel dieser Übung ist es, die Unterschiede zwischen den sechs *join*-Funktionen klarer zu machen.

(a) Verwenden Sie den unten stehenden Code, um zwei Objekte (`links` und `rechts`) zu kreieren:

```
> links <- tibble(
+   A = c("a", "b", "c", NA),
+   B = c(1, 2, NA, 4)
+ )
>
> rechts <- tibble(
+   B = c(1, 3, 4, 4),
+   C = c(10, NA, 12, 7)
+ )
```

(b) Inspizieren Sie die beiden neu kreierten Objekte, z.B. mit `View()` oder indem Sie die Objektnamen auf der Konsole eintragen.

(c) Sagen Sie vorher, wie das Ergebnis der folgenden Codeabschnitte aussehen wird. Kontrollieren Sie erst *danach* Ihre Antwort, indem Sie die Codeabschnitte ausführen.

```
> left_join(x = links, y = rechts)
> right_join(x = links, y = rechts)
> full_join(x = links, y = rechts)
> inner_join(x = links, y = rechts)
> semi_join(x = links, y = rechts)
> semi_join(x = rechts, y = links) # Achtung!
> anti_join(x = links, y = rechts)
> anti_join(x = rechts, y = links) # Achtung!
```

(d) Kreieren Sie mit dem folgenden Codeabschnitt wieder zwei Objekte:

```
> links <- tibble(
+   A = c("a", "b"),
+   B = c(1, NA)
+ )
> rechts <- tibble(
+   B = c(1, NA, NA),
+   C = c(0, 1, 2)
```

```
+ )
```

Suchen Sie auf der Hilfeseite von `left_join` unter `Arguments` nach der Erläuterung zum Parameter `na_matches`. Sagen Sie vorher, wie der Output der unten stehenden Codeblöcke aussehen wird, und kontrollieren Sie Ihre Antwort.

```
> left_join(links, rechts)
```

```
> left_join(links, rechts, na_matches = "never")
```

4. Wenn Sie zwei Datensätze zusammenfügen möchten, aber die Variable, die als 'Reissverschluss' dienen soll, in den Datensätzen unterschiedlich heisst, stösst man schnell auf ein Problem:

```
> links <- tibble(
+   A = c("a", "a", "b"),
+   b = c(1, 2, 3)
+ )
> rechts <- tibble(
+   B = c(1, 2),
+   C = c(10, 38)
+ )
> left_join(links, rechts)

Error in ‘left_join()‘:
! ‘by‘ must be supplied when ‘x‘ and ‘y‘ have no
common variables.
i use by = character()‘ to perform a cross-join.
```

Das Problem ist, dass die Variable, die als Reissverschluss dienen soll, im einen tibble `b` heisst und im anderen `B`.

Konsultieren Sie die Hilfeseite von `left_join()` und lösen Sie das Problem. (Hinweis: Schauen Sie auf der Hilfeseite unter `Arguments > by` oder auch unter `Examples`.)

5. (a) Lesen Sie die Datensätze `helascot_background.csv` und `helascot_skills.csv` in R ein.

   (b) Nehmen Sie an, Sie bräuchten die Daten im folgenden Format:

   - nur die französischen Lesetestergebnisse von Teilnehmenden, die einen Heimatsprache und -kulturkurs belegen (`HLC == "yes"`);
   - Versuchspersonen ohne französisches Lesetestergebnis sollten nicht im resultierenden Datensatz vorkommen;
   - die Lesetestergebnisse an den drei Zeitpunkten sollten in Spalten nebeneinander stehen;
   - der resultierende Datensatz soll für die übrig gebliebenen Versuchspersonen auch noch die Angaben aus dem Datensatz `helascot_background.csv` enthalten.

   Gestalten Sie bzw. kombinieren Sie die Datensätze so, dass das Resultat das gewünschte Format hat.

   (c) Verwenden Sie den umformatierten Datensatz aus Teil (b) und kreieren Sie eine Zusammenfassungstabelle, die den Median (`median()`) der Fortschritte von T1 zu T3 beim französischen Lesetest enthält.

Hinweis: Bei Aufgaben wie diesen ist es zielführender, sich zunächst zu überlegen, welche Schritte auszuführen sind bzw. wie die Zwischenergebnisse auszusehen haben, als sofort in R loszulegen.

Tabelle 3.1: Vokabeltestergebnisse 1. Klasse.

	Transitional bilingual	English immersion
English	74.98	79.90
Spanish	99.85	90.19

Tabelle 3.2: Vokabeltestergebnisse 2. Klasse.

	Transitional bilingual	English immersion
English	80.40	81.13
Spanish	92.94	87.54

Tabelle 3.3: Vokabeltestergebnisse 3. Klasse.

	Transitional bilingual	English immersion
English	84.76	85.45
Spanish	92.86	85.64

Tabelle 3.4: Vokabeltestergebnisse 4. Klasse.

	Transitional bilingual	English immersion
English	88.07	90.36
Spanish	91.00	86.27

Kapitel 4

Eine einzige numerische Variable beschreiben

In diesem Kapitel arbeiten wir zunächst mit einem kleinen, aber dafür übersichtlichen Datensatz, der meiner Bachelorarbeit zu Grunde lag. Für diese Arbeit habe ich 23 Studierenden im zweiten Jahr im Fach schwedische Sprach- und Literaturwissenschaft an der Universität Gent vier Leseverstehensaufgaben vorgelegt: einen auf Schwedisch, einen auf auf Dänisch, einen auf bokmål-Norwegisch und einen auf nynorsk-Norwegisch. Die Ergebnisse aus den unterschiedlichen Lesetests sind nicht miteinander vergleichbar und die nynorsk-Daten sind im Datensatz nicht vorhanden. Daneben gibt es Angaben zu den sonstigen Sprachkenntnissen der Teilnehmenden; diese ignorieren wir hier. Ich gehe davon aus, dass das `tidyverse`-Bündel und das `here`-Package geladen sind und dass Sie die Datei `jv_bachpap.csv` in den Ordner `data` in Ihrem R-Projekt abgelegt haben.

```
> d <- read_csv(here("data", "jv_bachpap.csv"))
> d |>
+   slice_head(n = 3)

# A tibble: 3 x 9
  LvlFrench LvlEnglish LvlGerman LvlSpanish NoLanguages
      <dbl>      <dbl>     <dbl>      <dbl>       <dbl>
1         5          5         5          2           5
2         5          4         3          0           3
3         5          5         0          0           2
# ... with 4 more variables: Swedish <dbl>, Danish <dbl>,
#   Norwegian <dbl>, Participant <chr>
```

In diesem Kapitel widmen wir uns der grafischen und numerischen Beschreibung einer einzigen numerischen Variablen: den Ergebnissen beim norwegischen Lesetest. Vorübergehend gehen wir davon aus, dass wir uns ausschliesslich für die 23 Ergebnisse im Datensatz interessieren und keine allgemeineren Aussagen machen möchten—z.B. über das Leseverständnis im Norwegischen von Studierenden im zweiten Jahr im Fach schwedische Sprach- und Literaturwissenschaft, die nicht im Datensatz vorhanden sind. Wir betrachten die Ergebnisse, die uns zur Verfügung stehen, also als die ganze **Population**, für die wir uns interessieren, und nicht als bloss eine **Stichprobe**, d.h., einen Teil der Population, die von Interesse wäre.

4.1 Das Punktdiagramm

Wenn wir über die Ergebnisse kommunizieren wollen und der Datensatz ganz klein ist, könnten wir ihn einfach direkt reproduzieren. Aber sogar für den relativ kleinen Datensatz hier—bloss 23 Beobachtungen—würde es sich lohnen, die Daten grafisch darzustellen und numerisch zusammenzufassen.

Eine erste grafische Darstellung ist das Punktdiagramm, siehe Abbildung 4.1. Anstatt lediglich

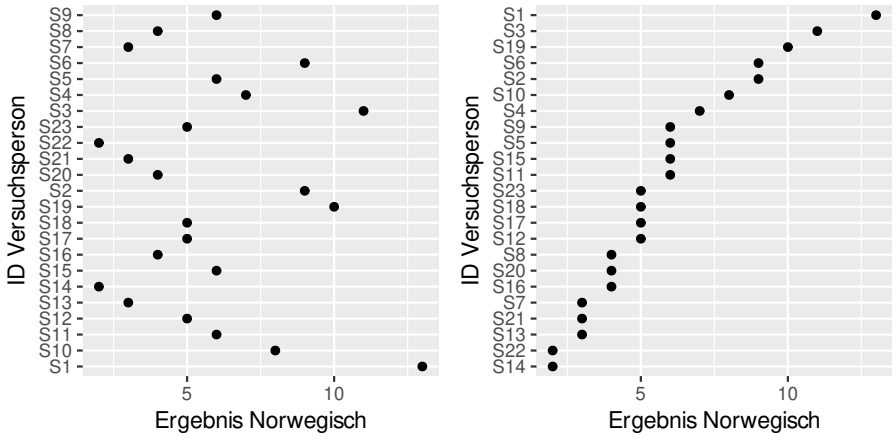


Abbildung 4.1: Ein Punktdiagramm sortiert nach den IDs der Versuchspersonen (links) und eins geordnet nach dem Ergebnis (rechts). Es gibt keine Werte, die weit von anderen liegen.

die Zahlen im Datensatz aufzulisten, werden die Beobachtungen als Punkte auf separaten Linien entlang der x-Achse dargestellt. Jede Linie wird mit einer ID entlang der y-Achse vermerkt.

Um die linke Grafik zu zeichnen, können Sie den unten stehenden Befehl verwenden. Mittels des #-Zeichens habe ich diesem Befehl mit **Kommentaren** versehen. Diese erläutern, wie die Grafik aufgebaut ist. Am Anfang Ihrer R-Karriere empfehle ich Ihnen, Ihren Code reichlich mit Kommentaren auszustatten, sodass Sie ihn mehrere Wochen und Monate später noch verstehen können. Mit der Zeit werden Sie Ihren R-Code immer besser lesen können und dann reichen kargere Kommentare durchaus.

```
> ggplot(data = d,                  # Datensatz mit den Variablen
+        # aes() = aesthetics = welche Variable wie dargestellt werden soll
+        aes(x = Norwegian,         # Variable auf x-Achse
+            y = Participant)) +    # Variable auf y-Achse
+   geom_point() +                  # Daten als Punkte darstellen
+   xlab("Ergebnis Norwegisch") +   # insb. bei Arbeiten/Vorträgen/Artikeln:
+   ylab("ID Versuchsperson")       #      Achsen beschriften
```

Achten Sie darauf, dass das `tidyverse`-Bündel geladen ist: Auch wenn Sie es installiert haben und in einer anderen Session verwendet haben, müssen Sie es in jeder Session erneut laden. Achten Sie weiter auf Gross- und Kleinschreibung, auf die Klammern und Kommas und auf die Pluszeichen. Mit Letzteren werden der Grafik zusätzliche Schichten hinzugefügt. Mit dem Befehl auf den ersten vier Zeilen (`ggplot(...)`) wird lediglich die 'Leinwand' der Grafik gezeichnet. Nach dem Pluszeichen folgt der Befehl `geom_point(...)`, der Punkte auf die Leinwand malt. Mit den Befehlen `xlab(...)` und `ylab(...)` werden Achsenbeschriftungen hinzugefügt bzw. überschrieben. In einem `ggplot()`-Befehl werden die unterschiedlichen Schichten mit einem +-Zeichen zusammengefügt, nicht mit einem *pipe* (`|>`).

Um die rechte Grafik zu zeichnen, ersetzen Sie in der 4. Zeile `y = Participant` durch `y = reorder(Participant, Norwegian)` (Klammer nicht vergessen!).

Einschub: Code mit Stil. Mit dem folgenden Code können Sie ebenfalls die Grafik links zeichnen, denn Leerzeichen und Zeilenbrüche werden von R mehrheitlich ignoriert.

```
> ggplot(data=d,aes(x=
+ Norwegian,y=Participant))+geom_point(
+ )+xlab("Ergebnis Norwegisch")+ylab("ID Versuchsperson")
```

Die erste Variante ist jedoch viel übersichtlicher, denn die Struktur des Codes (inkl. Einrückungen) widerspiegelt die logische Struktur des Befehls und die Leerzeichen machen

den Code lesbarer. Versuchen Sie daher bereits am Anfang Ihrer R-Karriere, einen übersichtlichen und konsistenten Codierstil zu pflegen, etwa indem Sie meinen emulieren oder sich an einer Gestaltungsrichtlinie (z.B. `https://style.tidyverse.org/`) orientieren.

Einschub: Grafiken speichern. Nachdem Sie eine Grafik mit `ggplot()` erzeugt haben, können Sie diese mit dem Befehl `ggsave()` speichern. Siehe hierzu `?ggsave`.

Es gibt aber eine allgemeinere Methode, die nicht nur bei von `ggplot()` erzeugten Grafiken funktioniert. Um die linke Grafik aus Abbildung 4.1 zu speichern, können Sie den `ggplot()`-Befehlen zwischen die Befehle `pdf()` und (dev.off()) zu stellen, wie folgt:

```
> pdf(here("figs", "dotchart.pdf"),
+     width = 5, height = 4) # Höhe und Breite in Zoll
> ggplot(data = d,
+        aes(x = Norwegian,
+            y = Participant)) +
+   geom_point() +
+   xlab("Ergebnis Norwegisch") +
+   ylab("ID Versuchsperson")
> dev.off()
```

Die Abbildung finden Sie jetzt als eine PDF-Datei mit dem Namen `dotchart.pdf` im Unterordner `figs` in Ihrem Projektordner.

Wenn Sie die Grafik lieber in einem anderen Format speichern, können Sie statt `pdf()` auch `svg()`, `png()`, `tiff()` oder `bmp()` verwenden.

Für eine schnelle Grafik können Sie natürlich auch das `Export`-Menü in der Registerkarte `Plots` im Fenster rechts unten in RStudio verwenden. Aber ich empfehle Ihnen, den Gebrauch von `pdf()` zu umarmen, da Sie so in Ihrem Code dokumentieren, mit welchen Einstellungen die Grafik gespeichert wurde. Das ist nämlich sehr praktisch, wenn Sie später alle Grafiken mit leicht anderen Einstellungen neu zeichnen müssen.

In diesem Beispiel ist das Punktdiagramm insbesondere nützlich aufgrund von dem, was es eben nicht aufzeigt. Es scheint nämlich keine Datenpunkte, oder Grüppchen von Datenpunkten, zu geben, die ziemlich weit von den anderen entfernt liegen. Solche Datenpunkte, die man **Ausreisser** nennt, können das Ergebnis einer Analyse stark beeinflussen, sodass es wichtig ist, zu wissen, dass es sie gibt. Ausreisser können (nicht müssen) auch auf technische Fehler hinweisen und sollten also nochmals kontrolliert werden. Abbildung 4.2 zeigt ein fiktives Beispiel, in dem die Anzahl morphologischer Fehler pro Textseite pro Lerner aufgeführt wird. Ein Datenpunkt liegt so weit von den anderen entfernt, dass man hier auf jeden Fall nochmals kontrollieren sollte, ob die Angabe tatsächlich stimmt, und nicht etwa auf einem Tippfehler bei der Dateneingabe beruht.

4.2 Das Histogramm

Eine zweite nützliche Grafik ist das Histogramm. Für ein Histogramm wird die Variable, die man darstellen möchte, in *bins* aufgeteilt und es wird gezählt, wie viele Beobachtungen es in jedem *bin* gibt. Diese Anzahlen werden in der Grafik als Bälkchen dargestellt, siehe Abbildung 4.3. Wie in diesem Beispiel sind die *bins* in den allermeisten Histogrammen gleich breit. Die Breite der *bins* muss man selber festlegen; wie die Befehle und Kommentare unten zeigen, ist dies eine Frage von Ausprobieren.

Verglichen mit dem Punktdiagramm ist ein Vorteil des Histogramms, dass auch sehr grosse Datensätze sinnvoll dargestellt werden können, während man in einem Punktdiagramm wohl schnell den Überblick verliert.

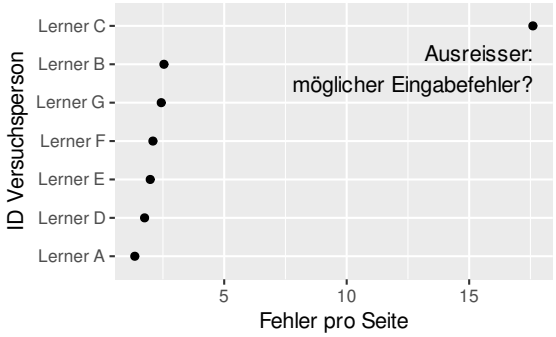


Abbildung 4.2: Beispiel eines Ausreissers. Hier müsste man kontrollieren, ob der Datenpunkt (17.6) richtig eingetragen wurde und nicht etwa ein Tippfehler ist (statt 1.76).

```
> ggplot(data = d,
+        aes(x = Norwegian)) +
+   # Defaulteinstellungen fürs Histogramm (immer 30 bins)
+   geom_histogram()
>
> ggplot(data = d,
+        aes(x = Norwegian)) +
+   # Anzahl 'bins' definieren
+   geom_histogram(bins = 10)
>
> ggplot(data = d,
+        aes(x = Norwegian)) +
+   # Binbreite definieren
+   geom_histogram(binwidth = 3)
>
> ggplot(data = d,
+        aes(x = Norwegian)) +
+   # Grenzen selbst festlegen, hier etwa bei 0, 4, 8, 12, 16.
+   # Kürzel: seq(from = 0, to = 16, by = 4).
+   # Die Farben kann man selbst auswählen.
+   geom_histogram(breaks = seq(from = 0, to = 16, by = 4),
+                  fill = "lightgreen",
+                  colour = "darkgreen") +
+   # Achsenbezeichnungen
+   xlab("Ergebnisse cloze-Test Norwegisch") +
+   ylab("Anzahl Studierende")
```

In den Histogrammen bisher stand die Anzahl Beobachtungen pro *bin* auf der y-Achse. Wenn man unterschiedliche Histogramme (z.B. von unterschiedlichen Gruppen) vergleichen möchte, kann es sinnvoller sein, diese Zahlen zu einer Art relative Frequenz umzurechnen. Diese nennt man **Wahrscheinlichkeitsdichten**. Sie werden so berechnet, dass die Gesamtfläche, die das Histogramm einnimmt, 1 beträgt. Anders gesagt: Man nimmt die Höhe jedes *bins*, also die Wahrscheinlichkeitsdichte, und multipliziert diese mit seiner Breite, um die Oberfläche der Bälkchen zu berechnen. Die Höhe wird so festgelegt, dass wenn man alle Oberflächen addiert, die Summe 1 beträgt. Die Form des Histogramms ist aber gleich, egal ob man mit den Anzahlen oder den Wahrscheinlichkeitsdichten arbeitet.

Abbildung 4.4 zeigt ein Beispiel. Die Breite jedes *bins* in der rechten Grafik beträgt 4. Die Höhen sind etwa 0.09, etwa 0.105, etwa 0.045 und fast 0.015, sodass $(4 \cdot 0.09) + (4 \cdot 0.105) + (4 \cdot 0.045) + (4 \cdot 0.015) \approx 1$.

Um die Grafiken in Abbildung 4.4 selber zu zeichnen, ersetzen Sie in den Befehlen oben

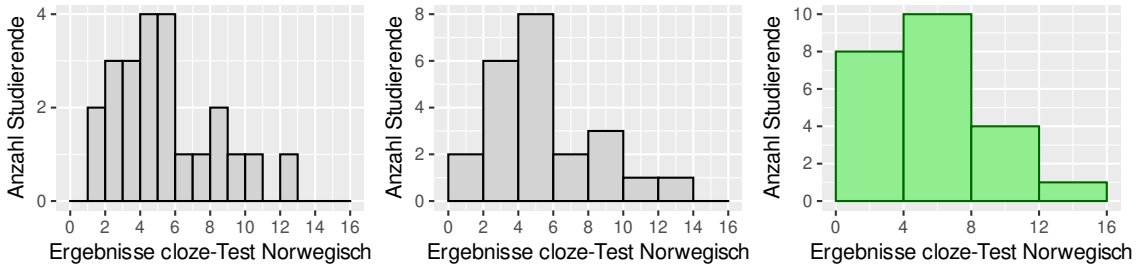


Abbildung 4.3: Drei Histogramme mit den `Norwegian`-Ergebnissen. *Links*: Die Grenzen zwischen den *bins* liegen bei 0, 1, 2, usw., 15, 16. *Mitte*: Grenzen bei 0, 2, 4, usw., 15, 16. *Rechts*: Grenzen bei 0, 4, 8, 12, 16. Sowohl die Grafik links als auch die in der Mitte halte ich hier für sinnvoll; die Grafik rechts ist nach meinem Geschmack ein bisschen zu grob. Eine goldene Regel für die Wahl der Breite der *bins* gibt es nicht. Daher gilt: Mit den Einstellungen herumspielen und eine nützliche Grafik auswählen.

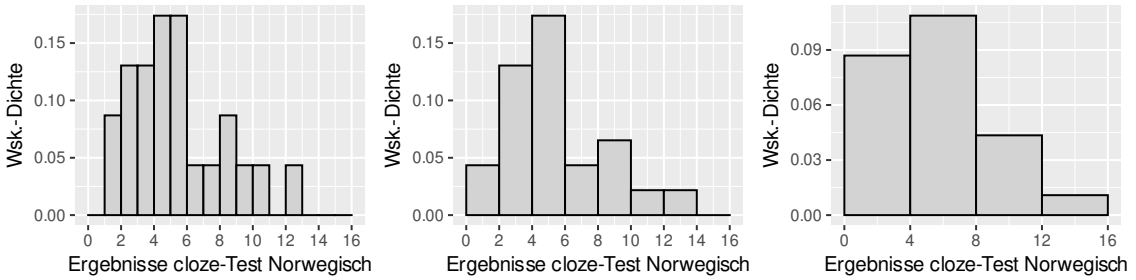


Abbildung 4.4: Drei Histogramme mit der `Norwegian`-Ergebnissen. Statt der absoluten Anzahl Beobachtungen pro *bin* stehen hier Wahrscheinlichkeitsdichten auf der y-Achse.

```
> ggplot(data = d,
+        aes(x = Norwegian))
```

durch

```
> ggplot(data = d,
+        aes(x = Norwegian,
+            y = ..density..))
```

4.3 Mittelwerte

Es ist unpraktisch, in einem Bericht alle einzelnen beobachteten Werte aufzulisten.[1] Wenn möglich probiert man diese Informationen daher zu komprimieren, indem man berichtet, welcher Wert typisch für diese Beobachtungen ist und wie sehr die einzelnen Beobachtungen von diesem typischen Wert abweichen. Die Frage nach dem typischen Wert betrifft die **zentrale Tendenz** der Beobachtungen und wird anhand von einem Mittelwert beantwortet. Die Frage nach den Abweichungen betrifft die **Streuung** der Beobachtungen und wird anhand von Streuungsmassen beantwortet. Zuerst widmen wir uns den Mittelwerten.

4.3.1 Das arithmetische Mittel

Wenn man vom 'Durchschnitt' oder 'Mittelwert' spricht, meint man meistens das (arithmetische) Mittel. Eigentlich sind 'Durchschnitt' und 'Mittelwert' aber Hyperonyme, denn es gibt ausser dem Mittel noch andere Durchschnittsmasse.

[1] Aber es ist sehr sinnvoll, den Datensatz online verfügbar zu stellen und im Bericht auf ihn zu verweisen; siehe Klein et al. (2018) und Levenstein & Lyle (2018)! Eine benutzerfreundliche Website, wo Sie dies machen können, ist `https://osf.io`; siehe Soderberg (2018) für eine Anleitung.

Um das Mittel zu berechnen, addiert man alle Werte und teilt man die Summe durch die Anzahl Werte. Das Populationsmittel kürzt man in Formeln meistens als μ ab. In Gross-Sigmanotation schaut die Formel so aus:[2]

$$\mu = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} x_i.$$

Einschub: Gross-Sigmanotation. Formeln wie diese mögen abschrecken, sind in Statistikhandbüchern jedoch gang und gäbe—und gar nicht so schwierig.

Reihen von Beobachtungen einer Variablen ('Vektoren') werden meistens mit römischen Buchstaben dargestellt. 'x' ist also die Reihe von Beobachtungen, deren Mittel wir berechnen wollen—hier also die 23 Ergebnisse beim norwegischen Lesetest.

Das kleine 'i' ist ein Index und wird verwendet um eine spezifische Beobachtung zu identifizieren. 'x_i' heisst lediglich 'die i. Beobachtung von x'. Ist i gleich 5, dann heisst x_i eigentlich x_5, sprich die 5. Beobachtung von x.

'N' ist einfach die Anzahl Beobachtungen in der Reihe—bei uns also $N = 23$.

'$\sum$', zu guter Letzt, heisst lediglich 'Summe'. Die Werte, die wir addieren müssen, kommen nach dem Symbol. $\sum_{i=1}^{N} x_i$ heisst, dass wir die Werte in der Reihe x addieren müssen, anfangend mit dem ersten ($i = 1$) und endend beim letzten (N). $\sum_{i=3}^{5} x_i$ hiesse, dass wir nur den 3., 4. und 5. x-Wert addieren müssten.

Der Ausdruck

$$\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} x_i$$

kann also so umgeschrieben werden:

$$\frac{1}{N}(x_1 + x_2 + x_3 + \cdots + x_N).$$

In unserem Beispiel:

$$\frac{1}{23}(13 + 9 + 11 + \cdots + 5).$$

Einschub: *for*-Schleifen. Der Einschub zur Gross-Sigmanotation gibt uns die Gelegenheit, *for*-Schleifen vorzustellen. Mit einer *for*-Schleife kann man Berechnungen iterativ ausführen. Der folgende Codeabschnitt etwa kreiert zunächst eine Variable namens `resultat` und initalisiert diese mit 0. Dann wird eine *for*-Schleife geöffnet, in welcher der Index `i` die Ganzzahlen von 1 bis und mit 10 durchläuft. Bei jedem Durchgang der *for*-Schleife wird der Index `i` zum jetzigen Wert von `resultat` addiert; die Summe gilt als neuer Wert von `resultat`. Danach, bei der schliessenden geschweiften Klammer, wird der nächste Index verwendet. Wenn alle Indizes durchlaufen wurden, hört die *for*-Schleife auf. Dieser Codeabschnitt berechnet also lediglich die Summe der Ganzzahlen 1 bis und mit 10 (in Gross-Sigmanotation: $\sum_{i=1}^{10} i$):

```
> resultat <- 0
> for (i in 1:10) {
+   resultat <- resultat + i
+ }
> resultat

[1] 55
```

[2] Ich erlaube mir hier etwas mathematische Unvollständigkeit zwecks didaktischer Deutlichkeit. Die Formel gilt nämlich nur für Populationen, die nur endlich viele Elemente enthalten. Die Formel für unendlich grosse Populationen erspare ich hier Ihnen, da Sie erstens wesentlich schwieriger und zweitens nicht so wichtig ist.

Für diese Berechnung steht uns in R natürlich auch eine spezialisierte (und schnellere) Funktion zur Verfügung:

```
> sum(1:10)

[1] 55
```

Wir können den Index auch verwenden, um auf Elemente in Vektoren oder Listen zuzugreifen. Eine umständliche Art und Weise, um die Summe der Norwegischwerte zu berechnen, ist daher die folgende:

```
> resultat <- 0
> for (i in 1:length(d$Norwegian)) {
+   resultat <- resultat + d$Norwegian[[i]]
+ }
> resultat

[1] 136

> # besser:
> # sum(d$Norwegian)
```

Die Notation `d$Norwegian` zieht den Vektor namens `Norwegian` aus dem tibble `d`. Mit der Funktion `length()` fragt man die Anzahl Elemente, die dieser Vektor enthält, ab. Da der Vektor 23 Werte zählt, heisst `1:length(d$Norwegian)` so viel wie `1:23`. In der `for`-Schleife wird nun statt des Indexes `i` jeweils der i. Werte zum bisherigen Resultat addiert. Die Notation `d$Norwegian[[4]]` identifiziert den 4. Wert eines Vektors oder einer Liste. Statt der Notation '[[' werden Sie auch oft '[' antreffen. Der Unterschied ist hier nicht so wichtig, aber mit '[[' identifiziert man immer einen Wert; mit '[' kann man auch mehrere Werte gleichzeitig abfragen.

Wenn wir nicht nur das Endergebnis haben möchten, sondern auch die Zwischenergebnisse, können wir wie folgt vorgehen. Zunächst kreieren wir einen Vektor mit Platz für 10 Werte; hier werden wir die Zwischenresultate abspeichern. Das erste Zwischenergebnis, 1, stellen wir manuell ein. In der *for*-Schleife durchläuft der Index alle Werte von 2 (!) bis 10. Im i. Durchgang wird der aktuelle Index zum letzten Zwischenergebnis addiert; die Summe wird dann in den Vektor in die i. Stelle des Vektors abgelagert:

```
> zwresultate <- vector(length = 10)
> zwresultate[[1]] <- 1
> for (i in 2:10) {
+   zwresultate[[i]] <- zwresultate[[i-1]] + i
+ }
> zwresultate

 [1]  1  3  6 10 15 21 28 36 45 55
```

Schneller mit `cumsum()` (*cumulative sum*):

```
> cumsum(1:10)

 [1]  1  3  6 10 15 21 28 36 45 55
```

Wir müssen in der *for*-Schleife bei 2 statt bei 1 anfangen, da `zwresultate` keinen $1 - 1 = 0$. Wert hat.

```
> zwresultate <- vector(length = 10)
> zwresultate[[1]] <- 1
> for (i in 1:10) {
+   zwresultate[[i]] <- zwresultate[[i-1]] + i
+ }

Error in zwresultate[[i - 1]]: attempt to select less than one element in
get1index <real>
```

> Wer sich ein bisschen mit Programmiersprachen auskennt, hat aus diesen Beispielen auch gelernt, dass das erste Element eines Vektors in R den Index 1 hat. Programmiersprachen wie Java und Python verweisen auf das erste Element mit dem Index 0.

Das Mittel der Norwegischdaten können wir folgendermassen berechnen:

```
> # Summe aller Norwegian-Werte
> sum(d$Norwegian)

[1] 136

> # Anzahl Norwegian-Werte
> length(d$Norwegian)

[1] 23

> # Summe geteilt durch Anzahl
> 136/23

[1] 5.913

> # Oder in einer Zeile
> sum(d$Norwegian) / length(d$Norwegian)

[1] 5.913
```

Einfacher geht es mit der `mean()`-Funktion:

```
> mean(d$Norwegian)
```

Anders als im letzten Kapitel brauchen wir die zusätzliche Einstellung `na.rm = TRUE` hier nicht, da die Variable keine fehlenden Daten enthält.

Die `tidyverse`-Lösung brauchen wir hier im Prinzip nicht, aber sie zeigt nochmals, wie die `summarise()`-Funktion funktioniert.

```
> d |>
+   summarise(mittel_norwegisch = mean(Norwegian))

# A tibble: 1 x 1
  mittel_norwegisch
              <dbl>
1              5.91
```

Das Mittel hat ein paar nützliche mathematische Eigenschaften, denen es seine Omnipräsenz verdankt. Eine betrifft den zentralen Grenzwertsatz; siehe Abschnitt 6.3. Ein wesentlicher Nachteil des Mittels ist aber, dass er stark von Ausreissern beeinflusst wird. Nimmt man zum Beispiel die Daten aus Abbildung 4.2 auf Seite 40 und berechnet man ihr Mittel, dann ist das Ergebnis 4.25—ein ziemlich untypischer Wert für die Beobachtungen, sind doch 6 der 7 Beobachtungen unter 2.6 und 1 über 17.5. Lässt man den Ausreisser weg, ist das Mittel 2.02, was der Tendenz des Hauptanteils der Beobachtungen besser entspricht.

4.3.2 Der Median

Ein anderer beliebter Mittelwert ist der Median. Es handelt sich hier buchstäblich um den Wert in der Mitte: Zum Berechnen des Medians ordnet man die Daten von klein nach gross und nimmt man den mittleren Wert. Gibt es eine gerade Anzahl Beobachtungen, gibt es zwei mittlere Werte. In solchen Fällen ist der Median das Mittel beider mittlerer Werte.

Zuerst die komplizierte Berechnungsmethode, um den Vorgang zu illustrieren: Mit `arrange()` die Daten von klein nach gross ordnen und dann den mittleren Wert nehmen. Da es 23 Beobachtungen gibt, ist der 12. Wert der mittlere (es gibt 11 kleinere und 11 grössere):

```
> d |>
+   select(Norwegian) |>
```

```
+   arrange(Norwegian) |>
+   slice(12)

# A tibble: 1 x 1
  Norwegian
      <dbl>
1         5
```

Oder kürzer mit `median()`:

```
> median(d$Norwegian)

[1] 5
```

Mit der `summarise()`-Funktion können wir eine Zusammenfassungstabelle mit mehreren Werten aufstellen:

```
> d |>
+   summarise(mittel_norwegisch = mean(Norwegian),
+             median_norwegisch = median(Norwegian))

# A tibble: 1 x 2
  mittel_norwegisch median_norwegisch
              <dbl>             <dbl>
1              5.91                 5
```

Der Median ist weniger ausreisserempfindlich als das Mittel. Berechnet man für die Werte aus Abbildung 4.2 den Median mit dem Ausreisser, ist das Ergebnis 2.09; ohne ist es 2.04.

Grosse Unterschiede zwischen dem Mittel und dem Median sind öfters Ausreissern oder asymmetrischen Verteilungen (siehe Abschnitt 4.6) zuzuschreiben. So oder so gilt: **Keine Mittelwerte berechnen, ohne die Daten zuerst grafisch darzustellen!** Die Berechnung mag stimmen, aber unter Umständen ist sie nicht *sinnvoll*.

4.3.3 Der Modus

Den Modus trifft man weniger oft an, aber er ist eine ganz einfache Art und Weise, um den 'typischen Wert' zu definieren: Es handelt sich schlicht und einfach um den Wert, der am häufigsten vorkommt. Eine Modusfunktion gibt es nicht, aber wir können mit `count()` für jeden Wert zählen, wie oft er vorkommt. Mit `arrange(desc(n))` sortieren wir diese Anzahlen in absteigender Reihenfolge:

```
> d |>
+   count(Norwegian) |>
+   arrange(desc(n))

# A tibble: 11 x 2
  Norwegian     n
      <dbl> <int>
1         5     4
2         6     4
3         3     3
4         4     3
5         2     2
6         9     2
7         7     1
# ... with 4 more rows
```

Zwei Werte kommen am häufigsten vor: 5 und 6 kommen beide 4 Mal vor. Die Modi der Norwegischdaten sind also 5 und 6.

Ein wesentlicher Nachteil des Modus ist, dass bei feinkörnigen Daten jede Beobachtung eh nur ein oder zwei Mal vorkommt, sodass es nicht sinnvoll ist, ihn zu berechnen.

4.3.4 Andere Mittelwerte

Es existieren noch weitere Mittelwerte, z.B. das **harmonische Mittel**, das **geometrische Mittel**, das **winsorisierte Mittel** und das **gewichtete Mittel**. Diese seien hier nur der Vollständigkeit halber erwähnt, werden aber nicht weiter erläutert. Das **getrimmte Mittel** wird jedoch kurz vorgestellt, da es in einer Aufgabe in einem späteren Kapitel zur Sprache kommt.

Um ein getrimmtes Mittel zu berechnen, löscht man zunächst die x% kleinsten und die x% grössten Werte. Danach berechnet man das Mittel der übrig gebliebenen Werte. Fürs 25% getrimmte Mittel löscht man also zwei Mal ein Viertel der Daten: die 25% niedrigsten Beobachtungen und die 25% höchsten Beobachtungen. Das getrimmte Mittel wird verwendet, um den Einfluss von extremen Beobachtungen auf das Ergebnis zu reduzieren.

```
> # Norwegischdaten sortiert von klein nach gross
> norwegisch_sortiert <- sort(d$Norwegian)
> norwegisch_sortiert

 [1]  2  2  3  3  3  4  4  4  5  5  5  5  6  6  6  6  7  8
[19]  9  9 10 11 13

> # 25% getrimmte Mittel:
> mean(norwegisch_sortiert, trim = 0.25)

[1] 5.4615

> # 1/4 von 23 ist 5.75; diese Zahl wird nach unten abgerundet,
> # also werden die 5 niedrigsten und 5 höchsten Werte gelöscht:
> mean(norwegisch_sortiert[6:18])

[1] 5.4615
```

4.4 Streuungsmasse

Wenn man nur einen oder ein paar Mittelwerte berichtet, bleibt die Frage unbeantwortet, wie stark die einzelnen Beobachtungen davon abweichen. Mit Streuungmassen versucht man diese Abweichnung numerisch auszudrücken.

4.4.1 Spannweite

Ein einfaches Streuungsmass ist die Spannweite. Man berechnet lediglich den niedrigsten und den höchsten Wert und berichtet diese oder den Unterschied zwischen ihnen:

```
> min(d$Norwegian)

[1] 2

> max(d$Norwegian)

[1] 13

> range(d$Norwegian)

[1]  2 13
```

Dieses Mass wird aus gutem Grund selten verwendet: Es ist extrem ausreisserempfindlich. Ausserdem unterschätzt die Spannweite einer Stichprobe systematisch die Spannweite der Population, aus der sie stammt.[3] (Mit Stichproben beschäftigen wir uns in späteren Kapiteln.)

4.4.2 Summe der Quadrate

Wenn wir alle Beobachtungen ins Streuungsmass einfliessen lassen wollen, scheint es auf den ersten Blick sinnvoll, die Unterschiede zwischen den beobachteten Werten und dem Mittel zu

[3] Diese Tatsache scheint übrigens in der Zweitsprachserwerbsforschung nicht allen Forschenden bekannt zu sein, die diesem Streuuungsmass eine zentrale Rolle in ihrer Forschung zuteilen (Vanhove, 2020b).

berechnen und diese Unterschiede beieinander aufzuzählen: $(x_1 - \mu) + (x_2 - \mu) + \ldots$. Diese Summe ist aber immer 0. Um das zu sehen, überlege man sich Folgendes:

$$(x_1 - \mu) + (x_2 - \mu) + \cdots + (x_N - \mu) = (x_1 + x_2 + \cdots + x_N) - N\mu.$$

Nun wird μ berechnet als $\frac{1}{N}(x_1 + x_2 + \cdots + x_N)$, sodass $N\mu = x_1 + x_2 + \cdots + x_N$. Daher gilt

$$(x_1 + x_2 + \cdots + x_N) - N\mu = (x_1 + x_2 + \cdots + x_N) - (x_1 + x_2 + \cdots + x_N) = 0.$$

Um dieses Problem zu lösen, werden die Unterschiede zwischen den beobachteten Werten und dem Mittel quadriert, bevor sie beieinander aufgezählt werden. Dadurch werden sie alle positiv, sodass ihre Summe nicht länger 0 ist. Diese Summe der Quadrate wird in Formeln als d^2 oder SS (*sum of squares*) abgekürzt:

$$d^2 = \sum_{i=1}^{N}(x_i - \mu)^2.$$

```
> sum((d$Norwegian - mean(d$Norwegian))^2)
[1] 187.83
```

Achten Sie auf die Stelle der Klammern und der Quadrierung: Die Unterschiede müssen quadriert werden, nicht die Summe oder das Mittel.

```
> # Falsch: Hier wird die Summe quadriert.
> sum((d$Norwegian - mean(d$Norwegian)))^2
[1] 7.8886e-29
> # Falsch: Hier wird das Mittel quadriert.
> sum((d$Norwegian - mean(d$Norwegian)^2))
[1] -668.17
```

Vielleicht fragen Sie sich, wieso man hier mit quadrierten Unterschieden arbeitet. Wäre es nicht einfacher, mit den absoluten Unterschieden zu rechnen? Streuungsmasse, die auf den absoluten Unterschieden basieren, gibt es tatsächlich (*mean absolute deviation* und *median absolute deviation*), aber das Arbeiten mit quadrierten Unterschieden bietet mathematische Vorteile (z.B. zentralen Grenzwertsatz).

Einschub: Gleitkommazahlen. Wir haben zwar gezeigt, dass immer

$$\sum_{i=1}^{N}(x_i - \mu) = 0$$

gilt. Aber wenn wir diese Berechnung in R kontrollieren, erhalten wir ein anderes Ergebnis:

```
> sum(d$Norwegian - mean(d$Norwegian))
[1] 8.8818e-15
```

8.8818e-15 bedeutet $8.8818 \cdot 10^{-15}$, also 0.000000000000088818. Aber eigentlich sollte das Ergebnis genau 0 sein, nicht fast 0. Das Problem liegt bei der Genauigkeit, mit der ein Computer mit Zahlen umgeht. Wir werden auf dieses Problem hier nicht näher eingehen, da es für uns nicht von praktischer Bedeutung ist.

4.4.3 Varianz

Ein Problem mit d^2 ist, dass Datensätze unterschiedlicher Grösse nicht vergleichbar sind: Je mehr Beobachtungen es gibt, desto grösser ist d^2. d^2 drückt also sowohl die Grösse des Datensatzes als auch die Streuung der Beobachtungen aus, was unerwünscht ist. Die Lösung liegt auf der

Hand: d^2 teilen durch die Anzahl Beobachtungen. Dies ergibt die Populationsvarianz (σ^2):

$$\sigma^2 = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}(x_i - \mu)^2. \tag{4.1}$$

```
> sum((d$Norwegian - mean(d$Norwegian))^2) / length(d$Norwegian)
[1] 8.1664
```

Aber Achtung: In der Regel müssen wir die Varianz einer Stichprobe, nicht jene einer Population berechnen. Diese wird leicht anders berechnet; siehe Kapitel 6.

Eigene Funktionen schreiben. Da wir uns meistens für die Varianz einer Stichprobe, nicht für jene einer Population interessieren, gibt es in R keine Funktion, um die Populationsvarianz zu berechnen. Wenn das Eintippen des obigen Befehls zu mühsam ist, z.B., weil Sie es immer wieder verwenden müssen, empfiehlt es sich, eine eigene Funktion zu schreiben. Diese könnte so aussehen:

```
> # pop_var ist eine Funktion einer einzigen Variablen, hier 'x' genannt.
> pop_var <- function(x) {
+   # Populationsvarianz berechnen
+   sigma2 <- mean((x - mean(x))^2)

+   # Ergebnis ausgeben
+   return(sigma2)
+ }
```

Die neu definierte Funktion `pop_var()` akzeptiert einen einzigen Inputparameter, der innerhalb der Funktion `x` heisst. Diesem Parameter werden wir einen numerischen Vektor übergeben, auf den wir Formel 4.1 anwenden. Benutzen kann man solche Funktionen wie andere Funktionen:

```
> pop_var(d$Norwegian)
[1] 8.1664
```

4.4.4 Standardabweichung

Varianzen sind nicht einfach zu interpretieren, da sie aufgrund der Quadrierung in der Berechnung in quadrierten Einheiten ausgedrückt werden (z.B. quadrierte Testergebnisse, quadrierte Sprecher per Sprache). Wir können aber die Wurzel der Varianz nehmen, was die Populationsstandardabweichung ergibt (σ):

$$\sigma = \sqrt{\sigma^2} = \sqrt{\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}(x_i - \mu)^2}.$$

In R mit der selbst geschriebenen `pop_var()`-Funktion:

```
> pop_var(d$Norwegian) |>
+   sqrt()
[1] 2.8577
```

Standardabweichungen und Varianzen kann man (wie Mittelwerte) nicht absolut interpretieren: Eine Standardabweichung von 0.4 ist je nach der Art von Daten klein, gross oder unauffällig, und dies gilt auch für Standardabweichungen von 8'000. So wäre etwa eine Standardabweichung von 13 unauffällig, wenn es sich um in Zentimetern gemessenen Körpergrössen von Menschen handeln würde; erstaunlich klein, wenn die Körpergrössen in Millimetern ausgedrückt wären; und ziemlich gross, wenn sie in Zoll ausgedrückt wären.

Achtung! In der Regel müssen wir die Standardabweichung einer Stichprobe, nicht jene einer

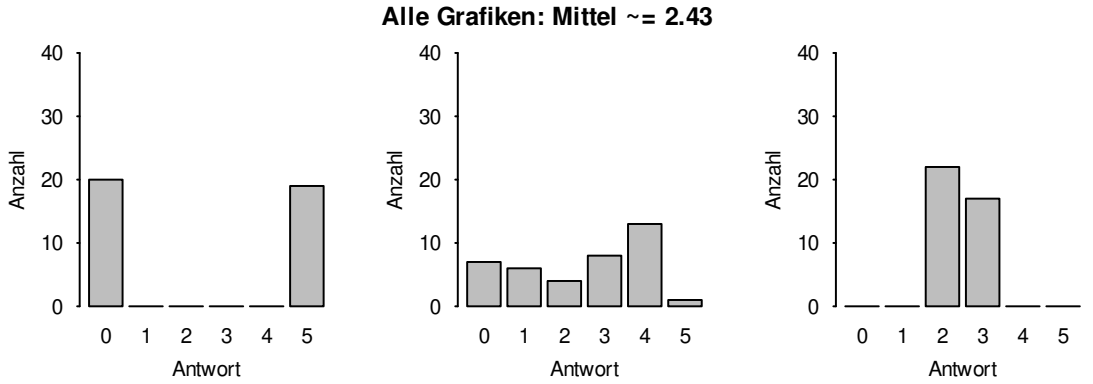


Abbildung 4.5: Hinter dem gleichen Mittelwert kann sich eine Vielzahl von unterschiedlichen Mustern verstecken. Diese drei Grafiken zeigen alle 39 Beobachtungen einer Variablen mit einem Mittel von 2.43 (nach Rundung).

Population berechnen. Diese wird leicht anders berechnet; siehe Kapitel 6.

Daten nicht nur numerisch zusammenfassen! Stellen Sie sich vor, dass Sie in einer Studie lesen, dass 39 Versuchspersonen eine Frage auf einer 6er-Skala von 0 bis 5 beantwortet haben und das Mittel der Antworten 2.43 betrug. Vielleicht stellen Sie sich dann darunter vor, dass die meisten Versuchspersonen sich für '2' oder '3' entschieden. Dies muss aber nicht der Fall sein: Hinter diesem Mittelwert können sich viele andere Datenmuster verstecken, die zu anderen Schlussfolgerungen führen sollten. Vielleicht sind sich die Versuchspersonen einig in ihrer Gleichgültigkeit, weshalb sie alle Antworten in der Mitte der Skala wählen. Oder vielleicht handelt es sich um ein sehr kontroverses Thema mit überzeugten Gegnern und Befürwortern aber ohne eine moderate Mitte. Oder vielleicht sind alle Arten von Meinung etwas vertreten; siehe Abbildung 4.5.

Wenn ein Streuuungsmass berichtet wird, schränkt sich Anzahl möglicher Muster zwar ein, aber trotzdem können sich hinter einem Mittel und einer Standardabweichung mehrere Verteilungen verstecken (Abbildung 4.6).[4]

Merksatz! Stellen Sie Ihre Daten auch grafisch dar, sodass Sie und Ihre Leserschaft wissen, wie diese überhaupt aussehen. Mittelwerte und Streuungsmasse erzählen nicht die ganze Geschichte.

4.5 Kerndichteschätzungen

In unserem Norwegischbeispiel gibt es es nur eine geringe Anzahl Beobachtungen und ausserdem ist die Variable nicht sehr feinkörnig. Eine sehr feinkörnige Variable wäre eine Variable mit sehr vielen möglichen Ergebnissen und höchstens einem Beleg pro möglichen Wert.

Was würde nun passieren, wenn wir eine grosse Anzahl Beobachtungen (z.B. 100'000) von einer sehr feinkörnigen Variablen erheben würden, diese Beobachtungen in einem Histogramm mit Wahrscheinlichkeitsdichten (siehe Abschnitt 4.2) darstellen würden und die Anzahl *bins* immer vergrössern würden? Wenn die Anzahl *bins* zu gross wird, können wir sie nicht mehr voneinander unterscheiden, wie Abbildung 4.7 zeigt. Ausserdem werden wir irgendwann nur noch *bins*, die entweder eine oder keine einzige Beobachtung beinhalten, haben.

In solchen Fällen arbeitet man stattdessen mit Kerndichtschätzungen. Die Berechnungsmethode braucht uns hier nicht zu interessieren; grundsätzlich handelt es sich um ein geglättetes Histogramm, bei dem die Wahrscheinlichkeitsdichten jedes Bälkchens mit einer Kurve verbunden werden und die Bälkchen selber nicht mehr dargestellt werden; siehe Abbildung 4.8.

[4]Diese Verteilungen wurden generiert anhand des R-Codes unter `http://bayesfactor.blogspot.ch/2016/03/how-to-check-likert-scale-summaries-for.html`.

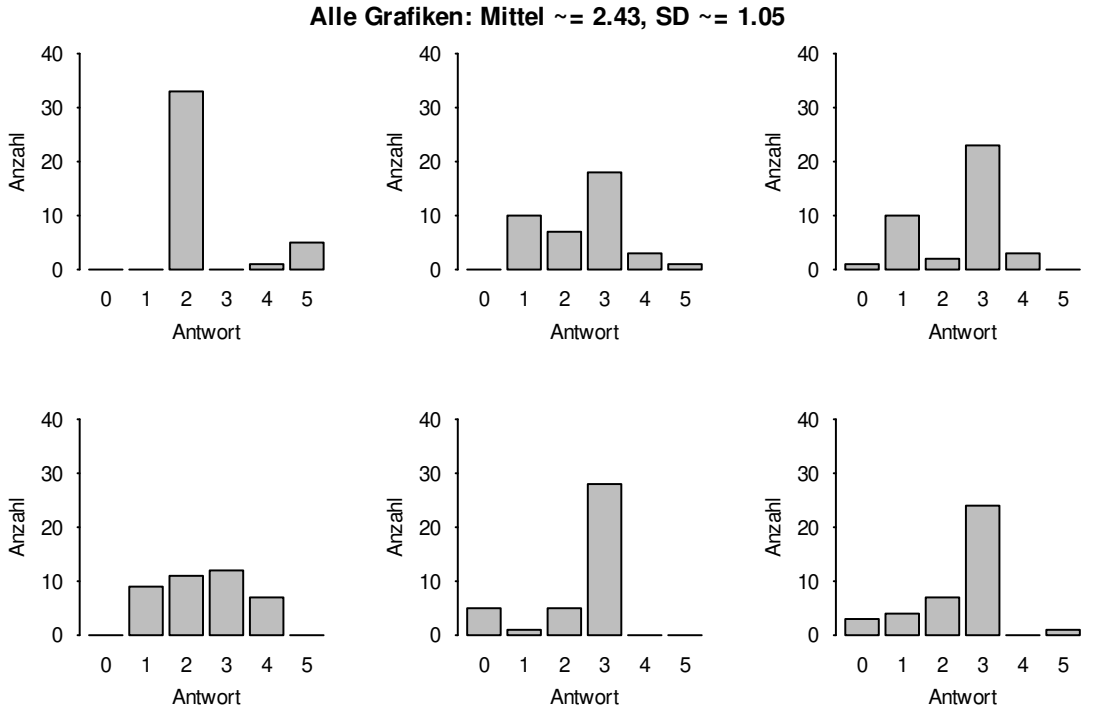


Abbildung 4.6: Sogar wenn man das Mittel und die Standardabweichung kennt, weiss man noch nicht, welches Muster sich hinter diesen Zahlen versteckt. In all diesen Grafiken beträgt das Mittel nach Rundung 2.43 und die Standardabweichung 1.05.

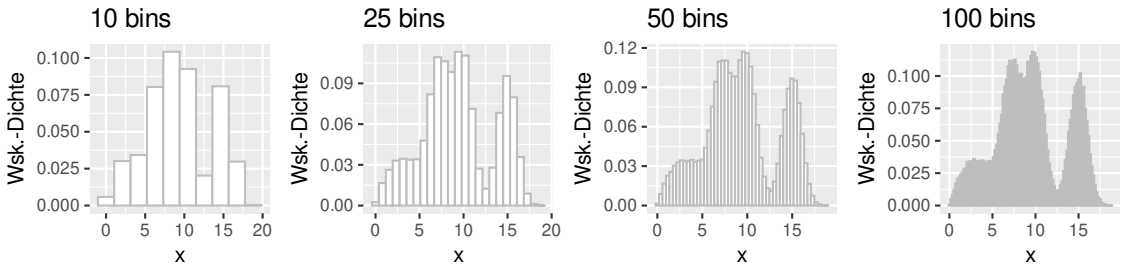


Abbildung 4.7: Vier Histogramme der gleichen feinkörnigen Variablen.

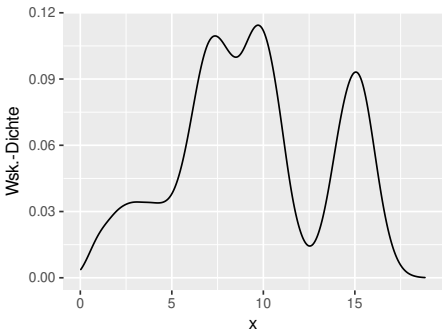


Abbildung 4.8: Eine Kerndichteschätzung der gleichen Variablen wie in Abbildung 4.7.

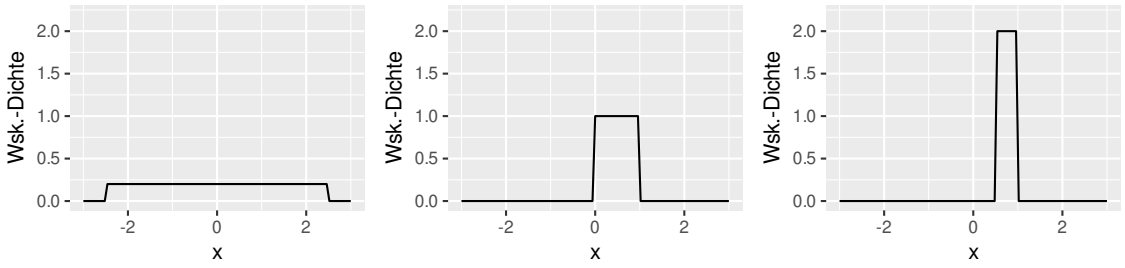


Abbildung 4.9: Wahrscheinlichkeitsdichten von drei kontinuierlichen Gleichverteilungen.

Achtung! Wahrscheinlichkeitsdichte ist nicht gleich Wahrscheinlichkeit. In Abbildung 4.8 ist die Wahrscheinlichkeit, dass ein Wert von genau 10 beobachtet wird, nicht fast 12%, sondern verschwindend gering. Wenn man bloss genügend Dezimalstellen in Betracht zieht (z.B. 10.00000001 oder 9.9999999999), ist jeder einzelne Wert ja verschwindend unwahrscheinlich. Wir können deswegen keine sinnvollen Wahrscheinlichkeitsaussagen über spezifische Werte machen, sondern nur über Intervalle. Dies machen wir in den nächsten Kapiteln.

Eine Kerndichteschätzung können Sie mit dem Befehl `geom_density()` zeichnen; siehe die Beispiele unter `https://ggplot2.tidyverse.org/reference/geom_density.html`. Den Beispielen auf dieser Seite kann man entnehmen, dass man die Kerndichte einer Variablen auf mehrere Arten schätzen kann, sodass es nicht *die* Kerndichteschätzung einer bestimmten Variablen gibt. Vergleichen Sie dazu die erste, dritte und vierte Grafik, die alle Kerndichteschätzungen der gleichen Variablen darstellen.

4.6 Klassische (idealisierte) Verteilungen

Es lassen sich ein paar klassische Arten von Datenverteilungen unterscheiden. In ihrer reinen Form trifft man diese Verteilungen zwar selten an, aber viele Datenverteilungen können als Annäherungen dieser Idealisierungen betrachtet werden.

4.6.1 Gleichverteilung

In einer Gleichverteilung (oder Uniformverteilung) ist die Wahrscheinlichkeitsdichte konstant über dem Bereich der möglichen Werte. Ein typisches Beispiel ist das Würfeln eines fairen Würfels ('diskrete Gleichverteilung'; diskret, da es eine beschränkte Anzahl möglicher Ergebnisse gibt). Die Wahrscheinlichkeit, eine 6 zu würfeln, ist gleich gross wie jene, eine 1. usw. zu würfeln. Wenn die möglichen Ergebnisse feinkörniger sind, spricht man von einer 'kontinuierlichen Gleichverteilung'.

Aufgabe. Abbildung 4.9 zeigt drei kontinuierliche Gleichverteilungen mit Bereichen [-2.5, 2.5], [0, 1] und [0.5, 1]. Erklären Sie, warum die Wahrscheinlichkeitsdichte höher als 1 sein kann.

4.6.2 Normalverteilung

Die Normalverteilung ist die typische 'Glockenkurve', die man in Statistikbüchern antrifft wie Sand am Meer. Ihre Wahrscheinlichkeitsdichte wird durch eine kompliziert aussehende Gleichung definiert, die für unsere Zwecke nicht so wichtig ist. Wichtig ist nur, dass die Form der Glockenkurve von zwei Faktoren bestimmt wird: dem Mittel der Datenverteilung (μ) und ihrer Standardabweichung (σ). μ bestimmt, um welchen Wert die Kurve zentriert ist; σ wie 'breit' und 'hoch' die Kurve ist. Siehe Abbildung 4.10.

Gleichverteilungen und Normalverteilungen sind Beispiele von **symmetrischen Verteilungen**: Die linke Hälfte der Verteilung formt das Spiegelbild der rechten Hälfte. Bei Variablen, die symmetrisch verteilt sind, sind das Mittel und der Median einander (ungefähr) gleich.

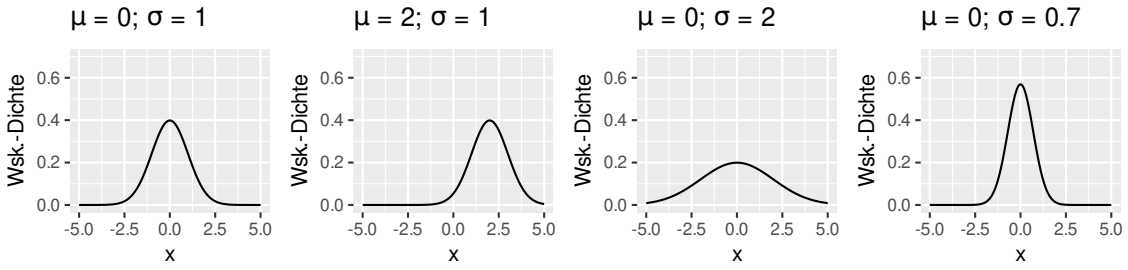


Abbildung 4.10: Die Form einer Normalverteilung ist von zwei Parametern abhängig: ihrem Mittel (μ) und ihrer Standardabweichung (σ).

4.6.3 Bimodale Verteilung

Eine bimodale Verteilung ist eine Verteilung mit zwei 'Höckern'. Bei einer Befragung zu einem gesellschaftlichen Thema etwa würde eine solche Verteilung darauf hindeuten, dass die Bevölkerung stark zwischen Befürwortern und Gegnern polarisiert ist und dass relativ wenige Leute eine Zwischenposition vertreten. Eine bimodale Verteilung kann auch darauf hindeuten, dass eigentlich zwei Populationen statt nur einer gemessen wurden. Zum Beispiel ist (in der akustischen Phonetik) die Verteilung der Grundfrequenz in der ganzen Population bimodal verteilt: Männerstimmen haben eine tiefere Grundfrequenz als Frauenstimmen, aber innerhalb jeder Gruppe sind die Werte ungefähr normalverteilt.

Manchmal trifft man auch **multimodale** Verteilungen, also Verteilungen mit mehreren Höckern, an.

Bi- und multimodale Verteilungen können zwar symmetrisch sein, und folglich können das Mittel und der Median einander recht ähnlich sein. Trotzdem zeigen diese Mittelwerte nicht, welche Werte typisch für solche Verteilungen sind. Wenn eine bimodale Verteilung in separate Populationen zerteilt werden kann (z.B. Männer und Frauen), ist es sinnvoller, die Mittelwerte innerhalb jeder Population zu berechnen. Wenn dies unmöglich ist, dürfte es sinnvoller sein, die Verteilung grafisch zu berichten (immer eine gute Idee!) oder sie in Vollsätzen zu beschreiben anstatt einen sinnlosen Mittelwert zu berechnen.

4.6.4 Schiefe Verteilungen

Eine **rechtsschiefe Verteilung** (oder: Verteilung mit positiver Schiefe) ist eine Verteilung, die nicht symmetrisch ist, sondern nach rechts neigt. Etwa Reaktionszeiten, Wortfrequenzen und die Anzahl tip-of-the-tongue-Probleme pro Aufnahme sind oft rechtsschief verteilt: Die meisten Reaktionszeiten sind niedrig, aber einige werden hoch sein; die allermeisten Wörter kommen selten vor, aber eine Handvoll Wörter sehr häufig; in den meisten Aufnahmen wird es keine tip-of-the-tongue-Probleme geben, aber in ein paar schon einige.

Eine **linksschiefe Verteilung** (oder: Verteilung mit negativer Schiefe) ist nicht-symmetrisch und neigt nach links. Bei Testergebnissen könnte dies darauf hindeuten, dass der Test zu einfach war (**Deckeneffekt**): Personen mit dem gleichen hohen Testergebnis unterscheiden sich vermutlich noch voneinander in ihrer Fähigkeit, aber dies zeigt sich aufgrund des zu einfachen Tests nicht. Zu schwierige Tests führen hingegen zu rechtsschiefen Verteilungen (**Bodeneffekt**).

Bei schiefen Verteilungen können Mittel und Median weit auseinander liegen und es ist durchaus möglich, dass keiner der beiden Werte den typischen Wert der Verteilung wirklich erfasst.

Abbildung 4.11 zeigt eine bimodale, eine rechtsschiefe und eine linksschiefe Verteilung.

4.7 Weiterführende Literatur

Huff (1954) (*How to lie with statistics*) ist ein kurzes und sehr lesbares Büchlein. Es behandelt unter anderem die unterschiedlichen Mittelwerte und wie diese manipulativ eingesetzt werden.

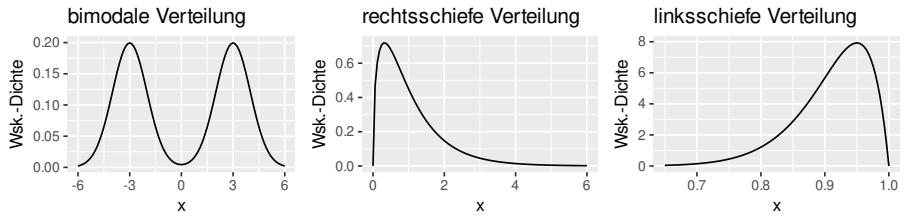


Abbildung 4.11: Eine bimodale und zwei schiefe Verteilungen.

Johnson (2013) bietet eine Übersicht über weitere Möglichkeiten, Daten grafisch und numerisch zu beschreiben.

In diesem Skript werden zwar mehrere nützliche Arten von Grafiken vorgestellt, aber eine ausführlichere Behandlung finden Sie bei Healy (2019). Dieses Buch ist auch kostenlos verfügbar unter `https://socviz.co/`.

4.8 Aufgaben

1. Es sei x der folgende Vektor: $(4, 2, 1, 5, 4)$. Berechnen Sie die folgenden Summen von Hand:
   (a) $\sum_{i=1}^{5} x_i$;
   (b) $\sum_{j=2}^{3} x_j$;
   (c) $\sum_{i=2}^{4} (x_i + 2)$;
   (d) $\sum_{i=2}^{4} (3x_i - 2)$;
   (e) $\sum_{i=2}^{4} \frac{10}{x_i}$;
   (f) $\sum_{i=1}^{6} i$;
   (g) $\sum_{i=2}^{4} 3$;
   (h) $\sum_{i=1}^{2} x_{2i}$;
   (i) $\sum_{i=1}^{2} (x_{2i} - x_{2i-1})$.
2. Erklären Sie, ohne den Code auszuführen, was dieser Codeabschnitt bewirkt und was sein Output wäre.

```
> werte <- vector(length = 20)
> werte[[1]] <- 1
> werte[[2]] <- 1
> for (i in 3:length(werte)) {
+   werte[[i]] <- werte[[i-1]] + werte[[i-2]]
+ }
> werte[[6]]
```

3. 80 willkürlich ausgewählte Schweizer Staatsbürger werden gebeten, auf einer 10er-Skala anzudeuten, inwieweit sie mit der Aussage *Privater Waffenbesitz sollte verboten werden* einverstanden sind (1 = gar nicht einverstanden; 10 = völlig einverstanden). Würde diese Befragung annähernd normalverteilte Daten liefern? Wenn nicht, welcher Datenverteilung würden sie am ehesten entsprechen?
4. Die Datei `stocker2017.csv` enthält einen Teil der Daten aus einer on-line-Studie von Stocker (2017). 160 Versuchspersonen wurden gebeten, die Glaubwürdigkeit von Aussagen von SprecherInnen mit unterschiedlichen Akzenten (Englisch, Französisch, Deutsch und Italienisch) mithilfe eines *sliders* auf einer Skala von 0 bis 100 zu bewerten. Diese Daten stehen in der `score`-Spalte.
   (a) Lesen Sie diese Datei in R ein. Kontrollieren Sie, ob dies geklappt hat.

(b) Berechnen Sie das Mittel und den Median der `score`-Daten. Sind sich diese Mittelwerte ähnlich?

(c) Stellen Sie die `score`-Daten in einem Histogramm mit 10 *bins* dar. Welcher klassischen Verteilung entspricht diese am ehesten?

(d) Zeichnen Sie ein Histogramm mit 100 bins. Beschreiben Sie dieses Histogramm. Sind das Mittel und der Median repräsentativ für diese Daten?

(e) Welcher Wert ist der dritthäufigste? Warum, denken Sie?

(f) Was ist bei den viert-, fünft-, sechst- usw. -häufigsten Werten auffällig?

5. Es sei $x = (x_1, x_2, \ldots, x_n)$ ein Vektor mit strikt positiven Zahlen. Das **harmonische Mittel** H dieser Zahlen ist nun definiert als

$$H = \frac{n}{\sum_{i=1}^{n} \frac{1}{x_i}}.$$

Schreiben Sie eine eigene R-Funktion `harmonic_mean()`, welche einen Vektor mit einer beliebigen Anzahl strikt positiver Zahlen als Parameter erhält und sein harmonisches Mittel ausspuckt.

Hinweis: Wenn Sie den ersten Kilometer gegen 5 Kilometer/Stunde überbrücken, den zweiten gegen 10 Kilometer/Stunde und den dritten gegen 2 Kilometer/Stunde, dann haben Sie insgesamt 3 Kilometer in 48 Minuten überbrückt. (Man rechne nach.) Dies entspricht einer durchschnittlichen Geschwindigkeit von 3.75 Kilometer/Stunde. Diese durchschnittliche Geschwindigkeit können Sie mit dem harmonischen Mittel berechnen. Wenn Ihre Funktion gut geschrieben ist, sollte der folgende Befehl die Antwort 3.75 ergeben:

```
> harmonic_mean(c(5, 10, 2))

[1] 3.75
```

Kapitel 5

Wahrscheinlichkeitsaussagen über Zufallsvariablen

Dieses Kapitel dient als Auffrischung der Wahrscheinlichkeitsrechnung. Konkret besprechen wir, wie wir Wahrscheinlichkeitsaussagen über **Zufallsvariablen** machen können, wenn wir schon wissen, aus welcher Verteilung diese Variable stammt. Was Zufallsvariablen sind, wird aus den Beispielen klar. Die Fähigkeit, Wahrscheinlichkeitsaussagen über Zufallsvariablen zu machen, ist an sich schon praktisch, aber zudem muss man die hinterliegende Logik kennen, wenn man Inferenzstatistik verstehen will.

5.1 Beispiel: kontinuierliche Gleichverteilung

Die Kreislinie eines Rads ist wie in Abbildung 5.1 mit Zahlen von 0 bis 360 vermerkt. Jedes Mal, wenn der Pfeil gedreht wird, bleibt er an einer zufälligen Stelle auf der Kreislinie stehen. Dies entspricht einer kontinuierlichen Gleichverteilung mit einem Bereich von 0 bis 360; siehe Abbildung 5.2. Da die Verteilung von 0 bis 360 geht und die Fläche zwischen der Wahrscheinlichkeitsdichte und der x-Achse 1 betragen muss, ist die Wahrscheinlichkeitsdichte überall $\frac{1}{360} \approx 0.0028$, denn $(360 - 0) \cdot \frac{1}{360} = 1$.

5.1.1 Wahrscheinlichkeit = Fläche unter der Wahrscheinlichkeitsdichte

Wie wahrscheinlich ist es, dass wir den Pfeil drehen und er irgendwo zwischen 45 und 93 stehen bleibt? Zwischen den Werten 45 und 93 liegt etwa 13.3% der ganzen Wahrscheinlichkeitsverteilung: $\frac{93-45}{360} = 0.133$. Die Wahrscheinlichkeit liegt also bei 13.3%.

Diese Berechnungsmethode lässt sich aber nur bei Gleichverteilungen anwenden, also bei Verteilungen, bei denen jeder Wert genauso wahrscheinlich ist. Eine Methode, die auch für andere Verteilungen gilt, besteht darin, **die Fläche unter der Wahrscheinlichkeitsdichte zwischen den beiden Werten** – das 'Integral' aus dem Gymnasium – zu berechnen. Diese Fläche wurde in der obigen Grafik grau eingefärbt. Bei einer Gleichverteilung ist dies ein Rechteck, dessen Fläche wir einfach berechnen können: Breite $\cdot$ Höhe $= (93 - 45) \cdot \frac{1}{360} = 0.133$.

5.1.2 Kumulative Verteilungsfunktion

Abbildung 5.3 zeigt, wie wahrscheinlich es ist, einen Wert kleiner als x zu beobachten. Diese Grafik nennt man eine **kumulative Verteilungsfunktion**; die kumulative Wahrscheinlichkeit variiert von 0 bis 1.

Mit `punif()` können wir die Wahrscheinlichkeit berechnen, dass wir einen Wert zwischen 45 und 93 beobachten (p für *probability*, *unif* für *uniform distribution*). Zuerst berechnen wir die Wahrscheinlichkeit, dass wir einen Wert kleiner als 93 beobachten. Diese Wahrscheinlichkeit entspricht dem Wert auf der y-Achse für die rote Linie in Abbildung 5.3 (Handgelenk mal Pi:

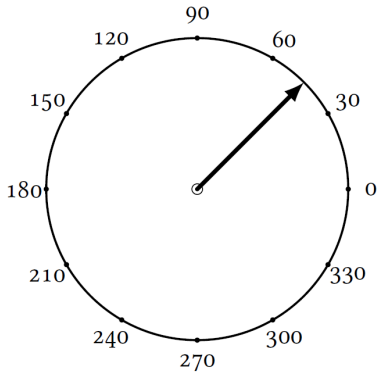


Abbildung 5.1: Ein Rad mit einem Pfeil, um eine Gleichverteilung zu generieren.

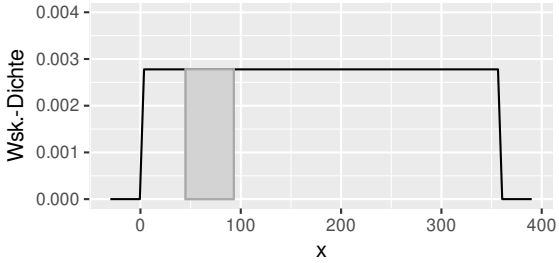


Abbildung 5.2: Wahrscheinlichkeitsdichte einer kontinuierlichen Gleichverteilung mit Bereich 0 bis 360.

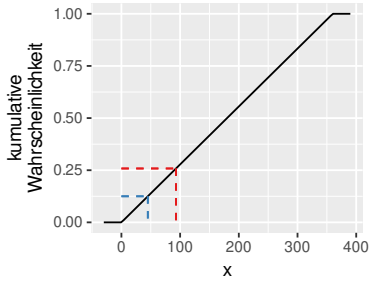


Abbildung 5.3: Kumulative Verteilungsfunktion einer kontinuierlichen Gleichverteilung mit Bereich 0 bis 360.

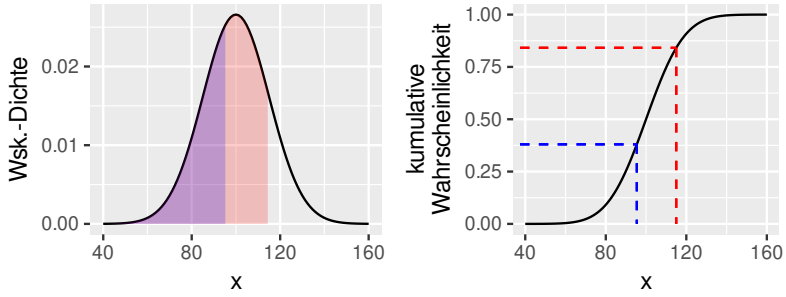


Abbildung 5.4: Wahrscheinlichkeitsdichte und kumulative Wahrscheinlichkeit einer Normalverteilung mit Mittel 100 und Standardabweichung 15.

etwa 25%). Mit `punif()` berechnen wir die genaue Wahrscheinlichkeit, dass man einen Wert niedriger als 93 antrifft, wenn die Verteilung eine Gleichverteilung zwischen 0 und 360 ist:

```
> punif(93, min = 0, max = 360)

[1] 0.25833
```

Ebenso können wir die Wahrscheinlichkeit berechnen, dass wir einen Wert kleiner als 45 beobachten (blau):

```
> punif(45, min = 0, max = 360)

[1] 0.125
```

Der Unterschied ist die Wahrscheinlichkeit, dass wir einen Wert zwischen 45 und 93 beobachten:

```
> 0.2583 - 0.125

[1] 0.1333

> # oder direkt:
> punif(93, min = 0, max = 360) - punif(45, min = 0, max = 360)

[1] 0.13333
```

5.2 Beispiel Normalverteilung

IQ-Werte sind normalverteilt mit—per Definition—Mittel 100 und Standardabweichung 15. Abbildung 5.4 zeigt die Wahrscheinlichkeitsdichte und die kumulative Wahrscheinlichkeit dieser Normalverteilung.

Wenn wir zufällig eine Person aus der Gesamtpopulation wählen, wie wahrscheinlich ist es dann, dass ihr IQ niedriger als 115 ist? Diese Wahrscheinlichkeit entspricht der Fläche unter der Wahrscheinlichkeitsdichte zwischen $-\infty$ (minus unendlich) und 115; diese Fläche wurde in der linken Grafik rötlich eingefärbt. Mit der `pnorm()`-Funktion können wir diesen Wert genau berechnen (roter Wert in der rechten Grafik; visuell geschätzt: 85%):

```
> pnorm(115, mean = 100, sd = 15)

[1] 0.84134
```

Die Wahrscheinlichkeit, dass eine zufällig ausgewählte Person einen IQ von 115 oder niedriger hat liegt also bei 84%.

Mit der Option `lower.tail = FALSE` können wir das Komplement dieses Werts berechnen, d.h., die Wahrscheinlichkeit, einen Wert höher als 115 anzutreffen:

```
> pnorm(115, mean = 100, sd = 15, lower.tail = FALSE)

[1] 0.15866
```

```
> # oder:
> 1 - pnorm(115, mean = 100, sd = 15)

[1] 0.15866
```

Wir können die Frage auch andersherum stellen, z.B.: Für welchen IQ-Wert gilt, dass 38% der Population einen niedrigeren IQ haben? Hierzu verwenden wir die `qnorm()`-Funktion (*q* für *quantile*; blauer *x*-Wert in der obigen Grafik):

```
> qnorm(0.38, mean = 100, sd = 15)

[1] 95.418
```

38% der Population hat also einen IQ niedriger als 95.4. Anders gesagt: Das 38. **Perzentil** der IQ-Verteilung (einer Normalverteilung mit Mittel 100 und einer Standardabweichung von 15) ist 95.4.

Eine andere Frage könnte sein: Zwischen welchen zwei Werten, die symmetrisch um das Mittel liegen, befinden sich 80% der IQ-Werte in der Population? Symmetrisch ums Mittel liegen 80% der Daten zwischen dem 10. und 90. Perzentil, daher:

```
> qnorm(0.10, mean = 100, sd = 15)

[1] 80.777

> qnorm(0.90, mean = 100, sd = 15)

[1] 119.22
```

Oder mithilfe der `c()`-Funktion:

```
> qnorm(c(0.10, 0.90), mean = 100, sd = 15)

[1]  80.777 119.223
```

5.3 Aufgaben

Die folgenden Übungen dienen dazu, Sie mit dem Rechnen mit Wahrscheinlichkeiten und mit den `p...()`- und `q...()`-Funktionen besser vertraut zu machen.

1. M&Ms kommen in sechs Farben vor; in Tabelle 5.1 auf der nächsten Seite werden ihre relativen Frequenzen aufgelistet. (Für diese Übungen brauchen Sie nicht mit R zu arbeiten.)
   (a) Wie wahrscheinlich ist es, dass ein zufällig ausgewähltes M&M rot *oder* orange ist?
   (b) Wie wahrscheinlich ist es, dass zwei zufällig ausgewählte M&Ms *beide* rot oder orange (also zwei rote, zwei orange oder ein rotes und ein oranges) sind?
   (c) Wie wahrscheinlich ist es, dass von zwei zufällig ausgewählten M&Ms ein rotes und ein oranges dabei sind?
   (d) Wie wahrscheinlich ist es, dass wenn 5 M&Ms zufällig ausgewählt werden, alle blau sind?
   (e) Wie wahrscheinlich ist es, dass wenn 5 M&Ms zufällig ausgewählt werden, kein einziges blau ist?
2. In diesem Kapitel haben Sie die IQ-Verteilung kennengelernt.
   (a) Wie wahrscheinlich ist es, dass eine zufällig ausgewählte Person einen IQ niedriger als 90 hat?
   (b) Wie wahrscheinlich ist es, dass eine zufällig ausgewählte Person einen IQ grösser als 85 hat?
   (c) Wie wahrscheinlich ist es, dass eine zufällig ausgewählte Person einen IQ zwischen 110 und 120 hat?

Tabelle 5.1: Relative Frequenzen von M&Ms nach Farbe.

Farbe	relative Frequenz
blau	23%
orange	23%
gelb	15%
grün	15%
braun	12%
rot	12%

(d) Wie wahrscheinlich ist es, dass eine zufällig ausgewählte Person einen IQ hat, der mehr als zwei Standardabweichungen vom Populationsmittel entfernt liegt?

(e) Durchschnittliche Intelligenz ist definiert als der IQ der mittleren 45% der Bevölkerung. Zwischen welchen zwei Werten liegt er?

(f) Die folgenden Übungen sind etwas schwieriger und haben als Ziel, Sie über kombinierte Wahrscheinlichkeiten nachdenken zu lassen.
Wie wahrscheinlich ist es, dass, wenn zwei Personen zufällig ausgewählt werden, keine der beiden einen IQ niedriger als 105 hat?
(Tipp: Wie wahrscheinlich ist es, dass eine einzige Person einen IQ höher als 105 hat?)

(g) Wie wahrscheinlich ist es, dass, wenn drei Personen zufällig ausgewählt werden, *genau* eine Person einen IQ niedriger als 90 hat?
(Tipp: Wie wahrscheinlich ist es, dass die erste Person einen IQ niedriger als 90 hat, die zweite und die dritte aber nicht? Was ist nun die Wahrscheinlichkeit, dass die zweite Person einen IQ niedriger als 90 hat, die erste und die dritte aber nicht? Und wie wahrscheinlich ist es, dass die dritte Person einen IQ niedriger als 90 hat, die ersten zwei aber nicht?)

(h) Wie wahrscheinlich ist es, dass, wenn drei Personen zufällig ausgewählt werden, *mindestens* eine Person einen IQ niedriger als 90 hat?
(Tipp: Wie wahrscheinlich ist es, dass keine einzige Person einen IQ niedriger als 90 hat?)

3. Wie wahrscheinlicht ist es, bei einer normalverteilten Variable (*egal welcher!*) einen zufällig ausgewählten Wert, der weniger als 1; 1,5; und 2 Standardabweichungen vom Mittel entfernt ist, anzutreffen?
(Tipp: Zeichnen Sie ein paar Normalverteilungen mit anderen Mitteln und Standardabweichungen und beantworten Sie diese Frage für jede Verteilung separat.)

4. Poker wird mit 52 Spielkarten gespielt: 13 Werte (2, 3, . . . , Bube, Dame, König, Ass) in vier Farben (Kreuz, Pik, Herz und Karo).

   (a) Wie wahrscheinlich ist es, dass eine zufällig ausgewählte Karte ein Ass ist?

   (b) Sie ziehen zufällig zwei Karten aus dem Blatt. Die erste Karte ist ein Ass. Wie wahrscheinlich ist es, dass auch die zweite Karte ein Ass ist?

   (c) Sie ziehen zufällig eine Karte aus dem Blatt, schauen sich diese an, stecken sie wieder ins Blatt und mischen das Blatt. Dann ziehen Sie erneut eine Karte aus dem Blatt. Wie wahrscheinlich ist es, dass Sie zwei Mal ein Ass gezogen haben?

   (d) Sie ziehen zufällig eine Karte aus dem Blatt und legen diese auf die Seite. Dann ziehen Sie nochmals eine Karte aus dem gleichen Blatt. Wie wahrscheinlich ist es, dass Sie zwei Asse gezogen haben?

   (e) Sie ziehen zufällig fünf Karten aus dem Blatt. Wie wahrscheinlich ist es, dass Sie einen *flush* (5 Karten der gleichen Spielfarbe) gezogen haben? (Beachten Sie, dass Sie die gleiche Karte nicht zwei Mal ziehen können.)

   (f) Schwierig: Ein *straight* besteht aus fünf aufeinander folgenden Werten wie zum Beispiel 8-9-10-Bube-Dame oder 3-4-5-6-7. Die Farben sind dabei unerheblich. Der nied-

rigste *straight* ist Ass-2-3-4-5; der höchste 10-Bube-Dame-König-Ass. Bube-Dame-König-Ass-2 ist kein *straight*. Wie gross ist die Wahrscheinlichkeit, dass fünf zufällig gezogene Karten einen *straight* bilden? Beachten Sie, dass es nichts ausmacht, in welcher Reihenfolge man die Karten zieht. 8-4-5-7-6 ist auch ein *straight*, da man mit diesen Karten 4-5-6-7-8 bilden kann.

Kapitel 6

Zufallsstichproben

In Kapitel 4 sind wir davon ausgegangen, dass die Daten, die uns zur Verfügung standen, die ganze **Population**, für die wir uns interessierten, darstellten. Eine Population kann eine endliche Menge von tatsächlichen oder potenziellen Beobachtungen sein, wie zum Beispiel die Wahlpräferenz aller AmerikanerInnen, die vorhaben, zur Urne zu gehen. In der Regel stellen die Daten, die gesammelt wurden, aber nur einen kleinen Teil der Population von Interesse da bzw. sie besteht aus endlich vielen Belegen, die von einem Mechanismus generiert wurden, der theoretisch unendlich viele solche Belege generieren könnte. Man sagt, dass solche Daten eine **Stichprobe** der Population von Interesse bilden. Diese Stichprobe gibt einem notwendigerweise ein unvollständiges Bild der Population, aus der sie stammt. Das Ziel ist es dann, anhand der Stichprobe Rückschlüsse über die Population, aus der die Stichprobe stammt, zu ziehen. Von Interesse sind also nicht sosehr etwa die zentrale Tendenz und Streuung in der Stichprobe, sondern die zentrale Tendenz und Streuung in der Population.

Im Folgenden gehen wir davon aus, dass uns eine (einfache) **Zufallsstichprobe** (*(simple) random sample*) zur Verfügung steht. Bei einer solchen Stichprobe hatte jedes Element aus der Population die gleiche Wahrscheinlichkeit, ausgewählt zu werden.[1] Das heisst aber nicht, dass jeder *Wert* die gleiche Wahrscheinlichkeit hat, ausgewählt zu werden: Je nach Population kommen bestimmte Werte häufiger vor als andere. Dieses Kapitel widmet sich diesen beiden Fragen:

1. Wie können wir anhand einer Zufallsstichprobe am besten die zentrale Tendenz (insbesondere das Mittel) und die Streuung (insbesondere die Varianz und Standardabweichung) der Population **schätzen**?
2. Wenn wir unterschiedliche Zufallsstichproben aus der gleichen Population ziehen, wie stark unterscheiden sich diese Stichproben dann?

Fünf Sekunden kritisches Überlegen zeigen aber, dass wir es in der Praxis nie wirklich mit Zufallsstichproben zu tun haben. Auf dieses Problem wird am Ende dieses Kapitels näher eingegangen. Bis dahin bitte ich um etwas *willing suspension of disbelief*.

6.1 Stichprobenfehler

Zufallsstichproben widerspiegeln nicht perfekt jeden Aspekt der Population, aus der sie stammen. Um dies besser einzusehen, lohnt es sich, Zufallsstichproben aus Populationen zu ziehen, deren Eigenschaften wir kennen. So können wir sehen, wie stark diese von der Population und voneinander abweichen. Dies können wir tun, indem wir am Computer Stichproben **simulieren**.

[1] Eine etwas kompliziertere Art Stichprobe ist die geschichtete Zufallsstichprobe (*stratified random sample*). Hierzu teilt man die Population von Interesse (z.B. Studierende an der Universität Freiburg) in Gruppen auf (z.B. Studierende an der Philosophischen Fakultät, an der Theologischen Fakulät, an der Naturwissenschaftlichen Fakultät usw.). Dann zieht man zufällige Stichproben innerhalb jeder Gruppe. Somit hat man in der Stichprobe garantiert aus jeder Gruppe einige Beobachtungen (z.B. würde die Stichprobe sowieso Studierende an der Theologischen Fakultät beinhalten), aber ist es dennoch möglich, Aussagen über das Mittel und die Streuung in der Gesamtpopulation zu machen. Letzteres tut man grundsätzlich, indem man die Gruppenergebnisse nach der Gesamtgruppengrösse gewichtet. Geschichtete Zufallsstichproben werden wir in diesem Skript nicht behandeln.

Aufgabe 1. Mit dem R-Code unten können Sie einschätzen, wie Stichproben aus einer normalverteilten Population aussehen. Zunächst habe ich hier die Stichprobengrösse auf 20 festgelegt, aber mit dieser Zahl sollten Sie selber herumspielen. Mit der Funktion `rnorm()` werden Zufallsstichproben einer bestimmten Grösse und mit bestimmten Parametern (Mittel, Standardabweichung) generiert (*r* für *random*). Die `hist()`-Funktion zeichnet ein einfaches Histogramm, ähnlich wie in Abschnitt 4.2.[2] Führen Sie diese Befehle aus und zwar nicht ein Mal, sondern mehrmals. Bemerken Sie dabei, wie (un)ähnlich sich die Histogramme von Stichproben aus einer Normalverteilung sind.

```
> # Stichprobengrösse definieren
> groesse <- 20
>
> # Stichprobe aus Normalverteilung ziehen: rnorm
> # (hier: Mittel 3 und Standardabweichung 7)
> x <- rnorm(n = groesse, mean = 3, sd = 7)
>
> # Histogramm zeichnen
> hist(x, col = "lightgrey")
```

Aufgabe 2. Passen Sie den Code oben so an, dass er Stichproben aus einer Gleichverteilung mit Bereich [-5, 5] statt aus einer Normalverteilung generiert. Die Funktion, die Sie dazu brauchen, ist `runif()`. Neben dem `n`-Parameter hat diese Funktion einen `min`- und `max`-Parameter, mit denen der Bereich der Gleichverteilung eingestellt wird. Lassen Sie den angepassten Code dann mehrmals laufen. Sehen die einzelnen Histogramme wie Gleichverteilungen aus? Was ist, wenn Sie die Stichprobengrösse vergrössern?

Fazit. Zufallsstichproben sind imperfekte Abbildungen der Population, aus der sie stammen. Diese Gegebenheit bezeichnet man als **Stichprobenfehler** (*sampling error*). Rückschlüsse über die Population verstehen sich also als **Schätzungen**. Sowohl das Schätzen selbst als auch das Quantifizieren ihrer Genauigkeit sind das Ziel der **Inferenzstatistik**.

6.2 Die zentrale Tendenz und Streuung schätzen

In Kapitel 4 wurden das Mittel und die Varianz als Masse der zentralen Tendenz und der Streuung einer Population eingeführt. Hier erkunden wir, inwieweit diese Masse nützlich sind, um anhand einer Stichprobe die zentrale Tendenz und die Streuung einer Population zu erfassen. Wenn wir unterschiedliche Stichproben aus der gleichen Population ziehen und ihr Mittel und ihre Varianz ähnlich wie in Kapitel 4 berechnen, dann werden die Ergebnisse aufgrund des Stichprobenfehlers natürlich bei jeder Stichprobe anders sein. Es wäre jedoch gut zu wissen, ob die Stichprobenmittel und -varianzen *im Durchschnitt* dem Populationsmittel bzw. der Populationsvarianz entsprechen.

Um dieser Frage nachzugehen, simulieren wir wieder Zufallsstichproben. Der Code unten bewirkt Folgendes: Wir ziehen 10'000 Zufallsstichproben von je 5 Beobachtungen (`groesse`) aus einer Gleichverteilung mit Bereich [-5, 5]. Von jeder Stichprobe berechnen wir das Mittel und die Varianz. Die Varianz wird mit der selbst geschriebenen Funktion `pop_var()` berechnet; siehe Seite 48. Um die 10'000 Stichproben zu generieren, wird hier ein *for*-Schleife verwendet.

```
> # Stichprobengrösse festlegen - rumspielen!
> groesse <- 5
>
> # Anzahl Simulationen
> n_sim <- 10000
>
```

[2] R bietet oft mehrere Möglichkeiten, ein Problem zu lösen. In Abschnitt 4.2 haben wir das Histogramm mit einem `ggplot()`-Befehl gezeichnet. Diese Funktion ist Teil des `ggplot2`-Packages, das wiederum Teil des `tidyverse`-Bündels ist. Die `hist()`-Funktion dahingegen ist Teil des `graphics`-Packages, das zur Defaultinstallation von R gehört und daher weder installiert noch geladen werden muss. Für ein schnelles Histogramm ist `hist()` mehr als genug.

```
> # Insgesamt werden 10'000 Mittel und 10'000 Varianzen berechnet.
> mittel <- vector(length = n_sim)
> varianz <- vector(length = n_sim)
>
> for (i in 1:n_sim) {
+   # Stichprobe aus einer Gleichverteilung mit Bereich -5 bis 5 ziehen.
+   x <- runif(n = groesse, min = -5, max = 5)

+   # Mittel berechnen und speichern
+   mittel[[i]] <- mean(x)

+   # Varianz berechnen und speichern
+   varianz[[i]] <- pop_var(x)
+ }
```

6.2.1 Das Stichprobenmittel

Das Mittel einer gleichverteilten Population mit Bereich $[a, b]$ liegt bei $\frac{b+a}{2}$. Solche Infos findet man auf Wikipedia. In unserem Fall ist $\mu = \frac{5+(-5)}{2} = 0$. Das Mittel der Stichprobenmittel sollte also nahe bei 0 liegen:

```
> mean(mittel)

[1] -0.011789
```

Aufgabe. Dieses Ergebnis wird aufgrund des Stichprobenfehlers bei Ihnen etwas anders aussehen. Vergleichen Sie daher Ihr Ergebnis mit den Ergebnissen Ihrer KollegInnen oder lassen Sie den Code mehrmals laufen. Wenn das Mittel einer Stichprobe im Schnitt dem Mittel der Population entspricht, sollte bei etwa der Hälfte Ihrer KollegInnen das Mittel der Stichprobenmittel grösser und bei der Hälfte kleiner als $\mu = 0$ sein.

Fazit. Wenn wir das Mittel einer Zufallsstichprobe auf die gleiche Art und Weise berechnen wie das Mittel einer Stichprobe, erhalten wir *im Schnitt, über Tausende von Stichproben hinweg* das Populationsmittel. Man sagt auch, dass der **Erwartungswert** des Stichprobenmittels gleich dem Populationsmittel ist. Das Stichprobenmittel (Kürzel: $\bar{x}$) ist also eine sog. **unverzerrte** (*unbiased*) Schätzung des Populationsmittels (μ) und wird gleich berechnet:

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} x_i.$$

6.2.2 Die Stichprobenvarianz

Der Wikipediaseite über Gleichverteilungen können wir entnehmen, dass die Varianz einer gleichverteilten Population mit Bereich $[a, b]$ $\sigma^2 = \frac{(b-a)^2}{12}$ ist. In unserem Fall also

$$\sigma^2 = \frac{(5-(-5))^2}{12} \approx 8.33.$$

Das Mittel der berechneten Varianzen sollte also nahe bei 8.33 liegen.

```
> mean(varianz)

[1] 6.661
```

Aufgabe 1. Dieses Ergebnis wird aufgrund des Stichprobenfehlers bei Ihnen etwas anders aussehen. Vergleichen Sie daher Ihr Ergebnis mit den Ergebnissen Ihrer KollegInnen oder lassen Sie den Code mehrmals laufen. Wenn die Varianz einer Stichprobe im Schnitt der Varianz der Population entspricht, sollte bei etwa der Hälfte Ihrer KollegInnen das Mittel dieser Varianz grösser

und bei der Hälfte kleiner als $\sigma^2 = 8.33$ sein.

Aufgabe 2. Ändern Sie den Code oben, sodass jede Stichprobe aus bloss 2 Beobachtungen besteht. Lassen Sie den Code laufen und vergleichen Sie die durchschnittliche Varianz der Stichproben mit jener aus Aufgabe 1. Machen Sie dies auch für grössere Stichproben, z.B., mit 30 Beobachtungen.

Fazit. Wenn wir die Varianz einer Stichprobe ähnlich berechnen wie die Varianz einer Population, erhalten wir im Schnitt einen Wert, der niedriger als die Populationsvarianz ist. Formel 4.1 liefert also eine **verzerrte** Schätzung der Populationsvarianz, wenn wir sie auf eine Zufallsstichprobe anwenden: Je kleiner die Stichprobe, desto mehr wird die Populationsvarianz unterschätzt.

Intuitiv lässt sich der Grund für diese Unterschätzung so verstehen: Wenn wir Zufallsstichproben von je nur einer Beobachtung aus einer Population ziehen, gibt es keine Streuung innerhalb jeder Stichprobe—die Beobachtung kann ja nicht von sich selbst abweichen. Bei der kleinst möglichen Stichprobe ist die Unterschätzung der Varianz in der Population also maximal. In grösseren Stichproben ist dieses Problem in stets geringerem Ausmass vorhanden.

Es stellt sich heraus, dass die Unterschätzung der Populationsvarianz vorhersagbar ist. Wenn die Stichprobe 5 Beobachtungen zählt, wird das Mittel der Varianzen der Stichproben $\frac{4}{5}$ Mal so gross sein als die Populationsvarianz. Zählt die Stichprobe 10 Beobachtungen, wird es $\frac{9}{10}$ Mal so gross sein, und so weiter ($\frac{n-1}{n}$). Um dies zu kompensieren, wird die Stichprobenvarianz (Kürzel: s^2) nicht wie die Populationsvarianz (σ^2), sondern folgendermassen berechnet:

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

Im Unterschied zur Populationsvarianz (Formel 4.1) wird in dieser Formel das Stichprobenmittel verwendet (da das Populationsmittel in der Regel nicht bekannt ist) und wird die Summe der Quadrate durch $n - 1$ statt durch n geteilt. Letzteres kompensiert die Überschätzung, sodass die neue Formel die Populationsvarianz unverzerrt schätzt. Die `var()`-Funktion führt diese Berechnung aus.

6.2.3 Die Stichprobenstandardabweichung

Aus dem gleichen Grund, weshalb die Stichprobenvarianz nicht wie die Populationsvarianz berechnet wird, wird die Stichprobenstandardabweichung (s) nicht wie die Populationsstandardabweichung (σ) berechnet, sondern wie folgt:

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

In R kann hierfür die `sd()`-Funktion verwendet werden.[3] Die Stichprobenvarianz- und standardabweichung der Norwegischergebnisse können also einfach so berechnet werden:

```
> # Varianz
> var(d$Norwegian)

[1] 8.5375

> # Standardabweichung
> sd(d$Norwegian)

[1] 2.9219
```

[3] Ein kleines Detail: Während die Stichprobenvarianz ein unverzerrtes Mass der Populationsvarianz ist, unterschätzt die Stichprobenstandardabweichung die Populationsstandardabweichung leicht. Diese Unterschätzung zu korrigieren, ist im besten Fall schwierig und meistens unmöglich. Sie ist aber ziemlich gering, sodass man diese Formel verwendet und die Unterschätzung in Kauf nimmt.

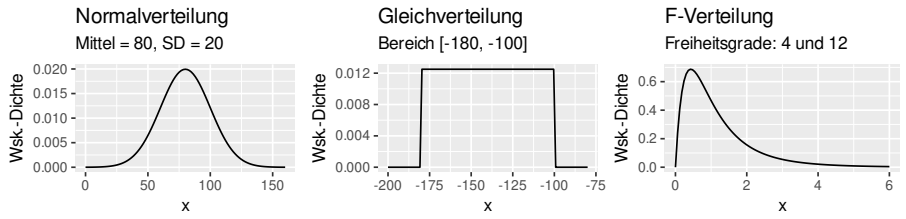


Abbildung 6.1: Drei Populationen, aus denen hier Stichproben generiert werden.

Es kommt eigentlich quasi nie vor, dass man für einen Datensatz die Populationsvarianz und -standardabweichung berechnet. Spricht man in diesem Kontext von der Varianz und Standardabweichung, meint man also die Stichprobenvarianz und die Stichprobenstandardabweichung. Bei grossen Populationen oder Stichproben ergeben beide Berechnungsmethoden ohnehin nahezu das Gleiche.

6.3 Die Verteilung der Stichprobenmittel

Wie die Simulationen in Abschnitt 6.2.1 zeigen, haben sind die Mittel von Zufallsstichproben im Schnitt dem Populationsmittel gleich. Die einzelnen Mittel werden sich aber immer zumindest etwas von ihm unterscheiden. Aber wie stark weichen einzelne Stichprobenmittel nun vom Populationsmittel ab? Um diese Frage zu beantworten, simulieren wir wieder ein paar Szenarien.

6.3.1 Simulationen

Aufgabe 1: Stichproben aus einer Normalverteilung. Für Aufgaben 1–3 werden wir Zufallsstichproben aus den drei Populationen in Abbildung 6.1 generieren und schauen, wie die Mittel dieser Stichproben verteilt sind.

Für die erste Aufgabe ziehen wir Stichproben aus einer Normalverteilung mit $\mu = 80$ und $\sigma^2 = 400$ (also $\sigma = 20$).

1. Kreieren Sie ein neues R-Skript. Übernehmen Sie dafür den Code auf Seite 62 und passen Sie ihn so an, dass er Stichproben aus dieser Normalverteilung generiert. Den R-Befehl dafür finden Sie am Anfang dieses Kapitels. Speichern Sie Ihr Skript in Ihrem Arbeitsordner.
2. Verwenden Sie diesen Code, um 1'000 Stichproben mit je 2 Beobachtungen aus dieser Verteilung zu generieren und ihr Mittel zu berechnen.
3. Zeichnen Sie ein Histogramm der 1'000 Stichprobenmittel. Beschreiben Sie die Verteilung der Stichprobenmittel. Achten Sie dabei auch auf die Werte auf der x-Achse.
4. Berechnen Sie die Varianz der 1'000 Stichprobenmittel und notieren Sie das Ergebnis.
5. Wiederholen Sie Schritte 2–4 für Stichproben mit 5, 20 und 100 Beobachtungen. Was stellen Sie fest?

Aufgabe 2: Stichproben aus einer Gleichverteilung. Für die zweite Aufgabe ziehen wir Stichproben aus einer Gleichverteilung mit Bereich [-180, -100]. Diese Verteilung hat $\mu = -140$ und $\sigma^2 \approx 533$.

1. Übernehmen Sie den Code auf Seite 62 und passen Sie ihn so an, dass er Stichproben aus dieser Gleichverteilung generiert.
2. Verwenden Sie diesen Code, um 1'000 Stichproben mit je 2 Beobachtungen aus dieser Verteilung zu generieren und ihr Mittel zu berechnen.
3. Zeichnen Sie ein Histogramm der 1'000 Stichprobenmittel. Beschreiben Sie die Verteilung der Stichprobenmittel. Achten Sie dabei auch auf die Werte auf der x-Achse.
4. Berechnen Sie die Varianz der 1'000 Stichprobenmittel und notieren Sie das Ergebnis.

5. Wiederholen Sie Schritte 2–4 für Stichproben mit 5, 20 und 100 Beobachtungen. Was stellen Sie fest?

Aufgabe 3: Stichproben aus einer schiefen Verteilung. Für die dritte Aufgabe ziehen wir Stichproben aus einer rechtsschiefen Verteilung. Es handelt sich hier um eine F-Verteilung mit den Freiheitsgraden (= Parametern) 4 und 12. Was eine F-Verteilung ist, ist im Moment nicht wichtig; wichtig ist nur, dass es sich um eine rechtsschiefe Verteilung handelt. Die $F(4, 12)$-Verteilung hat $\mu = 1.2$ und $\sigma^2 = 1.26$.

1. Übernehmen Sie den Code auf Seite 62 und passen Sie ihn so an, dass er Stichproben aus einer $F(4, 12)$-Verteilung generiert. Statt des `runif(n = groesse, min = -5, max = 5)`-Befehls brauchen Sie `rf(n = groesse, df1 = 4, df2 = 12)`.
2. Verwenden Sie diesen Code, um 1'000 Stichproben mit je 2 Beobachtungen aus dieser Verteilung zu generieren und ihr Mittel zu berechnen.
3. Zeichnen Sie ein Histogramm der 1'000 Stichprobenmittel. Beschreiben Sie die Verteilung der Stichprobenmittel. Achten Sie dabei auch auf die Werte auf der x-Achse.
4. Berechnen Sie die Varianz der 1'000 Stichprobenmittel und notieren Sie das Ergebnis.
5. Wiederholen Sie Schritte 2–4 für Stichproben mit 5, 20 und 100 Beobachtungen. Was stellen Sie fest?

6.3.2 Fazit: Der zentrale Grenzwertsatz

Die Simulationen oben sollen den **zentralen Grenzwertzsatz** (*central limit theorem* (CLT)) illustrieren.[4] Dieser Satz besagt Folgendes:

Wenn Zufallsstichproben mit n Beobachtungen aus einer Population mit Mittel μ und Varianz σ^2 gezogen werden,[5] sind die Stichprobenmittel ungefähr normalverteilt, wenn n gross genug ist. Dies gilt auch dann, wenn die Population selber nicht normalverteilt ist. Das Mittel der **Verteilung der Stichprobenmittel** ($\mu_{\bar{x}}$) ist gleich dem Populationsmittel (μ). Die Varianz der Stichprobenmittel ($\sigma^2_{\bar{x}}$) wird kleiner, je grösser die Stichproben sind:

$$\sigma^2_{\bar{x}} = \frac{\sigma^2}{n}.$$

Die Standardabweichung der Verteilung der Stichprobenmittel, der **Standardfehler** (*standard error* (S.E.); $\sigma_{\bar{x}}$), ist daher

$$\sigma_{\bar{x}} = \sqrt{\frac{\sigma^2}{n}} = \frac{\sigma}{\sqrt{n}}.$$

Diese Einsichten—dass die Mittel genügend grosser Stichproben annähernd normalverteilt sind und dass die Varianz dieser Normalverteilung proportional zur Stichprobengrösse abnimmt—sind von grösster Bedeutung für die Inferenzstatistik, wie wir später sehen werden. Es stellt sich somit die Frage, was mit "wenn n gross genug ist" gemeint ist.

Die Antwort auf diese Frage hängt von der Population, aus der die Stichproben stammen, ab. Die Simulationen sollen zeigen, dass bei Normalverteilungen die Stichprobenmittel bereits bei den kleinsten Stichprobengrössen normalverteilt sind. Auch bei *fast* normalverteilten Populationen und sogar bei gleichverteilten Populationen ist die Stichprobenmittelverteilung bereits bei ziemlich kleinen Stichproben annähernd normalverteilt. Bei schiefen Populationen, dahingegen, kann die Stichprobenmittelverteilung durchaus noch ein bisschen Schiefe aufweisen, auch wenn die Stichprobengrösse respektabel ist.

[4] Es ist übrigens der Satz, der zentral (also von zentraler Bedeutung) ist, nicht der Grenzwert.

[5] Es gibt ein paar Wahrscheinlichkeitsverteilungen, die kein Mittel oder keine Varianz haben. Für diese gilt der zentrale Grenzwertsatz nicht.

Impräzise[6] an diesem Satz mag ausserdem erscheinen, dass er besagt, dass die Stichprobenmittel *annähernd* normalverteilt sein werden. Normalverteilungen reichen eigentlich von $-\infty$ bis ∞. Wenn man aber Stichproben aus, zum Beispiel, einer Gleichverteilung mit Bereich [-5, 20] generiert, dann werden die Stichprobenmittel natürlich immer zwischen -5 und 20 liegen. In diesem Sinne könnte die Verteilung der Stichprobenmittel aus dieser Population nie perfekt normalverteilt sein. Aber auch mit annähernd normalverteilten Stichprobenmitteln kommt man ein Stück weiter.

Beispiel 1. Die Verteilung der Mittel von Stichproben mit Grösse 36 aus einer Normalverteilung mit $\mu = 1.2$ und $\sigma^2 = 4.1$ hat ein Mittel von 1.2 und eine Standardabweichung von $\sqrt{\frac{4.1}{36}} \approx 0.34$ (= Standardfehler). Mit Stichprobengrössen von 50 bzw. 100 wäre der Standardfehler $\sqrt{\frac{4.1}{50}} \approx 0.29$ bzw. $\sqrt{\frac{4.1}{100}} \approx 0.20$. Wer Lust hat, kann dies mit einer Simulation überprüfen.

Beispiel 2. Wenn man mit einem fairen 6-seitigen Würfel würfelt sind die Werte 1, 2, 3, 4, 5 und 6 alle gleich wahrscheinlich. Anders als bei der kontinuierlichen Gleichverteilung aus Abschnitt 5.1 kann aber nicht jeder Wert im Bereich beobachtet werden: Man kann ja keine 1.72 würfeln. Eine solche Verteilung nennt man eine **diskrete Gleichverteilung**.

Der zentrale Grenzwertsatz trifft auch auf diskrete Gleichverteilungen zu. In diesem Fall hat die diskrete Gleichverteilung ein Mittel von 3.5 und eine Standardabweichung von 1.71 (oder eine Varianz von 2.92). Wenn man also mit 10 Würfeln mehrmals würfelt und jeweils das Mittel der Augen notiert, wird man feststellen, dass die Mittel ungefähr normalverteilt sind mit $\mu_{\bar{x}} = \mu = 3.5$ und $\sigma_{\bar{x}} = \frac{1.71}{\sqrt{10}} = 0.54$. Würfelt man mit 25 Würfeln, dann beträgt der Standardfehler $\frac{1.71}{\sqrt{25}} = 0.34$.

Überprüfen wir dies doch einmal mit einer kleinen Simulation:

```
> wuerfel <- 1:6
> n_sample <- 10
> n_sim <- 10000
> mittel <- vector(length = n_sim)
> for (i in 1:n_sim) {
+   wuerfe <- sample(x = wuerfel, size = n_sample, replace = TRUE)
+   mittel[[i]] <- mean(wuerfe)
+ }
> sd(mittel) # Standardfehler für n = 10

[1] 0.5376
```

6.4 Aufgaben

1. Sie möchten wissen, wie viele Bücher im Schnitt in Schweizer Wohnzimmern vorhanden sind. Nach dem Zufallsprinzip wählen Sie acht Haushalte aus. Im Wohnzimmer jedes Haushalts zählen Sie die Anzahl Bücher pro Haushalt. Dies sind Ihre Ergebnisse:

   $$18, 10, 7, 142, 48, 27, 257, 14.$$

   Tragen Sie diese Daten wie folgt in R ein:

   ```
   > buecher <- c(18, 10, 7, 142, 48, 27, 257, 14)
   ```

   Sie können die Daten auch in ein Spreadsheet eintragen und dieses Spreadsheet in R einlesen.

   (a) Stellen Sie diese Daten grafisch dar und beschreiben Sie ihre Verteilung.

[6] Die genaue mathematische Formulierung des zentralen Grenzwertsatzes lässt an Präzision natürlich nichts zu wünschen übrig.

(b) Was ist Ihre beste Schätzung des Mittels der Anzahl Bücher pro Schweizer Haushalt?

(c) Was ist Ihre beste Schätzung der Varianz und der Standardabweichung der Anzahl Bücher pro Schweizer Haushalt?

(d) Erklären Sie, warum wir es hier mit Schätzungen zu tun haben. Warum sind wir uns nicht sicher, was das Mittel und die Streuung der Population betrifft?

2. Eine Gleichverteilung mit Bereich [-0.39, 20.39] hat $\mu = 10$ und $\sigma^2 = 36$.

(a) Wie wahrscheinlich ist es, dass eine Zufallsstichprobe mit 4 Beobachtungen aus dieser Verteilung ein Mittel von 5 oder weniger hat? Sie können davon ausgehen, dass der zentrale Grenzwertsatz zutrifft.

(b) Idem, aber für 10 Beobachtungen und für 50 Beobachtungen.

(c) Wie viel Prozent der Stichprobenmittel liegen mehr als 4 Einheiten von μ entfernt bei $n = 8$?

(d) Zwischen welchen zwei Werten liegen, symmetrisch um μ, 66.7% der Stichprobenmittel bei $n = 10$ und bei $n = 60$? Wie gross ist diese Entfernung zu μ, wenn man sie in Standardfehlern ausdrückt?

(e) Idem, aber für 90% und 95% der Stichprobenmittel.

6.5 Nicht-zufällige Stichproben

Wir haben uns in diesem Kapitel mit **Zufallsstichproben** (*random samples*) beschäftigt, also mit Stichproben, bei denen jedes Element in der Population die gleiche Wahrscheinlichkeit hat, ausgewählt zu werden, und bei denen die Auswahl eines Elements die Auswahl eines anderen Elementes nicht beeinflusst. Zwei grosse Vorteile von Zufallsstichproben sind, dass sie unverzerrte Schätzungen des Populationsmittels und der Populationsvarianz liefern und dass der zentrale Grenzwertsatz auf sie zutrifft.

In der Praxis ist es jedoch schwierig, eine Zufallsstichprobe aus einer einigermassen interessanten Population zu ziehen. Wenn wir etwa anhand einer Zufallsstichprobe die Englischkenntnisse bei Erwachsenen kosovarischer Herkunft im Kanton Sankt-Gallen charakterisieren möchten, brauchen wir zuerst eine vollständige Liste aller Erwachsenen kosovarischer Herkunft in SG. Dann müssten wir zufällig eine Stichprobe von ihnen auswählen und die Ausgewählten alle von einer Teilnahme an der Studie überzeugen: Sobald sich eine Person weigert, mitzumachen, hätten wir keine Zufallsstichprobe aus der ursprünglichen Population mehr. Stattdessen hätten wir eine Stichprobe aus der Population der in SG wohnhaften Erwachsenen kosovarischer Herkunft, die bei einer solchen Studie mitmachen möchten. Unsere Schätzungen würden sich in erster Linie auf diese neue Population beziehen, nicht auf die Population, für die wir uns anfangs interessierten.

Das Beispiel macht auch klar, was die Konsequenz hiervon ist: Während eine Zufallsstichprobe eine unverzerrte Schätzung des Mittels der Population, die eigentlich von Interesse ist, liefert, wäre es bei einigen Weigerungen möglich, dass einige der ausgewählten Personen nicht zur Teilnahme bereit sind, gerade weil sie ihre Englischkenntnisse als ungenügend einschätzen oder weil sie sprachwissenschaftliche Forschung für uninteressant halten. Die Übrigen dürften also tendenziell eher gut im Englischen sein oder sich eher für Sprachen interessieren. Das Mittel dieser Stichprobe dürfte entsprechend das Mittel der Population, die ursprünglich von Interesse war, eher über- als unterschätzen.

Fazit: Statt Zufallsstichproben werden in den Sozialwissenschaften meistens nicht-zufällige Stichproben verwendet. Die Konsequenz davon ist, dass man sich bei der Interpretation der Ergebnisse mehr Gedanken machen muss, wenn man Rückschlüsse über eine Population ziehen möchte, als wenn die Stichprobe zufällig ausgewählt worden wäre.

- Eine Meinungsumfrage auf Twitter erreicht tendenziell Menschen ähnlicher Meinung. Aber sogar die angesehensten Meinungsforschungsinstitute können keine Zufallsstichproben organisieren: Bei Telefonumfragen in den USA nehmen nur etwa 10% der Ausgewählten teil.

- Wer ohne Entgelt einen langen Fragebogen zu seinem mehrsprachigen Verhalten ausfüllt, findet Mehrsprachigkeit tendenziell wichtiger als jemand, der nach der dritten Frage das Browserfenster schliesst oder den Fragebogen nicht einmal erhalten hat (bei einer Erhebung nach dem Schneeballprinzip).
- Muster in einer gut ausgebildeten Stichprobe mit überdurchschnittlichem sozioökonomischem Status (z.B. Universitätsstudierende) dürften nicht auf Populationen mit niedrigerem Bildungsniveau oder sozioökonomischen Status generalisieren lassen. Dies ist natürlich vor allem relevant, wenn Bildung und der sozioökonomische Status wichtig für den Forschungsgegenstand sind. Wenn man bereit ist, anzunehmen, dass diese Faktoren nur einen minimalen Effekt auf die Befunde haben, kann man zuversichtlicher generalisieren. Ob eine solche Annahme berechtigt ist, ist eine sachlogische—keine statistische—Frage.

Kapitel 7

Die Unsicherheit von Schätzungen einschätzen

Eine unumgängliche Gegebenheit beim Arbeiten mit Stichproben ist, dass wir Eigenschaften von Populationen ('Populationsparameter', z.B. Mittelwerte und Streuungsmasse, aber auch andere Parameter, denen wir in den nächsten Kapiteln begegen werden) nur *schätzen* können. Die Frage stellt sich, wie genau diese Schätzungen denn sind. Interessanterweise wissen wir dies in der Regel auch nicht genau, weshalb diese Unsicherheit *auch* anhand der Stichprobe geschätzt werden muss.

Das Ziel dieses Kapitels ist es, anhand eines Beispiels zu illustrieren, wie man mit einer Stichprobe die Unsicherheit in einer Parameterschätzung einschätzen kann. Dazu introduziert dieses Kapitel den sog. **Bootstrap**, ein flexibles, mechanistisches Verfahren, um Unsicherheit einzuschätzen. Danach wird gezeigt, wie man anhand des zentralen Grenzwertsatzes (Kapitel 6) das Gleiche machen kann.

Im Folgenden arbeiten wir mit einem Datensatz aus der Studie von DeKeyser et al. (2010). Diese untersuchten, wie das Alter, in dem MigrantInnen angefangen haben, eine Zweitsprache zu lernen (*age of acquisition*, AOA), mit ihrer Leistung bei einer Grammatikaufgabe zusammenhängt (*grammaticality judgement task*, GJT). Die Teilnehmenden waren russische MigrantInnen in Israel und in Nordamerika. Die Grammatikaufgabe bestand aus 204 richtig/falsch-Items. In den nächsten Kapiteln werden wir uns mit dem Zusammenhang zwischen AOA und GJT befassen; hier verwenden wir den Datensatz von DeKeyser et al. (2010), um zu zeigen, wie man die Unsicherheit bei Stichprobenschätzungen quantifizieren kann.

Aufgabe. Der Datensatz `dekeyser2010.csv` enthält die AOA- und GJT-Daten der russischen MigrantInnen in Nordamerika. Lesen Sie diesen Datensatz in R ein. Zeichnen Sie die Grafik in Abbildung 7.1 selbst. Berechnen Sie zudem das Mittel der GJT-Werte.

7.1 Stichprobenmittel variieren

Lasst uns davon ausgehen, dass die GJT-Daten in der ganzen Population genau so verteilt wären wie in Abbildung 7.1. Dies ist nur eine Annahme für didaktische Zwecke. Als Forschende haben wir keinen Zugriff zur ganzen Population, d.h., wir wissen eigentlich nicht, wie dieses Populationsverteilung aussieht. Stattdessen müssen wir uns mit Stichproben begnügen. Aber nehmen wir vorübergehend an, dass die Daten in der Population genau so verteilt wären wie in dieser Stichprobe.

Wie schon in Kapitel 6 besprochen, bilden die Mittel von Zufallsstichproben mit der gleichen Grösse eine Stichprobenmittelverteilung, deren Mittel gleich dem Populationsmittel ist ($\mu_{\bar{x}} = \mu$). Abbildung 7.2 zeigt exemplarisch fünf Stichproben mit Grösse 20 aus dieser GJT-Population und die Verteilung der Mittel von 20'000 Stichproben mit je 20 Beobachtungen aus der Population. Die Standardabweichung der Stichprobenmittelverteilung, der Standardfehler (siehe Kapitel 6),

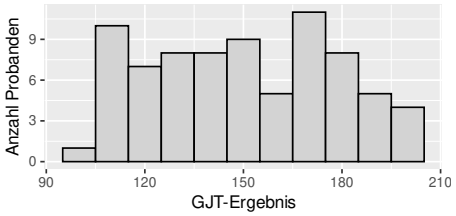


Abbildung 7.1: Histogramm der GJT-Daten aus der Nordamerika-Studie von DeKeyser et al. (2010). Diese Grafik sollten Sie selber zeichnen (Aufgabe 1).

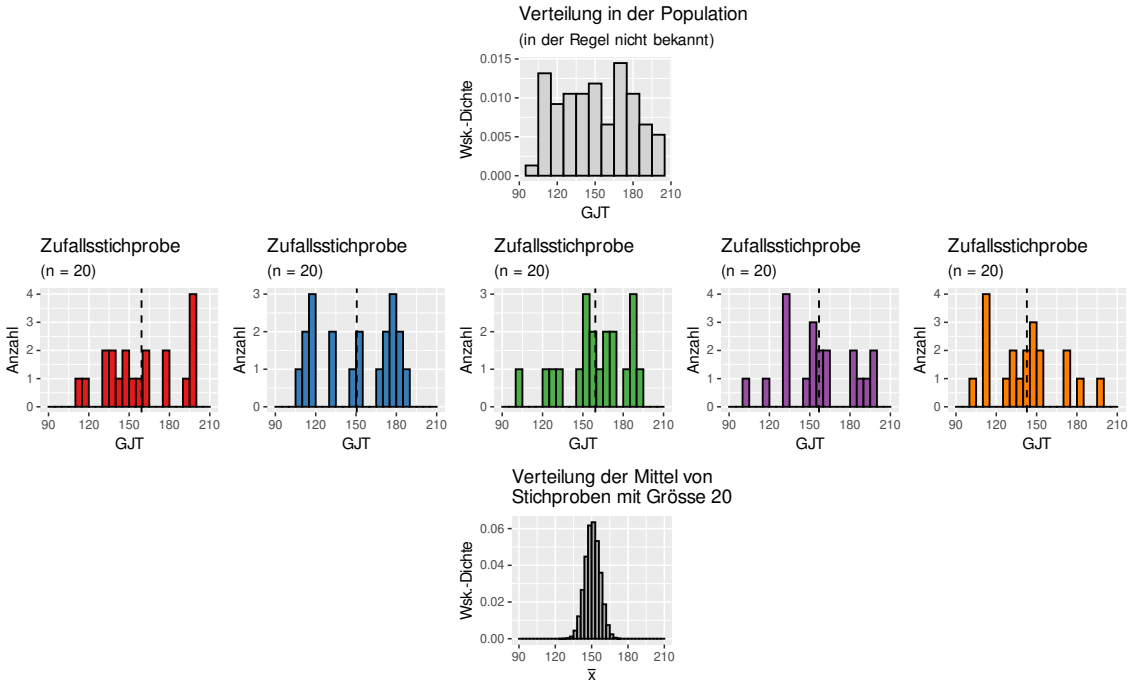


Abbildung 7.2: Wenn eine grosse Anzahl Zufallsstichproben mit der gleichen Grösse aus der Population gezogen werden und je ihr Mittel berechnet wird (senkrechte Linie), ergibt sich die Stichprobenmittelverteilung. In diesem Fall ist diese normalverteilt, aber dies ist nicht unbedingt der Fall. Exemplarisch werden fünf der Stichproben gezeigt.

beträgt 6.06 Punkte. 2.5% der Stichprobenmittel sind kleiner als 138.95; 2.5% sind grösser als 162.60. 95% aller Stichprobenmittel liegen also in einem Intervall von $162.60 - 138.95 = 23.65$ Punkten. Der Standardfehler oder die Breite eines solchen Intervalls wären sinnvolle Masse für die Genauigkeit, mit der man mit einer Stichprobe einen Populationsparameter schätzen kann.

Unser Problem ist aber, dass wir die Stichprobenmittelverteilung nur generieren können, wenn wir Zugriff zur ganzen Population haben. Wenn wir nur über eine Stichprobe verfügen, müssen wir den Standardfehler bzw. die Breite solcher Intervalle anhand der Stichprobe schätzen.

7.2 Das *plug-in*-Prinzip und der *Bootstrap*

Enter the plug-in principle. Abbildung 7.2 zeigt zwar, dass jede einzelne Stichprobe die Population nur imperfekt widerspiegelt. Aber gleichzeitig ist diese Widerspieglung das Beste, was wir in der Praxis haben.[1] Um den Standardfehler bzw. die Form der Stichprobenmittelverteilung zu schätzen, können wir die Stichprobe als Stellvertreter der Population betrachten.[2]

[1] Sogenannte bayessche Methoden erlauben es einem aber, auch Informationen, die man nicht aus den Daten selber ableiten kann, in der Analyse zu berücksichtigen.

[2] Dieser Abschnitt wurde von Hesterberg (2015) inspiriert.

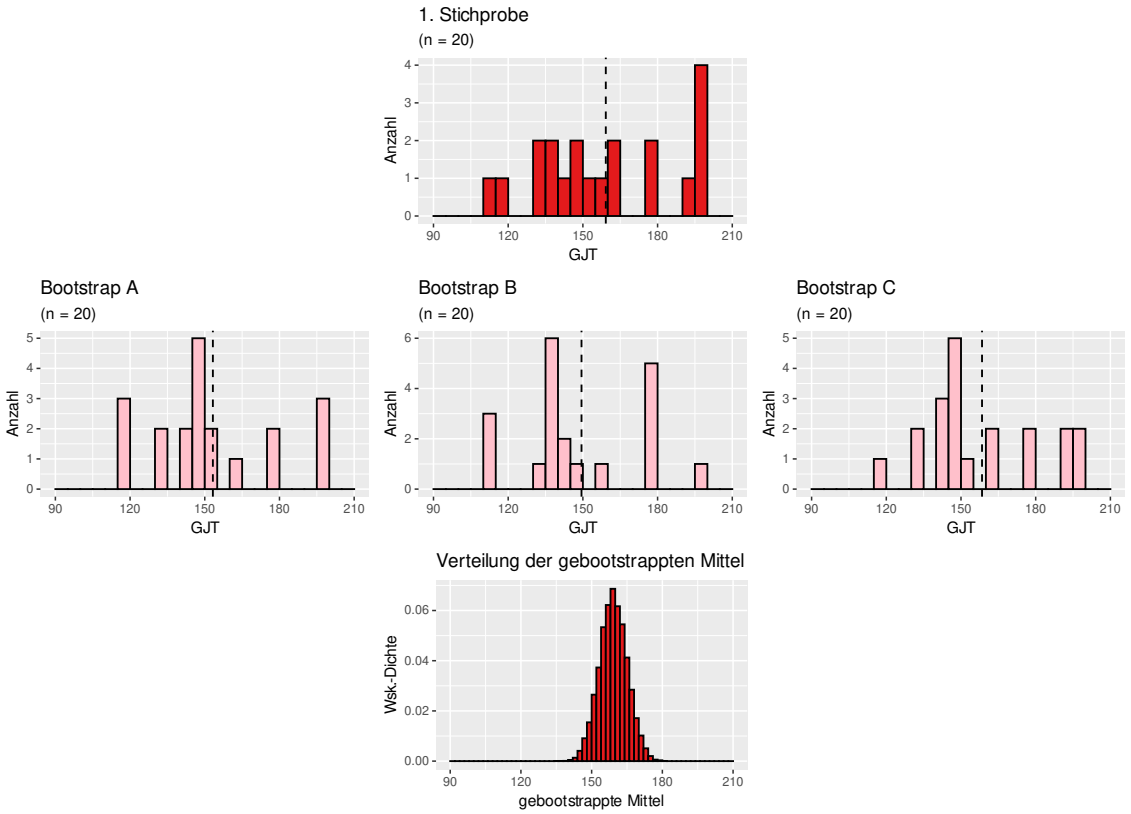


Abbildung 7.3: Die erste Stichprobe aus Abbildung 7.2 dient hier als Stellvertreter der GJT-Population. Exemplarisch werden drei Bootstrap-Stichproben mit Grösse 20 gezeigt. Wenn man 20'000 solche Bootstrap-Stichproben generiert, bilden ihre Mittel die Verteilung in der unteren Grafik. Diese hier schaut normalverteilt aus, aber dies ist nicht zwingend der Fall.

7.2.1 Zwei Beispiele

Beispiel 1. Abbildung 7.3 zeigt das Vorgehen. Zur Verfügung steht uns die erste (rote) Stichprobe aus Abbildung 7.2. Wir tun nun, als ob die GJT-Population genau so wie diese Stichprobe verteilt wäre, denn wir haben keine besseren Anknüpfungspunkte. Um die Stichprobenmittelverteilung zu generieren, ziehen wir Zufallsstichproben mit Grösse 20 aus dieser Stichprobe.[3] Diese Stichproben werden *Bootstrap*-Stichproben (oder *bootstrap replicates*) genannt. Abbildung 7.3 zeigt exemplarisch drei solche *Bootstrap*-Stichproben. Für jede Bootstrap-Stichprobe können wir das Mittel berechnen; die Verteilung von 20'000 dieser Mittel steht in der unteren Grafik.

Das Mittel der gebootstrappten Mittel ist gleich dem Mittel der Stichprobe (145.95). Ihre Standardabweichung beträgt etwa 5.20. 2.5% der gebootstrappten Mittel sind kleiner als 135.95; 2.5% sind grösser als 156.20; die Breite dieses Intervalls ist also 20.25 Punkte.

Beispiel 2. Abbildung 7.4 auf der nächsten Seite zeigt das Verfahren noch einmal, diesmal mit der zweiten (blauen) Stichprobe aus Abbildung 7.2 als Ausgangspunkt. Das Mittel der gebootstrappten Mittel ist gleich dem Mittel der Stichprobe (146.85). Ihre Standardabweichung beträgt etwa 7.03. 2.5% der gebootstrappten Mittel sind kleiner als 133.55; 2.5% sind grösser als 161.00; die Breite dieses Intervalls ist also 27.45 Punkte.

7.2.2 Die Essenz des Bootstraps

Der Bootstrap ist eine Technik, um die Unsicherheit in Parameterschätzungen zu quantifizieren (Efron, 1979; Efron & Tibshirani, 1993). Die tatsächliche Unsicherheit in einer Parameterschät-

[3] Ein Detail: Eine Beobachtung darf mehrmals in der gleichen Stichprobe vorkommen. Dies nennt man *sampling with replacement* und man macht es, weil man davon ausgeht, dass die Population (praktisch gesehen) unendlich gross ist.

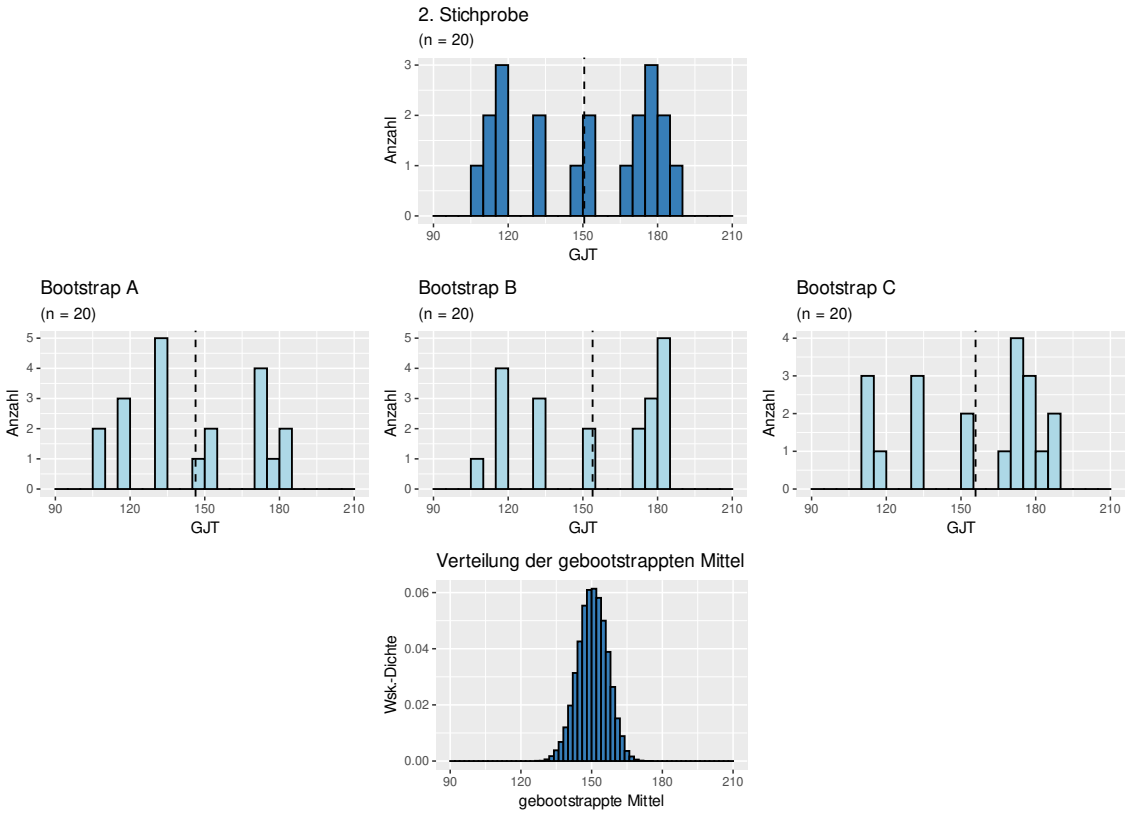


Abbildung 7.4: Die zweite Stichprobe aus Abbildung 7.2 dient hier als Stellvertreter der GJT-Population. Exemplarisch werden drei Bootstrap-Stichproben mit Grösse 20 gezeigt. Wenn man 20'000 solche Bootstrap-Stichproben generiert, bilden ihre Mittel die Verteilung in der unteren Grafik. Diese hier schaut normalverteilt aus, aber dies ist nicht zwingend der Fall.

Tabelle 7.1: Standardabweichung, Perzentile und der Unterschied zwischen den Perzentilen für die eigentliche Stichprobenmittelverteilung und die fünf Verteilungen der gebootstrappten Mittel. Die Perzentile und der Unterschied zwischen ihnen wurden gerundet.

Stichprobenmittelverteilung	*SD*	2.5. Perzentil	97.5. Perzentil	Unterschied
Tatsächlich (unbekannt)	6.1	139	163	24
Bootstrap Stichprobe 1	5.2	136	156	20
Bootstrap Stichprobe 2	7.0	134	161	27
Bootstrap Stichprobe 3	6.0	134	158	23
Bootstrap Stichprobe 4	6.9	145	172	27
Bootstrap Stichprobe 5	5.9	129	152	23

zung können wir nur berechnen, wenn wir eine grosse Anzahl Stichproben aus der gleichen Population ziehen und feststellen, wie die Schätzungen zwischen den Stichproben variieren:

- Population definieren,
  → Stichproben ziehen,
  → Verteilung von Schätzungen in Stichproben generieren,
  → Variabilität in Schätzung berechnen.

Mangels einer grossen Anzahl Stichproben aus der gleichen Population, verlässt man sich auf das *plug-in*-Prinzip: Die Stichprobe tritt stellvertretend für die Population auf, und geschaut wird, wie gut Stichproben einer bestimmten Grösse aus dieser Stichprobe den untersuchten Parameter schätzen können.

- Stichprobe definieren,
  → Bootstrap-Stichproben ziehen,
  → Verteilung von Schätzungen in Bootstrap-Stichproben generieren,
  → Variabilität in Schätzung. *schätzen*

Der Bootstrap ergibt eine *Schätzung* der Unsicherheit in der Parameterschätzung. Das wird klar, wenn man sich Abbildung 7.5 auf der nächsten Seite und Tabelle 7.1 anschaut. Abbildung 7.5 zeigt die Verteilung der gebootstrappten Mittel für die fünf Stichproben; Tabelle 7.1 fasst ihre Standardabweichung, ihre 2.5. und 97.5. Perzentile, und den Unterschied zwischen diesen Perzentilen zusammen. Die Standardabweichungen und die Breite der Intervalle zwischen dem 2.5. und dem 97.5. Perzentil sind in keinem der fünf Beispiele dem entsprechenden tatsächlichen, aber unbekannten Wert, gleich. Aber im Schnitt sind sie ihm recht ähnlich. Insbesondere wenn man über keine weiteren Anknüpfungspunkte verfügt (z.B. vorherige Studien, sachlogische Überlegungen), kann der Bootstrap also nützliche, wenn auch imperfekte, Informationen über die Unsicherheit einer Parameterschätzung liefern.

7.2.3 Vorteile des Bootstraps

- **Didaktisch wertvoll** (hoffe ich). Die mathematischen Anforderungen sind beim Bootstrappen gering. Dies erlaubt uns, wichtige Konzepte unabhängig von ihrer üblichen mathematischen Umsetzung zu besprechen.
- **Flexibilität.** Hier haben wir uns mit der Unsicherheit eines Stichprobenmittels befasst. Diese kann man auch mit einer relativ einfachen analytischen Methode ausdrücken (siehe unten). Den Bootstrap kann man aber auch verwenden, um die Unsicherheit vieler anderer Schätzungen auszudrücken, zum Beispiel eines getrimmten oder winsorisierten Mittels, eines Medians, einer Standardabweichung, eines bestimmten Perzentils, oder irgendwelcher anderen Masse. Ausserdem kann der Bootstrap auch bei komplexeren Modellen (z.B., wenn wir den Zusammenhang zwischen verschiedenen Variablen untersuchen) verwendet werden.
- **Minimale Annahmen.** Verglichen mit anderen Verfahren basiert der Bootstrap auf nur wenigen Annahmen. Dieser Punkt wird später in diesem Kapitel deutlicher werden, aber

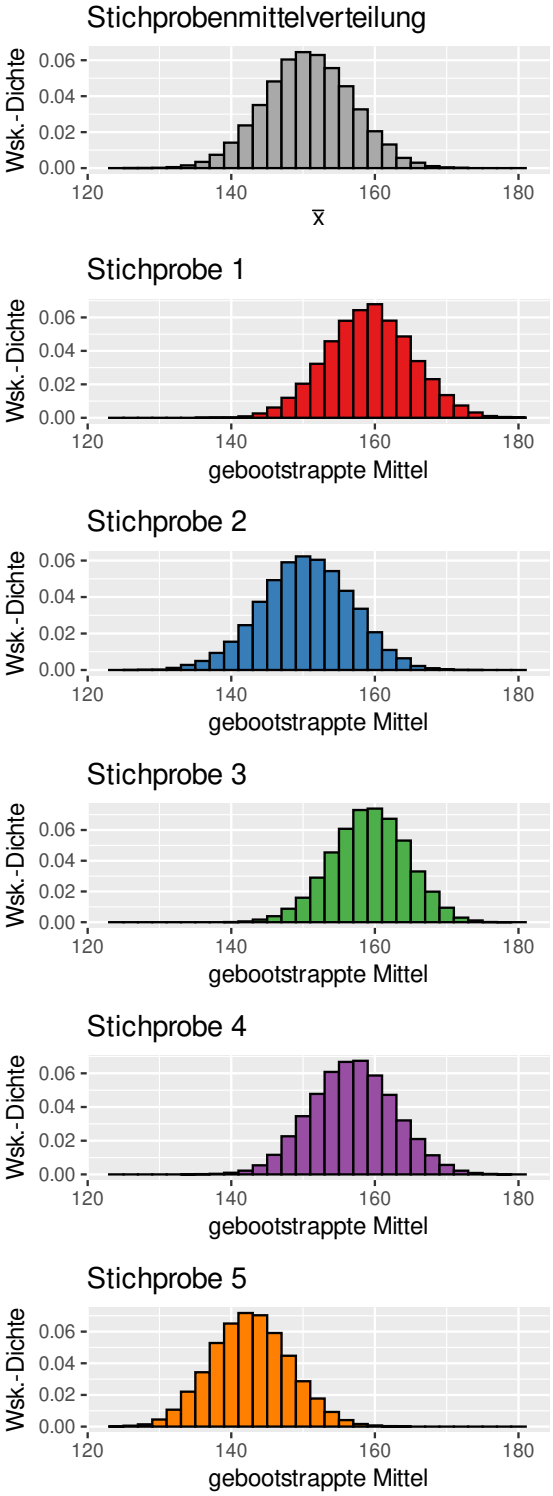


Abbildung 7.5: Die Verteilung der gebootstrappten Mittel auf der Basis von fünf Stichproben.

hier sei bereits darauf hingewiesen, dass wir in den obigen Beispielen nirgends davon ausgegangen sind, dass die Stichprobenmittelverteilung normalverteilt ist. In den Beispielen sind die Verteilungen der gebootstrappten Mittel zwar normalverteilt, aber hiervon sind wir nicht a priori *ausgegangen*. Wir sind auch nicht davon ausgegangen, dass die Population, aus der die Stichproben stammen, normalverteilt ist.

7.2.4 Nachteile des Bootstraps

- "Bootstrapping does not overcome the **weakness of small samples** as a basis for inference." (Hesterberg, 2015, S. 379) Einerseits ist die *tatsächliche* Unsicherheit einer Parameterschätzung bei einer kleinen Stichprobe natürlich grösser als bei einer grösseren (siehe auch den zentralen Grenzwertsatz). Aber andererseits ist unsere *Schätzung* dieser Unsicherheit bei kleineren Stichproben auch weniger genau als bei grösseren. Dies ist aber nicht sosehr ein Nachteil des Bootstraps, sondern von kleinen Stichproben im Allgemeinen: Andere Verfahren bieten hier keine bessere Lösung.[4]
- Die Implementierung des Bootstraps, die oben illustriert wurde, tendiert dazu, die Unsicherheit einer Parameterschätzung eher zu unter- als zu überschätzen. Dies ist umso mehr der Fall bei kleinen Stichproben. Der Grund dafür ist, dass eine Stichprobe die Streuung in der Population eher unter- als überschätzt; deswegen wird die Varianz einer Stichprobe ja leicht anders berechnet als jene einer Population (siehe Abschnitt 6.2.2 auf Seite 63). Beim Bootstrap tritt die Stichprobe aber stellvertretend für die Population auf. Insofern die Stichprobe die Streuung in der Population unterschätzt, unterschätzt der Bootstrap die Unsicherheit der Parameterschätzung. Es gibt ein paar Möglichkeiten, diese Verzerrung zu korrigieren (siehe Efron & Tibshirani, 1993), aber pädagogisch sind diese hier nicht so interessant.
- Da der Bootstrap so flexibel ist, ist es schwierig, eine allgemeine, benutzerfreundliche Funktion für ihn zu schreiben. Daher muss man den Bootstrap meistens selber programmieren.

7.2.5 Übungen

Die obigen Beispiele dienten nur einem pädagogischen Zweck: Wenn wir eine Stichprobe von 76 Versuchspersonen haben, ist es ja kaum sinnvoll, kleinere Stichproben aus ihr zu ziehen. Stattdessen werden hier zuerst die Befehle gezeigt, mit denen Sie die Unsicherheit von DeKeyser et al.'s ursprünglichem Stichprobenmittel schätzen können. Übrigens befinden wir uns dabei in der komischen aber üblichen Situation, dass wir nicht wirklich wissen, über welche Population wir genau Aussagen treffen können. Dann folgen zwei Übungen, die die Flexibilität des Bootstrap illustrieren.

Übung 1: Mittel. Der erste Codeabschnitt definiert, wie viele bootstrap replicates generiert werden sollen, generiert diese dann anhand eines *for-loops* und berechnet jeweils das Mittel. In diesem Codeabschnitt wird davon ausgegangen, dass Sie den Datensatz `d` genannt haben. Wenn dies nicht der Fall ist, müssen Sie überall noch `d` durch den richtigen Objektnamen ersetzen oder eben den Datensatz umbenennen.

```
> # Anzahl bootstrap replicates
> n_bootstraps <- 20000
> bootstraps <- vector(length = n_bootstraps)
>
> for (i in 1:n_bootstraps) {
+   # Sampling with replacement, daher 'replace = TRUE'.
+   bootstrap_sample <- d |>
+     slice_sample(prop = 1, replace = TRUE)

+   # Mittel des bootstrap replicates berechnen und speichern.
```

[4] Ausser sie machen striktere Annahmen oder sie berücksichtigen Informationen, die man nicht aus den Daten selber ableiten kann.

```
+   bootstraps[[i]] <- mean(bootstrap_sample$GJT)
+ }
```

Hesterberg (2015) empfiehlt, 20'000 bootstrap replicates zu generieren, sodass das Ergebnis nur minimal vom Zufallsfaktor im Bootstrap selber beeinflusst wird. Um eine grobe Idee zu erhalten, würden 1'000 replicates reichen, aber im Prinzip sollte diese Berechnung nicht sehr lange dauern. Ein schnelles Histogramm (ohne `ggplot2`) zeigt die Wirkung des zentralen Grenzwertsatzes.

```
> hist(bootstraps)
```

Als Schätzung des Standardfehlers dient die Standardabweichung der gebootstrappten Mittel.

```
> # Standardfehler des Mittels schätzen.
> sd(bootstraps)

[1] 3.1352
```

Berichten würde ich die Schätzung des Mittels und die Unsicherheit über diese Schätzung als 150.8 ± 3.1 oder sogar als 151 ± 3. 150.7763 ± 3.1352 wären aber zu viele Zahlen, über die es zu viel Unsicherheit gibt. In Vanhove (2021b) habe ich versucht, ein paar Richtschnuren fürs Abrunden von Schätzungen zu formulieren.

Etwa 95% der gebootstrappten Mittel liegen zwischen 145 und 157. Dieses Intervall nennt man übrigens ein **Konfidenzintervall**, aber darüber später mehr.

```
> quantile(bootstraps, probs = c(0.025, 0.975))

  2.5%  97.5%
144.54 156.90
```

Da die Verteilung der gebootstrappten Mittel in etwa normalverteilt aussieht, können wir diese Perzentile auch mithilfe der Eigenschaften von Normalverteilungen berechnen. Das 2.5. Perzentil jeder Normalverteilung liegt etwa 1.96 Standardabweichungen unter dem Mittel:

```
> qnorm(0.025)

[1] -1.96
```

Und das 97.5. Perzentil liegt genauso weit über dem Mittel:

```
> qnorm(0.975)

[1] 1.96
```

Diese Berechnungsmethode ergibt daher grundsätzlich die gleiche Lösung:

```
> mean(d$GJT) + c(-1.96, 1.96) * sd(bootstraps)

[1] 144.63 156.92
```

Dies gilt natürlich nur, wenn die Verteilung der gebootstrappten Mittel normalverteilt ist; die Perzentilmethode ist allgemeiner gültig.

Verglichen mit den Angaben in Tabelle 7.1 sind der geschätzte Standardfehler und die Breite des Intervalls kleiner. Können Sie sich erklären, wieso?

Übung 2: getrimmtes Mittel. In Kapitel 4 haben wir auch das getrimte Mittel kennengelernt. Wenn wir auf beiden Seiten 20% der Beobachtungen wegschneiden, beträgt das Mittel der GJT-Daten etwa 150.7 Punkte:

```
> mean(d$GJT, trim = 0.2)

[1] 150.67
```

Schätzen Sie den Standardfehler dieses getrimmten Mittels mithilfe des Bootstraps.

Hinweis: Sie brauchen lediglich eine Zeile des Codeabschnitts von Übung 1 leicht anzupassen.

Übung 3: Standardabweichung. Der Bootstrap ist nicht nur nützlich, um die Unsicherheit in der Schätzung eines Mittels zu quantifizieren. Berechnen Sie die Standardabweichung der GJT-Daten und verwenden Sie den Bootstrap, um die Unsicherheit in dieser Schätzung zu quantifizieren.

Übung 4: Median. Wie Übung 3, aber mit dem Median statt der Standardabweichung. Was fällt Ihnen verglichen mit den vorigen Übungen auf? Wenn Ihnen nichts auffällt, sollten Sie die Anzahl *bins* im Histogramm vergrössern: `hist(bootstraps, breaks = 100)`. Wie erklären Sie sich Ihren Befund?

7.3 Das *plug-in*-Prinzip und der zentrale Grenzwertsatz

In der Praxis wird der Bootstrap eher selten verwendet, um die Unsicherheit eines Stichprobenmittel zu quantifizieren. Stattdessen verlässt man sich meistens auf den zentralen Grenzwertsatz (siehe Abschnitt 6.3 auf Seite 65). Zur Erinnerung: Der zentrale Grenzwertsatz besagt, dass die Verteilung der Stichprobenmittel ($\bar{x}$) zu einer Normalverteilung neigt, wenn die Stichproben gross genug sind. Das Mittel der Stichprobenmittelverteilung ist gleich dem Populationsmittel ($\mu_{\bar{x}} = \mu$); ihre Standardabweichung (der Standardfehler) beträgt:

$$\text{SE} = \sigma_{\bar{x}} = \frac{\sigma}{\sqrt{n}}.$$

Wenn wir annehmen wollen, dass der zentrale Grenzwertsatz bereits bei unserer Stichprobengrösse greift, und wir die Standardabweichung der Population, aus der unsere Stichprobe stammt, kennen, können wir den Standardfehler also direkt berechnen. Wenn uns die Standardabweichung der Population nicht bekannt ist, können wir wieder das *plug-in*-Prinzip anwenden: Die Stichprobenstandardabweichung s ist die beste Schätzung der Populationsstandardabweichung σ, die wir haben, weshalb wir diese Schätzung stellvertretend in die Formel eintragen:

$$\text{SE} \approx \widehat{\text{SE}} = \frac{s}{\sqrt{n}}.$$

Bei den GJT-Daten beträgt die Stichprobenstandardabweichung etwa 27.23. Daher beträgt der geschätzte Standardfehler $\frac{27.32}{\sqrt{76}} = 3.13$. Dies ist nahezu die gleiche Antwort, die wir mit dem Bootstrap bekamen (3.12), was natürlich beruhigend ist.

Anhand des zentralen Grenzwertsatzes können wir auch ein 95%-Konfidenzintervall konstruieren:

```
> mean(d$GJT) + c(-1.96, 1.96) * sd(d$GJT)/sqrt(76)

[1] 144.63 156.92
```

Auch das Konfidenzintervall ist dem Konfidenzintervall, das mit dem Bootstrap konstruiert wurde, sehr ähnlich.

Bemerken Sie aber, dass wir diesmal davon *ausgegangen* sind, dass die Stichprobenmittel aus der Population normalverteilt sind; diese Annahme haben wir beim Bootstrap nicht gemacht. Bei sehr schiefen oder anderen asymmetrischen Verteilungen ist es durchaus möglich, dass der zentrale Grenzwertsatz auch bei Stichproben von 76 Beobachtungen noch nicht greift. Wenn dieser Verdacht besteht, wäre der Bootstrap also geeigneter. (Man sollte sich bei solchen Verteilungen aber ohnehin einmal überlegen, ob man sich wirklich für ihr Mittel interessieren sollte; siehe *Before worrying about model assumptions, think about model relevance* (11.04.2019).) Ausserdem gilt der zentrale Grenzwertsatz nur für das Mittel, nicht für andere Parameterschätzungen. Für ein paar Parameterschätzungen gibt es andere Formeln, aber der Bootstrap ist wesentlich flexibler.

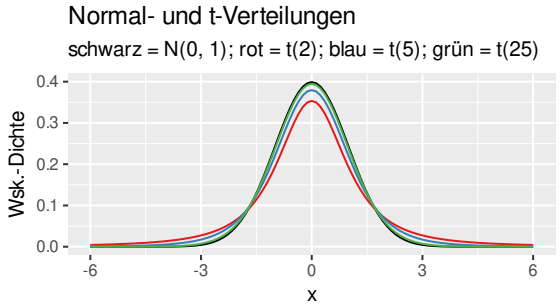


Abbildung 7.6: Eine Standardnormalverteilung und ein paar t-Verteilungen.

7.4 Die t-Verteilungen

Die Stichprobenstandardabweichung (s) ist bloss eine Schätzung der Populationsstandardabweichung (σ). Insofern s σ unterschätzt, wird die Unsicherheit in der Parameterschätzung unterschätzt; überschätzt s σ, dann wird die Unsicherheit in der Parameterschätzung überschätzt. Damit könnte man sich abfinden, wenn Unter- und Überschätzungen gleich oft vorkämen. Versteckt in Fussnote 3 auf Seite 64 taucht aber ein Problem auf: s tendiert dazu, σ zu unterschätzen, insbesondere bei kleinen Stichproben. Entsprechend ist die Stichprobenmittelverteilung eher breiter als schmaler als eine Normalverteilung mit $\frac{s}{\sqrt{n}}$ als Standardabweichung.

Meistens ist es unmöglich, diese Verzerrung in s zu korrigieren. Die Ausnahme ist, wenn die Stichprobe aus einer normalverteilten Population stammt. Statt die Standardabweichung und den geschätzten Standardfehler direkt zu korrigieren, wird in diesem Fall die geschätzte Stichprobenmittelverteilung angepasst, indem sie breiter gemacht wird (mehr für kleinere Stichproben). Genauer gesagt wird die Standardnormalverteilung, d.h., die Normalverteilung mit Mittel 0 und Standardabweichung 1, etwas breiter gemacht. Dies resultiert in einer t-Verteilung.

t-Verteilungen haben einen Parameter, den man ihre Freiheitsgrade nennt. Beim Schätzen eines Mittels ist die Anzahl Freiheitsgrade einfach die Anzahl Beobachtungen minus 1: Gibt es 76 Beobachtungen, gibt es 75 Freiheitsgrade. Abbildung 7.6 zeigt t-Verteilungen mit 2, 5 und 25 Freiheitsgraden sowie eine Standardnormalverteilung. Je mehr Freiheitsgrade, desto ähnlicher ist die Verteilung einer Standardnormalverteilung. Dies entspricht der Tatsache, dass grössere Stichproben σ tendenziell weniger unterschätzen als kleinere Stichproben.

Um das 95%-Konfidenzintervall um ein Stichprobenmittel mithilfe der t-Verteilungen zu finden, sucht man zuerst das 2.5. und das 97.5. Perzentil der t-Verteilung mit $n - 1$ Freiheitsgraden (hier: $76 - 1 = 75$). Dann multipliziert man den geschätzten Standardfehler mit diesen Perzentilen. Dies ist komplett analog zur Berechnung auf der Basis des zentralen Grenzwertsatzes, nur wird mit einer t- statt einer Normalverteilung gearbeitet.

```
> qt(0.025, df = 75)

[1] -1.9921

> qt(0.975, df = 75)

[1] 1.9921
```

```
> mean(d$GJT) + c(-1.99, 1.99) * sd(d$GJT) / sqrt(76)

[1] 144.54 157.01
```

In diesem Beispiel ergeben alle Berechungsmethoden ein recht ähnliches Ergebnis. Insbesondere bei kleinen Stichproben oder bei Stichproben, die den Verdacht nahelegen, dass die Population sehr schräg verteilt ist, ist dies aber nicht unbedingt der Fall.

Bemerken Sie, dass von den drei Methoden die t-Methode die meisten Annahmen macht: Sie geht nicht nur davon aus, dass man anhand der Stichprobe sinnvolle Aussagen über die Unsicherheit machen kann und dass die Population irgendwelche Verteilung hat, für die den zentralen Grenzwertsatz bei dieser Stichprobengrösse greift, sondern auch, dass die Population

selber normalverteilt ist. Wenn all diese Annahmen aber stimmen, ist diese Methode auch die genauste. Der Bootstrap dahingegen ist sozusagen das Schweizer Sackmesser[5] unter den Schätzungsmethoden: Er kann in vielen Situationen angewandt werden, aber je nach Situation gibt es spezialisierte Methoden, die schon besser funktionieren.

7.5 Konfidenzintervalle

Im Laufe dieses Kapitels haben wir ein paar Konfidenzintervalle konstruiert, sodass es nun die höchste Zeit ist, zu erklären, was diese überhaupt sind. Eine leider schwierige Definition ist die folgende:

> Ein α%-Konfidenzintervall um ein Stichprobenmittel besteht aus zwei Werten, die um dieses Stichprobenmittel liegen und die nach einem bestimmten Verfahren gewählt wurden, welches garantiert, dass das Intervall das wahre Populationsmittel (μ) in α% der Fälle enthält.

Zum Beispiel werden 95%-Konfidenzintervalle nach einem Verfahren konstruiert, das garantieren soll, dass wenn man eine grosse Anzahl Stichproben aus der Population zieht und für jede Stichprobe das Intervall berechnet, 95% dieser Intervalle μ enthalten.

Wie diese Definition zeigt, ist das Konzept schwieriger als was man auf den ersten Blick denken würde – auch für erfahrene Forschende (Hoekstra et al., 2014). Oft interpretiert man ein 95%-Konfidenzintervall als jene zwei Werte, zwischen denen der Populationsparameter (hier: μ) mit 95% Wahrscheinlichkeit liegt. Dies stimmt aber nicht (Morey et al., 2016). Nichtsdestoweniger schreibt Ehrenberg (1982) zur Interpretation von Konfidenzintervallen Folgendes:

> "[T]he rough-and-ready interpretation of confidence limits ... will be close to the truth. The choice is between making a statement which is true but so complex that it is almost unactionable, and making one which is much simpler but not quite correct. Fortunately, the effective content of the two kinds of statement is generally similar." (S. 125)

Statt Konfidenzintervallen empfehlen Morey et al. (2016) den Gebrauch von 'Kredibilitätsintervallen'. Diese sind in der bayesschen Statistik angesiedelt und kommen momentan in unserer Forschungsliteratur kaum vor, weshalb ich sie hier nicht bespreche. Albers et al. (2018) bemerken, dass Konfidenz- und Kredibilitätsintervalle einander üblicherweise sehr ähnlich sind; Nalborczyk et al. (2019) ziehen diese Schlussfolgerung aber in Frage.

Dieser Bemerkung zum Trotz sind meines Erachtens insbesondere die folgenden Punkte wichtig:

- Konfidenzintervalle heben hervor, dass Schätzungen inhärent unsicher sind.
- Bei grossen Stichproben oder bei Stichproben aus Populationen, in denen es wenig Variation gibt, sind Konfidenzintervalle tendenziell schmaler.
- Rein durch Zufall kann eine Stichprobe die Streuung in der Population unterschätzen und daher kann das Konfidenzintervall die Unsicherheit in der Schätzung ebenso unterschätzen.
- Genauere Unsicherheitseinschätzungen erhält man mit grösseren Stichproben oder indem man weitere nützliche Annahmen über die Daten macht (wie in der bayesschen Statistik).

Unter `https://rpsychologist.com/d3/CI/` finden Sie eine lehrreiche App zu Konfidenzintervallen. Unter anderem zeigt die App, dass Konfidenzintervalle manchmal schmal sein können, aber die Schätzung trotzdem weit vom Populationswert entfernt liegen kann.

7.6 Aufgaben

Es kommt eher selten vor, dass man das Mittel, den Median oder die Standardabweichung (usw.) einer Population schätzen muss. Stattdessen schätzt man in der Regel Unterschiede zwischen Gruppen oder Zusammenhänge zwischen Variablen. Für solche Fälle werden die gleichen

[5] Tatsächlich heisst der Vorläufer des Bootstraps das *jackknife*.

Prinzipien wie jene in diesem Kapitel zutreffen, aber es scheint mir Beschäftigungstherapie zu sein, weitere praktische Aufgaben für dieses Kapitel zu erledigen. Stattdessen folgen hier ein paar Denkaufgaben.

1. Welche Faktoren bestimmen die tatsächliche Unsicherheit einer Parameterschätzung (z.B. eines Mittels)?
2. Wie könnte man als ForscherIn die Unsicherheit bei der Schätzung verringern?
3. Zwei Stichproben haben identische Stichprobenstandardabweichungen: $s_1 = s_2$. Stichprobe 1 bestehe aus 16 Datenpunkten; Stichprobe 2 aus nur vier. Aus welchen *zwei* Gründen wird das 95%-Konfidenzintervall bei Stichprobe 1 schmaler sein als bei Stichprobe 2, wenn Sie diese Intervalle mit t-Verteilungen konstruieren?
4. Beim Arbeiten mit t-Verteilungen geht man davon aus, dass die Population, aus der die Stichprobe stammt, normalverteilt ist. Warum?
5. Warum ist diese Normalitätsannahme weniger wichtig bei grösseren Stichproben?
6. Auf Seite 77 mussten Sie ein Konfidenzintervall um ein getrimmtes Mittel konstruieren. Dazu mussten Sie dazu Bootstrap-Stichproben mit je 76 Beobachtungen generieren und dann das 20%-getrimmte Mittel dieser Stichproben berechnen. Wäre es stattdessen auch sinnvoll gewesen, zuerst die die 20% niedrigsten und 20% höchsten Werte aus der Stichprobe zu entfernen und anschliessend Bootstrap-Stichproben aus der restlichen Datenmenge von 46 Beobachtungen zu generieren und bei diesen das normale Mittel zu berechnen?

Kapitel 8

Ein anderer Blick aufs Mittel

In diesem und den folgenden Kapiteln behandeln wir das sog. **allgemeine lineare Modell** (*general linear model*).[1] Das allgemeine lineare Modell ist eine Methode, um zu auszudrücken, wie ein oder mehrere **Prädiktoren** mit dem ***outcome*** zusammenhängen. Oft redet man statt von Prädiktoren und outcome von unabhängigen bzw. abhängigen Variablen, aber ich finde die Begriffe Prädiktor und outcome deutlicher.

In diesem Kapitel werden einige Schlüsselkonzepte des allgemeinen linearen Modells erläutert, indem wir das Mittel einer Population auf eine andere Art und Weise schätzen als wir es bisher gemacht haben. In den darauf folgenden Kapiteln werden die Modelle graduell komplexer, aber die Basisprinzipien aus diesem Kapitel werden noch immer zutreffen.

8.1 Ein Modell für die GJT-Daten

Lasst uns kurz alles über Mittelwerte vergessen. Wir erhalten Daten (hier: die GJT-Werte von DeKeyser et al. (2010), siehe letztes Kapitel) und müssen diese sinnvoll beschreiben. Sinnvoller als einfach alle Datenpunkte aufzulisten, wäre, die Datenpunkte in zwei Teile zu zerlegen: einen systematischen Teil, der die Gemeinsamkeiten zwischen allen Werten ausdrückt, und einen unsystematischen Teil, der die individuellen Unterschiede zwischen diesen Gemeinsamkeiten und den Werten ausdrückt:

$$\text{Wert einer Beobachtung} = \text{Gemeinsamkeit} + \text{Abweichung}.$$

Um die Notation übersichtlich zu halten, wird diese Gleichung meistens so geschrieben:

$$y_i = \beta_0 + \varepsilon_i. \tag{8.1}$$

Hier ist y_i die i. Beobachtung im Datensatz, β_0 stellt die Gemeinsamkeit zwischen allen Werten in der Population dar und ε_i drückt aus, wie stark die i. Beobachtung von diesem Populationswert abweicht. ε_i nennt man auch die **Residuen** oder den **Restfehler**. Wir schreiben β_0 statt einfach β, weil wir nachher die Gemeinsamkeit zwischen den y-Werten mithilfe mehrerer βs ausdrücken werden.

In der Regel interessieren wir uns mehr für die βs als für die εs. Da uns aber nicht die ganze Population zur Verfügung steht, müssen wir uns mit einer Schätzung von β_0 begnügen. In Gleichung 8.1 ist β_0 ein Parameter mit einem bestimmten, aber in der Regel unbekannten Wert; für Schätzungen dieses Parameters wird die Notation $\widehat{\beta_0}$ verwendet. Da $\widehat{\beta_0}$ bloss eine Schätzung ist, wird der Restfehler ebenfalls bloss geschätzt:

$$y_i = \widehat{\beta_0} + \widehat{\varepsilon_i}.$$

[1] Nicht zu verwechseln mit dem **verallgemeinerten linearen Modell** (*generalized linear model*). Dieses ist eine Erweiterung des allgemeinen linearen Modells, mit der wir uns in diesem Kurs nur kurz befassen; siehe Kapitel 18.

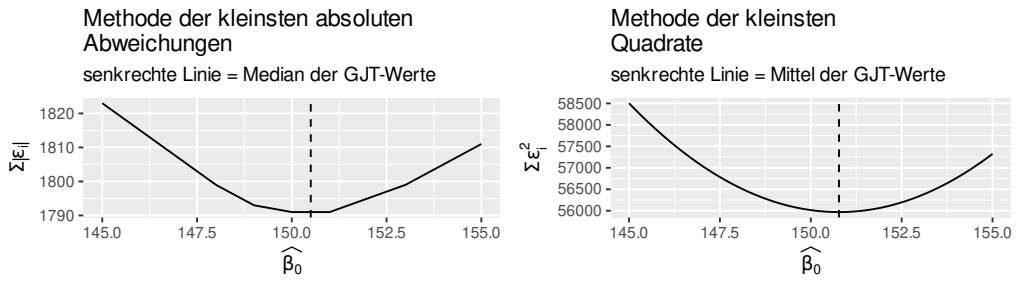


Abbildung 8.1: Links: Wenn der Parameter mit der Methode der kleinsten absoluten Abweichungen geschätzt wird, ist die Lösung gleich dem Median der Stichprobe. Rechts: Wenn der Parameter mit der Methode der kleinsten Quadrate geschätzt wird, ist die Lösung gleich dem Mittel der Stichprobe.

Wie können wir nun $\widehat{\beta_0}$ berechnen (bzw. β_0 schätzen)? Im Prinzip geht die Gleichung für jeden β_0-Wert auf, denn wir können uns die $\widehat{\varepsilon}$-Werte eben so aussuchen, wie es uns passt. Die ersten beiden GJT-Werte im Datensatz sind 151 und 182. Wenn wir nun beispielsweise für β_0 einen beliebigen Wert, z.B. 1823, wählen, wählen wir $\widehat{\varepsilon_1} = -1672$ und $\widehat{\varepsilon_2} = -1641$ und die Gleichung geht auf:

$$y_1 = 151 = 1823 - 1672,$$

$$y_2 = 182 = 1823 - 1641.$$

Wenn wir nun für β_0 den Wert 14 wählen, wählen wir $\widehat{\varepsilon_1} = 137$ und $\widehat{\varepsilon_2} = 168$ und die Gleichung geht wiederum auf:

$$y_1 = 151 = 14 + 137,$$

$$y_2 = 182 = 14 + 168.$$

Wir brauchen also eine prinzipielle Methode, um β_0 zu schätzen.

8.2 Die Methode der kleinsten Quadrate

Die Frage stellt sich, was die optimale Art und Weise ist, um $\widehat{\beta_0}$ zu bestimmen. Die wenig überraschende Antwort lautet: Es hängt davon ab, was man unter 'optimal' versteht. Eine sinnvolle Definition von 'optimal' ist, dass β_0 so geschätzt werden soll, dass die Summe der absoluten Restfehler ($\sum_{i=1}^{n} |\widehat{\varepsilon_i}|$) möglichst klein ist. Wenn wir für $\widehat{\beta_0}$ den Wert 135 wählen, beträgt die Summe der absoluten Restfehler 1993. Hier gehen wir davon aus, dass der Datensatz `dekeyser2010.csv` als den Objektnamen `d` hat.

```
> sum(abs(d$GJT - 135))

[1] 1993
```

(Bemerken Sie, dass $y_i = \widehat{\beta_0} + \widehat{\varepsilon_i}$, also $\widehat{\varepsilon_i} = y_i - \widehat{\beta_0}$.)

Wenn wir stattdessen den Wert 148 wählen, beträgt die Summe der absoluten Restfehler 1799.

```
> sum(abs(d$GJT - 148))

[1] 1799
```

Wenn wir 'optimal' so definieren, ist 148 also die bessere Schätzung von β_0. Diese Übung können wir für jede Menge Kandidatwerte durchprobieren und dann den optimalen Wert wählen. Dies ist die **Methode der kleinsten absoluten Abweichungen**. Wie Abbildung 8.1 (links) zeigt, sind β_0-Schätzungen zwischen 150 und 151 in diesem Sinne optimal. Der Median der GJT-Werte ist nicht zufällig 150.5: Wenn man β_0 mit der Methode der kleinsten absoluten Abweichungen schätzt, ist das Ergebnis der Median der Stichprobe. Dass wir es hier mit einer Schätzung zu tun haben, wird klar, wenn man sich überlegt, dass diese Methode ein anderes Ergebnis liefern könnte, wenn man eine neue Stichprobe aus der gleichen Population zieht.

Eine andere sinnvolle Definition von 'optimal' ist, dass β_0 so geschätzt werden soll, dass die

Summe der quadrierten Restfehler ($\sum_{i=1}^{n} \widehat{\varepsilon_i}^2$) möglichst klein ist. Dies ist die **Methode der kleinsten Quadrate**. Verglichen mit der Methode der kleinsten absoluten Abweichungen fallen grosse Residuen noch mehr ins Gewicht. Anders gesagt: Grosse Abweichungen (darunter auch Ausreisser) üben einen stärkeren Einfluss auf das Ergebnis aus. Wie Abbildung 8.1 (rechts) zeigt, ist die optimal β_0-Schätzung laut der Methode der kleinsten Quadrate 150.78—nicht zufällig das Mittel der Stichprobe!

Während wir in Kapitel 3 die Summe der Quadrate als eine Funktion des Mittels betrachtet haben, kann man die Rollen auch umkehren: Das Mittel ist jener Wert, der die Summe der Quadrate minimiert. Ebenso ist der Median jener Wert, der die Summe der absoluten Abweichungen minimiert. Der Modus ist übrigens der Wert, der die Summe der binären Abweichungen minimiert. Sind y_i und $\widehat{\beta_0}$ einander gleich, beträgt die binäre Abweichung 0, sonst 1.

Rechnerisch ist die Methode der kleinsten Quadrate am einfachsten, und die Parameter in allgemeinen linearen Modellen werden daher meistens mit dieser Methode geschätzt (*ordinary least squares*, OLS). Aber dies ist keine Notwendigkeit. In bestimmten Bereichen trifft man ab und zu andere Optimierungskriterien an; in den Sprachwissenschaften ist dies aber selten der Fall. Im Prinzip kann man sogar selber Optimierungskriterien definieren, aber dies kommt noch weniger vor.

8.3 Lineare Modelle in R

Mit der `lm()`-Funktion können lineare Modelle aufgebaut werden. Ihre Parameter werden anhand der Methode der kleinsten Quadrate geschätzt. Innerhalb der Funktion braucht es eine Formel mit dem outcome vor und den Prädiktoren nach der Tilde. In diesem Fall gibt es keinen Prädiktor, stattdessen wird `1` verwendet.

```
> mod.lm <- lm(GJT ~ 1, data = d)
```

Die geschätzten βs kann man abrufen, indem man den Namen des Modells (hier: `mod.lm`) eintippt.

```
> mod.lm


Call:
lm(formula = GJT ~ 1, data = d)

Coefficients:
(Intercept)
      150.8
```

Auch mit `coef()` erhält man die β-Schätzungen (hier nur β_0).

```
> coef(mod.lm)

(Intercept)
   150.7763
```

Dass mal 150.8 und mal 150.7763 angezeigt wird, liegt lediglich daran, dass das der Output der letzten zwei Befehle strenger bzw. lockerer gerundet wird.

Mit `predict()` erhält man einen Vektor mit n Werten (hier: $n = 76$), der die 'vorhergesagten' y-Werte enthält. (Ich mag den Begriff 'vorhergesagt' hier nicht.) Es handelt sich um die y-Werte abzüglich der $\hat{\varepsilon}$-Werte: $\widehat{y_i} = y_i - \widehat{\varepsilon_i}$. In unserem Fall sind dies lediglich 76 Wiederholungen von $\widehat{\beta_0}$.[2]

```
> predict(mod.lm)

       1        2        3        4        5        6
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
       7        8        9       10       11       12
```

[2] $y_i = \widehat{\beta_0} + \widehat{\varepsilon_i}$. Also $\widehat{\varepsilon_i} = y_i - \widehat{\beta_0}$, also $\widehat{y_i} = y_i - \widehat{\varepsilon_i} = y_i - (y_i - \widehat{\beta_0}) = \widehat{\beta_0}$.

```
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      13       14       15       16       17       18
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      19       20       21       22       23       24
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      25       26       27       28       29       30
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      31       32       33       34       35       36
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      37       38       39       40       41       42
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      43       44       45       46       47       48
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      49       50       51       52       53       54
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      55       56       57       58       59       60
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      61       62       63       64       65       66
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      67       68       69       70       71       72
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
      73       74       75       76
150.7763 150.7763 150.7763 150.7763
```

Die Residuen kann man mit der `resid()`-Funktion abfragen.

```
> # Output hier nicht gezeigt
> resid(mod.lm)
```

8.4 Unsicherheit in einem allgemeinen linearen Modell quantifizieren

8.4.1 Der Bootstrap

Genauso wie im letzten Kapitel können wir den Bootstrap verwenden, um die Unsicherheit in der Schätzung von β_0 zu quantifizieren. Da in diesem Fall $\widehat{\beta_0} = \bar{x}$, ergibt dies natürlich die gleiche Lösung wie vorher. Aber es gibt mir die Gelegenheit, zu zeigen, wie man auch für komplexere lineare Modelle den Bootstrap verwenden kann.

Die Logik ist wiederum, dass wir die Stichprobe stellvertretend für die Population einsetzen. Aber anstatt Bootstrap-Stichproben aus der Stichprobe zu ziehen, ziehen wir diesmal Bootstrap-Stichproben aus den Residuen (ε). Diese kombinieren wir dann mit $\widehat{\beta_0}$, um die Bootstrap-Stichproben zu generieren. Wenn wir uns nur fürs Mittel interessieren, hat diese Methode überhaupt keinen Mehrwert, denn sie ist mathematisch der zuerst besprochenen Bootstrap-Methode gleich. Aber sie ist pädagogisch wertvoller (und manchmal auch statistisch besser), wenn wir später mehrere βs haben werden. Konkret:

1. Man berechnet $\widehat{\beta_0}$ und erhält dazu auch noch einen Vektor $\hat{\varepsilon}$, der die Werte $\widehat{\varepsilon_1}$ bis $\widehat{\varepsilon_n}$ enthält.
2. Man zieht eine Bootstrap-Stichprobe aus $\hat{\varepsilon}$ (*sampling with replacement*). Diese kann man als $\hat{\varepsilon}^*$ bezeichnen. Dieser Vektor enthält ebenso n Werte, wobei bestimmte $\widehat{\varepsilon_i}$ eventuell nicht vorkommen, andere dafür mehrmals.
3. Man kombiniert $\widehat{\beta_0}$ und $\hat{\varepsilon}^*$. Dies ergibt eine neue Reihe von y-Werten: $y_i^* = \widehat{\beta_0} + \widehat{\varepsilon_i}^*$.
4. Man schätzt nun auf der Basis von y^* erneut den Parameter von Interesse ($\widehat{\beta_0}^*$).
5. Man führt Schritte 2–4 ein paar tausend Mal aus und erhält so die Verteilung der gebootstrappten β_0-Schätzungen.

Der unten stehende R-Code implementiert diese Schritte.

```
> n_bootstrap <- 20000
> bs_b0 <- vector(length = n_bootstrap)
>
> for (i in 1:n_bootstrap) {
+   # Residuen bootstrappen
+   bs_residual <- sample(resid(mod.lm), replace = TRUE)

+   # neuen Outcome kreieren
+   bs_outcome <- predict(mod.lm) + bs_residual

+   # Modell neu berechnen mit diesem Outcome
+   bs_mod <- lm(bs_outcome ~ 1)

+   # Schätzung speichern
+   bs_b0[[i]] <- coef(bs_mod)[[1]]
+ }
```

Wir können jetzt wieder die Verteilung der gebootstrappten Parameterschätzungen visualisieren, und ihre Standardabweichung und 2.5. und 97.5. Perzentile berechnen. Die Ergebnisse sind natürlich identisch mit jenen aus Kapitel 7.

```
> # Das Histogramm wird hier nicht gezeigt.
> hist(bs_b0)
```

```
> sd(bs_b0)

[1] 3.103987

> quantile(bs_b0, probs = c(0.025, 0.975))

    2.5%    97.5%
144.7105 156.8687
```

8.4.2 Ein anderer Bootstrap

Beim Bootstrap, den wir soeben besprochen haben, sind wir davon ausgegangen, dass die Residuen in der Stichprobe genau so verteilt sind wie die Residuen in der Population. Ein Nachteil dieser Annahme ist, dass wir dadurch die Feinkörnigkeit der Residuen in der Population wohl unterschätzen. Beispielsweise gibt es für das `mod.lm`-Modell ein Residuum von -14.78 und ein Residuum von -12.78, aber keines von -13.78. Ein Residuum von -14.78 entspricht einer Beobachtung von $150.78 - 14.78 = 136$; ein Residuum von -13.78 entspräche einer Beobachtung von $150.78 - 13.78 = 137$. Nach unserer Annahme gäbe es in der Population also keine Versuchspersonen mit einem GJT-Ergebnis von 137.

Dies ist natürlich eine etwas komische Annahme; in der Regel hat sie aber kaum einen Einfluss auf die Inferenzen. Aber eine Alternative wäre, dass wir davon ausgingen, dass die Residuen in der Population normalverteilt sind. Normalverteilungen sind unendlich feinkörnig, sodass diese Annahme sozusagen den Gegenpol der ersten Annahme darstellt. Das Mittel der Residuen beträgt 0, sodass wir nur die Standardabweichung der normalverteilten Restfehler in der Population finden müssen. Diese wird durch die Standardabweichung der Restfehler in der Stichprobe geschätzt. Dafür können wir hier zwei Funktionen verwenden:

```
> sd(resid(mod.lm))

[1] 27.31769

> sigma(mod.lm)

[1] 27.31769
```

In diesem Beispiel (lineares Modell ohne Prädiktoren) sind diese Werte identisch, aber sobald Prädiktoren im Spiel sind, liefert `sigma()` die bessere Schätzung der Standardabweichung der

Residuen. Sie wird so berechnet:

$$\widehat{\sigma_\varepsilon} = \sqrt{\frac{1}{n-p}\sum_{i=1}^{n}\widehat{\varepsilon_i^2}}, \tag{8.2}$$

wo p die Anzahl geschätzten βs ist. In diesem Fall ist $p = 1$, sodass die Gleichung die Stichprobenstandardabweichung der Residuen ergibt:

```
> sqrt(sum(resid(mod.lm)^2)/(length(resid(mod.lm)) - length(coef(mod.lm))))

[1] 27.31769
```

Hier teilt man durch $n - p$ aus dem gleichen Grund, weshalb man bei der Standardabweichung der Beobachtungen in der einer Stichprobe durch $n - 1$ teilt: um eine systematische Unterschätzung zum grössten Teil entgegenzuwirken.

Anstatt für jede Bootstrapstichprobe die Residuen durch *sampling with replacement* zu generieren, werden sie hier zufällig aus einer Normalverteilung mit $\mu = 0$ und $\sigma = \widehat{\sigma_\varepsilon}$ generiert:

```
> n_bootstrap <- 20000
> bs_b0 <- vector(length = n_bootstrap)
>
> for (i in 1:n_bootstrap) {
+   # Neue Residuen aus Normalverteilung generieren
+   bs_residual <- rnorm(n = 76, sd = sigma(mod.lm))

+   # neuen Outcome kreieren
+   bs_outcome <- predict(mod.lm) + bs_residual

+   # Modell neu berechnen mit diesem Outcome
+   bs_mod <- lm(bs_outcome ~ 1)

+   # Schätzung speichern
+   bs_b0[[i]] <- coef(bs_mod)[1]
+ }
```

```
> # Histogramm (nicht gezeigt)
> hist(bs_b0)
```

```
> # Geschätzter Standardfehler
> sd(bs_b0)

[1] 3.129119

> # 95% Konfidenzintervall
> quantile(bs_b0, probs = c(0.025, 0.975))

    2.5%    97.5%
144.5470 156.9135
```

Diese Art von Bootstrap—bei der wir davon ausgehen, dass die Residuen eine bestimmte Verteilung haben, und wir die relevanten Parameter dieser Verteilung anhand der Stichprobe schätzen—nennt man einen **parametrischen Bootstrap**. Den Bootstrap aus dem letzten Abschnitt—bei der man Bootstrapstichproben der Modellresiduen mit den Modellvorhersagen kombiniert und die relevanten Parameter anhand dieser neuen Werte schätzt—nennt man einen **semiparametrischen Bootstrap**. Den Bootstrap aus dem letzten Kapitel—bei der man Bootstrapstichproben aus dem ursprünglichen Datensatz generiert—nennt man einen **nichtparametrischen Bootstrap**.

Man bemerke hier übrigens, dass sowohl die Annahme, dass die Residuen in der Population genau so wie in der Stichprobe verteilt sind, als auch die Annahme, dass sie normalverteilt und unendlich feinkörnig sind, hier gar nicht stimmen können, da bei dieser Studie nur Ganzzahlen zwischen 0 und 204 hätten vorkommen können. Die Tatsache, dass wir unter unterschiedlichen Annahmen zum gleichen Ergebnis kommen, deutet bereits darauf hin, dass bei dieser Stichprobengrosse die Schätzung der Unsicherheit eines Mittels nicht massgeblich von Annahmen über die genaue Verteilung der Residuen in der Population abhängt.

8.4.3 Mit t-Verteilungen

Wenn man ohnehin davon ausgehen will, dass die Residuen normalverteilt sind, kann man den geschätzten Standardfehler und das Konfidenzintervall auch analytisch herleiten. Die Formeln, die man dazu braucht, werden hier nicht gezeigt, denn sie haben kaum einen didaktischen Mehrwert. In R kann man die `summary()`-Funktion verwenden, um den geschätzten Standardfehler zu berechnen (`Std. Error`):

```
> summary(mod.lm)


Call:
lm(formula = GJT ~ 1, data = d)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-46.776 -23.026  -0.276  23.224  47.224

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  150.776      3.134   48.12   <2e-16

Residual standard error: 27.32 on 75 degrees of freedom
```

β_0 heisst hier `(Intercept)`. Was `t value` und `Pr(>|t|)` bedeuten, werden wir erst in einem späteren Kapitel besprechen.

Das 95%-Konfidenzintervall kann mit `confint()` berechnet werden.

```
> confint(mod.lm)

               2.5 %   97.5 %
(Intercept) 144.534 157.0187
```

Natürlich kann man auch gerne andere Intervalle berechnen, z.B. 80%-Konfidenzintervalle:

```
> confint(mod.lm, level = 0.80)

                 10 %     90 %
(Intercept) 146.7248 154.8278
```

Denkaufgabe. Warum wird bei der `summary()`-Funktion schon der Median aber nicht das Mittel der Residuen gezeigt?

8.5 Fazit

- Datenpunkte kann man als eine Kombination einer Gemeinsamkeit aller Datenpunkte in der Population und einer spezifischen Abweichung verstehen.
- In der Regel ist die Gemeinsamkeit von Interesse; diese wird aber anhand der Abweichungen und eines Optimierungskriteriums geschätzt.
- Das am meisten verwendetete Optimierungskriterium ist die Methode der kleinsten Quadrate, die im 'univariaten' Fall (= wenn man nur mit einer Variablen arbeitet) das Mittel ergibt, aber es existieren auch andere Methoden.
- Die Unsicherheit in der Parameterschätzung kann mithilfe des Bootstraps oder anhand weiterer Annahmen geschätzt werden.

Es gibt keine weiteren Aufgaben zu diesem Kapitel.

Kapitel 9

Einen Prädiktor hinzufügen

In diesem Kapitel beschäftigen wir uns mit der Frage, wie der Zusammenhang zwischen einem einzigen kontinuierlichen Prädiktor und einem einzigen kontinuierlichen Outcome erfasst werden kann. Eine **kontinuierliche** Variable ist eine eher feinkörnige Variable, deren Werte geordnet werden können (z.B. von klein nach gross oder von schlecht nach gut). Ausserdem können Unterschiede auf der Skala sinnvoll miteinander verglichen werden: Der Unterschied zwischen 15 und 20 °C ist gleich dem Unterschied zwischen -10 und -5 °C, und beide Unterschiede sind halb so gross wie jener zwischen 50 und 60 °C. Diese Eigenschaften haben sowohl die GJT- als auch die AOA-Variable im Datensatz von DeKeyser et al. (2010).

In den letzten zwei Kapiteln haben wir uns mit der zentralen Tendenz der GJT-Daten beschäftigt. Eigentlich interessierten sich DeKeyser et al. (2010) aber nicht sosehr für diese, sondern für den Zusammenhang zwischen GJT und AOA. Diesen Zusammenhang schauen wir uns hier an. Wie immer ist es eine gute Idee, die Daten zunächst grafisch darzustellen. Wenn man sich für den Zusammenhang zwischen zwei kontinuierlichen Variablen interessiert, bietet sich das **Streudiagramm** (*scatterplot*) an; siehe Abbildung 9.1. Beim Zeichnen eines Streudiagramms muss man spezifizieren, welche Variable entlang der x-Achse und welche entlang der y-Achse dargestellt wird. Wenn es naheliegender ist, dass Variable A Variable B beeinflusst als umgekehrt, empfiehlt es sich, Variable A entlang der x-Achse darzustellen und Variable B entlang der y-Achse. Hier ist es unmöglich, dass die Grammatikalitätsurteile das Erwerbsalter beeinflussen, aber sehr wohl, dass das Erwerbsalter die Grammatikalitätsurteile beeinflussen.

```
> ggplot(data = d,
+        aes(x = AOA,
+            y = GJT)) +
+   # 'shape = 1' zeichnet leere Kreischen
+   geom_point(shape = 1) +
+   xlab("Erwerbsalter (Jahre)") +
+   ylab("Ergebnis\nGrammatikalitätsurteile")
```

Das Streudiagramm zeigt, dass die Leistung beim GJT mit steigendem Erwerbsalter allmählich abnimmt. Diese Senkung scheint auch ungefähr linear zu sein; zum Vergleich zeigt Abbildung 9.2 vier deutliche Beispiele von nicht-linearen Zusammenhängen. Ausserdem gibt es keine einzelnen Punkte, die sehr weit von der Punktwolke entfernt liegen, und alle Daten sind plausibel: Es gibt keine 207-Jährigen und in DeKeyser et al. (2010) kann man lesen, dass das GJT-Instrument aus 204 binären Items bestand. Das höchstmögliche Ergebnis von 204 wird hier nicht überschritten.

9.1 Zwei Fragen

Im Folgenden werden wir eine Antwort auf diese beiden Fragen geben:

1. *Wie perfekt* ist der Zusammenhang zwischen den GJT- und AOA-Variablen? Wie genau 'perfekt' in diesem Kontext zu verstehen ist, sollte in Kürze klar werden. Um diese Frage

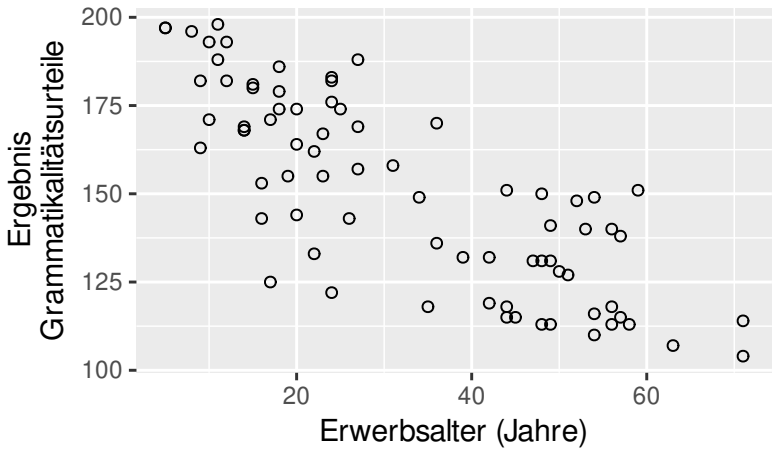


Abbildung 9.1: Zusammenhang zwischen AOA und GJT in der Studie von DeKeyser et al. (2010). Die AOA-Werte stehen entlang der x-Achse und die GJT-Werte entlang der y-Achse, da es plausibler ist, dass das Erwerbsalter die Grammatikalitätsurteile beeinflusst als umgekehrt.

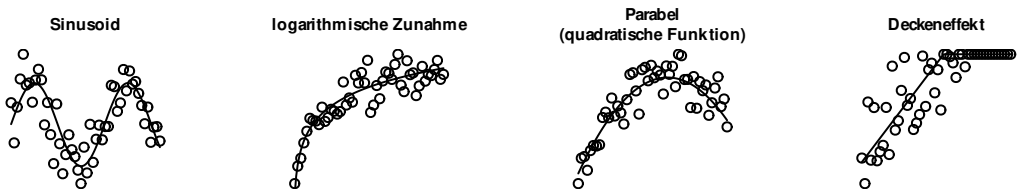


Abbildung 9.2: Beispiele von nicht-linearen Zusammenhängen.

zu beantworten, verwendet man oft **Korrelationsanalyse**.

2. *Was* ist der Zusammenhang zwischen den beiden Variablen? Anders gesagt, wenn wir den Wert einer Variablen kennen, *wie* können wir dann den Wert der anderen Variablen schätzen? (**Regressionsanalyse**)

Beide Fragen werden oft miteinander verwechselt, was manchmal zu Verwirrungen führt (siehe Vanhove, 2013). Zwei Beispiele, um den Unterschied klar zu machen:

- Wenn man die Temperatur in Grad Celsius kennt, kann man die Temperatur in Grad Fahrenheit perfekt 'schätzen': Die Korrelation ist also äusserst stark (Frage 1). Damit wissen wir aber noch nicht, wie wir die Temperatur in Grad Fahrenheit berechnen können, wenn wir die Temperatur in Grad Celsius kennen. Eine Regressionsanalyse würde zeigen, dass wir dazu die folgende Formel anwenden müssten:

$$\text{Grad Fahrenheit} = 32 + \frac{9}{5} \cdot \text{Grad Celsius}. \tag{9.1}$$

- Wenn man die Körpergrösse eines Menschen kennt, kann man sein Gewicht wesentlich besser schätzen, als wenn man die Körpergrösse nicht kennt. Die Schätzung ist aber nicht perfekt, denn Menschen mit der gleichen Körpergrösse variieren ja in ihrem Gewicht. Die Korrelation ist folglich zwar positiv, aber nicht so hoch wie im letzten Beispiel (Frage 1). Um zu wissen, wie man das Gewicht am besten anhand der Grösse schätzt (z.B. Gewicht in kg $= 0.6 \cdot$ Grösse in cm $-$ 40 kg für Frauen zwischen 145 und 185 cm), braucht es Regressionsanalyse.

Die zweite Frage ist m.E. in der Regel (nicht immer!) viel sinnvoller. In unserem Beispiel wäre das Ziel also, eine Gleichung wie Gleichung 9.1 zu finden, anhand derer man Unterschiede im GJT-Ergebnis mit Unterschieden im AOA verknüpfen kann. Um diese Gleichung zu finden, brauchen wir zuerst aber eine Antwort auf die erste Frage.

Nicht-lineare Zusammenhänge. Korrelation- und Regressionsanalyse können sinnvoll sein, um lineare Zusammenhänge zu untersuchen. Ist der Zusammenhang zwischen den Variablen nicht *ungefähr* gerade, dann kann man die Berechnung noch immer ausführen. Diese würde dann aber sinnlose (nicht 'falsche'!) Ergebnisse liefern. Bei einem verantwortungsvollen Umgang mit quantitativen Forschungsdaten sollte die Frage der **Relevanz** immer im Vordergrund stehen.

Manchmal kann man übrigens Daten sinnvoll transformieren, sodass der Zusammenhang linear wird (Beispiele in etwa Baayen, 2008 und Gelman & Hill, 2007). Ist dies nicht möglich, dann dürften komplexere Verfahren geeignet sein. Siehe hierzu Clark (2019), Wieling (2018) und Baayen & Linke (2020).

Empfehlung: Fragen und Werkzeuge. Korrelations-, Regressions- und sonstige Analysen, Modelle und Tests sind lediglich Werkzeuge. Je nach Fragestellung sind diese Werkzeuge nützlich oder nutzlos. Anstatt sich etwa vorzunehmen, eine Korrelationsanalyse oder einen t-Test durchzuführen (vielleicht, weil dies in einer bestimmten Forschungsliteratur gang und gäbe ist), ist es sinnvoller, die Frage ohne ablenkenden technischen Wortschatz (z.B. *Korrelation*, *signifikant*, *Interaktion*) zu formulieren und sich dann zu überlegen, welches Werkzeug für deren Beantwortung am nützlichsten ist. Das Ziel einer Datenerhebung und einer Analyse ist es, eine Frage zu beantworten, nicht ein bestimmtes Werkzeug zu benutzen.

9.2 Antwort auf Frage 1: Kovarianz und Korrelation

9.2.1 Kovarianz

Um numerisch zu beschreiben, wie stark zwei Variablen miteinander zusammenhängen, brauchen wir ein Mass, dessen absoluter Wert gross ist, wenn kleine Unterschiede in x mit kleinen Unterschieden in y zusammenhängen und grosse Unterschiede in x mit grossen Unterschieden in y, und dessen absoluter Wert klein ist, wenn grosse Unterschiede in der einen Variablen mit

nur kleinen Unterschieden in der anderen Variablen zusammenhängen. Ein solches Mass ist die Kovarianz:

$$\text{Cov}(x, y) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^{n} (\bar{x} - x_i)(\bar{y} - y_i). \tag{9.2}$$

Die Summe der Produkte ($\sum(\bar{x} - x_i)(\bar{y} - y_i)$) wird durch $n - 1$ statt durch n geteilt aus dem gleichen Grund, weshalb dies bei der Varianzberechnung gemacht wird. Eine intuitivere Erklärung ist, dass man ja nicht über den Zusammenhang von zwei Variablen sprechen kann, wenn man nur eine Beobachtung pro Variable hat. Das Streudiagramm würde dann nur einen Punkt zeigen. Wenn $n = 1$, ist $n - 1 = 0$ und dann ergibt die Gleichung keine Antwort, denn durch 0 kann nicht geteilt werden.

In R:

```
> # kompliziert:
> sum((mean(d$AOA) - d$AOA) * (mean(d$GJT) - d$GJT)) / (nrow(d) - 1)

[1] -394.9311

> # einfacher:
> cov(d$AOA, d$GJT)

[1] -394.9311
```

Ist die Kovarianz positiv, dann besteht ein positiver linearer Zusammenhang zwischen den beiden Variablen (je grösser x, desto grösser y); ist die Kovarianz negativ, dann gibt es einen negativen linearen Zusammenhang (je grösser x, desto kleiner y). Abgesehen von diesen zwei Richtschnuren ist das Kovarianzmass schwierig zu interpretieren, weshalb Sie es in der Literatur nur selten antreffen werden. Aber Kovarianz ist ein wichtiges Konzept in der Mathe hinter komplexeren Verfahren, weshalb es sich trotzdem lohnt, zumindest zu wissen, dass es besteht.

Aufgabe 1. Seien x und y zwei numerische Variablen. Macht es etwas aus, ob man $\text{Cov}(x, y)$ oder $\text{Cov}(y, x)$ berechnet? Beantworten Sie diese Frage, indem Sie sich Formel 9.2 genauer anschauen.

Aufgabe 2. Was ist die Kovarianz zwischen x und y, wenn es zwar unterschiedliche x-Werte gibt, aber alle y-Werte einander gleich sind? Beantworten Sie diese Frage, indem Sie sich Formel 9.2 genauer anschauen.

Aufgabe 3. Sei x eine numerische Variable. Was berechnen Sie eigentlich genau, wenn Sie $\text{Cov}(x, x)$ berechnen? Beantworten Sie diese Frage, indem Sie sich Formel 9.2 genauer anschauen.

9.2.2 Korrelation

Da das Kovarianzmass nicht einfach zu interpretieren ist, wird meistens Pearsons **Produkt-Moment-Korrelationskoeffizient** (r) (oder einfach Pearsons Korrelation) verwendet. Diese Zahl drückt aus, wie gut der Zusammenhang durch eine gerade Linie beschrieben werden kann. Es wird ähnlich zum Kovarianzmass berechnet, aber die Variablen werden in Standardabweichungen zum Stichprobemittel ausgedrückt. Dies ergibt dann immer eine Zahl zwischen -1 und 1:

$$r_{xy} = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^{n} \frac{\bar{x} - x_i}{s_x} \frac{\bar{y} - y_i}{s_y} = \frac{\text{Cov}(x, y)}{s_x s_y}.$$

```
> # kompliziert:
> cov(d$AOA, d$GJT) / (sd(d$AOA) * sd(d$GJT))

[1] -0.8028533

> # einfach:
> cor(d$AOA, d$GJT)
```

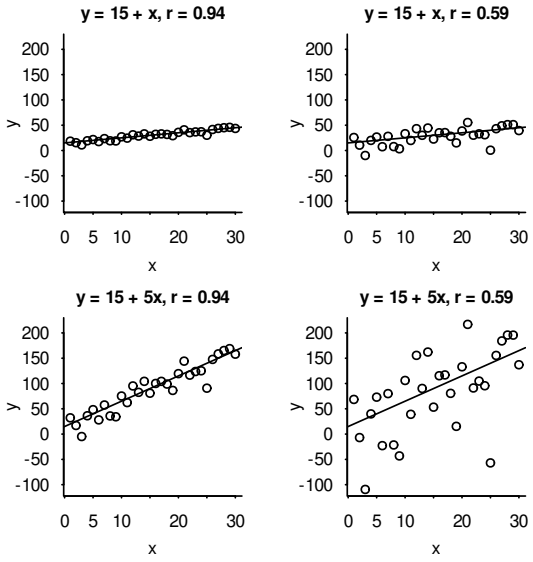


Abbildung 9.3: Korrelationskoeffizienten erzählen einem wenig über die Form eines Zusammenhangs.

```
[1] -0.8028533
```

Sobald irgendein Wert fehlt, ergibt die `cor()`-Funktion das Ergebnis 'NA' (*not available*). Eine Möglichkeit ist dann, die Beobachtungen mit einem oder zwei fehlenden Werten zu ignorieren:

```
> cor(d$AOA, d$GJT, use = "pairwise.complete.obs")
[1] -0.8028533
```

Ist $r = 1$, dann liegen alle Datenpunkte perfekt auf einer geraden, steigenden Linie. Dies deutet fast ausnahmslos auf eine Tautologie hin. Zum Beispiel sind Körpergrössen in Zentimetern und in Zoll perfekt korreliert, aber dieser Zusammenhang ist nicht spektakulär sondern höchst langweilig. Ist $r = -1$, dann liegen alle Datenpunkte auf einer geraden, senkenden Linie. Dies deutet wohl darauf hin, dass die beiden Variablen perfekt komplementär sind. Zum Beispiel wird die Anzahl richtiger Antworten bei einem Test oft zu $r = -1$ mit der Anzahl falscher Antworten korrelieren; auch dies ist wenig spektakulär. Ist $r = 0$, dann ist die Linie perfekt senkrecht, d.h., es gibt überhaupt keinen linearen Zusammenhang zwischen den beiden Variablen. Je grösser der absolute Wert von r, desto näher befinden sich die Datenpunkte bei der geraden Linie. Anders ausgedrückt: Je grösser der absolute r-Wert, desto präziser kann man y bestimmen, wenn man x schon kennt (und umgekehrt) als wenn man x nicht gekannt hätte.

Abbildung 9.3 zeigt vier Zusammenhänge, um die Bedeutung von Pearsons r besser zu illustrieren.

- *Oben links:* Es gibt wenig Streuung entlang der y-Achse. Die Streuung, die es gibt, wird grösstenteils von einer Geraden erfasst. r ist daher sehr hoch.
- *Oben rechts:* Es gibt nun mehr Streuung entlang der y-Achse; diese wird aber weniger gut von einer Geraden erfasst, daher der niedrigere Korrelationskoeffizient. Die Form der Geraden ist zwar gleich wie in der linken Grafik, der Korrelationskoeffizient aber nicht.
- *Unten links:* Es gibt zwar sehr viel Streuung entlang der y-Achse, aber diese wird grösstenteils von einer Geraden erfasst. r ist daher wiederum sehr hoch. Der Korrelationskoeffizient ist zwar gleich wie in der Grafik oberhalb, die Form der Geraden aber nicht.
- *Unten rechts:* Die gleiche Gerade erfasst die Streuung entlang der y-Achse weniger gut, daher ist die Form der Geraden zwar gleich, der Korrelationskoeffizient aber niedriger.

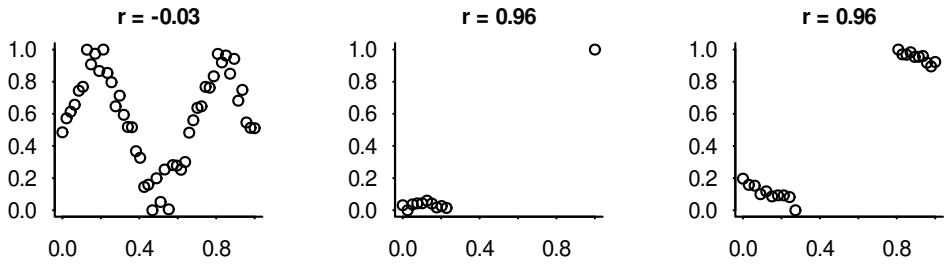


Abbildung 9.4: Ein Korrelationskoeffizient nahe 0 muss nicht heissen, dass es keinen Zusammenhang zwischen den Variablen gibt, und ein Korrelationskoeffizient nahe 1 muss nicht heissen, dass das Muster in den Daten am besten durch einen starken positiven Zusammenhang beschrieben wird.

Welche Frage beantwortet r (und welche nicht)?

Wie wir gerade gesehen haben, drückt Pearsons r aus, welcher Anteil der Streuung der Datenpunkte in einer Punktwolke durch eine *gerade Linie* erfasst wird. Es gibt keine direkte Antwort auf die Frage, wie diese Linie ausschaut (ausser: steigend oder senkend); siehe die vier obigen Beispiele.

Ausserdem ist es möglich, dass es einen sehr starken (nicht-linearen) Zusammenhang zwischen zwei Variablen gibt, dieser aber in Pearsons r nicht zum Ausdruck kommt (Abbildung 9.4, links). Umgekehrt kann r den Eindruck geben, dass es sich um einen ziemlich starken linearen Zusammenhang handelt, während ein solcher Zusammenhang für die meisten Datenpunkte kaum vorliegt (Mitte), oder während der Zusammenhang sogar eigentlich in die umgekehrte Richtung geht. So gibt es in der rechten Grafik zwei Gruppen, in denen der Zusammenhang negativ ist. Der Koeffizient ist jedoch positiv, wenn die beiden Gruppen gleichzeitig betrachtet werden. Das Problem ist hier nicht, dass r falsch berechnet wird, sondern, dass die Berechnung von r hier kaum Sinn ergibt. Bevor man sich mit der Richtigkeitsfrage auseinandersetzt, sollte man sich eben zuerst mit der Relevanzfrage befassen.

Mit der `plot_r()`-Funktion im `cannonball`-Paket können Sie selber Streudiagramme zeichnen, die alle anders aussehen, aber den gleichen Korrelationskoeffizienten haben. Unter `https://github.com/janhove/cannonball` finden Sie Anweisungen, wie Sie dieses Paket installieren können. Der Blogeintrag *What data patterns can lie behind a correlation coefficient?* (21.11.2016) beschreibt die `plot_r()`-Funktion. Abbildung 9.5 zeigt 16 Zusammenhänge mit je 50 Beobachtungen, die alle eine Korrelation von $r = -0.72$ aufzeigen:

```
> library(cannonball)
> plot_r(n = 50, r = -0.72)
```

Spielen Sie mit der `plot_r()`-Funktion herum, um besser zu verstehen, was ein Korrelationskoeffizient eben alles nicht bedeutet und was der Einfluss von nicht-linearen Zusammenhängen und Ausreissern sein kann:

```
> plot_r(n = 15, r = 0.9)
> plot_r(n = 80, r = 0.0)
> plot_r(n = 30, r = 0.4)
```

Die Funktionsdokumentation können Sie wie gehabt abrufen:

```
> ?plot_r
```

Merksatz: Ein Korrelationskoeffizient kann einer Vielzahl von Zusammenhängen entsprechen. Schauen Sie sich, bevor Sie Korrelationskoeffizienten berechnen, immer die Daten **grafisch** (Streudiagramm) an. Nehmen Sie diese Streudiagramme in Ihre Papers, Arbeiten und Vorträge auf. Ein Korrelationskoeffizient ohne Streudiagramm ist m.E. wertlos.

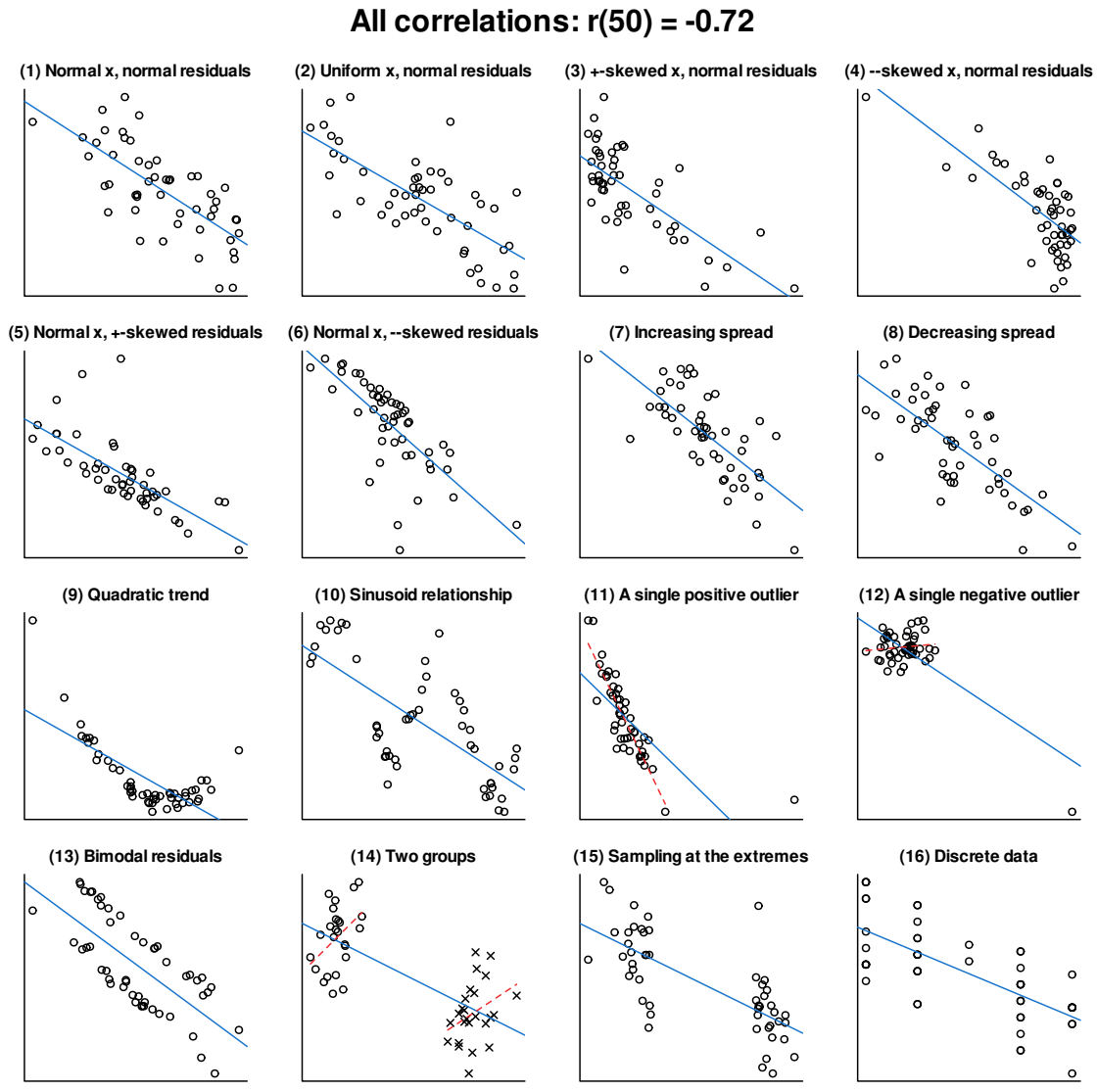


Abbildung 9.5: Alle sechzehn Zusammenhänge zeigen eine Korrelation von -0.72 auf, sehen jedoch zum Teil ganz unterschiedlich aus.

Andere Korrelationsmasse

Ab und zu trifft man in der Forschungsliteratur Spearmans ρ-Koeffizienten (oder manchmal: r_s) an. Hierfür drückt man die Daten in **Rängen** aus, d.h., man ordnet die Daten von klein nach gross und schaut, auf welchem Platz die einzelnen Datenpunkte stehen. Der Datenpunkt auf Rang 1 ist übrigens der niedrigste Datenpunkt, das heisst, die Reihenfolge der ursprünglichen Werte wird behalten und nicht umgedreht. Dann berechnet man einfach die Pearsonkorrelation für die Ränge statt für die Rohwerte:

```
> cor(rank(d$AOA), rank(d$GJT))

[1] -0.7887659

> # einfacher:
> cor(d$AOA, d$GJT, method = "spearman")

[1] -0.7887659
```

Spearmans ρ kann nützlich sein, wenn der Zusammenhang zwischen zwei Variablen monoton aber nicht-linear ist (Monoton heisst: Tendenziell steigend oder tendenziell senkend; nicht etwa zuerst steigend und dann senkend.) oder wenn ein **Ausreisser** das Globalbild zerstört, aber man ihn aus irgendwelchem Grund nicht aus dem Datensatz entfernen kann. Wenn Spearmans $\rho = 1$, dann ist der Zusammenhang perfekt monoton steigend (höhere Werte in x entsprechen immer höheren Werten in y), wenn Spearmans $\rho = -1$, dann ist der Zusammenhang perfekt monoton senkend, und wenn $\rho = 0$, dann gibt es keinen monotonen Zusammenhang in den Daten. Bemerken Sie, dass man mit ρ eine andere Frage beantwortet als mit r: *Wie perfekt ist der monotone Zusammenhang?* vs. *Wie perfekt ist der lineare Zusammenhang?*

Ein anderes Mass ist Kendalls τ (`method = "kendall"`). Dieses wird aber nur höchst selten verwendet. Die Berechnung ist konzeptuell relativ einfach (siehe Noether, 1981), aber schaut in R-Code schwierig aus, weshalb ich sie hier nur in Worten zusammenfasse:

1. Vergleiche jeden x-Wert mit jedem anderen x-Wert und notiere, ob Ersterer grösser oder kleiner als Letzterer ist. Wenn die x-Werte zum Beispiel 5, 3, 8 und 7 sind, erhält man folgende Vergleiche:
   - 5 vs. 3: grösser,
   - 5 vs. 8: kleiner,
   - 5 vs. 7: kleiner,
   - 3 vs. 8: kleiner,
   - 3 vs. 7: kleiner,
   - 8 vs. 7: grösser.
2. Vergleiche jeden y-Wert mit jedem anderen y-Wert. Für die y-Werte 8, -2, -4, -3 erhält man: grösser, grösser, grösser, grösser, grösser, kleiner.
3. Zähle, wie viele Vergleiche in die gleiche Richtung gehen:
   - 1. Vergleich: grösser–grösser: gleich,
   - 2. Vergleich: kleiner–grösser: anders,
   - 3. Vergleich: kleiner–grösser: anders,
   - 4. Vergleich: kleiner–grösser: anders,
   - 5. Vergleich: kleiner–grösser: anders,
   - 6. Vergleich: grösser–kleiner: anders.

   Also 1 Vergleich, der in die gleiche Richtung geht ('konkordant'), und 5, die in die andere Richtung gehen ('diskordant').

4. Schätze jetzt Kendalls τ wie folgt:

$$\hat{\tau} = \frac{\text{Anzahl konkordant} - \text{Anzahl diskordant}}{\text{Anzahl Vergleiche}}.$$

Das Hütchen zeigt, dass wir es mit einer Schätzung auf der Basis einer Stichprobe zu tun haben. Also:

$$\hat{\tau} = \frac{1-5}{6} = -0.67.$$

```
> # Für unser kleines Beispiel
> x <- c(5, 3, 8, 7)
> y <- c(8, -2, -4, -3)
> cor(x, y, method = "kendall")

[1] -0.6666667

> # Für die AOA-GJT-Daten
> cor(d$AOA, d$GJT, method = "kendall")

[1] -0.6035606
```

Kendalls $\hat{\tau}$ schätzt den Unterschied zwischen der Proportion konkordanter Vergleiche und der Proportion diskordanter Vergleiche. Diese Interpretation finde ich selber schwierig, aber es gibt eine einfachere Interpretation: Nimm zwei beliebige (x, y)-Paare (also (x_1, y_1) und (x_2, y_2)). Wenn x_2 grösser ist als x_1, dann ist es $\frac{1+\hat{\tau}}{1-\hat{\tau}}$ Mal wahrscheinlicher, dass auch y_2 grösser als y_1 ist als dass er kleiner ist. Für die AOA–GJT-Daten: Wenn eine Person einen höheren AOA-Wert als eine andere hat, dann ist es $\frac{1+(-0.60)}{1-(-0.60)} = 0.25$ Mal wahrscheinlicher, dass sie auch einen höheren GJT-Wert als einen kleineren hat. Oder anders gesagt: Es ist 4 Mal wahrscheinlicher, dass sie einen kleineren GJT-Wert als einen grösseren hat.

In der Praxis ist die Anwendung von Spearmans ρ und Kendalls τ ist eher beschränkt. Statt automatisch auf ρ oder τ zurückzugreifen, wenn ein Zusammenhang nicht-linear ist oder wenn man einen Ausreisser vermutet, lohnt es sich m.E. eher, darüber nachzudenken, ob (a) man sich tatsächlich für Frage 1 (Stärke des Zusammenhangs) interessiert (die Relevanzfrage), (b) man eine oder beide Variablen nicht sinnvoll transformieren kann, sodass sich ein linearerer Zusammenhang ergibt, oder (c) der vermutete Ausreisser überhaupt ein legitimer Datenpunkt ist.

Starke und schwache Korrelationen

Korrelationskoeffizienten werden oft—ohne Berücksichtigung der Forschungsfrage oder des Kontextes—als klein, mittelgross oder gross eingestuft. Ich halte dies für wenig sinnvoll, weshalb ich diese Einstufungen hier nicht reproduziere. Selber finde ich, dass Korrelationskoeffizienten überverwendet werden. Blogeinträge zu diesem Thema:

- *Why I don't like standardised effect sizes* (5.2.2015)
- *More on why I don't like standardised effect sizes* (16.3.2015)
- *Abandoning standardised effect sizes and opening up other roads to power* (14.7.2017)

Siehe weiter auch Baguley (2009).

9.2.3 Die Ungenauigkeit eines Korrelationskoeffizienten einschätzen

Da sie auf der Basis von Stichproben berechnet werden, sind auch Korrelationskoeffizienten vom Stichprobenfehler betroffen: Andere Stichproben aus der gleichen Population werden Korrelationskoeffizienten ergeben, die mehr oder weniger voneinander abweichen. Die Ungenauigkeit bzw. die Variabilität eines auf einer Stichprobe basierenden Korrelationskoeffizienten kann in einem Konfidenzintervall ausgedrückt werden. Besprochen werden hier eine Bootstrap-Methode und eine Methode, die auf t-Verteilungen basiert.

Mit dem Bootstrap. Das Vorgehen ist analog zum Bootstrap aus Kapitel 7: Aus der Stichprobe werden neue Bootstrap-Stichproben generiert und für jede Stichprobe wird die Statistik von Interesse (hier: die Korrelation zwischen AOA und GJT) berechnet. Die Streuung der Schätzungen in den Bootstrap-Stichproben gibt uns ein Indiz über die Variabilität des Korrelationskoeffizienten in Stichproben dieser Grösse.

```
> n_bootstraps <- 20000
> bootstraps <- vector(length = n_bootstraps)
>
> for (i in 1:n_bootstraps) {
+   # Sampling with replacement aus der beobachteten Stichprobe
+   bootstrap_sample <- d |>
+     slice_sample(prop = 1, replace = TRUE)

+   # Korrelation im bootstrap sample berechnen und speichern
+   bootstraps[[i]] <- cor(bootstrap_sample$GJT, bootstrap_sample$AOA)
+ }
```

```
> # Histogramm mit den Bootstrap-Schätzungen
> # (nicht gezeigt)
> hist(bootstraps, breaks = 20)
```

Da das Histogramm nicht normalverteilt ist, verzichten wir hier auf die Berechnung eines Standardfehlers. Anhand der Perzentile der Verteilung können wir aber durchaus ein Konfidenzintervall konstruieren. Hier berechne ich ein 90%-Konfidenzintervall:

```
> quantile(bootstraps, probs = c(0.05, 0.95))

        5%        95%
-0.8648265 -0.7291892
```

Einschub: 80, 90, 95? Mittlerweile fragen Sie sich vielleicht, wieso wir mal ein 80%-Konfidenzintervall berechnen, mal ein 90%-Konfidenzintervall und mal ein 95%-Konfidenzintervall. Das ist lediglich mein Versuch, Ihnen zu zeigen, dass die übliche Wahl von 95% recht arbiträr ist. Zum gleichen Zweck berechnet McElreath (2020) immer 89%-Intervalle!

Mit *t*-Verteilungen. Die Formel, mit der man anhand von einer *t*-Verteilung ein Konfidenzintervall um einen Korrelationskoeffizienten konstruiert, werde ich hier nicht reproduzieren, da sie erstens abschreckt und zweitens keinen konzeptuellen Mehrwert bietet. Sie basiert auf der Annahme, dass die Population, aus der die beiden Variablen gezogen wurden, 'bivariat normal' ist. Grundsätzlich heisst dies, dass—insofern es einen Zusammenhang zwischen den Variablen gibt—dieser Zusammenhang linear ist und beide Variablen normalverteilt sind. Wenn diese Annahmen plausibel sind, kann das Konfidenzinterval (hier wiederum ein 90%-Konfidenzintervall) mit der `cor.test()`-Funktion berechnet werden:

```
> cor.test(d$AOA, d$GJT, conf.level = 0.9)


Pearson's product-moment correlation

data:  d$AOA and d$GJT
t = -11.584, df = 74, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
90 percent confidence interval:
 -0.8614924 -0.7230816
sample estimates:
       cor
-0.8028533
```

Mit dieser Methode erhalten wir ein 90%-Konfidenzintervall von $[-0.86, -0.72]$. Dieses unter-

scheidet sich nur minimal vom Konfidenzintervall, das wir mit dem Bootstrap berechnet haben. Beim Bootstrap sind wir jedoch nicht davon ausgegangen, dass die Population, aus der die Stichprobe stammt, bivariat normalverteilt war. Insbesondere bei kleineren Stichproben können die Ergebnisse der Bootstrap- und der t-Methode erheblich voneinander abweichen. Wenn ihre Annahmen stimmen, ist die t-Methode in solchen Fällen zweifellos besser, aber gerade bei kleinen Stichproben sind diese Annahmen schwierig zu überprüfen. Die Leistung der Bootstrapmethode kann noch etwas verbessert werden, indem die Konfidenzintervalle anders konstruiert werden (siehe hierzu DiCiccio & Efron, 1996), aber diese Konstruktionsmethoden sind schwieriger und weniger intuitiv. Für unsere Zwecke reicht es m.E., die Warnung von Hesterberg (2015) zu wiederholen: "Bootstrapping does not overcome the weakness of small samples as a basis for inference." (S. 379)

Was '$t = -11.6$' und 'p-value $< 2.2e-16$' heissen, werden wir in einem späteren Kapitel besprechen.

Konfidenzintervalle um Korrelationskoeffizienten rekonstruieren? Das Konfidenzintervall um einen Korrelationskoeffizienten hängt von nur drei Faktoren ab:

- ob das Konfidenzintervall ein 50%-, 80%-, 87%- usw.-Konfidenzintervall sein soll;
- dem Korrelationskoeffizienten selber;
- der Anzahl beobachteter Paare.

Wenn man weiss, was der Korrelationskoeffizient ist, und wie gross die Stichprobe war, kann man also selber das Konfidenzintervall berechnen. Selber finde ich dies nützlich, wenn das Konfidenzintervall um r in einer Studie nicht berichtet wurde. Mit der Funktion `r.test()` aus dem `psych`-Package ist dies ein Kinderspiel, allerdings werden nur 95%-Konfidenzintervalle berechnet. Gegebenenfalls müssen Sie das `psych`-Paket noch installieren.

```
> psych::r.test(r12 = -0.80, n = 76)

Correlation tests
Call:psych::r.test(n = 76, r12 = -0.8)
Test of significance of a  correlation
 t value -11.47    with probability < 0
 and confidence interval  -0.87 -0.7
```

Übrigens: Mit der Notation `psych::r.test()` brauchen Sie das `psych`-Package nicht mit dem Befehl `library(psych)` zu laden. Dies ist nützlich, wenn man aus einem Paket eh nur eine Funktion braucht.

Das 95%-Konfidenzintervall eines Korrelationskoeffizienten von $r = -0.80$ in einer Stichprobe mit 76 Datenpunkten ist also $[-0.87, -0.70]$. Dabei gehen wir zwar davon aus, dass die Stichprobe aus einer bivariaten Normalverteilung stammt, aber bei 76 Beobachtungen würden andere Methoden wohl ein sehr ähnliches Ergebnis liefern.

Falls Sie lieber 80%- oder 90%-Konfidenzintervalle um Korrelationskoeffizienten berechnen, können Sie die unten stehende Funktion übernehmen. Sie kreiert mithilfe der `plot_r()`-Funktion aus dem `cannonball`-Package einen Datensatz mit den gewünschten Merkmalen und berechnet dann das Konfidenzintervall um den Korrelationskoeffizienten in diesem Datensatz. Auch die von dieser Funktion berechneten Konfidenzintervalle basieren auf der Annahme, dass die Daten aus einer bivariaten Normalverteilung stammen.

```
> ci_r <- function(r, n, conf_level = 0.90) {
+   dat <- cannonball::plot_r(r = r, n = n, showdata = 1, plot = FALSE)
+   ci <- cor.test(dat$x, dat$y, conf.level = conf_level)$conf.int[1:2]
+   ci
+ }
>
> # 95%-Konfidenzintervall
> ci_r(r = -0.80, n = 76, conf_level = 0.95)

[1] -0.8687618 -0.7009755
```

```
> # 80%-Konfidenzintervall
> ci_r(r = -0.80, n = 76, conf_level = 0.80)

[1] -0.8478924 -0.7391568

> # 50%-Konfidenzintervall
> ci_r(r = -0.80, n = 76, conf_level = 0.50)

[1] -0.8266792 -0.7697318
```

9.2.4 Aufgaben zu Korrelationskoeffizienten

Es gibt mittlerweile eine ausführliche Literatur zur Frage, inwieweit Zweisprachigkeit zu kognitiven Vorteilen führt. Ein kognitives **Konstrukt**, das oft in diesem Zusammenhang erwähnt wird, ist die kognitive Kontrolle. Dieses Konstrukt lässt sich nur indirekt messen, nämlich mithilfe von kognitiven Tests: Die Leistung beim Test ist nicht die kognitive Kontrolle einer Person, sondern lediglich ein imperfekter **Indikator** hierfür. Wenn unterschiedliche Indikatoren von kognitiver Kontrolle stark miteinander korrelieren, ist es aber wahrscheinlicher, dass sich Befunde, die auf dem einen Indikator basieren, auch zu anderen Indikatoren generalisieren lassen.

Die Datei `poarch2018.csv` enthält Angaben zu zwei kognitiven Tests, von denen angenommen wird, dass sie Indikatoren von kognitiver Kontrolle sind: dem Flanker-Test (Eriksen & Eriksen, 1974) und dem Simon-Test (Simon, 1969). In beiden Tests müssen die Versuchspersonen manchmal irrelevante Informationen ignorieren. Die Daten stammen aus einer kleinen Studie von Poarch et al. (2019), in der den Probanden beide Tests vorgelegt wurden. Die Ergebnisse stellen dar, wie viel schneller die Versuchspersonen reagierten, wenn die irrelevante Information 'kongruent' mit der relevanten Information ist als, wenn die irrelevante Information 'inkongruent' mir der relevanten Information ist. Ausgedrückt werden die Angaben in Stimuli pro Sekunde; ein Wert von 0.5 heisst also, dass die Versuchsperson in einer kongruenten Testsituation 5 Stimuli mehr bewältigen kann pro 10 Sekunden, als bei einer inkongruenten Testsituation.

1. Lesen Sie diesen Datensatz ein.
2. Stellen Sie den Zusammenhang zwischen den Variablen `Flanker` und `Simon` grafisch dar.
3. Berechnen Sie den Korrelationskoeffizienten, insofern Sie dies für sinnvoll halten.
4. Berechnen Sie gegebenfalls das 90%-Konfidenzintervall, und zwar sowohl anhand des Bootstraps als auch mit der t-Verteilung.
5. Fassen Sie Ihre Befunde schriftlich zusammen (höchstens drei Sätze).

9.3 Antwort auf Frage 2: Regression

Es ist klar, dass es im Datensatz `dekeyser2010.csv` einen Zusammenhang zwischen AOA und GJT gibt. Eine senkende gerade Linie erfasst die Tendenz in den GJT-Daten schon ziemlich gut. Aber wie schaut diese Linie genau aus? Wir könnten zwar von Hand eine Gerade durch die Punktwolke ziehen, aber jeder zieht die Linie wohl an einer etwas anderen Stelle, siehe Abbildung 9.6. Eine prinzipiellere Herangehensweise wäre daher erwünscht.

9.3.1 Die einfache Regressionsgleichung

Ähnlich wie im letzten Kapitel können wir eine Gleichung aufschreiben, die die Datenpunkte in zwei Teile zerlegt: einen systematischen Teil, der die Gemeinsamkeiten zwischen allen Werten ausdrückt, und einen unsystematischen Teil, der die individuellen Unterschiede zwischen diesen Gemeinsamkeiten und den Werten ausdrückt. Diesmal können wir den Zusammenhang zwischen AOA und GJT als eine Gemeinsamkeit im Datensatz betrachten. Dieser Zusammenhang scheint linear, weshalb er als eine gerade Linie modelliert werden kann:

$$\text{Wert} = \text{Gemeinsamkeit (inkl. AOA-Zusammenhang)} + \text{Abweichung}.$$

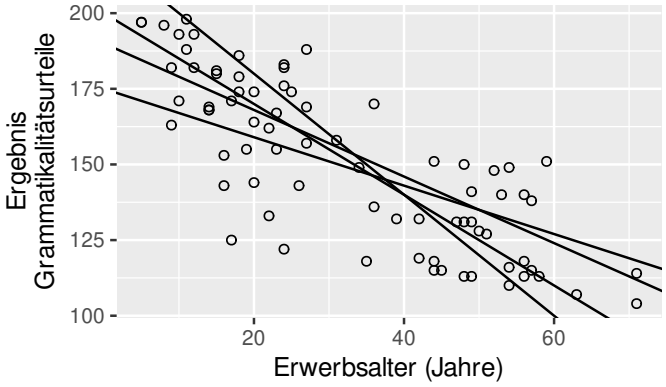


Abbildung 9.6: Wenn man von Hand eine gerade Linie durch die Punktwolke ziehen würde, zeichnet jeder die Linie wohl an einer anderen Stelle. Wir können aber Kriterien festlegen, die bewirken, dass alle die gleiche Linie zeichnen.

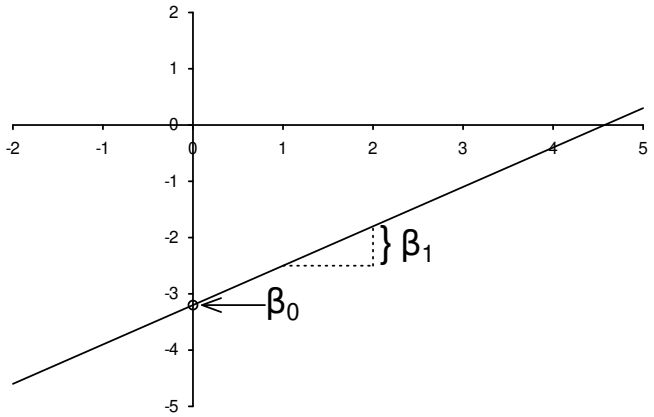


Abbildung 9.7: Schnittpunkt und Steigung einer Geraden.

Eine gerade Linie wird definiert durch einen Schnittpunkt (β_0; dies ist der y-Wert, wenn $x = 0$) und eine Steigung (β_1; diese sagt, um wie viele Punkte y steigt, wenn x um eine Einheit erhöht wird); siehe Abbildung 9.7.

Egal, wie wir β_0 und β_1 wählen: Die Linie $y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i$ wird die Daten nicht perfekt beschreiben: Es wird noch einen Restfehler (ε) geben. Jeder y-Wert (y_1, y_2 etc.) kann also umschrieben werden als die Kombination eines systematischen Teils ($\beta_0 + \beta_1 x_i$) und eines Restfehlers:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i. \tag{9.3}$$

Diese mathematische Beschreibung ist ein einfaches lineares Modell: 'einfach', weil y nur eine Funktion einer (statt mehrerer) Variablen (x) ist, und 'linear', weil y als eine Summe (und nicht etwa ein Produkt oder etwas Komplexeres) verschiedener Terme modelliert wird.

9.3.2 Die Parameter schätzen

β_0 und β_1 sind die **Parameter** der einfachen Regressionsgleichung, und unsere nächste Aufgabe ist es, diese Parameter so gut wie möglich zu schätzen. Dass wir diese Parameter nur schätzen und nicht wissen können, zeigt sich in einem Gedankenexperiment: Wenn wir die gleiche Studie nochmals unter den gleichen Bedingungen durchführen würden, aber mit anderen Teilnehmenden, würde das Streudiagramm ja nicht identisch aussehen. Wir würden aber davon ausgehen, dass beide Studien uns Informationen über den 'wahren' Zusammenhang zwischen AOA und GJT in dieser Population liefern. Dieser 'wahre' Zusammenhang—so unsere Annahme—wird durch die obige Regressionsgleichung beschrieben, aber auf der Basis empirischer Forschung kann der Zusammenhang höchstens approximiert werden.

Im Prinzip gibt es unendlich viele Möglichkeiten, β_0 und β_1 auszuwählen, sodass die Gleichung aufgeht (wie Abbildung 9.6 illustriert), aber uns interessieren nur die β_0- und β_1-Werte der optimalen Geraden. Um diese zu schätzen, müssen wir definieren, was 'optimal' in diesem Kontext heisst. Wie im letzten Kapitel besprochen wurde, ist das am meisten verwendete Optimierungskriterion die Methode der kleinsten Quadrate, wonach die optimale Linie jene Gerade ist, die die Summe der quadrierten Restfehler ($\sum_{i=1}^{n} \widehat{\varepsilon_i}^2$) minimiert. Wir können diese Summe für unterschiedliche Kombinationen von $\widehat{\beta_0}$- und $\widehat{\beta_1}$-Werten berechnen.

- Sind $\widehat{\beta_0} = 185$ und $\widehat{\beta_1} = -2$, dann ist

$$\sum_{i=1}^{n} \widehat{\varepsilon_i}^2 = \sum_{i=1}^{n} (y_i - (185 - 2x_i))^2 = 107121.$$

  In R berechnet man dies so:

```
> sum((d$GJT - (185 - 2*d$AOA))^2)

[1] 107121
```

- Sind $\widehat{\beta_0} = 190$ und $\widehat{\beta_1} = -1.5$, dann ist

$$\sum_{i=1}^{n} \widehat{\varepsilon_i}^2 = \sum_{i=1}^{n} (y_i - (190 - 1.5x_i))^2 = 28810.$$

  In R:

```
> sum((d$GJT - (190 - 1.5*d$AOA))^2)

[1] 28810.25
```

$\widehat{\beta} = (190, -1.5)$ ist also optimaler als $\widehat{\beta} = (180, -2)$. Abbildung 9.8 zeigt die Summe der quadrierten Restfehler für unterschiedliche $(\widehat{\beta_0}, \widehat{\beta_1})$-Kombinationen; Kombinationen nahe bei $(190, -1.2)$ haben die kleinste Summe der quadrierten Restfehler.

In der Praxis ackert man nicht zig Parameterkombinationen durch, um die optimale zu finden. Der Vorteil der Methode der kleinsten Quadrate ist, dass man die optimalen Parameterschätzungen schnell analytisch finden kann, und zwar so:

$$\widehat{\beta_1} = r_{xy} \frac{s_y}{s_x},$$

$$\widehat{\beta_0} = \bar{y} - \widehat{\beta_1} \bar{x}. \tag{9.4}$$

Hier steht r_{xy} für die Pearsonkorrelation zwischen x und y in der Stichprobe. s_x, s_y stehen für die Stichprobenstandardabweichungen von x bzw. y. $\bar{x}$ ist das Stichprobenmittel von x. Der Beweis für diese Formeln wird hier nicht reproduziert. Für die Daten von DeKeyser et al. (2010) sieht das Ergebnis dieser Berechnungen so aus:

```
> beta1_hat <- cor(d$AOA, d$GJT) * sd(d$GJT) / sd(d$AOA)
> beta1_hat

[1] -1.217977

> beta0_hat <- mean(d$GJT) - beta1_hat * mean(d$AOA)
> beta0_hat

[1] 190.4086
```

Einfacher geht es mit der `lm()`-Funktion:

```
> aoa.lm <- lm(GJT ~ AOA, data = d)
> aoa.lm


Call:
```

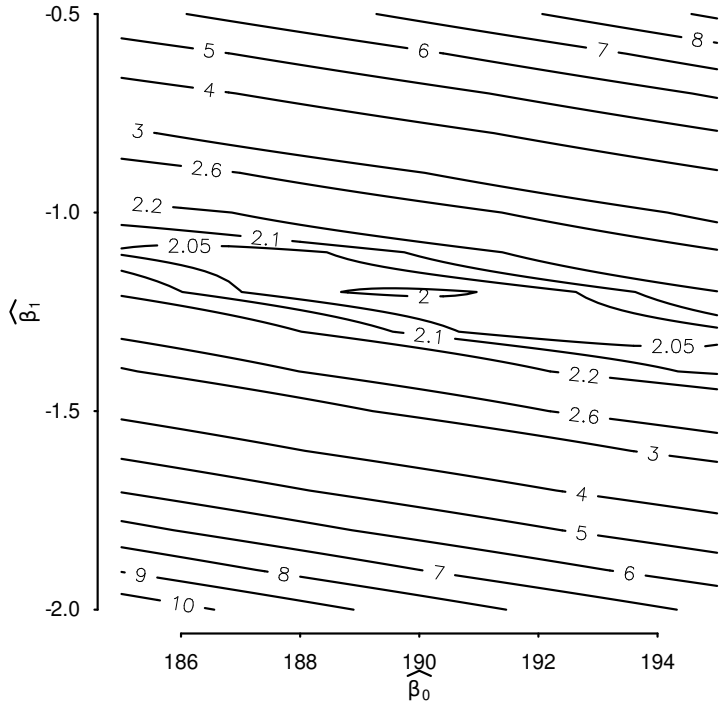


Abbildung 9.8: Die Summe der quadrierten Restfehler (geteilt durch 10'000) der GJT-Daten für unterschiedliche Parameterschätzungen. Diese Grafik kann wie eine topografische Karte gelesen werden; die Linien sind sozusagen Höhenlinien. Für Schnittpunkte nahe bei 190 und Steigungen nahe bei -1.2 wird diese Summe minimiert; bei diesen Koordinaten gibt es sozusagen einen Kessel.

```
lm(formula = GJT ~ AOA, data = d)

Coefficients:
(Intercept)          AOA
    190.409       -1.218
```

`(Intercept)` ist hier $\widehat{\beta_0}$, also der Schnittpunkt der Regressionsgeraden mit der y-Achse. `AOA` ist $\widehat{\beta_1}$ und zeigt, um wie viele Einheiten die Gerade steigt oder senkt, wenn man entlang der `AOA`-Achse eine Einheit nach rechts geht.

9.4 Regressionsgeraden zeichnen

Das Ergebnis einer Regressionsanalyse kann auch grafisch dargestellt werden, indem man dem Streudiagramm die Regressionsgerade hinzufügt (Abbildung 9.9):

```
> ggplot(data = d,
+        aes(x = AOA,
+            y = GJT)) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   # Mit geom_abline() wird dem Streudiagramm eine Gerade hinzugefügt.
+   geom_abline(intercept = 190.41, slope = -1.218)
```

Eine alternative Methode ist die folgende. Wenn man bei `geom_smooth()` als Methode `"lm"` einstellt, wird das Regressionsmodell von `ggplot()` berechnet. Im Code unten habe ich den Parameter `se` auf `FALSE` gestellt; im nächsten Abschnitt wird klar warum.

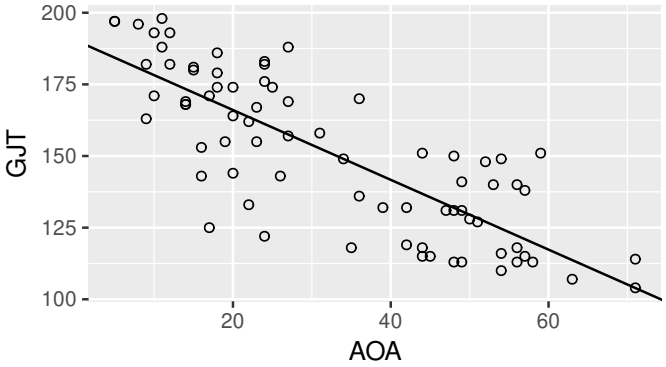


Abbildung 9.9: Ein Streudiagramm mit einer Regressionsgeraden. Die Regressionsgerade erfasst die modellierte zentrale Tendenz (genauer: das GJT-Mittel) für die unterschiedlichen AOA-Werte.

```
> # Nicht gezeichnet
> ggplot(data = d,
+        aes(x = AOA, y = GJT)) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   geom_smooth(method = "lm", se = FALSE)
```

Aber was stellt diese Gerade genau dar? Mit dem Regressionsmodell versuchten wir die GJT-Werte (y_i) als eine Funktion der AOA-Werte (x_i) und eines Restfehlers (ε_i) zu modellieren:

$$y_i = \widehat{\beta_0} + \widehat{\beta_1} x_i + \widehat{\varepsilon_i}.$$

Auf der Regressionsgeraden ($\widehat{\beta_0} + \widehat{\beta_1} x_i$) liegen die y_i-Werte abzüglich des Restfehlers, also

$$\widehat{y_i} = \widehat{\beta_0} + \widehat{\beta_1} x_i.$$

Wie man diese $\widehat{y_i}$-Werte konzeptuell interpretieren kann, ist einfacher zu erklären, wenn wir uns zuerst anschauen, wie man die Unsicherheit in den Parameterschätzungen quantifizieren kann.

9.4.1 Unsicherheit in Parameterschätzungen schätzen

Die Parameterschätzungen $\widehat{\beta}$ werden aufgrund des Stichprobenfehlers von Stichprobe zu Stichprobe mehr oder weniger voneinander abweichen. Da $\widehat{\beta}$ aus Schätzungen besteht, ist auch die Regressionsgerade nur eine Schätzung. Um die Unsicherheit in den Parameterschätzungen und in der Regressionsgeraden zu quantifizieren, können wir uns wiederum auf den Bootstrap oder auf algebraische Methoden verlassen.

Mit dem Bootstrap

Das Bootstrappen eines linearen Modells mit einem Prädiktor verläuft analog zum Bootstrappen eines linearen Modells ohne Prädiktor. Zuerst wird hier die Methode aus Abschnitt 8.4.1 (semiparametrischer Bootstrap) aufs lineare Modell mit einem Prädiktor angewandt:

1. Man berechnet $\widehat{\beta}$ (also $\widehat{\beta_0}$ und $\widehat{\beta_1}$) und erhält dazu auch noch $\widehat{\varepsilon}$.
2. Man zieht eine Bootstrap-Stichprobe aus $\widehat{\varepsilon}$. Nenne diese $\widehat{\varepsilon}^*$.
3. Man kombiniert $\widehat{\beta_0}$, $\widehat{\beta_1} x_i$ und $\widehat{\varepsilon}^*$. Dies ergibt eine neue Reihe von y-Werten: $y_i^* = \widehat{\beta_0} + \widehat{\beta_1} x_i + \widehat{\varepsilon_i}^*$.
4. Auf der Basis von y_i^* wird $\widehat{\beta}$ erneut geschätzt.

5. Schritte 2–4 werden ein paar tausend Mal ausgeführt, sodass man die Verteilung der gebootstrappten β-Schätzungen erhält.

In R-Code:

```
> runs <- 20000
>
> # Wir werden 20'000 Bootstrapschätzungen pro Parameter haben.
> # Diese speichern wir in einer Matrix mit 20'000 Zeilen und 2 Spalten.
> bs_beta <- matrix(nrow = runs, ncol = 2)
>
> for (i in 1:runs) {
+   # Residuen des Modells bootstrappen (resampling with replacement)
+   bs_residuals <- sample(resid(aoa.lm),
+                          size = length(resid(aoa.lm)),
+                          replace = TRUE)

+   # Modellvorhersagen mit gebootstrappten Residuen kombinieren
+   bs_GJT <- predict(aoa.lm) + bs_residuals

+   # Modell neu rechnen mit gebootstrappten GJT-Daten.
+   # d$AOA enthält die AOA-Daten des ursprünglichen Datensatzes
+   # und zählt also 76 Beobachtungen.
+   resampled.lm <- lm(bs_GJT ~ d$AOA)

+   # Parameterschätzungen in neue Zeile der Matrix speichern:
+   bs_beta[i, ] <- coef(resampled.lm)
+ }
> # Erste 6 Zeilen anzeigen:
> head(bs_beta)
         [,1]      [,2]
[1,] 191.8229 -1.289491
[2,] 184.2666 -1.053764
[3,] 187.7258 -1.161843
[4,] 185.9599 -1.181903
[5,] 197.2874 -1.446598
[6,] 182.4883 -1.085926
```

Man bemerke übrigens die Verwendung von '[' statt '[[' in der letzten Zeile der *for*-Schleife: Jetzt schreiben wir nämlich mehr als einen Wert in die Matrix.

Die Verteilungen der Bootstrapschätzungen können wie gehabt mit Histogrammen gezeichnet werden; siehe Abbildung 9.10.

```
> # Ergebnisse in tibble giessen
> bs_beta_tbl <- tibble(Schnittpunkt = bs_beta[, 1],
+                       Steigung = bs_beta[, 2])
>
> # Grafik zeichnen
> bs_beta_tbl |>
+   # Schätzungen alle in gleiche Spalte
+   pivot_longer(cols = everything(),
+                names_to = "Parameter",
+                values_to = "Estimate") |>
+   ggplot(aes(x = Estimate)) +
+   geom_histogram(fill = "lightgrey", col = "black", bins = 50) +
+   # facet_wrap zeichnet separate Grafiken je nach (hier) Parameter
+   facet_wrap(vars(Parameter), scales = "free") +
+   xlab("Bootstrapschätzung") +
+   ylab("Anzahl")
```

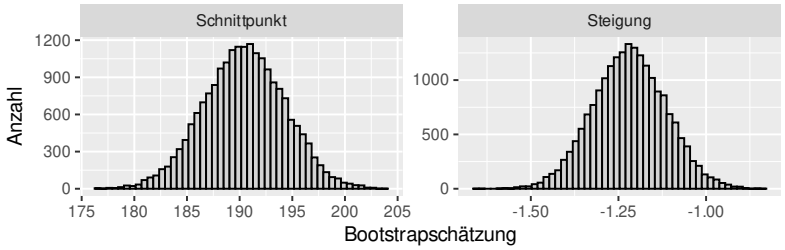


Abbildung 9.10: Verteilung der Bootstrap-Schätzungen der Parameter im Regressionsmodell `aoa.lm`.

Da diese Verteilungen normalverteilt aussehen, können die Konfidenzintervalle (hier: 90%) sowohl mit der `quantile()`- als auch mit der `qnorm()`-Funktion berechnet werden; die Ergebnisse sind einander nahezu identisch.

```
> # Perzentilmethode
> quantile(bs_beta_tbl$Schnittpunkt, probs = c(0.05, 0.95)) # Schnittpunkt

      5%      95%
184.0892 196.7159

> quantile(bs_beta_tbl$Steigung, probs = c(0.05, 0.95)) # Steigung

       5%       95%
-1.388537 -1.049464

> # Kürzer mit apply(). Die '2' heisst, dass die Funktion
> # 'quantile' pro Spalte und nicht pro Zeile ausgeführt werden soll.
> apply(bs_beta, 2, quantile, probs = c(0.05, 0.95))

        [,1]      [,2]
5%  184.0892 -1.388537
95% 196.7159 -1.049464
```

`coef(aoa.lm)` gibt zwei Werte aus: die Schätzung des Schnittpunkts und die Schätzung der Steigung:

```
> coef(aoa.lm)

(Intercept)         AOA
 190.408634   -1.217977
```

Um den ersten Wert zu selektieren, kann auch `coef(aoa.lm)[[1]]` verwendet werden, daher:

```
> # qnorm
> coef(aoa.lm)[[1]] + qnorm(c(0.05, 0.95)) * sd(bs_beta_tbl$Schnittpunkt)

[1] 184.0646 196.7527

> coef(aoa.lm)[[2]] + qnorm(c(0.05, 0.95)) * sd(bs_beta_tbl$Steigung)

[1] -1.388678 -1.047275
```

Die Standardabweichungen der Bootstrapschätzungen schätzen den relevanten Standardfehler:

```
> apply(bs_beta, 2, sd)

[1] 3.856910 0.103779
```

Die Bootstrapschätzungen können auch verwendet werden, um die Unsicherheit in der Regressionsgeraden grafisch darzustellen. Wir können zum Beispiel die Bootstrapschätzung des Schnittpunktes und der Steigung abrufen und anhand derer Regressionsgeraden zeichnen. Der Übersichtlichkeit halber werden hier nur die ersten vier Bootstrapschätzungen gezeigt. Bei Ihnen werden diese aufgrund der Zufälligkeit im Bootstrap natürlich anders aussehen. Die entspre-

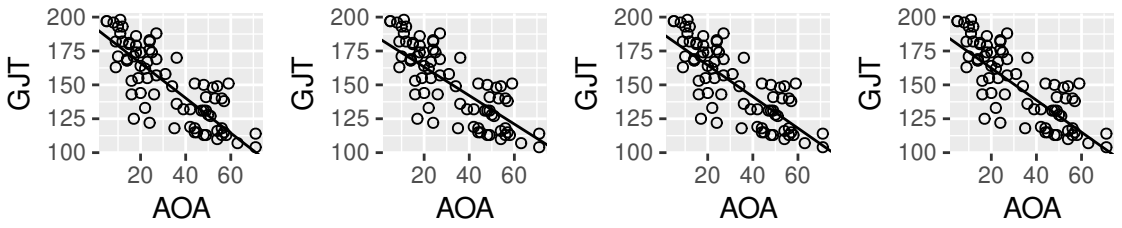


Abbildung 9.11: Regressionsgeraden, die anhand der 1., 2., 3. und 4. Bootstrapschätzungen des Schnittpunktes und der Steigung gezeichnet wurden. Die Grafiken sind einander recht ähnlich, aber nicht identisch.

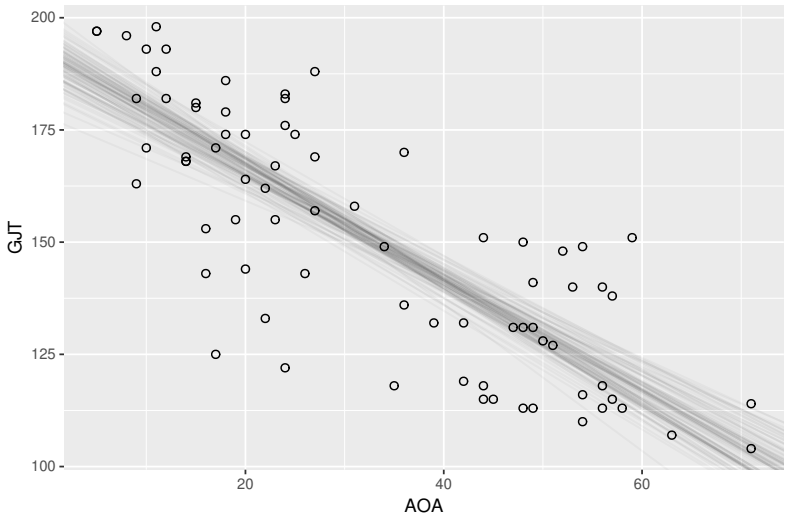


Abbildung 9.12: Regressionsgeraden, die auf der Basis von 100 Bootstrapschätzungen des Schnittpunktes und der Steigung gezeichnet wurden.

chenden Regressionsgeraden sieht man in Abbildung 9.11:

```
> head(bs_beta, 4)

         [,1]      [,2]
[1,] 191.8229 -1.289491
[2,] 184.2666 -1.053764
[3,] 187.7258 -1.161843
[4,] 185.9599 -1.181903
```

In Abbildung 9.12 mache ich nochmals das Gleiche, aber diesmal mit 100 Schätzungen. Für die Interessierten zeige ich diesmal auch den Code. Wie Sie sehen können, kommen die Regressionsgeraden für durchschnittliche AOA-Werte einander ziemlich nahe, aber nahe den Minimum- und Maximumwerten fächern sie sich auf.

```
> plot_konfidenzband <- ggplot(data = d,
+                              aes(x = AOA, y = GJT)) +
+   geom_point(shape = 1)
>
> for (i in 1:100) {
+   plot_konfidenzband <- plot_konfidenzband +
+     geom_abline(intercept = bs_beta[i, 1],
+                 slope = bs_beta[i, 2],
+                 alpha = 1/30)
+ }
> plot_konfidenzband
```

Statt diese Regressionsgeraden einzeln darzustellen, färbt man in der Regel das Band, in das diese Geraden mehrheitlich fallen, ein. Analog zum Konfidenzintervall nennt man dieses dann ein **Konfidenzband**. Der nächste Abschnitt erklärt, wie man Konfidenzbänder mittels Bootstrapping konstruieren kann, aber dieses können Sie gerne überspringen.

Konfidenzbänder mit dem Bootstrap konstruieren. Die Idee ist die folgende. Man definiert eine Reihe von x-Werten, an denen man das Konfidenzband zeichnen möchte. In unserem Fall handelt es sich einfach um eine Handvoll Zahlen zwischen dem AOA-Minimum und dem AOA-Maximum. Es spielt hier keine grosse Rolle, wie viele Werte man festlegt.

```
> neue_aoa <- seq(from = min(d$AOA), to = max(d$AOA), by = 1)
> # also 5, 6, 7, etc., 69, 70, 71
```

Man nimmt die Bootstrapschätzungen des Schnittpunkts ($\widehat{\beta_0}^*$) und der Steigung ($\widehat{\beta_1}^*$) und man berechnet für jedes Paar von Schätzungen den $\widehat{y}$-Wert für jeden x-Wert. Zum Beispiel ist (in meinem Fall) das erste Paar Bootstrapschätzungen:

```
> bs_beta[1, ]

[1] 191.822911  -1.289491
```

Der Vektor von $\widehat{y}$-Werten für dieses Paar von Bootstrapschätzungen ist daher:

```
> # 191.82 + (-1.29) * 5, 191.82 + (-1.29) * 6, usw.
> bs_beta[1, 1] + bs_beta[1, 2] * neue_aoa

 [1] 185.3755 184.0860 182.7965 181.5070 180.2175 178.9280
 [7] 177.6385 176.3490 175.0595 173.7700 172.4805 171.1910
[13] 169.9016 168.6121 167.3226 166.0331 164.7436 163.4541
[19] 162.1646 160.8751 159.5856 158.2961 157.0066 155.7172
[25] 154.4277 153.1382 151.8487 150.5592 149.2697 147.9802
[31] 146.6907 145.4012 144.1117 142.8222 141.5327 140.2433
[37] 138.9538 137.6643 136.3748 135.0853 133.7958 132.5063
[43] 131.2168 129.9273 128.6378 127.3483 126.0589 124.7694
[49] 123.4799 122.1904 120.9009 119.6114 118.3219 117.0324
[55] 115.7429 114.4534 113.1639 111.8744 110.5850 109.2955
[61] 108.0060 106.7165 105.4270 104.1375 102.8480 101.5585
[67] 100.2690
```

Diese Übung machen wir für alle Paare von Bootstrapschätzungen—in unserem Fall also 20'000 Mal. Mit einer *for*-Schleife kann man dies übersichtlich tun. Da das Ergebnis jeder Iteration aber einen Vektor mit so vielen Elementen wie (hier) `neue_aoa` ist, ist es praktischer, diese Werte in einer Matrix zu speichern als in 20'000 Vektoren. Diese Schritte kann man auch mit Matrizenalgebra ausführen, aber ich vermute, dass ein *for*-Schleife das Verfahren transparenter macht.

```
> # Matrix mit den Vorhersagen:
> # wir brauchen 20'000 Zeilen (Anzahl Bootstraps)
> # und so viele Spalten wie es vorherzusagende Werte pro Bootstrap gibt
> bs_y_hat <- matrix(nrow = runs, # die Anzahl Bootstraps
+                    ncol = length(neue_aoa)) # die Anzahl y-hat-Werte
>
> # Für jedes Paar von Bootstrapschätzungen,
> for (i in 1:runs) {
+   # berechne die 'vorhergesagten' y-Werte für
+   # jedes Element von neue_aoa und speichere diese
+   bs_y_hat[i, ] <- bs_beta[i, 1] + bs_beta[i, 2]*neue_aoa
+ }
```

Sie können diese Matrix mit etwa `head(bs_y_hat)` inspizieren. Um das 95%-Konfidenzband zu konstruieren, schlagen wir nun das 2.5. und das 97.5. Perzentil jeder Spalte nach. Die 2.5. Perzentile bilden die untere Grenze des Konfidenzbandes; die 97.5. die obere. Dazu verwende ich hier

die `apply()`-Funktion, mit der man eine Funktion (hier `quantile()` mit dem Zusatzparameter `probs = 0.025`) bequem auf alle Spalten oder Zeilen einer Matrix (hier `bs_y_hat`) evaluieren kann. Die Zahl 2 spezifiziert, dass die Funktion pro Spalte evaluiert werden soll; 1 hiesse, dass sie pro Zeile zu evaluieren ist.

```
> unten_95 <- apply(bs_y_hat, 2, quantile, probs = 0.025)
> oben_95 <- apply(bs_y_hat, 2, quantile, probs = 0.975)
```

Das 80%-Konfidenzband würde man so konstruieren:

```
> unten_80 <- apply(bs_y_hat, 2, quantile, probs = 0.10)
> oben_80 <- apply(bs_y_hat, 2, quantile, probs = 0.90)
```

Man kann auch noch das Mittel jeder Spalte berechnen. Dies ergibt ungefähr die Regressionsgerade:

```
> mittel <- apply(bs_y_hat, 2, mean)
```

Wenn man die Grafik mit `ggplot2()` zeichnen möchte, muss man diese Werte noch in ein tibble giessen:

```
> konfidenzband_tbl <- tibble(neue_aoa, mittel,
+                             unten_95, oben_95,
+                             unten_80, oben_80)
```

Zeichnen kann man das Konfidenzband dann so:

```
> ggplot(data = konfidenzband_tbl,
+        aes(x = neue_aoa)) +
+   # 95% Konfidenzband leicht
+   geom_ribbon(aes(ymin = unten_95,
+                   ymax = oben_95),
+               fill = "lightgrey") +
+   # 80% Konfidenzband dunkel
+   geom_ribbon(aes(ymin = unten_80,
+                   ymax = oben_80),
+               fill = "darkgrey") +
+   # Mittel (~ Regressionsgerade)
+   geom_line(aes(y = mittel)) +
+   # ev. auch noch die Rohdaten plotten.
+   # Diese stehen in einem anderen tibble.
+   geom_point(data = d,
+              aes(x = AOA, y = GJT),
+              shape = 1) +
+   xlab("Erwerbsalter") +
+   ylab("GJT-Ergebnis")
```

Identisch und unabhängig verteilte Restfehler. Beim Einschätzen der Unsicherheit in den Parameterschätzungen und in der Regressionsgeraden haben wir eine grundlegende Annahme gemacht, die bisher noch nicht diskutiert wurde. Beim Bootstrappen haben wir auf der Basis der beobachteten Residuen zufällig neue Vektoren mit Residuen ($\widehat{\varepsilon}^*$) generiert und diese dann mit den $\widehat{y}$-Werten kombiniert. Dieser Schritt ist nur verteidigbar, wenn zwei Bedingungen gleichzeitig erfüllt sind:

1. Die Verteilung des Restfehler, inklusive ihre Streuung, ist für alle $\widehat{y}$-Werte gleich ('identisch verteilte Restfehler', 'Homoskedastizitätsannahme'). Zum Beispiel sollte es genauso plausibel sein, dass ein Restfehler von 25 auftaucht, wenn der $\widehat{y}$-Wert 120 ist als wenn er 180 ist. Sonst wäre es ja nicht sinnvoll gewesen, die Restfehler beim Bootstrappen komplett zufällig durcheinander zu werfen.
2. Die Restfehler bilden keine Klumpen. Anders gesagt, wenn wir den Restfehler einer bestimmten Beobachtung kennen, liefert uns dies nicht mehr Informationen über gewisse

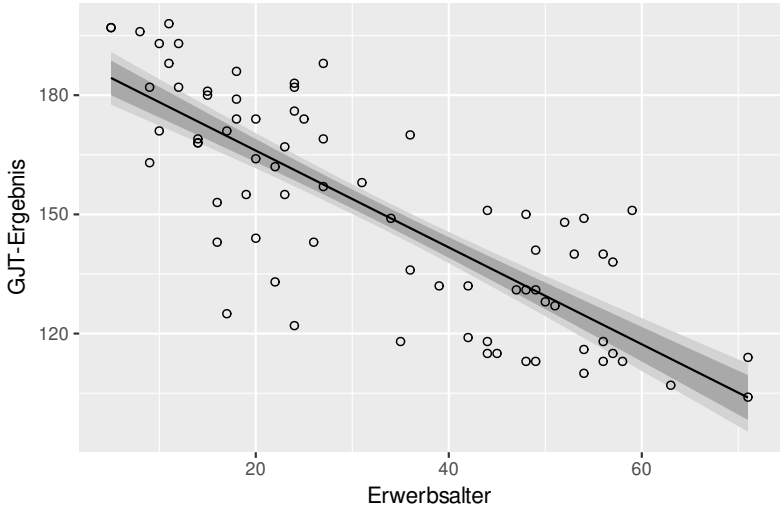


Abbildung 9.13: Regressionsgerade mit 80%- und 95%-Konfidenzbändern, die mittels Bootstrapping berechnet wurden.

weitere Restfehler als über andere ('unabhängig verteilte Restfehler', 'Unabhängigkeitsannahme'). Wiederum wäre es sonst ja nicht sinnvoll gewesen, die Restfehler komplett zufällig durcheinander zu werfen, sondern hätten wir die Restfehler grüppchenweise neu zuordnen müssen.

Ein paar Beispiele, um diese Bedingungen anschaulicher zu machen:

- Es kann durchaus vorkommen, dass die Streuung um die Regressionsgerade systematisch zu- oder abnimmt für grössere $\widehat{y}$-Werte. Abbildung 9.14 auf der nächsten Seite zeigt zwei klare Beispiele.
- Jemand möchte die durchschnittliche Länge von [i]-Produktionen von Bernern schätzen und wählt zufällig 25 Berner aus. (So weit, so gut.) Jeder Sprecher liest 50 Wörter mit einem [i:] vor. Die Vokallängen eines beliebigen Sprechers sind sich aber denkbar ähnlicher als die Vokallängen unterschiedlicher Sprecher: Manche Sprecher werden eher überdurchschnittlich lange Vokale produzieren, manche eher unterdurchschnittlich. Die Restfehler ('über-/unterdurchschnittlich') der einzelnen Produktionen sind also nicht unabhängig voneinander, sondern bilden pro Sprecher Klumpen.
- Ausserdem ist es wahrscheinlich, dass das [i:] in bestimmten phonologischen Kontexten unterschiedlich schnell ausgesprochen wird. Die Restfehler bilden also auch pro phonologischen Kontext (oder pro Wort) Klumpen.

Wenn die sogenannte 'i.i.d.'-Bedingung (*identically and independently distributed*) nicht erfüllt ist, dann ist es möglich, dass es effizientere Arten und Weisen gibt, um die Modellparameter zu schätzen. Damit ist Folgendes gemeint: Wenn Regressionsparameter mit der Methode der kleinsten Quadrate geschätzt werden, dann sind diese Schätzungen weder tendenziell Überschätzungen noch tendenziell Unterschätzungen—die Schätzungen sind also unverzerrt. Es gibt aber auch andere Methoden, um diese Parameter unverzerrt zu schätzen.[1] Wenn die 'i.i.d.'-Bedingung erfüllt, ist es ausserdem so, dass die Methode der kleinsten Quadrate Schätzungen liefert, die von Stichprobe zu Stichprobe am wenigsten voneinander abweichen. Ist die 'i.i.d.'-Bedingung nicht erfüllt, dann ist es möglich, dass eine andere unverzerrte Schätzungsmethode Schätzungen liefert, die von Stichprobe zu Stichprobe weniger variieren.

Wichtiger ist aber, dass die Schätzung der Unsicherheit betroffen ist. Insbesondere bei einer Verletzung der Unabhängigkeitsannahme wird die Unsicherheit in den Parameterschätzungen

[1] Um einzusehen, dass es vorkommen kann, dass zwei Methoden beide unverzerrte aber unterschiedliche Schätzungen liefern, kann man sich die folgende Methode überlegen, um das Mittel einer Stichprobe zu schätzen: Berechne das Stichprobenmittel wie gehabt und addiere bzw. subtrahiere mit einer Wahrscheinlichkeit von jeweils 50% 1'000 Einheiten zum bzw. vom Mittel. Das Resultat ist ebenfalls eine unverzerrte Schätzung des Populationsmittels, da sich die +1'000 und -1'000 über viele Stichproben hinweg ja ausgleichen.

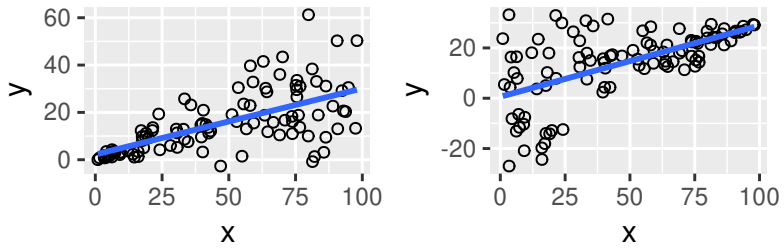


Abbildung 9.14: Die Streuung in beiden Streudiagrammen variiert erheblich je nach dem x- oder $\hat{y}$-Wert.

unterschätzt. Dies gilt nicht nur beim Bootstrappen, sondern auch beim Verwenden des zentralen Grenzwertsatzes oder von t-Verteilungen. Im Beispiel mit den [i:] könnten wir also nicht den Standardfehler der durchschnittlichen Vokallänge berechnen, indem wir die Streuung in den Produktionen teilen durch die Wurzel von 1'250 ($25 \cdot 50$).

Typische Verletzungen der Unabhängigkeitsannahme können mit sog. gemischten Modellen behoben werden; siehe Kapitel 19 für Literaturvorschläge. Für Verletzungen der Homoskedastizitätsannahme bieten sich eine andere Erweiterung des linearen Modells an (siehe Zuur et al., 2009). Eine alternative Lösung ist, den Bootstrap anders durchzuführen (siehe Efron & Tibshirani, 1993, Abschnitt 9.5). Aber der wichtigste Grund, weshalb wir überhaupt den Bootstrap verwenden, ist, um die traditionellere Methoden besser zu verstehen, und diese angepassten Bootstraps sind für diesen Zweck weniger geeignet.

Bootstrappen unter der Normalitätsannahme

Wenn wir annehmen wollen, dass die Residuen nicht nur identisch und unabhängig, sondern auch noch normalverteilt sind, können wir die $\hat{\varepsilon}^*$-Vektoren auch mit der `rnorm()`-Funktion generieren. Das Vorgehen ist komplett analog zu dem in Abschnitt 8.4.2 auf Seite 86 beschriebenen. Unsere Annahmen können expliziter gemacht werden:

$$\begin{aligned} y_i &= \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i, \\ \varepsilon_i &\sim N(0, \sigma_\varepsilon^2). \end{aligned} \tag{9.5}$$

Der neue Teil $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ macht klar, dass wir annehmen, dass die Restfehler aus einer Normalverteilung mit Mittel 0 und Varianz σ_ε^2 stammen. σ_ε^2 ist ein einziger (obgleich unbekannter) Wert, sodass klar ist, dass wir davon ausgehen, dass die Streuung der Residuen nicht von x (und somit $\hat{y}$ abhängt). Sowohl die Unabhängigkeits- als auch die Homoskedastizitätsannahme werden von dieser Annahme umfasst.

σ_ε ist zwar unbekannt, aber wird anhand der Stichprobe geschätzt; siehe Gleichung 8.2 auf Seite 87. Der folgende Code zeigt, wie die Bootstrapschätzungen des Schnittpunkts und der Steigung berechnet werden können. Abgesehen von der Konstruktion der $\hat{\varepsilon}^*$-Vektoren ist die Herangehensweise aber identisch zu jener des Bootstraps ohne die Normalitätsannahme aus dem letzten Abschnitt, sodass die anderen Schritte hier nicht mehr wiederholt werden.

```
> runs <- 20000
>
> bs_beta <- matrix(nrow = runs, ncol = 2)
>
> for (i in 1:runs) {
+   # Residuen aus Normalverteilung generieren
+   bs_residuals <- rnorm(n = length(resid(aoa.lm)), # hier: 76
+                         mean = 0,
+                         sd = sigma(aoa.lm))

+   bs_GJT <- predict(aoa.lm) + bs_residuals
```

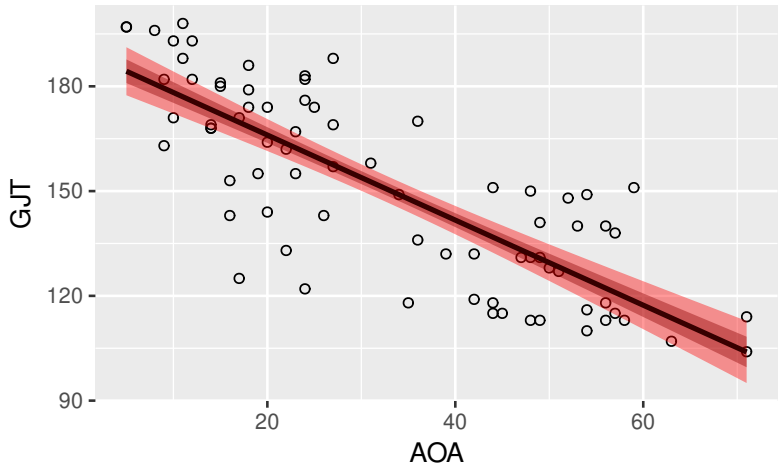


Abbildung 9.15: Regressionsgerade mit 67%- und 95%-Konfidenzband. Konfidenzbänder von Regressionsmodellen sind übrigens am schmalsten beim durchschnittlichen x-Wert.

```
+   resampled.lm <- lm(bs_GJT ~ d$AOA)
+   bs_beta[i, ] <- coef(resampled.lm)
+ }
```

Mit *t*-Verteilungen

Wenn wir ohnehin davon ausgehen, dass die Residuen (i.i.d.) normalverteilt sind, können wir den Standardfehler, die Konfidenzintervalle und das Konfidenzband auch algebraisch anhand der *t*-Verteilungen berechnen. Dadurch wird auch die Unterschätzung von σ_ε durch $\widehat{\sigma_\varepsilon}$ mitberücksichtigt. Bei 76 Beobachtungen und bloss zwei Parameterschätzungen wird diese Unterschätzung aber kaum merkbar sein.

```
> summary(aoa.lm)$coefficients
```

```
             Estimate Std. Error   t value     Pr(>|t|)
(Intercept) 190.408634  3.9040275  48.77236 5.209293e-58
AOA          -1.217977  0.1051385 -11.58450 2.728150e-18
```

```
> # 95%-Konfidenzintervalle nach t-Methode
> confint(aoa.lm, level = 0.95)
```

```
                2.5 %     97.5 %
(Intercept) 182.62969 198.187578
AOA          -1.42747  -1.008484
```

Mit `geom_smooth()` können *t*-basierte Konfidenzbänder sofort gezeichnet werden, siehe Abbildung 9.15.

```
> ggplot(data = d,
+        aes(x = AOA,
+            y = GJT)) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   geom_smooth(method = "lm", level = 0.95,
+               fill = "red", col = "black") +
+   geom_smooth(method = "lm", level = 0.67,
+               fill = "darkred", col = NA)
```

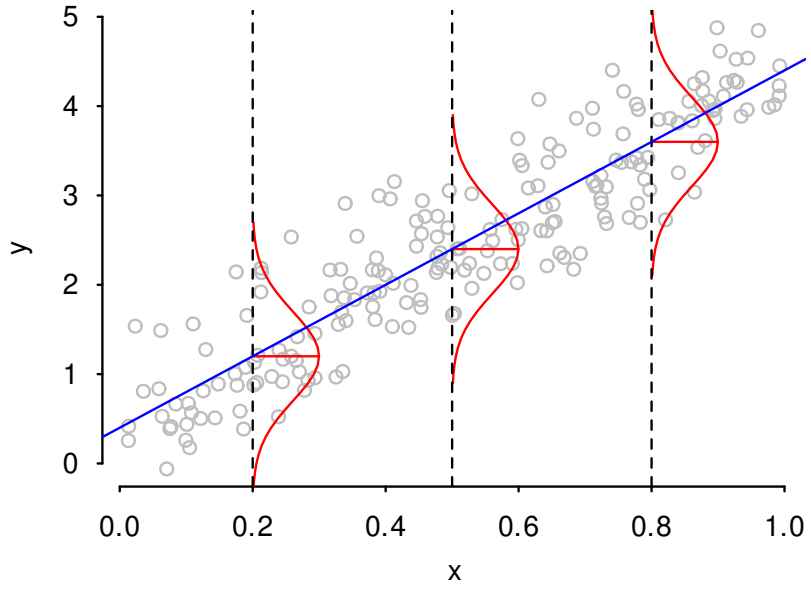


Abbildung 9.16: Wenn wir davon ausgehen, dass die Residuen i.i.d. verteilt sind, verbindet die Regressionsgerade die Mittel der y-Verteilungen für die unterschiedlichen x-Werte ('konditionelles Mittel'). In dieser Grafik sind die Residuen normalverteilt, aber dies ist keine Voraussetzung. Wenn die Residuen nicht normalverteilt sind, ist es jedoch möglich, dass das Mittel kein sehr relevantes Mass ist.

9.5 Regressionsgeraden interpretieren

Gleichung 9.5 auf Seite 111 ist nützlich, um die konzeptuelle Interpretation der Regressionsgeraden zu verstehen. Nach dieser Gleichung gehen wir davon aus, dass die Restfehler zufällig (und 'i.i.d.') aus einer Verteilung mit Mittel 0 stammen. Wenn wir unsere Stichprobe als Zufallsstichprobe aus einer Population auffassen, gehen wir also davon aus, dass in dieser Population die y-Werte für jeden x-Werte normalverteilt sind. Folglich liegen auf der Geraden $\beta_0 + \beta_1 x_i$ die Mittel der y-Verteilung **konditionell** auf x. Abbildung 9.16 stellt dieses Konzept grafisch dar. Die geschätzte Regressionsgerade stellt also die auf Basis der Stichprobe geschätzten konditionellen Mittel von y dar, während der Querschnitt des 95%-Konfidenzbands an einem bestimmten x-Wert das 95%-Konfidenzintervall des y-Mittels für diesen x-Wert darstellt.

Beispiele:

- Laut dem `aoa.lm`-Modell sind die geschätzten β-Parameter 190.4 und -1.22. Laut dem Modell ist die beste Schätzung der durchschnittlichen (Mittel) GJT-Leistung von Versuchspersonen mit einem AOA von 15 also $190.4 - 1.22 \cdot 15 = 172.1$. Dieses Ergebnis erhält man auch mit `predict()`:

```
> predict(aoa.lm, newdata = tibble(AOA = 15))

      1
172.139
```

  Bemerken Sie aber, dass es in unserem Datensatz zwei Versuchspersonen mit einem AOA von 15 gibt und dass ihr Durchschnittsergebnis nicht 172.1 ist:

```
> d |> filter(AOA == 15)

# A tibble: 2 x 2
    AOA   GJT
  <dbl> <dbl>
1    15   180
```

```
2    15   181
```

Inwiefern unsere modellbasierte Schätzung eine zuverlässigere Schätzung des konditionellen Mittels darstellt als das Mittel dieser beiden Werte, hängt von der Gültigkeit unserer Annahmen ab. Die Annahme eines linearen Zusammenhangs scheint hier doch auf jeden Fall nicht wahnsinnig daneben zu liegen. Konzeptuell gesprochen erlaubt uns diese Annahme, y-Mittel für bestimmte x-Werte besser zu schätzen, indem wir auch Information über den x–y-Zusammenhang, die wir aus den restlichen Daten ableiten, mit einbeziehen.

- Versuchspersonen mit einem AOA von 21 gibt es in der Stichprobe nicht. Nach der Regressionsgleichung wäre aber das Durchschnittsergebnis von Versuchspersonen mit diesem AOA in der Population etwa 165 Punkte.

```
> predict(aoa.lm, newdata = tibble(AOA = 21))

       1
164.8311
```

Dies ist ein Beispiel von **Intrapolation**, denn es gibt sowohl Versuchspersonen mit niedrigeren als mit höheren AOA-Werten in der Stichprobe.

- Versuchspersonen mit einem AOA von 82 gibt es in der Stichprobe auch nicht. Nach der Regressionsgleichung wäre aber das Durchschnittsergebnis von Versuchspersonen mit diesem AOA in der Population etwa 91 Punkte.

```
> predict(aoa.lm, newdata = tibble(AOA = 82))

       1
90.53455
```

Dies ist ein Beispiel von **Extrapolation**, denn das Maximumalter in der Stichprobe ist 71 Jahre.

- Das durchschnittliche (Mittel) AOA in der Stichprobe ist etwa 32.5 Jahre. Das geschätzte konditionelle GJT-Mittel für dieses Alter ist gleich dem Mittel der Stichprobe.

```
> predict(aoa.lm, newdata = tibble(AOA = mean(d$AOA)))

       1
150.7763
```

Dies ist natürlich kein Zufall, sondern ein allgemeines Phänomen. Wenn wir Gleichung 9.4 in die Regressiongleichung einsetzen, erhalten wir ja Folgendes:

$$\widehat{y_i} = \underbrace{\bar{y} - \widehat{\beta_1}\bar{x}}_{=\widehat{\beta_0}} + \widehat{\beta_1} x_i.$$

Für $x_i = \bar{x}$ erhalten wir also $\widehat{y_i} = \bar{y}$.

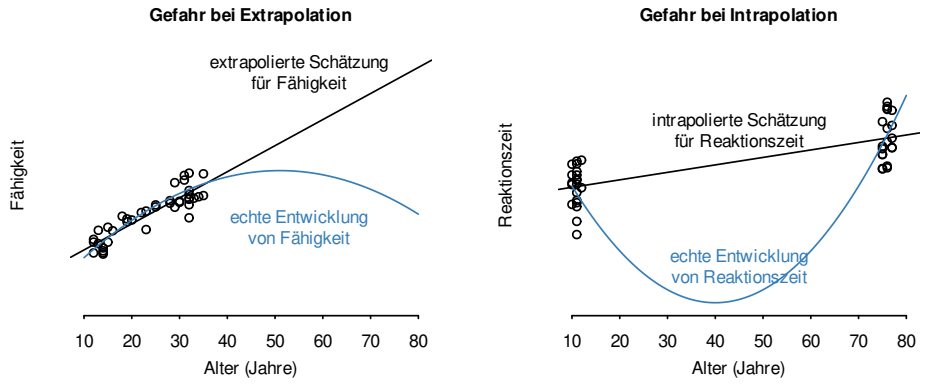
- Konfidenzintervalle um konditionelle Mittel können mit den oben beschriebenen Bootstrapmethoden berechnet werden, indem man das 'Konfidenzband' für nur einen x-Wert berechnet. Man kann aber auch `predict()` verwenden; dann wird das Konfidenzintervall auf der Basis der geeigneten t-Verteilung konstruiert.

```
> predict(aoa.lm, newdata = tibble(AOA = 35),
+         interval = "confidence", level = 0.80)

       fit      lwr      upr
1 147.7795 145.3246 150.2343
```

Einschub: Extra- und Intrapolation. Seien Sie vorsichtig mit Extrapolation: Wenn wir eine Stichprobe von Versuchspersonen zwischen 8 und 26 Jahren haben, ist es gefährlich, Aussagen über 5- oder 40-Jährige zu machen. Dies wird in der linken Abbildung illustriert: Eine Fähigkeit, die sich im Alter zwischen 10 und 35 entwickelt, hat nicht unbedingt die

gleiche Entwicklung ausserhalb dieses Bereichs. Eine Extrapolierung auf der Basis der Regressionsgeraden ist hier irreführend. Auch bei Intrapolation ist Vorsicht geboten. Aus den Daten in der rechten Grafik könnte man zum Beispiel die Schlussfolgerung ziehen, dass sich Reaktionszeiten im Alter graduell verlängern. Auch diese Schlussfolgerung dürfte zu kurz greifen.



Den Schnittpunkt interpretierbarer machen. Der geschätzte Schnittpunkt hat nicht unbedingt eine nützliche Interpretation. In unserem Fall stellt er die geschätzte Durchschnittsleistung von Versuchspersonen mit AOA 0 dar. Solche gibt es in der Stichprobe nicht, sodass diese Zahl eine Art Extrapolation darstellt. Sie können den Schnittpunkt interpretierbarer machen, indem Sie das Stichprobenmittel des Prädiktors von den Prädiktorwerten abziehen und mit diesen neuen Werten arbeiten. Diese Technik heisst **zentrieren** (*centring*). Ein Vorteil des Zentrierens ist, dass der geschätzte Schnittpunkt einem jetzt sofort auch sagt, was das Stichprobenmittel der y-Variable ist.

```
> # AOA zentrieren
> d$c.AOA <- d$AOA - mean(d$AOA)
>
> # Modell neu fitten
> aoa.lm <- lm(GJT ~ c.AOA, data = d)
>
> # Parameterschätzungen
> summary(aoa.lm)$coefficients
```

```
             Estimate Std. Error   t value     Pr(>|t|)
(Intercept) 150.776316  1.8807316  80.16897 1.120538e-73
c.AOA        -1.217977  0.1051385 -11.58450 2.728150e-18
```

Achten Sie aber darauf, dass eine Versuchsperson mit einem AOA von 35 jetzt für das Modell eine Versuchsperson mit einem `c.AOA` von $35 - \bar{x}_{AOA} = 2.46$ ist:

```
> predict(aoa.lm, newdata = tibble(c.AOA = 35 - mean(d$AOA)),
+         interval = "confidence", level = 0.80)
```

```
       fit      lwr      upr
1 147.7795 145.3246 150.2343
```

9.6 Modellannahmen überprüfen

Die Modellresiduen sollten grafisch dargestellt werden, um die Modellannahmen zu überprüfen. Leitfragen dabei sind unter anderem:

- Gibt es noch einen erkennbaren Zusammenhang zwischen den Residuen und den $\hat{y}$-Werten? Ein solcher Zusammenhang deutet darauf hin, dass der Zusammenhang zwischen einem oder mehreren Prädiktoren und dem outcome nicht-linear ist.

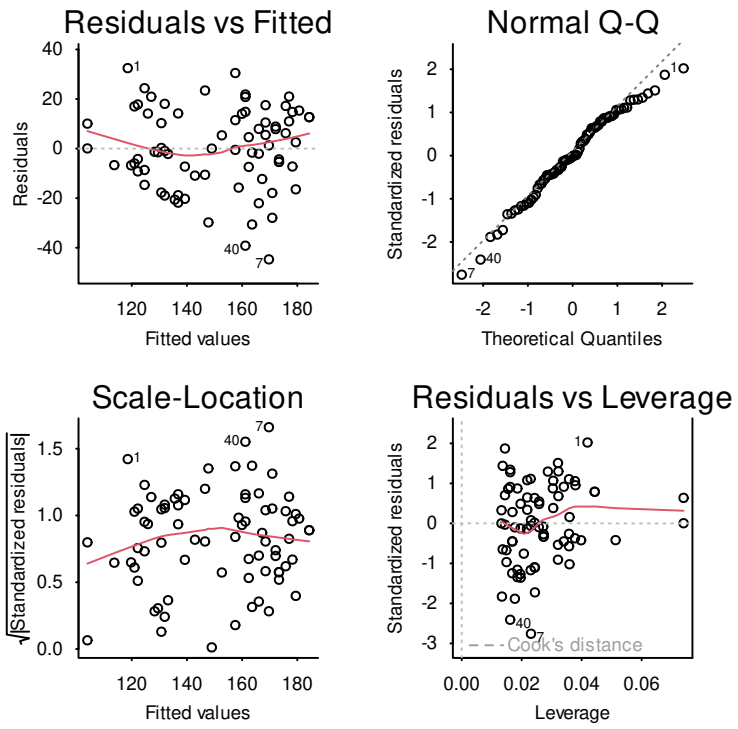


Abbildung 9.17: Grafische Modelldiagnose des `aoa.lm`-Modells mithilfe der `plot()`-Funktion. *Links oben:* Zusammenhang zwischen Residuen und $\hat{y}$. Die rote Trendlinie sollte ungefähr flach sein. Sonstige auffällige Muster wären auch unerwünscht. *Rechts oben:* Normalität der Residuen. Wenn die Residuen normalverteilt sind, liegen sie auf der gestrichelten Diagonale. *Links unten:* Streuung in den Residuen. Eine flache rote Trendlinie deutet auf Homoskedastizität hin. *Rechts unten:* Manchmal gibt es in dieser Grafik ein paar gestrichelte rote Linien. Datenpunkte, die jenseits dieser Linien liegen, dürften viel einflussreicher als andere Datenpunkte sein.

- Variiert die Streuung der Residuen mit $\hat{y}$ oder mit den Prädiktoren? Systematische Unterschiede in der Streuung der Residuen deuten darauf hin, dass der Restfehler 'heteroskedastisch' ist.
- Sind die Residuen ungefähr normalverteilt? Nicht-normalverteilte Residuen lassen vermuten, dass die Annahme, dass der Restfehler aus einer Normalverteilung stammt, nicht stimmt. Dies hätte einerseits Konsequenzen für die auf t-Verteilungen basierten Konfidenzintervalle und Konfidenzbänder. Andererseits, und wichtiger, sind die konditionellen Mittel, die die Regressionslinie darstellt, eventuell weniger relevant.
- Gibt es einzelne Datenpunkte, die einen viel stärkeren Einfluss aufs Regressionsmodell ausüben als die meisten? Das Problem mit einflussreichen Datenpunkten ist, dass sie etwa dazu führen können, dass das Modell einen leichten positiven Zusammenhang zwischen den Variablen findet, während für die meisten Datenpunkte ein starker negativer Zusammenhang vorliegt.

Abbildung 9.17 zeigt ein paar nützliche Grafiken, die man einfach mit `plot(aoa.lm)` generieren kann. Auf riesige Probleme in den Modellannahmen deuten diese Grafiken m.E. nicht hin. (Solche Probleme würde man ohnehin nicht erwarten, wenn man sich das Streudiagramm am Anfang dieses Kapitels angeschaut hat. In meiner Erfahrung stösst man selten auf Überraschungen, wenn man die Daten bereits ausführlich grafisch dargestellt hat.)

```
> # 4 Grafiken in 2x2-Raster zeichnen.
> # (Dies funktioniert nicht für ggplot!)
> par(mfrow = c(2, 2))
> # Modelldiagnosen darstellen
> plot(aoa.lm)
```

```
> # Ab jetzt wieder normal zeichnen.
> par(mfrow = c(1, 1))
```

Aufgrund des Stichprobenfehlers wird man oft—rein durch Zufall—Zusammenhänge und nicht-normalverteilte Residuen finden, sodass man ein bisschen Erfahrung braucht, um unbedeutende Muster in den Residuen von potenziellen Problemen zu unterscheiden. Ausserdem sind Modellannahmen gerade bei kleineren Stichproben schwieriger zu überprüfen. Für mehr Informationen hierzu, siehe *Checking model assumptions without getting paranoid* (25.4.2018) und Vanhove (2018). Siehe ausserdem *Before worrying about model assumptions, think about model relevance* (11.4.2019).

Das Thema Modellkritik wird weiter behandelt von unter anderem Baayen (2008), Cohen et al. (2003, Kapitel 4), Faraway (2005, Kapitel 4), Weisberg (2005, Kapitel 8–9) und Zuur et al. (2009, Kapitel 2). Statt sich zu sehr in technischen Details zu verlieren, halte ich es aber sinnvoller, sich stets die Relevanzfrage zu stellen (vgl. Blogeintrag 11.4.2019).

Aufgabe. Obwohl die Modelldiagnose nicht auf grössere Probleme hindeutet, können die Modellannahmen eigentlich gar nicht stimmen. Erklären Sie.

9.7 Aufgaben

1. Führen Sie folgende Analyse auf die `dekeyser2010.csv`-Daten aus:

   ```
   > plot(AOA ~ GJT, data = d)
   > gjt.lm <- lm(AOA ~  GJT, data = d)
   > summary(gjt.lm)
   ```

   (a) Erklären Sie, was Sie gerade berechnet haben. Was bedeuten die geschätzten Parameter? Wieso ist das Intercept so gross? Was bedeutet das Intercept?

   (b) Welches Modell finden Sie am sinnvollsten: `aoa.lm` oder `gjt.lm`? Warum?

2. Die Datei `vanhove2014_cognates.csv` enthält eine Zusammenfassung der Daten meiner Dissertation (Vanhove, 2014). 163 Deutschschweizer Versuchspersonen wurden gebeten, 45 geschriebene und 45 (andere) gesprochene schwedische Wörter ins Deutsche zu übersetzen. Die Anzahl richtiger Antworten steht in den Spalten `CorrectWritten` für geschriebene Wörter bzw. `CorrectSpoken` für gesprochene Wörter. Die Datei `vanhove2014_background.csv` enthält Angaben zur Leistung der Versuchspersonen bei weiteren Sprach- und kognitiven Tests. Fügen Sie die beiden Datensätze zusammen.

   Versuchen Sie, die folgenden Fragen zu beantworten.

   (a) `DS.Span` enthält die Leistung der Versuchspersonen bei einem Arbeitsgedächtnistest. Wie hängt die Leistung bei `DS.Span` mit `CorrectSpoken` zusammen?

   (b) Wie hängt die Leistung bei einem Englischtest (`English.Overall`) mit der Übersetzungsleistung in der geschriebenen Modalität zusammen?

   (c) Wie variiert die Übersetzungsleistung in den beiden Modalitäten mit dem Alter (`Age`) der Versuchspersonen?

Kapitel 10

Gruppenunterschiede

Im vorigen Kapitel haben wir uns mit der Frage beschäftigt, wie man den Zusammenhang zwischen einem kontinuierlichen Prädiktor und einem kontinuierlichen outcome modellieren kann. In diesem Kapitel widmen wir uns der Frage, wie Zusammenhänge zwischen **kategorischen** Prädiktoren und einem kontinuierlichen outcome modelliert werden können. Das typische Beispiel eines kategorischen Prädiktors ist die Kondition in einem Experiment: Wie stark unterscheiden sich die Ergebnisse von Teilnehmenden in der Experimentalgruppe im Schnitt von jenen von Teilnehmenden in der Kontrollgruppe? Das Vorgehen ist nahezu identisch mit dem aus dem letzten Kapitel.

10.1 Unterschiede zwischen zwei Gruppen

Das Beispiel, dem wir uns hier widmen, stammt nicht aus der Sprachwissenschaft, sondern aus der Sozialpsychologie. Caruso et al. (2013, Experiment 1) berichteten, dass amerikanische Versuchspersonen Aussagen, die das US-amerikanische Sozialsystem rechtfertigen, stärker zustimmen, wenn man sie an Geld erinnert (sogenanntes *currency priming*). Ihr Design sah wie folgt aus. Es gab acht Aussagen im Stil von *Everyone has a fair shot at wealth and happiness*. Die Teilnehmenden deuteten am Bildschirm ihre Zustimmung zu diesen Aussagen auf einer 7-stufigen Likertskala an (1 = überhaupt nicht einverstanden, 7 = vollständig einverstanden). Pro Versuchsperson wurden die acht Zustimmungswerte gemittelt. Die Hälfte der Versuchspersonen sah im Hintergrund ein verblasstes aber ersichtliches Bild einer Banknote; bei der anderen Hälfte war dieses Bild verwischt. Die Versuchspersonen, welche die Banknote im Hintergrund sahen, stimmten den Aussagen stärker zu, als jene, bei denen das Bild verwischt war. Klein et al. (2014) versuchten, dieses Ergebnis in 36 neuen Stichproben zu replizieren. In der Datei `Klein2014_money_abington.csv` finden Sie die Ergebnisse einer dieser Stichproben (84 Teilnehmende). Diese Daten werden wir analysieren.

Aufgabe. Lesen Sie diese Datei in R ein. Den Datensatz können Sie einfach `d` nennen. Vergessen Sie nicht zu kontrollieren, ob das Einlesen geklappt hat.

10.1.1 Grafische Darstellung: Boxplots

Eine nützliche grafische Darstellung, um unterschiedliche Gruppen hinsichtlich eines mehr oder weniger kontinuierlichen outcomes zu vergleichen, ist der Boxplot (zu Deutsch auch *Kastengrafik*). Abbildung 10.1 zeigt als Beispiel einen Boxplot der Ergebnisse bei einem Wortschatztest der 80 Versuchspersonen von Vanhove (2016). Die dickere Linie in der Mitte liegt beim Median und das Kästchen reicht vom 25. bis zum 75. Perzentil und umfasst somit die Hälfte der Datenpunkte. Manchmal gibt es (wie hier) auch Kreischen in einem Boxplot. Diese stellen Extremwerte dar, die mehr als 1.5 Mal die Distanz zwischen dem 25. und dem 75. Perzentil vom 25. oder 75. Perzentil entfernt liegen. Diese Extremwerte sind mögliche (!) Ausreisser. Mit einem Dotplot kann man besser überprüfen, ob sie tatsächlich auch Ausreisser sind. In diesem Beispiel liegen die

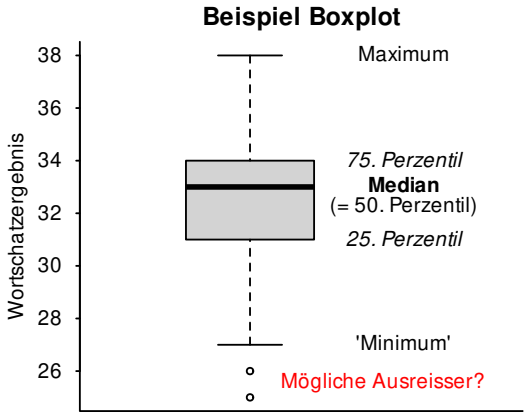


Abbildung 10.1: Erklärung Boxplot.

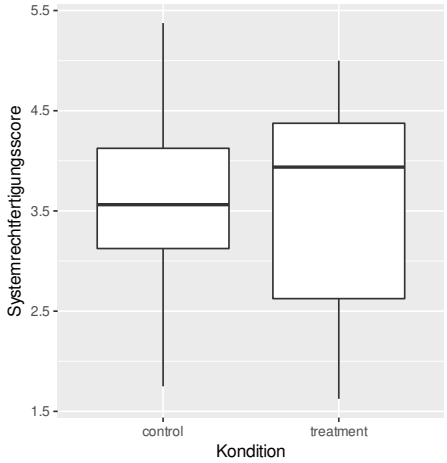


Abbildung 10.2: Vergleich der Systemrechtfertigungsscores in den beiden Konditionen in Klein et al.'s (2014) Replikation von Caruso et al. (2013, Experiment 1). Daten aus der Abington-Stichprobe.

zwei möglichen Ausreisser nicht sehr weit von anderen Datenpunkten entfernt, sodass sie nicht als Ausreisser gelten.

Mit `ggplot()` können solche Boxplots mithilfe des `geom_boxplot()`-Befehls erzeugt werden. Weiter ist zu bemerken, dass wir die Grafik zunächst einmal als ein Objekt namens `p_boxplot` in die Arbeitsumgebung speichern. Um die Grafik dann tatsächlich zu zeichnen, müssen wir lediglich diesen Objektnamen eintippen. Das Ergebnis steht in Abbildung 10.2.

```
> p_boxplot <- ggplot(data = d,
+                     aes(x = MoneyGroup,
+                         y = Sysjust)) +
+   geom_boxplot() +
+   xlab("Kondition") +
+   ylab("Systemrechtfertigungsscore")
> p_boxplot
```

Ich finde es oft eine gute Idee, dem Boxplot auch noch die einzelnen Datenpunkte hinzuzufügen (siehe auch Weissgerber et al., 2015). Insbesondere bei eher kleinen Datensätzen beeinträchtigt dies die Interpretierbarkeit der Grafik nicht und hilft es den Lesenden, einzuschätzen, wie die Daten tatsächlich verteilt sind. Boxplots können in dieser Hinsicht nämlich manchmal täuschen; siehe auch *Visualizing distributions with raincloud plots (and how to create them with ggplot2)* unter `https://www.cedricscherer.com/`.

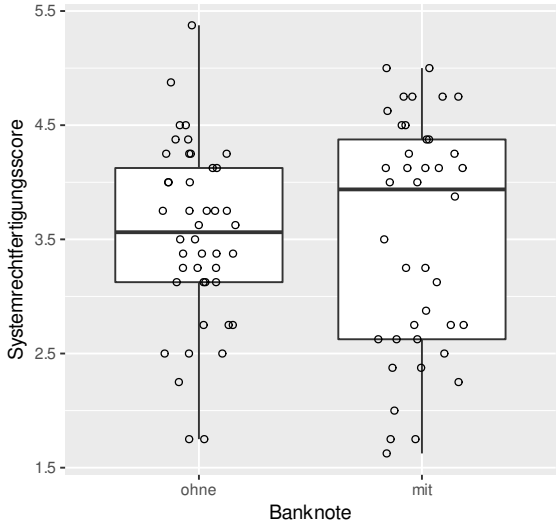


Abbildung 10.3: Nochmals die gleichen Daten, aber mit den einzelnen Datenpunkten.

Der Code unten zeigt Ihnen, wie Sie dies machen können. Dem `geom_boxplot()`-Befehl wird der Parameter `outlier.shape = NA` übergeben, womit verhindert wird, dass allfällige Extremwerte zwei Mal dargestellt werden: ein Mal als Kreischen beim Boxplot und ein Mal als einzelner Datenpunkt. Mit `geom_point()` werden die Datenpunkte einzeln dargestellt. Der Parameter `shape = 1` sorgt dafür, dass sie als leere Kreischen gezeichnet werden (siehe `?pch` → `'pch' values` für andere mögliche Werte). Die Einstellung `position = position_jitter(width = ?, height = ?)` verschiebt die Punkte etwas horizontal und vertikal, damit überlappende Punkte sichtbar werden. Mit den Einstellungen unten werden die Punkte nur horizontal etwas verschoben, aber nicht vertikal. Zu guter Letzt werden die Defaultwerte auf der x-Achse ('control' und 'treatment'; siehe Abbildung 10.2) mit dem Befehl `scale_x_discrete()` durch 'ohne' bzw. 'mit' ersetzt. Das Resultat zeigt Abbildung 10.3.

```
> p_boxplotdeluxe <- ggplot(data = d,
+                      aes(x = MoneyGroup,
+                          y = Sysjust)) +
+   geom_boxplot(outlier.shape = NA) +
+   geom_point(shape = 1,
+              position = position_jitter(width = 0.2, height = 0)) +
+   xlab("Banknote") +
+   scale_x_discrete(labels = c("ohne", "mit")) +
+   ylab("Systemrechtfertigungsscore")
> p_boxplotdeluxe
```

Mehr Informationen zu Befehlen wie `position_jitter()` und `scale_x_discrete()` finden Sie unter `https://ggplot2.tidyverse.org/reference/`. Siehe auch meinen Blogeintrag *Some alternatives to bar plots* (7.1.2015).

10.1.2 Numerische Zusammenfassung

Eine Tabelle mit den üblichen beschreibenden Statistiken pro Gruppe können wir leicht mit `group_by()` und `summarise()` herstellen.

```
> d |>
+   group_by(MoneyGroup) |>
+   summarise(AnzahlVpn = n(),
+             Mittel = mean(Sysjust),
+             Median = median(Sysjust),
+             StdAbw = sd(Sysjust))

# A tibble: 2 x 5
```

```
  MoneyGroup AnzahlVpn Mittel Median StdAbw
  <chr>           <int>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 control            44   3.53   3.56  0.781
2 treatment          40   3.53   3.94  1.02
```

10.1.3 Modellierung

Dummy-Variablen

Die grafische Darstellung zeigt, dass der Median der 'mit Banknote'-Kondition zwar höher ist als jener der 'ohne Banknote'-Kondition, aber das die Überlappung zwischen beiden Konditionen erheblich ist. Die numerische Zusammenfassung zeigt ausserdem, dass sich die Mittel kaum unterscheiden. Trotzdem können wir diese Daten—ähnlich wie im letzten Kapitel—in ein Modell giessen. Dieses Modell wird ebenfalls von Gleichung 9.3 auf Seite 101 beschrieben, die hier wiederholt wird:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i. \tag{10.1}$$

y_i stellt nun den Systemrechtfertigungsscore der i. Versuchsperson dar; x_i stellt die Gruppenzugehörigkeit dieser Versuchsperson dar, d.h., ob die Versuchsperson zu der 'control'- oder 'treatment'-Gruppe gehört. Genau wie vorher müssen β_0 und β_1 (und als Konsequenz davon auch ε_i) geschätzt werden.

Gleichungen wie diese können natürlich schwer mit Wörtern wie 'control' und 'treatment' umgehen, aber die Lösung ist erstaunlich einfach: Eine Gruppe bezeichnen wir als 0 und die andere als 1. Zum Beispiel können wir festlegen, dass $x_i = 0$, wenn die i. Versuchsperson zur 'control'-Kondition gehört, und dass $x_i = 1$, wenn sie zur 'treatment'-Kondition gehört.[1] Wenn wir dies gemacht haben, können wir den Vektor von Nullen und Einsen als Prädiktor in ein lineares Regressionsmodell aufnehmen. Wenn man kategorische Variablen (hier: Gruppenzugehörigkeit) als Zahlenreihen umschreibt, spricht man von **Dummy-Variablen**.

Gezeigt werden hier zwei Möglichkeiten, um die Dummy-Variable `n.Kondition` zu kreieren. Die erste funktioniert mit `ifelse()`:

```
> # n.Kondition == 1, falls MoneyGroup == "treatment"; 0, falls nicht.
> d$n.Kondition <- ifelse(d$MoneyGroup == "treatment", yes = 1, no = 0)
```

Die zweite verwendet die tidyverse-Funktionen `mutate()` und `case_when()`. Beide Möglichkeiten liefern das gleiche Ergebnis; die Idee hier ist nur, die Funktion `case_when()` vorzustellen.

```
> d <- d |>
+   mutate(n.Kondition = case_when(
+     # n.Kondition == 1, falls MoneyGroup == "treatment"
+     MoneyGroup == "treatment" ~ 1,
+     # n.Kondition == 0 sonst
+     TRUE                      ~ 0
+   ))
```

Zur Kontrolle ist eine Kreuztabelle mit der ursprünglichen und der Dummy-Variablen nützlich:

```
> xtabs(~ MoneyGroup + n.Kondition, d)

           n.Kondition
MoneyGroup   0  1
  control   44  0
  treatment  0 40
```

Jetzt können wir die Dummy-Variable als Prädiktor in einem linearen Modell verwenden:

[1] Wir könnten auch festlegen, dass $x_i = 1$ für Versuchspersonen in der Kontrollkondition und $x_i = 0$ für Versuchspersonen in der Experimentalkondition. Das macht eigentlich nichts aus.

```
> money.lm <- lm(Sysjust ~ n.Kondition, data = d)
```

Wie gehabt können die geschätzten Parameter abgerufen werden, indem man den Namen des Modells eintippt.

```
> money.lm


Call:
lm(formula = Sysjust ~ n.Kondition, data = d)

Coefficients:
(Intercept)  n.Kondition
    3.53409     -0.00597
```

Die zwei Parameterschätzungen sind $\widehat{\beta_0}$ bzw. $\widehat{\beta_1}$. Ihre Bedeutung kann aus der Regressionsgleichung hergeleitet werden:

$$y_i = 3.53 - 0.006 \cdot x_i + \widehat{\varepsilon_i}.$$

Für Versuchspersonen in der Kontrollgruppe ist $x_i = 0$. Daher wird die Gleichung zu

$$y_i = 3.53 - 0.006 \cdot 0 + \widehat{\varepsilon_i} = 3.53 + \widehat{\varepsilon_i},$$

sodass $\widehat{y_i} = 3.53$. $\widehat{\beta_0}$ ist also das Gruppenmittel der Gruppe, die als 0 bezeichnet wurde. Für Versuchspersonen in der Experimentalgruppe ist $x_i = 1$. Daher wird die Gleichung zu

$$y_i = 3.53 - 0.006 \cdot 1 + \widehat{\varepsilon_i},$$

sodass $\widehat{y_i} = 3.53 - 0.006$. Durch Rundungsfehler ergibt dies eigentlich auch 3.53. $\widehat{\beta_1}$ ist also der Unterschied zwischen den Mitteln der beiden Gruppen. Ist dieser Wert negativ, dann hat die Gruppe, die als 1 bezeichnet wurde, ein niedrigeres Mittel als die Gruppe, die als 0 bezeichnet wurde.

Aufgabe. Ändern Sie die Befehle oben, sodass nun die Kontrollgruppe als 1 bezeichnet wird und die Experimentalgruppe als 0. Was ändert sich im Output?

Unsicherheit in den Parameterschätzungen quantifizieren

Den minimalen Unterschied zwischen den zwei Gruppenmitteln hätten wir auch einfach von Hand berechnen können. Der Mehrwert des allgemeinen linearen Modells besteht aber darin, dass wir auch die Unsicherheit in den Parameterschätzungen schätzen können; dies machen wir hier. Ausserdem können dem allgemeinen linearen Modell mehrere Prädiktoren hinzugefügt werden; dies machen wir in einem nächsten Kapitel.

Bootstrappen ohne Normalitätsannahme. Die 'neuen' y-Werte (y^*) stellen sich aus den vom Modell 'vorhergesagten' y-Werten ($\widehat{y}$) und einer Bootstrap-Stichprobe aus $\widehat{\varepsilon}$ zusammen (*sampling with replacement*).[2]

```
> # Bootstrapping ohne Normalitätsannahme
> runs <- 20000
> bs_beta <- matrix(nrow = runs, ncol = 2)
>
> for (i in 1:runs) {
+   neu_Sysjust <- predict(money.lm) +
```

[2] In diesem Beispiel können $\widehat{\varepsilon}$-Werte aus der Kontrollkondition auch neu der Experimentkondition zugeordnet werden und umgekehrt. Dies entspricht der Homoskedastizitätsannahme (siehe Seite 109) des allgemeinen linearen Modells: Die Fehlervarianz ist überall gleich gross, sodass ein bestimmter Restfehler genau so gut in der anderen Kondition hätte vorkommen können. Man könnte den Bootstrap aber auch so programmieren, dass $\widehat{\varepsilon}$-Werte aus der Kontrollkondition nur der Kontrollkondition zugewiesen werden können und $\widehat{\varepsilon}$-Werte aus der Experimentalkondition nur der Experimentalkondition. Hiermit würde man die Möglichkeit berücksichtigten, dass die Fehlervarianz in der einen Gruppe von jener in der anderen Gruppe abweichen könnte.

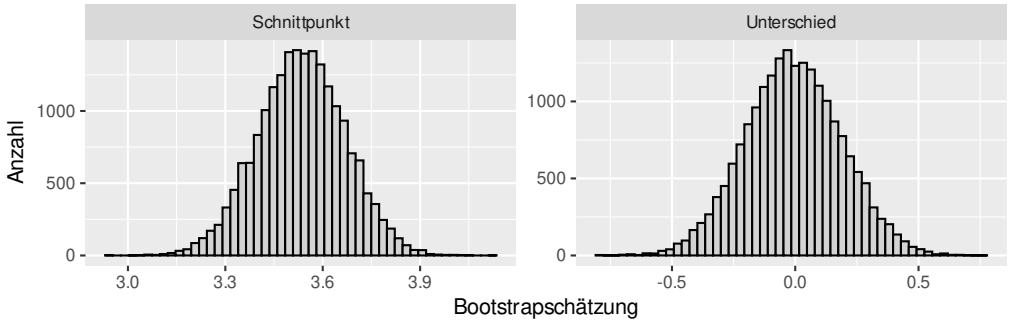


Abbildung 10.4: Verteilung der Bootstrap-Schätzungen der Parameter im Regressionsmodell `money.lm`.

```
+     sample(resid(money.lm), replace = TRUE)
+   bs_money.lm <- lm(neu_Sysjust ~ n.Kondition, data = d)
+   bs_beta[i, ] <- coef(bs_money.lm)
+ }
```

Siehe Seite 105 für eine Erklärung; das Ergebnis dieser Befehle steht in Abbildung 10.4.

```
> bs_beta_tbl <- tibble(Schnittpunkt = bs_beta[, 1],
+                       Unterschied = bs_beta[, 2])
>
> bs_beta_tbl |>
+   pivot_longer(cols = everything(),
+                names_to = "Parameter",
+                values_to = "Estimate") |>
+   ggplot(aes(x = Estimate)) +
+   geom_histogram(fill = "lightgrey", col = "black", bins = 50) +
+   facet_wrap(vars(Parameter), scales = "free") +
+   xlab("Bootstrapschätzung") +
+   ylab("Anzahl")
```

Die Standardabweichungen der Bootstrapverteilungen von $\widehat{\beta}$ können wiederum als Schätzungen der Standardfehler dienen:

```
> apply(bs_beta, 2, sd)

[1] 0.13451 0.19556
```

Ebenso können Konfidenzintervalle berechnet werden. In Fällen wie diesen interessiert man sich in der Regel hauptsächlich für den Standardfehler und das Konfidenzintervall um die Unterschiedsschätzung:

```
> # 80% Konfidenzintervall
> quantile(bs_beta[, 2], probs = c(0.1, 0.9))

     10%      90%
-0.25539  0.24578
```

Bootstrappen mit Normalitätsannahme. Ähnlich wie in den letzten zwei Kapiteln kann man die Residuen auch aus einer Normalverteilung generieren.

```
> # Bootstrapping mit Normalitätsannahme
> runs <- 20000
> bs_beta <- matrix(nrow = runs, ncol = 2)
> for (i in 1:runs) {
+   neu_Sysjust <- predict(money.lm) +
+     rnorm(n = nrow(d), sd = sigma(money.lm))
```

```
+   bs_money.lm <- lm(neu_Sysjust ~ n.Kondition, data = d)
+   bs_beta[i, ] <- coef(bs_money.lm)
+ }
```

Die Histogramme werden nicht nochmals gezeichnet.

```
> apply(bs_beta, 2, sd)

[1] 0.13603 0.19818

> quantile(bs_beta[, 2], probs = c(0.1, 0.9))

     10%      90%
-0.26016  0.25307
```

Mit t-Verteilungen. Wenn man ohnehin davon ausgehen will, dass der Restfehler aus einer Normalverteilung stammt, kann man wiederum die `summary()`-Funktion verwenden, um die Standardfehler abzurufen:

```
> summary(money.lm)$coefficients

              Estimate Std. Error   t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  3.5340909    0.13633 25.923055 2.8981e-41
n.Kondition -0.0059659    0.19756 -0.030198 9.7598e-01
```

Die Konfidenzintervalle um $\widehat{\beta}$ können mit `confint()` abgerufen werden:

```
> confint(money.lm, level = 0.8)

                10 %    90 %
(Intercept)  3.35796 3.71022
n.Kondition -0.26121 0.24928
```

Der minimale Unterschied zwischen den Gruppenmitteln von bloss -0.006 Punkten auf einer 7er-Skala hat also ein 80%-Konfidenzintervall von [-0.26, 0.25] und könnte demnach fast genau so gut positiv als auch negativ sein. In dieser Stichprobe bestätigt sich also das Ergebnis eines positiven Unterschiedes von Caruso et al. (2013) nicht. Die Bootstrapmethoden liefern ein nahezu identisches Ergebnis.

10.1.4 *Treatment coding* und *sum-coding*

Wenn man, wie oben, eine Gruppe als 0 und die andere als 1 bezeichnet, spricht man von ***treatment coding***. Das Intercept stellt dann das Mittel der 0-Gruppe dar und die Steigung den Unterschied zwischen den Gruppenmitteln. Eine Alternative ist ***sum-coding***. Hierzu wird die eine Gruppe als -0.5 und die andere als 0.5 bezeichnet:

```
> d <- d |>
+   mutate(n.Kondition = case_when(
+     MoneyGroup == "treatment" ~ 0.5,
+     TRUE                      ~ -0.5
+   ))
> money.lm <- lm(Sysjust ~ n.Kondition, data = d)
> money.lm


Call:
lm(formula = Sysjust ~ n.Kondition, data = d)

Coefficients:
(Intercept)  n.Kondition
    3.53111     -0.00597
```

$\widehat{\beta_1}$ stellt nach wie vor den Unterschied zwischen den beiden Gruppenmitteln dar, aber das Intercept ($\widehat{\beta_0}$) stellt nun den **Gesamtmittelwert** (*grand mean*) dar. Dies ist das Mittel der Gruppen-

mittel. Achtung: Dies ist nicht unbedingt das Mittel sämtlicher Daten!

Aufgabe. Manche Forschende verwenden beim sum-coding lieber -1 und 1 als -0.5 und 0.5. Was würde sich im Output ändern, wenn man dies machen würde? Was würde der geschätzte Parameter für `n.Kondition` jetzt bezeichnen?

Alabama first. Eigentlich braucht man die Dummy-Variablen nicht selber zu kreieren: R macht dies automatisch, wenn Sie eine nicht-numerische Variable direkt dem Modell hinzufügen:

```
> money.lm2 <- lm(Sysjust ~ MoneyGroup, data = d)
> money.lm2


Call:
lm(formula = Sysjust ~ MoneyGroup, data = d)

Coefficients:
        (Intercept)  MoneyGrouptreatment
            3.53409              -0.00597
```

Defaultmässig hantiert R *treatment coding*. Aber Achtung: Welche Gruppe als 0 bezeichnet wird und welche als 1, wird nach dem Alphabet festgelegt. 'treatment' kommt nach 'control', sodass 'control' die 0-Gruppe wird und 'treatment' die 1-Gruppe. Verlieren Sie dies bitte nicht aus dem Auge! Wenn Ihr Datensatz auf Deutsch zusammengestellt wurde, käme in einer `L1`-Variablen 'Deutsch' vor 'Französisch'; auf Englisch käme aber 'German' nach 'French'. Pflegen Sie besser die Gewohnheit, Ihre Dummy-Variablen selber zu kodieren, statt dies R zu überlassen.

10.1.5 Annahmen überprufen

Die wichtigsten Annahmen dieses Modells sind die folgenden.

1. Die Datenpunkte sind **unabhängig** voneinander. Ein klassisches Beispiel von Datensatzen mit *abhängigen* Datenpunkte sind Erhebungen in unterschiedlichen Schulklassen: Kinder aus derselben Klasse sind sich ähnlicher (aufgrund vorheriger Selektion, gemeinsamer Lehrkräfte, usw.) als Kinder aus unterschiedlichen Klassen. Die Konsequenz davon ist, dass Kinder aus derselben Klasse dem Modell keine vollständig neue Information hinzufügen. Das Modell 'weiss' dies aber nicht und würde deswegen fälschlicherweise davon ausgehen, dass jeder Eintrag den gleichen Informationswert hat. Dadurch würde der Standardfehler unterschätzt. Für weitere Diskussion und Lösungen, siehe Vanhove (2015).

   Ein anderes Beispiel sind *within-subject*-Experimente, in denen Versuchspersonen in beiden/mehreren Konditionen getestet werden. *Within-subject*-Experimente bieten in der Regel mehr statistische Genauigkeit, sind aber schwieriger zu analysieren. Eine Option ist die Verwendung gemischter Modelle; siehe Kapitel 19 für Literaturempfehlungen. Wenn alle Versuchspersonen in zwei Konditionen getestet werden und es nur zwei Konditionen gibt, ist eine einfache Option, den Wert jeder Versuchsperson in der einen Kondition von ihren Wert in der anderen abzuziehen und diese Unterschiede zu analysieren.

   Die Unabhängigkeitsannahme lässt sich meistens schwer überprüfen, sodass ihre Gültigkeit auf der Basis von Sachwissen eingeschätzt werden muss: Man muss eben *wissen*, ob die Datenpunkte Klümpchen bilden oder nicht. In kontrollierten Experimenten kann man davon ausgehen, dass die Unabhängigkeit gegeben ist, wenn die Teilnehmenden auf individueller Basis den Konditionen zufällig zugeordnet wurden.

2. Die Restfehler stammen aus einer Normalverteilung. In diesem Fall heisst dies, dass die outcome-Werte innerhalb jeder Kondition etwa normalverteilt sind, aber in komplexeren Modellen müsste man sich hierzu die Verteilung der Restfehler selber anschauen. Die Konstruktion der Konfidenzintervalle anhand von t-Verteilungen setzt normalverteilte Restfehler voraus, aber wie das Beispiel oben zeigt, kann eine Bootstrapmethode, die eben keine normalverteilten Restfehler voraussetzt, recht ähnliche Ergebnisse liefern, insbesondere, wenn die Datenmenge ausreichend ist. M.E. wichtiger ist aber, dass Restfehler, die nicht

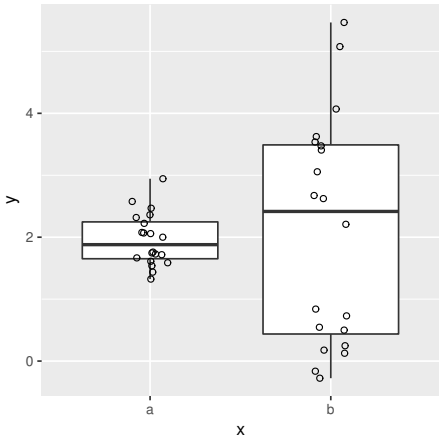


Abbildung 10.5: Beispiel von heteroskedastischen Daten.

ungefähr normalverteilt sind, darauf hinweisen dürften, dass die Gruppenmittel, die man vergleicht, keine relevanten Masse der zentralen Tendenz sind. Siehe hierzu *Before worrying about model assumptions, think about model relevance* (11.4.2019).

3. Die Restfehler haben in jeder Gruppe die gleiche Streuung (Homoskedastizität). In etwa scheint dies in diesem Fall schon zu stimmen. Zum Vergleich: Die Boxplots in Abbildung 10.5 wären ein Grund, sich über diese Annahme Sorgen zu machen. Mögliche Lösungen finden sich bei Zuur et al. (2009, Kapitel 4). Eine andere Lösung wäre, dass man den Bootstrap so durchführt, dass die Residuen der einen Gruppe nicht der anderen Gruppe zugeordnet werden. Auch hier wiederhole ich mein Credo: *Before worrying about model assumptions, think about model relevance*.

Zur Überprüfung dieser Annahmen, siehe noch Vanhove (2018).

10.2 Unterschiede zwischen mehreren Gruppen

In Vanhove (2017) untersuchte ich, inwiefern die Genuszuordnungen im Deutschen ('Heisst es *der*, *die* oder *das Knie*?') bei flämischen DialektsprecherInnen von ihrem Dialekt beeinflusst werden. Zum Beispiel: Sagen InformantInnen, in deren Dialekt *knie* männlich ist, eher *der Knie*, verglichen mit InformantInnen, in deren Dialekt *knie* weiblich ist? Ich kam zum Schluss, dass dies kaum der Fall ist, sodass sich die Frage stellte, woran dies liegt. Eine Vermutung war, dass den DialektsprecherInnen metalinguistische Kenntnisse über Genuszuordnungen in ihrem eigenen Dialekt fehlen, sodass sie nicht auf diese zurückgreifen können, wenn sie deutschen Nomen ein Genus zuordnen. In Vanhove (2019) überprüfte ich diese Vermutung, indem ich flämischen DialektsprecherInnen metalinguistische Informationen über ihren Dialekt verschaffte. Konkret gab es drei Konditionen:

- Versuchspersonen in der ersten Kondition wurde eine Strategie erklärt, mit der sie das Genus eines Wortes in ihrem Dialekt erschliessen können.
- Versuchspersonen in der zweiten Kondition wurde mitgeteilt, dass ihr Dialekt (nicht aber das Standardniederländische) die gleiche Anzahl Genera wie das Deutsche hat. Ihnen wurde aber nicht erklärt, wie sie das Genus eines Wortes erschliessen können.
- Versuchspersonen in der dritten Kondition erhielten Informationen über einen irrelevanten Aspekt ihres Dialektes. Diese Kondition dient als Kontrollkondition.

Dann wurde geschaut, ob die Genuszuordnungen sich zwischen den Konditionen unterschieden. Getestet wurden 29 deutsche Nomen mit niederländischen Kognaten und es wurde gezählt, wie viele Genuszuordnungen im Deutschen pro Versuchsperson kongruent mit dem Genus des Kognats in ihrem Dialekt waren. Erwartet wurde insbesondere, dass Versuchspersonen in der ersten Kondition ('strategy') sich nach den Instruktionen eher am Dialekt orientieren als Versuchspersonen in den beiden anderen Konditionen ('information' und 'no information').

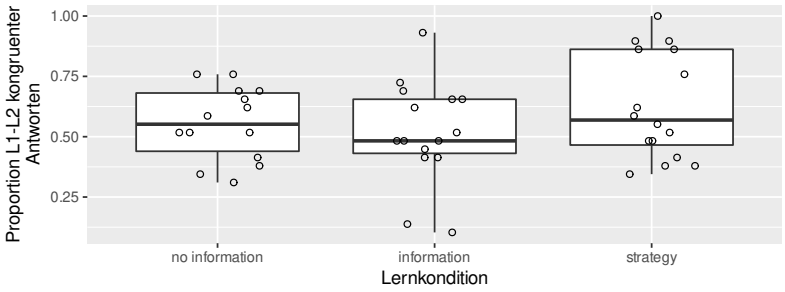


Abbildung 10.6: Boxplots der Daten von Vanhove (2019).

Aufgabe. Lesen Sie die Daten in der Datei `Vanhove2018.csv` ein; den Datensatz können Sie wieder `d` nennen. Die Spalte `ProportionCongruent` listet die Proportion kongruenter Genuszuordnungen pro Versuchsperson auf.

10.2.1 Grafische Darstellung

Ob zwei oder mehrere Gruppen, die Boxplots kann man mit dem gleichen Befehl zeichnen. Das Einzige, was ich hier anders mache, ist, dass ich mit `scale_x_discrete()` die Konditionen in einer Reihenfolge aufliste, die m.E. sinnvoller ist als die alphabetische. Bemerken Sie, dass man dazu den Parameter `limits` verwendet.

```
> ggplot(d,
+        aes(x = Condition,
+            y = ProportionCongruent)) +
+   geom_boxplot(outlier.shape = NA) +
+   geom_point(shape = 1,
+              position = position_jitter(width = 0.2, height = 0)) +
+   scale_x_discrete(limits = c("no information", "information", "strategy")) +
+   xlab("Lernkondition") +
+   ylab("Proportion L1-L2 kongruenter\nAntworten")
```

10.2.2 Numerische Zusammenfassung

```
> d |>
+   group_by(Condition) |>
+   summarise(AnzahlVpn = n(),
+             Mittel = mean(ProportionCongruent),
+             Median = median(ProportionCongruent),
+             StdAbw = sd(ProportionCongruent))

# A tibble: 3 x 5
  Condition      AnzahlVpn Mittel Median StdAbw
  <chr>              <int>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
1 information           15  0.517  0.483  0.213
2 no information        14  0.554  0.552  0.150
3 strategy              16  0.627  0.569  0.219
```

10.2.3 Modellierung

Eine kategorische Variable mit zwei Ausprägungen konnten wir als eine binäre Dummy-Variable (0 vs. 1) umkodieren. Auch um eine kategorische Variable mit drei Ausprägungen in einem allgemeinen linearen Modell zu modellieren, brauchen wir Dummy-Variablen, aber wie viele? Man könnte die Zugehörigkeit zu jeder Kondition binär festlegen:

Kondition	Strategy?	Information?	(NoInformation?)
Strategy	1	0	(0)
Information	0	1	(0)
No information	0	0	(1)

Bemerken Sie aber, dass wir die letzte Spalte gar nicht brauchen: Wenn in der `Strategy?`- und in der `Information?`-Spalte eine Null steht, wissen wir schon, dass in der `NoInformation?`-Spalte eine Eins folgt. Wir brauchen also nur zwei Dummy-Variablen.

```
> d$Strategy <- ifelse(d$Condition == "strategy", 1, 0)
> d$Information <- ifelse(d$Condition == "information", 1, 0)
>
> # Kontrolle:
> d |> slice_head(n = 5)
```

```
# A tibble: 5 x 5
  SubjectID  Condition ProportionCongr~ Strategy Information
  <chr>      <chr>                <dbl>    <dbl>       <dbl>
1 59b197ec2~ strategy             0.586        1           0
2 59b3a2ae8~ no infor~            0.759        0           0
3 59b948264~ informat~            0.517        0           1
4 59b966ec6~ strategy             0.862        1           0
5 59b9b2065~ informat~            0.655        0           1
```

Das allgemeine lineare Modell kann problemlos mit mehreren Prädiktoren umgehen, sodass wir beide Prädiktoren dem Modell hinzufügen können. Die Modellgleichung schaut so aus:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 \cdot x_{1,i} + \beta_2 \cdot x_{2,i} + \varepsilon_i.$$

$x_{1,i}$ stellt den Wert der i. Versuchsperson bei der ersten Dummy-Variablen dar; $x_{2,i}$ stellt ihren Wert bei der zweiten Dummy-Variablen dar. So kann $x_{1,4} = 0$ sein, wenn die 4. Versuchsperson nicht der `Information`-Kondition zugeordnet wurde und 1, wenn sie schon dieser Kondition zugeordnet wurde.

```
> mod.lm <- lm(ProportionCongruent ~ Information + Strategy, data = d)
> mod.lm


Call:
lm(formula = ProportionCongruent ~ Information + Strategy, data = d)

Coefficients:
(Intercept)  Information     Strategy
     0.5542      -0.0369       0.0730
```

Aufgabe 1. Vergleichen Sie die geschätzten Parameter mit den Werten in der numerischen Zusammenfassung oben. Was stellt die Parameterschätzung für `(Intercept)` (also $\widehat{\beta_0}$) dar? Was bedeuten die Parameterschätzungen für `Information` ($\widehat{\beta_1}$) und `Strategy` ($\widehat{\beta_2}$)?

Aufgabe 2. Dem Modell kann die kategorische Variable der Konditionzugehörigkeit auch direkt hinzufügt werden. Warum ergibt dies andere Parameterschätzungen?

```
> mod.lm2 <- lm(ProportionCongruent ~ Condition, data = d)
> mod.lm2


Call:
lm(formula = ProportionCongruent ~ Condition, data = d)

Coefficients:
            (Intercept)  Conditionno information
```

```
                0.5172                    0.0369
     Conditionstrategy
                0.1099
```

10.2.4 Die Unsicherheit in den Parameterschätzungen quantifizieren

Die Bootstrapmethoden sollen mittlerweile ihrem didaktischen Zweck gedient haben, weshalb ich sie den interessierten LeserInnen als Übung überlasse. Die Standardfehler der Parameterschätzungen können wie gehabt mit `summary()` abgerufen werden:

```
> summary(mod.lm)$coefficients

             Estimate Std. Error  t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  0.554187   0.053006 10.45526 2.9207e-13
Information -0.036946   0.073701 -0.50129 6.1878e-01
Strategy     0.072968   0.072581  1.00533 3.2049e-01
```

Konfidenzintervalle lassen sich einfach mit `confint()` berechnen. Die Konfidenzintervalle um $\widehat{\beta_0}$ sind in der Regel weniger interessant, aber werden automatisch mitberechnet.

```
> confint(mod.lm, level = 0.90)

                 5 %     95 %
(Intercept)  0.46503 0.643340
Information -0.16091 0.087016
Strategy    -0.04911 0.195046
```

Wir könnten hier schlussfolgern, dass der Einfluss der metalinguistischen Instruktion eher ungewiss bleibt. Zwar gaben Versuchspersonen in der 'strategy'-Kondition mehr kongruente Antworten als jene in der 'no information'-kondition (7 Prozentpunkte mehr), aber die Unsicherheit in dieser Schätzung ist von der Grösse, dass auch negative Unterschiede oder Unterschiede nahe bei Null recht plausibel sind (vgl. das Konfidenzintervall).

10.2.5 Andere Kodierungssysteme

In dieser Analyse wurde *treatment coding* verwendet, sodass die Parameterschätzungen für β_1 und β_2 stets in Bezug zum Schnittpunkt (β_0) zu interpretieren sind. Dieser Schnittpunkt stellt den $\widehat{y}$-Wert für Versuchspersonen in der Gruppe, die als (0,0) kodiert wurde, dar.

Manchmal sind aber andere Kodierungssysteme nützlich. Zum Beispiel könnte es sinnvoll sein, die Parameter so schätzen zu lassen, dass $\widehat{\beta_2}$ den Unterschied zwischen der dritten und der zweiten Gruppe und nicht den Unterschied zwischen der dritten und der ersten Gruppe darstellt. Dies sei hier der Vollständigkeit halber erwähnt. Eine detaillierte (aber sehr nützliche!) Behandlung findet sich in Schad et al. (2020). Siehe auch den Blogeintrag *Tutorial: Obtaining directly interpretable regression coefficients by recoding categorical predictors* (5.5.2020).

Merksatz: Stellen Sie sicher, dass Sie wissen, worauf sich die Zahlen im Modelloutput überhaupt beziehen, bevor Sie diese theoretisch interpretieren!

Empfehlung: Probieren Sie, die Dummy-Variablen so zu kodieren, dass Sie die Antwort auf jede Forschungsfrage direkt aus einer Parameterschätzung (statt aus einer Kombination von mehreren) ablesen können. (Siehe dazu die Aufgaben.) Dann erhalten Sie bei jeder Antwort nämlich auch direkt ein Mass der Unsicherheit. Wenn Sie die Antwort aus mehreren Parameterschätzungen zusammenkombinieren müssen, ist dies nicht der Fall.

10.2.6 Annahmen überprüfen

Die Annahmen beim Vergleichen mehrerer Gruppen sind identisch mit den Annahmen beim Vergleichen von zwei Gruppen.

In Vanhove (2019) wurden diese Daten übrigens anders analysiert, da der outcome eigentlich nicht kontinuierlich ist, sondern sich aus 29 binären Antworten pro Versuchsperson zusammensetzt. Diese Analyse führte aber zu den gleichen Schlussfolgerungen.

10.3 Aufgaben

1. Berthele (2012) spielte 155 angehenden Lehrpersonen eine Lautaufnahme vor, angeblich von einem Jungen, der Französisch als Fremdsprache spricht. Anschliessend wurden sie gebeten, das akademische Potenzial des Buben einzuschätzen (Skala von 1–6). In etwa der Hälfte der Fälle enthielt die Lautaufnahme Codeswitches (also ein paar deutsche Wörter); in den anderen nicht. Ausserdem wurde der Hälfte der angehenden Lehrpersonen erzählt, der Junge hiesse Luca (ein gängiger Name in der Deutschschweiz); der anderen Hälfte wurde erzählt, er hiesse Dragan (ein Name, der man eher mit dem Balkan assoziiert). Die Frage war, ob dieses Labelling die Einschätzungen der angehenden Lehrpersonen beeinflusst, ggf. in Kombination mit den Codeswitches.

   Hier fokussieren wir uns zunächst auf der Frage, wie gross der Unterschied in der durchschnittlichen Bewertung für Aufnahmen mit dem Dragan- und dem Luca-Label ist, wenn die Aufnahme Codeswitches enthält.

   (a) Lesen Sie die Datei `berthele2011.csv` in R ein.

   (b) Filtern Sie die Aufnahmen ohne Codeswitches heraus, sodass nur die Aufnahmen mit Codeswitches übrig bleiben.

   (c) Analysieren Sie die Bewertungen hinsichtlich der Frage, ob diese vom 'Luca'- vs. 'Dragan'-Label beeinflusst werden. Vergessen Sie nicht, die Daten grafisch darzustellen!

   (d) Fassen Sie Ihre Befunde in 2–3 Sätzen zusammen.

2. Ein anderer Befund, den Klein et al. (2014) zu replizieren versuchten, war der *gambler's fallacy*, der in einem Experiment von Oppenheimer & Monin (2009) belegt wurde. Klein et al. (2014) fassen dieses Experiment zusammen:

   > "Oppenheimer & Monin (2009) investigated whether the rarity of an independent, chance observation influenced beliefs about what occurred before that event. Participants imagined that they saw a man rolling dice in a casino. In one condition, participants imagined witnessing three dice being rolled and all came up 6's. In a second condition two came up 6's and one came up 3. In a third condition, two dice were rolled and both came up 6's. All participants then estimated, in an open-ended format, how many times the man had rolled the dice before they entered the room to watch him. Participants estimated that the man rolled dice more times when they had seen him roll three 6's than when they had seen him roll two 6's or two 6's and a 3. For the replication, the condition in which the man rolls two 6's was removed leaving two conditions."

   Die Daten der Replikationsstudie finden Sie in der Datei `Klein2014_gambler.csv`. Analysieren Sie den Datensatz hinsichtlich der Forschungsfrage, aber beschränken Sie sich dabei auf die Stichprobe der University of Florida (`ufl` in der Spalte `Sample`). Fassen Sie Ihre Befunde in 2–3 Sätzen zusammen.

3. Wählen Sie im Datensatz aus Aufgabe 2 eine beliebige andere Stichprobe aus und wiederholen Sie Ihre Analyse.

4. Im Folgenden arbeiten wir mit Daten aus einer Längsschnittstudie mit drei Erhebungen. Im Projekt wurde u.a. die Lesefähigkeit Portugiesisch–Deutsch- und Portugiesisch–Französisch-zweisprachiger Kinder untersucht (Lambelet et al., 2017; Pestana et al., 2017).

Die Datei `helascot_skills.csv` enthält die Ergebnisse der teilnehmenden Kinder bei mehreren Tests an den unterschiedlichen Erhebungen; `helascot_background.csv` enthält weitere Hintergrundsinformationen zu den Kindern.

(a) Lesen Sie die Datensätze `helascot_skills.csv` und `helascot_background.csv` ein und fügen Sie diese zusammen.

(b) Kreieren Sie einen tibble, in dem nur die Angaben zu den Portugiesischtests (Variable `LanguageTested`) zur zweiten Erhebung (Variable `Time`) vorkommen.

(c) Vergleichen Sie die Leistung von Kindern in Portugal (Variable `LanguageGroup: Control group Portuguese`) mit jener von Kindern in der Romandie (`Bilingual group French`) und in der Deutschschweiz (`Bilingual group German`) bei der portugiesischen Leseaufgabe (`Reading`) zur zweiten Erhebung. Tun Sie dies sowohl grafisch als auch in einem linearen Modell mit selbst kodierten Dummy-Variablen. Kodieren Sie die Dummy-Variablen dabei so, dass das Intercept das Mittel der Scores der Kinder aus Portugal zeigt und die beiden anderen Parameter jeweils den durchschnittlichen Unterschied zwischen den Kindern aus Portugal und den Kindern aus der Romandie bzw. aus der Deutschschweiz zeigen.
Achtung: Die Teilnehmenden in dieser Studie sind Schülerinnen und Schüler in Klassen. Die Beobachtungen verletzen somit vermutlich die Unabhängigkeitsannahme. Für diese Übung dürfen Sie diese Verletzung aber ignorieren.

(d) Fakultativ: Kodieren Sie die Dummy-Variablen so, dass das Intercept das Mittel der Scores der Kinder aus der Deutschschweiz zeigt, der nächste Parameter den durchschnittlichen Unterschied zwischen Kindern aus der Deutschschweiz und Kindern aus der Romandie zeigt, und der dritte Parameter den durchschnittlichen Unterschied zwischen Kindern aus der Romandie und Kindern aus Portugal zeigt. Rechnen Sie anhand des Modelloutputs kurz nach, ob die erhaltenen Schätzungen auch stimmen. (Tipp: Siehe Abschnitt 10.2.5.)

(e) Fakultativ (schwierig): Kodieren Sie die Dummy-Variablen so, dass das Intercept das Mittel der Scores der Kinder aus Portugal zeigt, der nächste Parameter den durchschnittlichen Unterschied zwischen Kindern aus Portugal und Kindern aus der Schweiz (sowohl Romandie als auch Deutschschweiz) und der letzte Parameter den durchschnittlichen Unterschied zwischen der Romandie und der Deutschschweiz. Rechnen Sie anhand des Modelloutputs nach, ob die erhaltenen Schätzungen auch stimmen. (Tipp: Siehe Abschnitt 10.2.5, insbesondere den Blogeintrag oder Schad et al. (2020).)
(Eine solche Kodierung wäre geeignet, wenn Sie sich für diese zwei Forschungsfragen interessieren: (1) Wie stark unterscheidet sich die Leistung von Kindern in Portugal und portugiesischstämmigen Kindern in der Schweiz? (2) Wie stark unterscheidet sich die Leistung von portugiesischstämmigen Kindern in der Schweiz je nach Sprachregion?)

Kapitel 11

Interaktionen

Oft ist es nicht sosehr der Zusammenhang zwischen dem outcome und diesem oder jenem Prädiktor, der uns interessiert. Vielmehr sind wir am Zusammenspiel von zwei oder mehreren Prädiktoren interessiert. Zum Beispiel ist es nicht so interessant, ob man schneller auf hochfrequente als auf seltene Wörter reagiert—dieser Befund ist längst Gemeingut. Und es ist auch nicht so interessant, ob gute Lesende schneller auf bestehende Wörter reagieren als schlechte Lesende—auch das liegt auf der Hand. Interessanter wäre dahingegen die Frage, ob der Effekt von Wortfrequenz unterschiedlich gross ist je nach der Lesefähigkeit der Versuchspersonen. Dies ist eine Frage nach der **Interaktion** zwischen Lesefähigkeit und Wortfrequenz.

In Abbildung 11.1 auf der nächsten Seite werden drei von vielen möglichen Interaktionsmustern aufgeführt. Ihr gemeinsames Merkmal ist, dass die gezeichneten Linien nicht parallel laufen; bei der Absenz einer Interaktion ist dies schon der Fall. In der Grafik links oben liegt aber keine Interaktion zwischen Lesefähigkeit und Wortfrequenz vor: Beide Variablen hängen zwar mit der Lesegeschwindigkeit zusammen, aber der Zusammenhang zwischen Lesefähigkeit und Lesegeschwindigkeit unterscheidet sich nicht je nach Wortfrequenz (oder umgekehrt).

Ein mit 'Interaktion' verwandter Begriff ist **Haupteffekt**. Ein Haupteffekt eines Prädiktors, z.B. Wortfrequenz, auf Lesegeschwindigkeit liegt dann vor, wenn es, gemittelt über die Ausprägungen des anderen Prädiktors, z.B. Lesefähigkeit, einen Effekt des ersten Prädiktors gibt. In der Grafik links oben gibt es also einen Haupteffekt von Lesefähigkeit: Gemittelt über die Ausprägungen von Wortfrequenz lesen beschlagene Lesende schneller als schlechtere Lesende (gut: $\frac{4.5+6.5}{2} = 5.5$; schlecht: $\frac{3+5}{2} = 4$). In dieser Grafik gibt es auch einen Haupteffekt von Wortfrequenz: Gemittelt über die Ausprägungen von Lesefähigkeit werden hochfrequente Wörter schneller gelesen als Wörter mit niedriger Frequenz (hoch: $\frac{5+6.5}{2} = 5.75$; niedrig: $\frac{3+4.5}{2} = 3.75$).

Auch in der Grafik rechts oben gibt es Haupteffekte von sowohl Lesefähigkeit (gut: $\frac{4.5+9}{2} = 6.75$; schlecht: $\frac{3+5}{2} = 4$) als auch von Wortfrequenz auf Lesegeschwindigkeit (hoch: $\frac{5+9}{2} = 7$; niedrig: $\frac{3+4.5}{2} = 3.75$). Dies gilt auch für die Grafik links unten (gut: $\frac{6.5+6.5}{2} = 6.5$; schlecht: $\frac{3+5}{2} = 4$; hoch: $\frac{5+6.5}{2} = 5.75$; niedrig: $\frac{3+6.5}{2} = 4.75$).

In der letzten Grafik liegt ebenfalls einen Haupteffekt von Wortfrequenz vor (hoch: $\frac{2.5+5.5}{2} = 4$; niedrig: $\frac{6+3}{2} = 4.5$). Es gibt aber keinen Haupteffekt von Lesefähigkeit: Wenn man über die beiden Ausprägungen von Wortfrequenz mittelt, zeigt sich ein Nulleffekt (gut: $\frac{3+5.5}{2} = 4.25$; schlecht: $\frac{2.5+6}{2} = 4.25$). Die letzte Grafik ist ebenfalls ein Beispiel einer ***cross-over***-Interaktion, denn die Effektslinien kreuzen sich.

11.1 Interaktionen zwischen zwei binären Prädiktoren

Eigentlich interessierte sich Berthele (2012) (Aufgaben letztes Kapitel) eher für die Interaktion zwischen dem Vorkommen (oder nicht) von Codeswitches und dem angeblichen Namen des Buben auf die Bewertungen seines akademischen Potenzials: Werden Codeswitches als gravierender betrachtet, wenn der Bub einen typischen Balkannamen hat als wenn er einen typischen

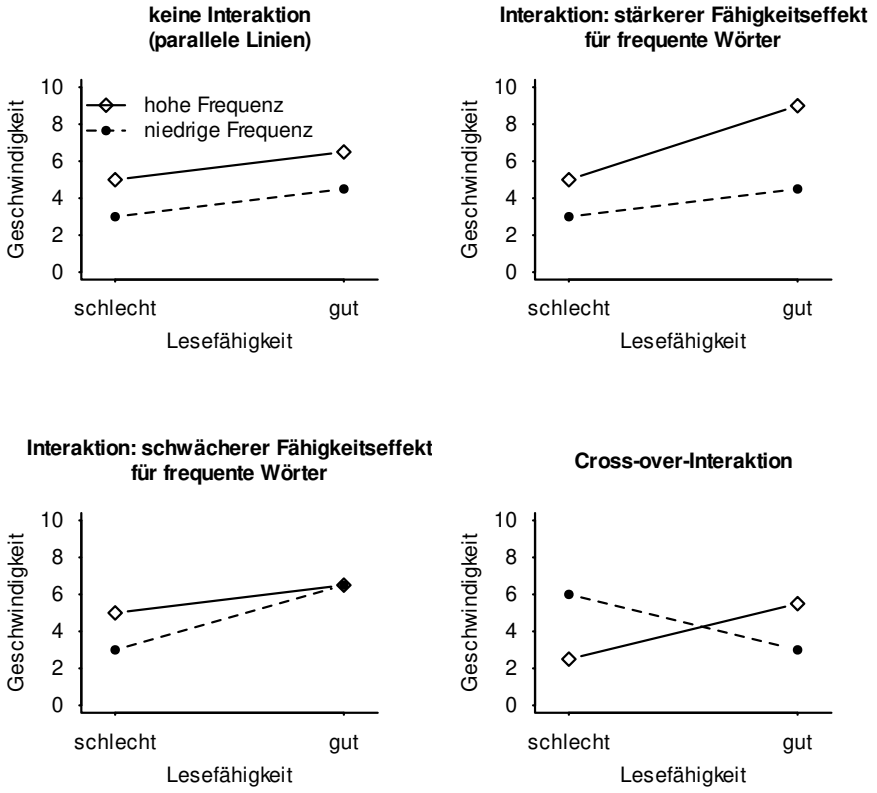


Abbildung 11.1: Wenn eine Interaktion zwischen Lesefähigkeit und Wortfrequenz auf Lesegeschwindigkeit vorliegt, dann unterscheidet sich der Effekt von Lesefähigkeit auf Lesegeschwindigkeit je nach Wortfrequenz. Umgekehrt gilt dann ebenfalls, dass sich der Effekt von Wortfrequenz auf Lesegeschwindigkeit je nach Lesefähigkeit unterscheidet. Dies zeigt sich in den nicht-parallelen Linien. (Die Einheiten entlang der y-Achse sind in diesem Beispiel arbiträr.)

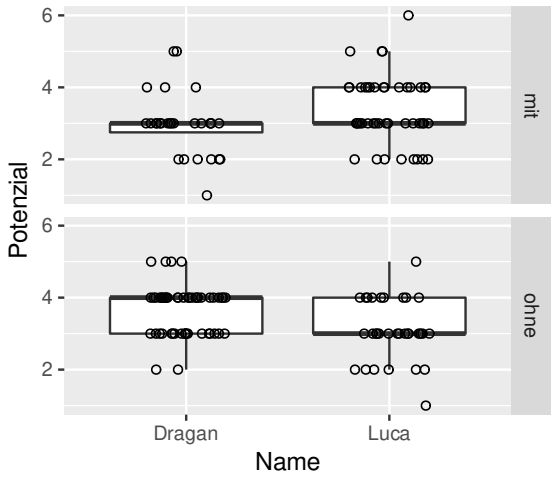


Abbildung 11.2: Boxplots der Bewertungen des akademischen Potenzials des Sprechers je nach Vorkommen von Codeswitches (mit vs. ohne) und seinem angeblichen Namen. Die Boxplots zeigen die Muster in den Daten hier nicht sehr deutlich, da die Daten nicht feinkörnig genug sind.

schweizerischen Namen hat?

Aufgabe. Lesen Sie den Datensatz `berthele2011.csv` in R ein und nennen Sie ihn `d`.

11.1.1 Grafische Darstellung (I)

Wir können wieder Boxplots zeichnen, um die Muster in den Daten zu veranschaulichen. Mit `facet_grid(rows = vars(CS))` wird die Grafik vertikal aufgespaltet, und zwar in zwei Teile: einen für die Fälle, in denen Codeswitching vorlag, und einen für Fälle, in denen dies nicht der Fall war. Wie Abbildung 11.2 aber zeigt, dürften diese Daten etwas zu grobkörning sein, um mit Boxplots dargestellt zu werden. Unten werden ein paar andere Grafiken gezeichnet, aber um diese zu zeichnen, müssen wir die Daten zuerst numerisch zusammenfassen.

```
> ggplot(d,
+        aes(x = Name,
+            y = Potenzial)) +
+   geom_boxplot(outlier.shape = NA) +
+   geom_point(shape = 1,
+              position = position_jitter(width = 0.2, height = 0)) +
+   facet_grid(rows = vars(CS))
```

11.1.2 Numerische Zusammenfassung

Mit `group_by()` kann man problemlos den Datensatz nach mehreren Variablen gruppieren, um so die Daten innerhalb jeder **Zelle** des Designs zusammenzufassen. Mit `.groups = "drop"` wird die vorgenommene Gruppierung wieder 'vergessen', auch wenn das hier eigentlich nicht wichtig ist; wenn Sie diesen Parameter weglassen, erhalten Sie eine harmlose Mitteilung.

```
> summary_berthele <- d |>
+   group_by(Name, CS) |>
+   summarise(n = n(),
+             Mittel = mean(Potenzial),
+             StdAb = sd(Potenzial),
+             .groups = "drop")
> summary_berthele

# A tibble: 4 x 5
```

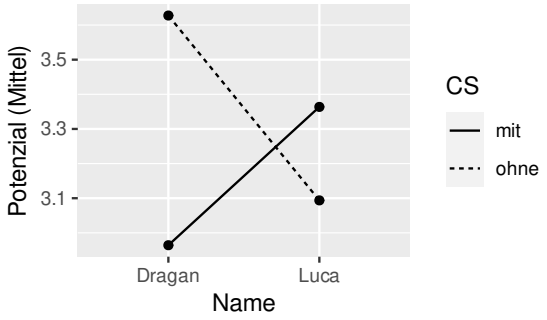


Abbildung 11.3: Liniendiagramm mit den Mitteln der Bewertungen des akademischen Potenzials des Sprechers je nach Vorkommen von Codeswitches (mit vs. ohne) und seinem angeblichen Namen. Die Muster sind hier deutlicher, aber dieser Grafik kann der Streuung der Daten nicht entnommen werden.

```
  Name   CS        n Mittel StdAb
  <chr>  <chr> <int>  <dbl> <dbl>
1 Dragan mit      28   2.96 0.881
2 Dragan ohne     51   3.63 0.692
3 Luca   mit      44   3.36 0.942
4 Luca   ohne     32   3.09 0.856
```

11.1.3 Grafische Darstellung (II)

Abbildung 11.3 stellt die soeben berechneten Gruppenmittel in einem Liniendiagramm dar. Manche Forschende mögen es nicht, wenn für kategorische Prädiktoren Liniendiagramme gezeichnet werden, da diese implizieren würden, dass die Prädiktoren (hier etwa `Name`) kontinuierlich seien. Ich teile diese Meinung nicht: M.E. ist es klar, dass es zwischen `Dragan` und `Luca` keine Gradierung gibt. Die Zellenmittel selber werden ausserdem deutlich mit Punkten oder anderen Symbolen dargestellt, was dies nochmals betont. Die Linien, die diese Punkte verbinden, dienen nur der Deutlichkeit.

```
> ggplot(summary_berthele,
+        aes(x = Name,
+            y = Mittel,
+            linetype = CS,  # unterschiedliche Linienarten je nach CS
+            group = CS)) +  # Manchmal braucht ggplot ein bisschen Hilfe,
+                            # um zu wissen, welche Punkte verknüpft werden
+                            # sollten. 'group' verschafft diese Hilfe.
+   geom_point() +
+   geom_line() +
+   ylab("Potenzial (Mittel)")
```

Es wäre jedoch nützlich, zusätzlich auch noch eine Idee über die Streuung der Daten innerhalb der Gruppen zu erhalten. Für Abbildung 11.4 wurden daher die Datenpunkte selber dargestellt und kombiniert mit den Mitteln aus `summary_berthele`. Es ist also möglich, Angaben aus unterschiedlichen Datensätzen in einer Grafik zu kombinieren.

```
> ggplot(d,
+        aes(x = Name,
+            y = Potenzial)) +
+   geom_point(shape = 1, colour = "grey50",
+              position = position_jitter(width = 0.2, height = 0)) +
+   geom_point(shape = 8, size = 3, colour = "blue",
+              data = summary_berthele,      # Daten aus anderem Datensatz
+              aes(x = Name, y = Mittel)) +
+   geom_line(colour = "blue",
```

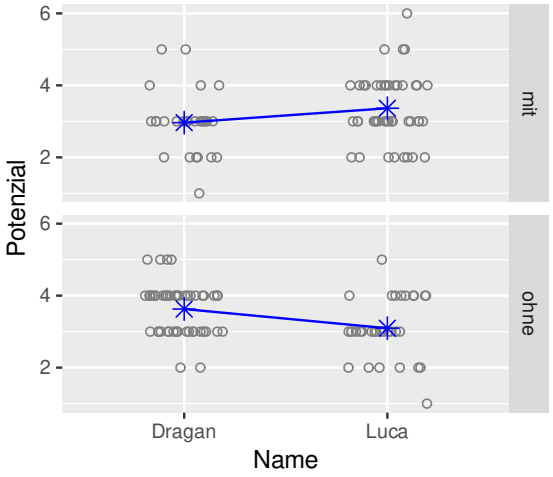


Abbildung 11.4: Bewertungen des akademischen Potenzials des Sprechers je nach Vorkommen von Codeswitches (mit vs. ohne) und seinem angeblichen Namen. Die Sternchen stellen die Gruppenmittel dar.

```
+              data = summary_berthele,       # Daten aus anderem Datensatz
+              aes(x = Name, y = Mittel, group = CS)) +
+   facet_grid(rows = vars(CS))
```

Ratschlag: Probieren Sie mehrere Grafiken aus. Für Gruppenvergleiche sind Boxplots oft eine gute Wahl, aber eben nicht immer. Wenn eine Grafik Ihrer Meinung nach Verbesserungspotenzial hat, dann sollten Sie nicht zögern, andere Varianten auszuprobieren.

Übrigens kostet es oft Zeit, eine gute grafische Darstellung zu konstruieren. In diesem Skript finden Sie das Endergebnis meiner Bemühungen, aber insbesondere für die letzte Grafik hat es eine Weile gedauert, bis ich herausgefunden habe, wie ich sie am besten zeichne. Die Entscheidung, die Datenpunkte grau zu färben, habe ich erst getroffen, nachdem ich feststellte, dass schwarze Datenpunkte die Zellenmittel nicht deutlich genug hervorhoben. Der Einstellung `size = 3` liegt eine ähnliche Beobachtung zu Grunde, usw.

11.1.4 Modellierung

Die Abbildungen zeigen, dass es innerhalb den Gruppen zwar ziemlich viel Variation gibt, aber dass der angebliche Name mit dem Vorkommen von Codeswitching interagieren dürfte: Liegen Codeswitches vor, dann wird das Potenzial von 'Luca' als besser eingestuft; liegen keine Codeswitches vor, dann scheinen die Lehrpersonen eher von der Leistung von Dragan als von jenen von Luca beeindruckt.

Mit der Modellierung möchten wir nicht nur die Fragen beantworten, welchen Zusammenhang der Name (Luca vs. Dragan) mit den Beurteilungen hat und welchen Zusammenhang Codeswitches mit ihnen haben, sondern auch inwiefern sich das Ausmass dieser Zusammenhänge je nach dem anderen Prädiktor unterscheidet. Dazu brauchen wir vier β-Parameter:

- β_0, der Schnittpunkt, erfasst den Baseline der Beurteilungen.
- β_1 erfasst den Unterschied zwischen den Zellen je nach dem Namen (Dragan vs. Luca).
- β_2 erfasst den Unterschied zwischen den Zellen je nach dem Vorkommen von Codeswitches.
- β_3 passt β_1 und β_2 an: Wie viel grösser oder kleiner ist der Unterschied zwischen Dragan und Luca, wenn Codeswitches vorliegen als wenn keine vorliegen?

Mathematisch schaut die Modellgleichung so aus:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 \cdot x_{1,i} + \beta_2 \cdot x_{2,i} + \beta_3 \cdot (x_{1,i} \cdot x_{2,i}) + \varepsilon_i.$$

- $x_{1,i}$ zeigt, ob der i-ten Versuchsperson erzählt wurde, dass der Bub Dragan (1) oder Luca (0) heisst.
- $x_{2,i}$ zeigt, ob der i-ten Versuchsperson der Text mit (1) oder ohne (0) Codeswitches vorgespielt wurde.[1]
- Entsprechend ist β_0 die Durchschnittsbeurteilung von Versuchspersonen, die angeblich Luca (0) ohne Codeswitches (0) gehört haben.

Der Faktor $(x_{1,i} \cdot x_{2,i})$ mag erstaunen: Tatsächlich wird die Anpassung (Interaktion) berechnet, indem eine neue Variable kreiert wird, die das Produkt der beiden Prädiktoren enthält. Für die vier Zellen im Design ergibt dies die folgenden Werte:

- Luca (0) ohne Codeswitches (0): $x_{1,i} \cdot x_{2,i} = 0 \cdot 0 = 0$.
- Luca (0) mit Codeswitches (1): $x_{1,i} \cdot x_{2,i} = 0 \cdot 1 = 0$.
- Dragan (1) ohne Codeswitches (0): $x_{1,i} \cdot x_{2,i} = 1 \cdot 0 = 0$.
- Dragan (1) mit Codeswitches (1): $x_{1,i} \cdot x_{2,i} = 1 \cdot 1 = 1$.

Mit diesen Befehlen werden die Dummy-Variablen kreiert und ihr Produkt berechnet.

```
> d$Dragan <- ifelse(d$Name == "Dragan", 1, 0)
> d$MitCS <- ifelse(d$CS == "mit", 1, 0)
> d$DraganMitCS <- d$Dragan * d$MitCS
>
> # Kontrolle:
> d |> slice_sample(n = 10)

# A tibble: 10 x 6
   CS    Name   Potenzial Dragan MitCS DraganMitCS
   <chr> <chr>      <dbl>  <dbl> <dbl>       <dbl>
 1 mit   Luca           3      0     1           0
 2 mit   Luca           3      0     1           0
 3 mit   Dragan         3      1     1           1
 4 ohne  Luca           3      0     0           0
 5 ohne  Dragan         4      1     0           0
 6 ohne  Luca           3      0     0           0
 7 mit   Dragan         3      1     1           1
 # ... with 3 more rows
```

Diese Variablen können dem allgemeinen linearen Modell als Prädiktoren hinzugefügt werden:

```
> potenzial.lm <- lm(Potenzial ~ Dragan + MitCS + DraganMitCS, data = d)
> potenzial.lm


Call:
lm(formula = Potenzial ~ Dragan + MitCS + DraganMitCS, data = d)

Coefficients:
(Intercept)       Dragan        MitCS  DraganMitCS
      3.094        0.534        0.270       -0.933
```

Mit den geschätzten Koeffizienten können die Gruppenmittel rekonstruiert werden.[2]

[1] Diese Notation geht von *treatment coding* aus. Andere Kodierungssysteme sind möglich, aber schwieriger zu erklären.

[2] In den Summen wurden die Rundungsfehler korrigiert. Die Klammern sind überflüssig, aber verdeutlichen die Struktur der Gleichungen.

- Nicht Dragan (also Luca), ohne Codeswitching:

$$\widehat{y} = 3.09 + (0.53 \cdot 0) + (0.27 \cdot 0) + (-0.93 \cdot 0) = 3.09.$$

- Dragan, ohne Codeswitching:

$$\widehat{y} = 3.09 + (0.53 \cdot 1) + (0.27 \cdot 0) + (-0.93 \cdot 0) = 3.63.$$

- Nicht Dragan (also Luca), mit Codeswitching:

$$\widehat{y} = 3.09 + (0.53 \cdot 0) + (0.27 \cdot 1) + (-0.93 \cdot 0) = 3.36.$$

- Dragan, mit Codeswitching:

$$\widehat{y} = 3.09 + (0.53 \cdot 1) + (0.27 \cdot 1) + (-0.93 \cdot 1) = 2.96.$$

Die nicht-numerischen Variablen können auch direkt dem Modell hinzugefügt werden. Um die Interaktion zwischen ihnen zu modellieren, kann die `Name:CS`-Notation verwendet werden, aber dann müssen die beiden Variablen auch noch einzeln eingetragen werden. Eine alternative Schreibweise ist die `Name*CS`-Notation: Diese wird von R intern zu `Name + CS + Name:CS` konveriert.

```
> potenzial.lm2 <- lm(Potenzial ~ Name + CS + Name:CS, data = d)
> # Alternative Schreibweise
> potenzial.lm2 <- lm(Potenzial ~ Name*CS, data = d)
> potenzial.lm2


Call:
lm(formula = Potenzial ~ Name * CS, data = d)

Coefficients:
    (Intercept)         NameLuca           CSohne
          2.964            0.399            0.663
NameLuca:CSohne
         -0.933
```

Aufgabe. Warum sind die Parameterschätzungen im Modell `potenzial.lm2` anders als diejenigen im Modell `potenzial.lm`?

11.1.5 Unsicherheit einschätzen

Die Unsicherheit in den Parameterschätzungen kann wiederum mit `summary()` (für die Standardfehler) und mit `confint()` (für die Konfidenzintervalle) abgerufen werden. Die Konfidenzintervalle basieren wiederum auf t-Verteilungen und setzen also im Prinzip voraus, dass die Restfehler aus einer Normalverteilung stammen. In einem fakultativen Abschnitt werden wir diese Konfidenzintervalle nochmals berechnen mit einer Bootstrapmethode, die diese Voraussetzung nicht macht. Die Ergebnisse unterscheiden sich dank der Datenmenge aber kaum.

```
> summary(potenzial.lm)$coefficients

            Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  3.09375    0.14796 20.9090 1.9477e-46
Dragan       0.53370    0.18876  2.8274 5.3289e-03
MitCS        0.26989    0.19446  1.3879 1.6722e-01
DraganMitCS -0.93305    0.27672 -3.3719 9.4836e-04
```

```
> confint(potenzial.lm, level = 0.95)

               2.5 %   97.5 %
```

```
(Intercept)  2.80141  3.38609
Dragan       0.16075  0.90665
MitCS       -0.11433  0.65410
DraganMitCS -1.47979 -0.38632
```

Die Interpretation der Parameterschätzungen der Haupteffekte und ihre Unsicherheit ist etwas heikel: Wegen des *treatment codings* bezieht sich die Schätzung von 0.53 für `Dragan` *nur* auf Fälle, in denen kein Codeswitching vorliegt. Für die entsprechende Schätzung für Fälle mit Codeswitching muss man eben die Interaktion berücksichtigen: $0.53 - 0.93 = -0.40$. Analog bezieht sich die Schätzung von 0.27 für `MitCS` sich nur auf Fälle, in denen den Teilnehmenden gesagt wurde, die Aufnahme stamme von einem Buben namens Luca.

Die Interpretation der Interaktion und ihre Unsicherheit ist einfacher: Der Effekt von Codeswitching ist wesentlich gravierender für Dragan als für Luca, nämlich um 0.93 Punkte. Oder, äquivalent: Der Effekt der Absenz von Codeswitching ist 0.93 Punkte positiver für Dragan als für Luca. Es gibt zwar ziemlich viel Unsicherheit über diesen Effekt, aber nach einer saloppen Interpretation des Konfidenzintervalls (siehe Abschnitt 7.5 auf Seite 80) scheint die Richtung dieses Effekts klar zu sein, liegt das Intervall doch komplett im negativen Bereich.

In Kapitel 9 haben wir die Ergebnisse der Modellierung grafisch dargestellt und die Unsicherheit mit einem Konfidenzband veranschaulicht. Dies können wir für diese Modellierung (und übrigens auch für die Modellierungen aus dem letzten Kapitel) machen. Der nächste Abschnitt zeigt, wie man diesen fakultativen Schritt ausführen kann. Überspringen Sie es bei der ersten Lektüre.

11.1.6 Modelle visualisieren

Die Idee ist, dass die vom Modell 'vorhergesagten' Werte ($\widehat{y}$) und die Unsicherheit um diese Werte dargestellt werden. Es gibt zwar ein paar R-Funktionen, mit denen man dies automatisch machen kann (siehe Fox, 2003), aber da es ein Ziel dieses Kurses ist, Statistik zu demystifizieren, wird hier gezeigt, wie man solche Grafiken selber erzeugen kann.

Schritt 1. Wir kreieren einen neuen Datensatz, der die Kombinationen der Prädiktorwerte enthält, für die wir die $\widehat{y}$-Werte zeichnen wollen. Die `expand.grid()`-Funktion ist hierfür besonders praktisch, denn sie kreiert einen Datensatz, in dem alle Kombinationen der Prädiktorwerte vorkommen:

```
> neue_daten <- expand.grid(Name = c("Dragan", "Luca"),
+                           CS = c("mit", "ohne"))
> neue_daten
```

```
    Name   CS
1 Dragan  mit
2   Luca  mit
3 Dragan ohne
4   Luca ohne
```

Schritt 2. Im Modell arbeiten wir mit Dummy-Variablen. Diese müssen wir dem neuen Datensatz hinzufügen. Geben Sie dabei den Dummy-Variablen den gleichen Namen wie bei der Modellierung.

```
> neue_daten$Dragan      <- ifelse(neue_daten$Name == "Dragan", 1, 0)
> neue_daten$MitCS       <- ifelse(neue_daten$CS == "mit", 1, 0)
> neue_daten$DraganMitCS <- neue_daten$Dragan * neue_daten$MitCS
> neue_daten
```

```
    Name   CS Dragan MitCS DraganMitCS
1 Dragan  mit      1     1           1
2   Luca  mit      0     1           0
3 Dragan ohne      1     0           0
```

```
4   Luca ohne      0     0           0
```

Schritt 3. Fügen Sie mit der `predict()`-Funktion die modellierten $\widehat{y}$-Werte hinzu. In diesem Fall sind diese $\widehat{y}$-Werte den Zellenmitteln gleich.

```
> neue_daten$Mittel <- predict(potenzial.lm, newdata = neue_daten)
> neue_daten
    Name   CS Dragan MitCS DraganMitCS Mittel
1 Dragan  mit      1     1           1 2.9643
2   Luca  mit      0     1           0 3.3636
3 Dragan ohne      1     0           0 3.6275
4   Luca ohne      0     0           0 3.0937
```

Schritt 4. Fügen Sie mithilfe der `predict()`-Funktion die Limiten des erwünschten Konfidenzintervalls hinzu. Dazu muss man spezifizieren, dass man sich ein Konfidenzintervall wünscht und das Konfidenzniveau spezifizieren. Wie Sie sehen, generiert diese Funktion eine Matrix, deren zweite Spalte (`lwr`) die untere Grenze und deren dritte Spalte (`upr`) die obere Grenze enthält:

```
> ki_grenzen <- predict(potenzial.lm, newdata = neue_daten,
+                       interval = "confidence", level = 0.95)
> ki_grenzen
     fit    lwr    upr
1 2.9643 2.6518 3.2768
2 3.3636 3.1143 3.6129
3 3.6275 3.3959 3.8590
4 3.0937 2.8014 3.3861
```

Diese Grenzen fügen wir dann `dummy_data` hinzu:

```
> neue_daten$KI_unten <- ki_grenzen[, 2]
> neue_daten$KI_oben  <- ki_grenzen[, 3]
> neue_daten
    Name   CS Dragan MitCS DraganMitCS Mittel KI_unten
1 Dragan  mit      1     1           1 2.9643   2.6518
2   Luca  mit      0     1           0 3.3636   3.1143
3 Dragan ohne      1     0           0 3.6275   3.3959
4   Luca ohne      0     0           0 3.0937   2.8014
  KI_oben
1  3.2768
2  3.6129
3  3.8590
4  3.3861
```

Schritt 5. Stellen Sie die Werte in `Mittel` als Punkte dar und zeichnen Sie anhand der Konfidenzlimiten Intervalle um sie, siehe Abbildung 11.5. Wenn Sie die vier `#`-Zeichen entfernen, werden auch noch die Rohdaten gezeichnet.

```
> ggplot(neue_daten,
+        aes(x = Name,
+            y = Mittel)) +
+   # geom_point(data = d,
+   #            shape = 1, colour = "grey",
+   #            aes(y = Potenzial),
+   #            position = position_jitter(width = 0.2, height = 0)) +
+   geom_point() +
+   geom_linerange(aes(ymin = KI_unten,   # untere Limite
+                      ymax = KI_oben)) + # obere Limite
```

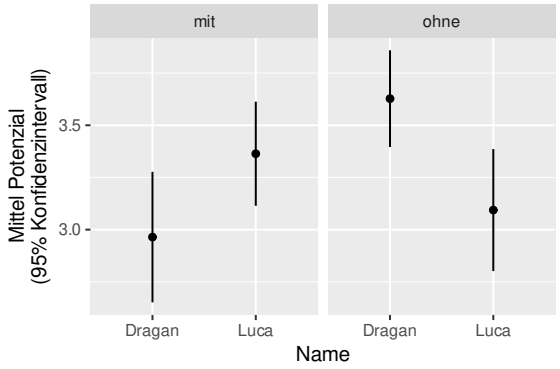


Abbildung 11.5: Zellenmittel und modellbasierte 95%-Konfidenzintervalle.

```
+   facet_grid(cols = vars(CS)) +
+   ylab("Mittel Potenzial\n(95% Konfidenzintervall)")
```

Wir hätten auch direkt auf der Basis der Zellenmittel und -standardabweichungen Konfidenzintervalle berechnen können, und zwar wie folgt:

```
> summary_berthele <- summary_berthele |>
+   mutate(
+     SE = StdAb / sqrt(n),
+     KI_unten = Mittel + qt(0.025, df = n - 1) * SE,
+     KI_oben = Mittel + qt(0.975, df = n - 1) * SE
+   )
> summary_berthele

# A tibble: 4 x 8
  Name   CS        n Mittel StdAb     SE KI_unten KI_oben
  <chr>  <chr> <int>  <dbl> <dbl>  <dbl>    <dbl>   <dbl>
1 Dragan mit      28   2.96 0.881 0.167      2.62    3.31
2 Dragan ohne     51   3.63 0.692 0.0969     3.43    3.82
3 Luca   mit      44   3.36 0.942 0.142      3.08    3.65
4 Luca   ohne     32   3.09 0.856 0.151      2.79    3.40
```

Der Grund, weshalb die Konfidenzintervalle in `neue_daten` und in `summary_berthele` nicht identisch sind, ist, dass erstere von einem Modell abgeleitet wurden, das davon ausgeht, dass die Restfehler in jeder Zelle die gleiche Streuung hat. Letztere wurden direkt von den Standardabweichungen in den Zellen abgeleitet. Wenn der Restfehler in jeder Zelle tatsächlich (in der Population) die gleiche Streuung hat, liefert das Modell die besseren Konfidenzintervalle, da für die Schätzung der Streuung der Restfehler alle Datenpunkte zur Verfügung berücksichtigt wurden.

Weitere hoffentlich nützliche Links:

- Blogeintrag *Tutorial: Plotting regression models* (23.4.2017)
- Blogeintrag *Tutorial: Adding confidence bands to effect displays* (12.5.2017)
- `https://socviz.co/modeling.html#get-model-based-graphics-right`
- `https://janhove.github.io/visualise_uncertainty/`

11.2 Annahmen überprüfen

Da auch des Modell, mit dem wir uns gerade amüsiert haben, ein Beispiel eines allgemeinen linearen Modells ist, hat es die gleichen Annahmen wie die Modelle aus den letzten Kapiteln: Unabhängigkeit, Normalität und Homoskedastizität. Die Beschreibung von Berthele (2012) lässt vermuten, dass Unabhängigkeit gegeben ist. Mit `plot(potenzial.lm)` können diagnostische

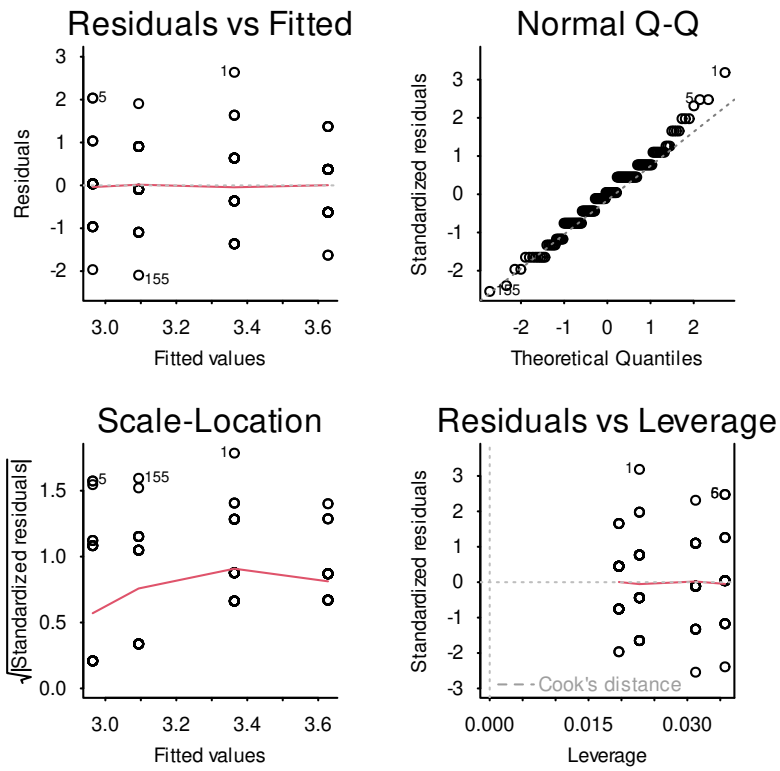


Abbildung 11.6: Diagnostische Plots für das `potenzial.lm`-Modell.

Plots erzeugt werden, mit denen die Normalitäts- und Homoskedastizitätsannahmen eingeschätzt werden können, siehe Abbildung 11.6.

Die 'Treppchen' in der Grafik rechts oben zeigen, was wir schon wussten, nämlich dass die Potenzialbeurteilungen ziemlich grobkörnig sind. Normalverteilte Variablen sind im Prinzip unendlich feinkörnig und können ausserdem theoretisch von $-\infty$ bis ∞ reichen. Diese Daten sind aber theoretisch beschränkt zwischen 1 und 6. Erfahrungsgemäss weiss ich, dass solche Abweichungen von den theoretischen Annahmen wenig ausmachen, wenn die Datenmenge ausreichend ist, aber im Zweifelsfall können Sie die Konfidenzintervalle mit einer Methode überprüfen, die andere Annahmen macht: dem Bootstrap. Die nächsten fakultativen Absätze zeigen, wie das geht.

Konfidenzintervalle mit dem Bootstrap überprüfen. Das Prinzip hinter dem Bootstrap wurde bereits mehrmals erklärt. Die letzten paar Male haben wir es erlaubt, dass Restfehler aus der einen Zelle/Kondition in der Bootstrapstichprobe in der anderen Zelle/Kondition auftauchen. Dies entsprach der Homoskedastizitätsannahme des allgemeinen linearen Modells. Aber wir können dies auch verhindern, indem wir die Bootstrapstichprobe so gestalten, dass Datenpunkte in einer bestimmten Zelle nur in der gleichen Zelle 'rezykliert' werden. Jede Zelle sollte gleich gross sein wie in der ursprünglichen Stichprobe.

```
> # Zellengrössen in der eigentlichen Stichprobe
> xtabs(~ Dragan + MitCS, data = d)

      MitCS
Dragan  0  1
     0 32 44
     1 51 28

> # Innerhalb jede Zelle bootstrappen
> bs_dat <- d |>
+   group_by(Dragan, MitCS) |>
+   slice_sample(prop = 1, replace = TRUE)
```

```
>
> # Zellengrössen in der Bootstrapstichprobe
> xtabs(~ Dragan + MitCS, data = bs_dat)

      MitCS
Dragan  0  1
     0 32 44
     1 51 28
```

Den Bootstrap können wir wie gehabt durchführen.

```
> # Anzahl Bootstrapstichproben definieren
> runs <- 20000
>
> # Matrix für Parameterschätzungen
> bs_beta <- matrix(nrow = runs, ncol = 4)
>
> # For-loop für Bootstraps
> for (i in 1:runs) {
+   bs_dat <- d |>
+     group_by(Dragan, MitCS) |>
+     slice_sample(prop = 1, replace = TRUE)

+   bs_mod <- lm(Potenzial ~ Dragan + MitCS + DraganMitCS,
+                data = bs_dat)

+   # Zeile der Matrix füllen.
+   # 1. Spalte = intercept; 2. Spalte, Dragan;
+   # 3. Spalte = MitCS; 4. Spalte: Interaktion
+   bs_beta[i, ] <- coef(bs_mod)
+ }
```

Die Verteilungen der Bootstrapschätzungen können grafisch dargestellt werden (Abbildung 11.7); siehe Seite 105 für eine Erklärung der Befehle. Bemerken Sie, dass die Verteilung der Schätzungen für den Schnittpunkt Lücken aufzeigt: Der Schnittpunkt erfasst das Mittel der 32 Beurteilungen für Luca ohne Codeswitches. Da diese Beurteilungen aber grobkörnig sind, gibt es Werte, die gar kein Mittel dieser Beurteilungen sein können.

```
> bs_beta_tbl <- tibble(
+   "B0: Schnittpunkt" = bs_beta[, 1],
+   "B1: Dragan" = bs_beta[, 2],
+   "B2: Codeswitches" = bs_beta[, 3],
+   "B3: Interaktion" = bs_beta[, 4]
+ )
>
> # Grafik zeichnen
> bs_beta_tbl |>
+   pivot_longer(cols = everything(),
+                names_to = "Parameter",
+                values_to = "Estimate") |>
+   ggplot(aes(x = Estimate)) +
+   geom_histogram(fill = "lightgrey", col = "black", bins = 50) +
+   facet_wrap(vars(Parameter), scales = "free", ncol = 2) +
+   xlab("Bootstrapschätzung") +
+   ylab("Anzahl")
```

Auch ohne die Annahme, dass die Restfehler aus einer Normalverteilung stammen und dass sie in jeder Zelle die gleiche Streuung haben, erhalten wir grundsätzlich die gleichen Konfidenzintervalle um die geschätzten Parameter als mit `confint(potenzial.lm, level = 0.95)`;

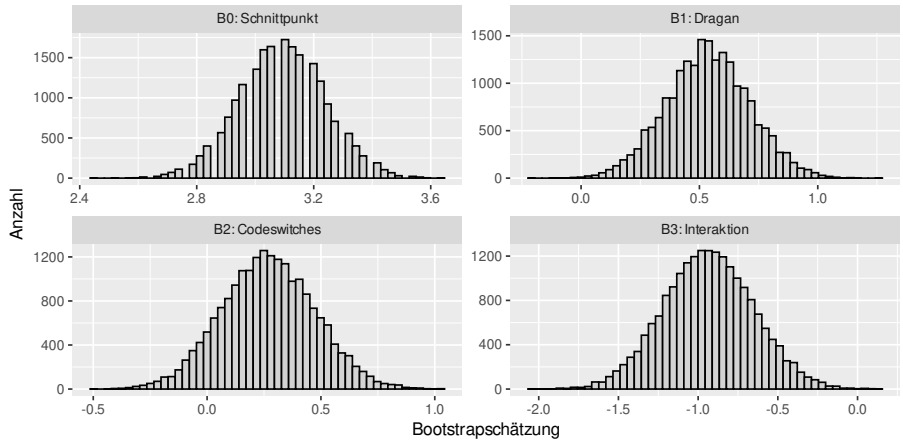


Abbildung 11.7: Bootstrapschätzungen der Variabilität der Modellparameter ohne Homoskedastizitätsannahme.

```
> apply(bs_beta, 2, quantile, probs = c(0.025, 0.975))
        [,1]    [,2]     [,3]     [,4]
2.5%  2.8125 0.19301 -0.12784 -1.48366
97.5% 3.3750 0.88174  0.67053 -0.38064
```

11.3 Interaktionen mit einem kontinuierlichen Prädiktor

Manchmal stösst man auf Studien, in denen untersucht wird, ob der Zusammenhang eines kontinuierlichen Prädiktors mit dem outcome von Gruppe zu Gruppe variiert. Auch diese Art Fragestellung betrifft die Interaktion von zwei Variablen: einer kontinuierlichen und einer kategorischen.

Einschub: Lieber ein einziges Modell als viele kleine. Um den Zusammenhang zwischen einem kontinuierlichen Prädiktor und dem outcome in unterschiedlichen Gruppen zu vergleichen, analysieren viele Forschende ihre Daten in separaten Modellen (einem Modell pro Gruppe). Wenn wir später über Signifikanztests sprechen, wird klar werden, wieso dies in der Regel eine schlechte Idee ist (siehe auch Gelman & Stern, 2006; Nieuwenhuis et al., 2011). Es ist besser die unterschiedlichen Prädiktoren und ihre Interaktionen in *einem* Modell zu analysieren, denn so erhält man Parameterschätzungen für die Interaktionen *und* Indizien über die Unsicherheit dieser Schätzung. Wenn man die Gruppen in separaten Modellen analysiert, erhält man keine solchen Unsicherheitsmasse, und entsprechend wird die Unsicherheit über die Interaktionen in solchen Fällen fast ausnahmslos unterschätzt.

Leider habe ich keinen Zugriff auf Datensätze, die eine solche Forschungsfrage behandeln und sinnvoll mit dem allgemeinen linearen Modell analysiert werden können. Um das Vorgehen zu illustrieren, versuche ich hier mit den Daten aus meiner Diss (siehe Übungen Kapitel 9) die etwas banale Frage, ob gute Englischkenntnisse beim Erkennen von gesprochenen Kognaten für Männer und Frauen unterschiedlich nützlich sind, zu beantworten.

```
> # Daten einlesen und kombinieren; siehe Kapitel 8
> cognates <- read_csv(here("data", "vanhove2014_cognates.csv"))
> background <- read_csv(here("data", "vanhove2014_background.csv"))
> d <- cognates |>
+   left_join(background)
> head(d)

# A tibble: 6 x 11
```

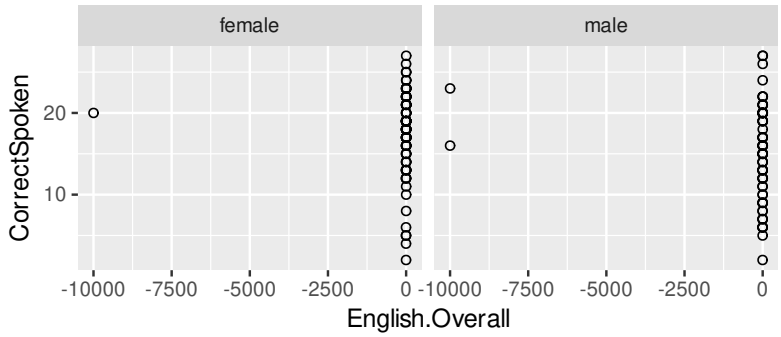


Abbildung 11.8: Ups.

```
  Subject Sex    CorrectWritten CorrectSpoken FirstBlock
    <dbl> <chr>           <dbl>         <dbl> <chr>
1      64 female             25            23 Spoken
2     230 male               26            12 Spoken
3     527 male               15             9 Spoken
4     550 female             24            22 Spoken
5     552 female             18            17 Spoken
6     675 male               22            20 Spoken
# ... with 6 more variables: Age <dbl>, NrLang <dbl>,
#   DS.Span <dbl>, WST.Right <dbl>, Raven.Right <dbl>,
#   English.Overall <dbl>
```

11.3.1 Grafische Darstellung

Abbildung 11.8 hebt hervor, dass man nie blind herumrechnen sollte: Der Wert -9999 bei der Variablen `English.Overall` ist kein echter Wert, sondern will lediglich heissen, dass diese Angaben nicht vorliegen. Im Folgenden werden wir solche fehlenden Angaben einfach ignorieren.

```
> ggplot(d,
+        aes(x = English.Overall,
+            y = CorrectSpoken)) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   facet_grid(cols = vars(Sex))
```

Abbildung 11.9 zeigt, dass es sowohl für Männer als auch für Frauen einen positiven Zusammenhang zwischen der Kognatübersetzungsleistung und der Leistung beim Englischtest gibt.

```
> # Fehlende Daten löschen:
> d <- d |>
+   filter(English.Overall != -9999)
>
> # Grafik zeichnen
> ggplot(d,
+        aes(x = English.Overall,
+            y = CorrectSpoken)) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   facet_grid(cols = vars(Sex)) +
+   xlab("Leistung Englischtest") +
+   ylab("Richtige Übersetzungen\n(gesprochene Kognate)")
```

11.3.2 Modellierung

Die Modellierung verläuft analog zur vorherigen. Da es in der Stichprobe mehr Frauen als Männer gibt, kodiere ich Frauen als 0 und Männer als 1, aber das macht eigentlich nichts aus. Die

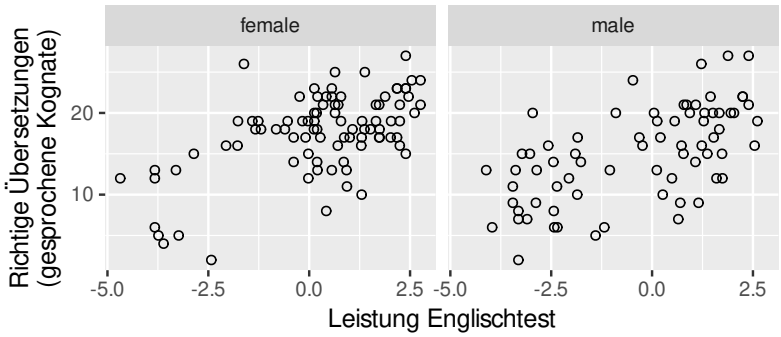


Abbildung 11.9: Für sowohl Männer als auch Frauen gibt es einen positiven Zusammenhang zwischen der Leistung beim Englischtest und bei der Kognatübersetzung.

Variable `English.Overall` ist bereits zentriert um 0, sodass wir dies nicht mehr machen müssen.

```
> d$Mann <- ifelse(d$Sex == "male", 1, 0)
```

Auch in diesem Fall bezieht sich der geschätzte Parameter für die Interaktion auf das Produkt der beiden Prädiktoren. Aber R wird dies automatisch machen.

```
> kognat.lm <- lm(CorrectSpoken ~ English.Overall * Mann,
+                 data = d)
> kognat.lm


Call:
lm(formula = CorrectSpoken ~ English.Overall * Mann, data = d)

Coefficients:
         (Intercept)       English.Overall
               17.145                 1.592
                 Mann  English.Overall:Mann
              -1.492                 0.128
```

Aus der allgemeinen Regressionsgleichung, der wir bereits mehrmals begegnet sind, können wir herleiten, worauf sich diese Schätzungen beziehen:

- $\widehat{\beta_0}$: Die (modellierte) durchschnittliche Kognatübersetzungsleistung einer Frau mit einem Englischergebnis von 0 (hier: dem Stichprobenmittel). (Etwa 17 Punkte.)
- $\widehat{\beta_1}$: Wie viel besser schneidet (laut dem Modell) eine Frau im Schnitt ab, wenn sie ein Englischergebnis von 1 statt von 0 hat? (Etwa 1.6 Punkte besser.)
- $\widehat{\beta_2}$: Wie viel besser schneidet (laut dem Modell) ein Mann im Schnitt ab, wenn er ein Englischergebnis von 0 hat, verglichen mit einer Frau mit dem gleichen Englischergebnis? (Etwa 1.5 Punkte schlechter.)
- $\widehat{\beta_3}$: Wie viel 'nützlicher' ist ein Englischergebnis von 1 als eins von 0 für einen Mann als für eine Frau? (Etwa 0.1 Punkt beim Kognatsübersetzungstest nützlicher.)

11.3.3 Unsicherheit einschätzen

Die Standardfehler und Konfidenzintervalle können wir wie gehabt abfragen.

```
> summary(kognat.lm)$coefficients

                    Estimate Std. Error  t value
(Intercept)         17.14534    0.45808 37.42903
English.Overall      1.59200    0.25399  6.26803
Mann                -1.49227    0.68876 -2.16660
```

```
English.Overall:Mann  0.12806    0.35709  0.35863
                       Pr(>|t|)
(Intercept)           7.8339e-80
English.Overall       3.4164e-09
Mann                  3.1783e-02
English.Overall:Mann  7.2036e-01
```

```
> confint(kognat.lm, level = 0.9)
```

```
                           5 %     95 %
(Intercept)           16.38737 17.90331
English.Overall        1.17173  2.01227
Mann                  -2.63194 -0.35259
English.Overall:Mann  -0.46281  0.71893
```

Hinsichtlich unserer banalen Frage zeigt das Konfidenzintervall für die Interaktion, dass Englischkenntnisse in dieser Stichprobe zwar nützlicher für Männer scheinen als für Frauen, aber die Unsicherheit ist so gross, dass das Muster auch mit einem negativen oder ungefähren Nullergebnis kompatibel ist.

11.3.4 Annahmen überprüfen

Die Annahmen werden auf die gleiche Art und Weise überprüft als in den letzten Abschnitten und Kapiteln. Das Vorgehen wird hier nicht gezeigt, da die Frage derartig banal ist und ich in Vanhove (2014) die Daten ohnehin in einem angemesseren Modell analysiert habe (im Hinblick auf leicht weniger banale Fragen).

11.3.5 Modell visualisieren

Um das Modell zu visualisieren, kann die Technik, die oben erklärt wurde, verwendet werden. Diese wird hier im Telegrammstil wiederholt. Das Ergebnis ist Abbildung 11.10.

```
> # Datensatz mit Prädiktorkombinationen generieren.
> # Für English.Overall nehme ich einfach die einzelnen
> # Werte, die in der Stichprobe beobachtet wurden (unique()).
> neue_daten <- expand.grid(Sex = c("male", "female"),
+                           English.Overall = unique(d$English.Overall))
> # Der Datensatz wird nicht angezeigt, um Papier zu sparen.
> # neue_daten
>
> # Dummy-Variable kodieren
> neue_daten$Mann <- ifelse(neue_daten$Sex == "male", 1, 0)
>
> # y-hat-Werte hinzufügen
> neue_daten$yhat <- predict(kognat.lm, newdata = neue_daten)
>
> # Konfidenzlimiten hinzufügen: hier sowohl 80% als auch 95%
> limiten80 <- predict(kognat.lm, newdata = neue_daten,
+                      interval = "confidence", level = 0.80)
> limiten95 <- predict(kognat.lm, newdata = neue_daten,
+                      interval = "confidence", level = 0.95)
> neue_daten$ki_unten80 <- limiten80[, 2]
> neue_daten$ki_oben80  <- limiten80[, 3]
> neue_daten$ki_unten95 <- limiten95[, 2]
> neue_daten$ki_oben95  <- limiten95[, 3]
> # Ergebnis inspizieren (nicht gezeigt)
> # neue_daten |> slice_head(n = 4)
>
> # Grafik zeichnen
> ggplot(neue_daten,
```

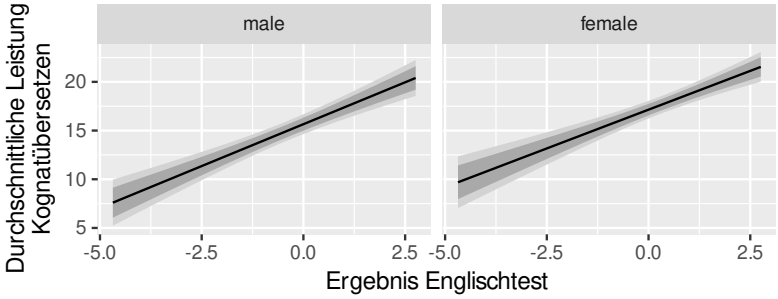


Abbildung 11.10: Visualisierung des `kognat.lm`-Modells mit 80%- und 95%-Konfidenzbändern.

```
+        aes(x = English.Overall,
+            y = yhat)) +
+   geom_ribbon(aes(ymin = ki_unten95,
+                   ymax = ki_oben95),
+               fill = "lightgrey") +
+   geom_ribbon(aes(ymin = ki_unten80,
+                   ymax = ki_oben80),
+               fill = "darkgrey") +
+   geom_line() +
+   ## Eventuell Datenpunkte hinzufügen
+   # geom_point(data = d,
+   #            shape = 1,
+   #            aes(x = English.Overall,
+   #                y = CorrectSpoken)) +
+   facet_grid(cols = vars(Sex)) +
+   xlab("Ergebnis Englischtest") +
+   ylab("Durchschnittliche Leistung\nKognatübersetzen")
```

11.4 Komplexere Interaktionen

Im Prinzip ist es auch möglich, Interaktionen zwischen zwei kontinuierlichen Prädiktoren dem Modell hinzuzufügen. Diese Möglichkeit bespreche ich im Blogeintrag *Interactions between continuous variables* (26.6.2017). Für ein ausführlicheres Beispiel, siehe Vanhove & Berthele (2017).

Auch Interaktionen zwischen drei oder mehr Prädiktoren können modelliert werden. Solche Fälle werden hier nicht behandelt, da ich erstens keinen Zugriff auf einen geeigneten Datensatz habe und da solche dreifache, vierfache usw. Interaktionen oft schwierig zu erklären sind, wenn man sich nicht bereits mit der Forschungsliteratur auskennt. Für ein Beispiel einer dreifachen Interaktion, siehe Bialystok et al. (2004) (Interaktion zwischen Alter (jung–alt), Kongruenz (kongruent–inkongruent) und Sprachgruppe (monolingual–bilingual) auf Reaktionsgeschwindigkeit).[3] Bialystok et al. analysierten ihre Daten übrigens nicht mit dem allgemeinen linearen Modell, da es Abhängigkeiten in den Daten gab: Die Versuchspersonen wurden sowohl in der kongruenten als auch in der inkongruenten Kondition getestet.

11.5 Interaktionen und Haupteffekte interpretieren

Es kann schwierig sein, Haupteffekte zu interpretieren, wenn eine Interaktion vorliegt; am besten basiert man sich hierbei auf einer Grafik. Bei etwa dem Datenmuster in Abbildung 11.11 wäre

[3] Wie Abelson (1995) erklärt, können Interaktionen oft weggerechnet werden. Zum Beispiel hätten Bialystok et al. (2004) für jede Versuchsperson den Unterschied zwischen den kongruenten und inkongruenten Reaktionszeiten berechnen können und dann die zweifachen Interaktion zwischen Alter und Sprachgruppe untersuchen können. Das Ergebnis wäre genau gleich gewesen, aber die Analyse einfacher und wohl verständlicher.

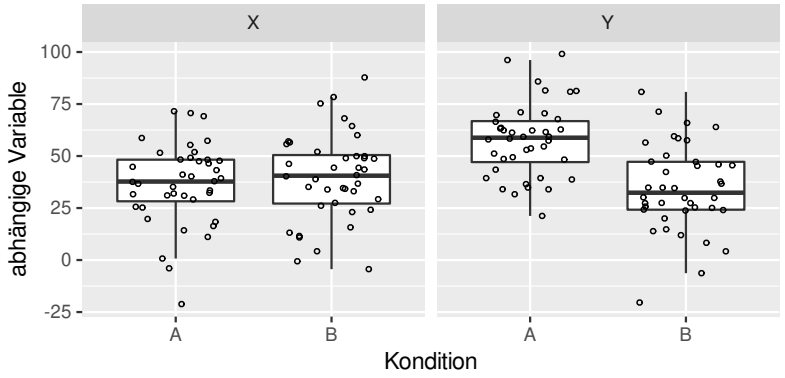


Abbildung 11.11: In diesem simulierten Datensatz gibt es zwar Haupteffekte von A vs. B und von X vs. Y, aber eigentlich schneidet nur die Gruppe mit A *und* Y wesentlich besser als die anderen ab.

es vorschnell zu sagen, dass der outcome im Schnitt höher ist bei A als bei B (Haupteffekt von A vs. B) oder dass er höher ist bei Y als bei X (Haupteffekt von X vs. Y), auch wenn das Modell beide Haupteffekte belegen würde: Der Punkt ist ja dass es nur einen Unterschied zu geben scheint, wenn A und Y *gleichzeitig* vorkommen (Interaktion zwischen AB und XY).

Zur Interpretation von *non-cross-over interactions* sei hier auf Wagenmakers et al. (2012a) verwiesen. Zusammengefasst: Eine Interaktion in der gemessenen Variablen (z.B. Reaktionsgeschwindigkeit) muss nicht zwingend darauf hindeuten, dass eine Interaktion im hinterliegenden Konstrukt (z.B. kognitiver Kontrolle) vorliegt.

Merksatz: Zur Bedeutung von Regressionsparameter. Das allgemeine lineare Modell ist in erster Linie eine Methode, um die Parameter einer Regressionsgleichung zu schätzen. Diese wiederum ist lediglich ein Hilfsmittel, um Muster in den Daten numerisch zu erfassen. Die Parameter in dieser Gleichung betrachten Sie daher am besten als Buchhaltungsmittel, nicht als den numerischen Ausdruck irgendeiner psychologischen, soziologischen usw. Wahrheit. Gerade bei Interaktionsparametern sollte man sich dessen bewusst sein, dass die Tatsache, dass man in einem Regressionmodell eine Interaktion zwischen zwei Variablen modellieren kann, *nicht* heisst, dass die Konstrukte, die hinter diesen Variablen stecken, miteinander interagieren in der alltäglichen Bedeutung des Wortes.

In diesem Kapitel gibt es keine praktischen Aufgaben, aber Ihr neu angeeignetes Wissen über Interaktionen werden Sie in Aufgabe 3 auf Seite 168 anwenden müssen. Falls es Ihnen sonst langweilig werden sollte, empfehle ich statt einer praktischen Übung die Lektüre von Wagenmakers et al. (2012a).

Kapitel 12

Mehrere Prädiktoren in einem Modell

Wie wir es bereits in den letzten zwei Kapiteln gesehen haben, kann das allgemeine lineare Modell gut mit mehreren Prädiktoren umgehen. Von der Berechnung her ändert sich hierbei eigentlich nichts. Zu entscheiden, wann genau man mehrere Prädiktoren in ein Modell aufnehmen sollte, ist aber nicht ganz ohne. Weiter kann es oft schwierig sein, die geschätzten Parameter richtig zu interpretieren. Mit 'interpretieren' sind hier keine fachlichen Interpretationen gemeint, sondern rein statistische: Worauf beziehen sich die Zahlen überhaupt? In diesem Kapitel werden wir anhand von Simulationen versuchen herauszufinden, wann es sinnvoll ist, mehrere Prädiktoren in ein Modell aufzunehmen, wann dies mehr Nachteile als Vorteile hat und was die geschätzten Parameter überhaupt bedeuten.

Wichtig: Kausale Zusammenhänge. Die Parameterschätzungen, die das allgemeine lineare Modell liefert, dienen in erster Linie der Beschreibung von Zusammenhängen in den Daten. Öfters möchte man ihnen aber auch eine kausale Interpretation verleihen. Zum Beispiel will man sich nicht damit begnügen, herauszufinden, ob die Versuchspersonen in der Experimentalgruppe im Schnitt besser abschneiden als jene in der Kontrollgruppe—man möchte wissen, ob erstere im Schnitt besser abschneiden als letztere, eben *weil* sie zur Experimentalgruppe gehören.

Mit statistischen Techniken kann man Kausalität nicht nachweisen. Man kann aber Annahmen über die kausalen Zusammenhänge zwischen den Variablen in einem Datensatz machen und sich dann überlegen, wie man diese angenommenen Zusammenhänge am besten statistisch modelliert. Ob diese Annahmen berechtigt sind, ist dann eine Frage des Sachwissens und des Designs der Studie.

Ein nützliches Hilfsmittel beim Diskutieren angenommener kausaler Zusammenhänge sind ***directed acyclic graphs***, kurz DAGs genannt. Diese werden in Lecture 1 im Skript *Quantitative methodology: An introduction* vorgestellt. Die grundsätzlich gleichen Infos finden sich bei Rohrer (2018) und McElreath (2020). Es empfiehlt sich, sich zur Vorbereitung dieses Kapitels eine dieser Einführungen zur Brust zu nehmen. Im Folgenden werden wir nämlich DAGs verwenden, um kausale Zusammenhänge zwischen ein paar Variablen $(x, y, z, \dots)$ darzustellen. Von Interesse ist jeweils der kausale Einfluss, den x auf y ausübt, zu schätzen. Die entscheidenden Fragen sind dann jeweils, ob dies überhaupt möglich ist und, wenn ja, ob man hierzu noch Variablen ausser x und y ins Modell aufnehmen sollte.

12.1 Störfaktoren berücksichtigen

Zunächst schauen wir uns das in Abbildung 12.1 dargestellte Szenario an. Wir interessieren uns für den kausalen Einfluss von x auf y, aber die Möglichkeit besteht, dass eine weitere Variable z

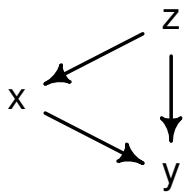


Abbildung 12.1: In diesem Szenario beeinflusst z sowohl x als auch y. Daher agiert z als Störfaktor, wenn wir uns für den kausalen Zusammenhang zwischen x und y interessieren.

sowohl x als auch y beeinflusst. Wem dies lieber ist, der ersetze diese abstrakten Variablennamen durch Bezeichnungen wie *Teilnahme an einem Kurs 'Heimatsprache und -kultur'* (für x), *Ergebnis bei einem französischen Lesetest* (für y) und *sozioökonomischer Status des Elternpaars* (für z). Aber meines Erachtens ist es unter dem Strich sinnvoller, sich mit der Abstraktion anzufreunden, denn die Lektionen, die man aus diesen abstrakten Szenarien ziehen kann, sind allgemeingültig.

Wir machen nun dieses Szenario trotzdem etwas konkreter, indem wir die Zusammenhänge zwischen den drei Variablen in ein paar Gleichungen giessen. Zunächst gehen wir der Einfachheit halber davon aus, dass die z-Variable aus einer Normalverteilung mit Mittel 0 und Standardabweichung 1 (also Varianz 1^2) stammt. Aber das ist eigentlich nicht so wichtig:

$$z_i \sim \text{Normal}(0, 1^2).$$

Dann nehmen wir an, dass eine Zunahme von einer Einheit in der z-Variablen eine Zunahme von 1.2 Einheiten in der x-Variablen bewirkt. Es gibt aber noch Streuung in der x-Variablen, die nicht z zugeschrieben werden kann; diese Streuung erfassen wir durch einen Fehlerterm τ aus einer Normalverteilung mit Mittel 0 und Standardabweichung 1:

$$\begin{aligned} x_i &= 0 + 1.2 \cdot z_i + \tau_i, \\ \tau_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2). \end{aligned} \tag{12.1}$$

Die Zahlen 1.2 in der ersten Zeile und 1 in der zweiten Zeile wurden arbiträr gewählt. Die 0 in der ersten Zeile heisst lediglich, dass das Mittel der x-Variablen 0 beträgt.

Weiter gehen wir in diesem Szenario davon aus, dass die y-Variable durch die unten stehende Gleichung beschrieben wird. Der kausale Einfluss von x auf y ist derart, dass eine Zunahme von einer Einheit in x eine Zunahme von 0.6 Einheiten in y bewirkt. Die Variable z hat dahingegen eine negative Wirkung auf z, aber für diese interessieren wir uns ja eigentlich nicht. Die Zahlen 5.2, 0.6 und -1.3 sind wiederum arbiträr; Sie können hier auch andere Zahlen verwenden.

$$\begin{aligned} y_i &= 5.2 + 0.6 \cdot x_i - 1.3 \cdot z_i + \varepsilon_i, \\ \varepsilon_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2). \end{aligned} \tag{12.2}$$

Wir simulieren nun einen Datensatz mit 100 Beobachtungen dieser drei Variablen. Wenn keine weiteren Parameter eingestellt werden, generiert die Funktion `rnorm(n)` n Beobachtungen aus einer Normalverteilung mit Mittel 0 und Standardabweichung 1:

```
> n <- 100
> z <- rnorm(n)
> x <- 0 + 1.2*z + rnorm(n)
> y <- 5.2 + 0.6*x - 1.3*z + rnorm(n)
> d <- tibble(y, x, z)
```

Um den Zusammenhang zwischen mehreren kontinuierlichen Variablen aufs Mal grafisch darzustellen, bietet sich eine Streudiagrammmatrix an. Unter `https://janhove.github.io/RCode/scatterplot_matrix.R` können Sie eine Funktion herunterladen, mit der ich selber solche Streudiagrammmatrizen zeichne. Sie basiert auf der `pairs()`-Funktion, die bereits in R vorhanden ist.

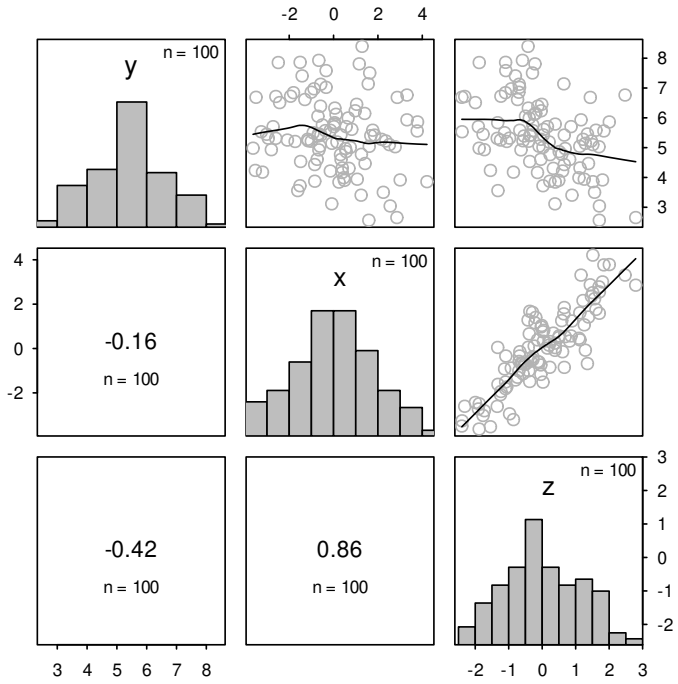


Abbildung 12.2: Eine Streudiagrammmatrix der drei Variablen. Auf der Hauptdiagonalen stehen die Namen der Variablen und die Anzahl Beobachtungen pro Variable; ihre Verteilungen werden mit Histogrammen dargestellt. Oberhalb der Diagonalen werden die bivariaten Zusammenhänge zwischen den Variablen mit Streudiagrammen dargestellt. Das zweite Kästchen auf der ersten Zeile zeigt so das Streudiagramm des Zusammenhangs zwischen x und y; das dritte Kästchen auf der ersten Zeile das Streudiagramm des Zusammenhangs zwischen z und y; das dritte Kästchen auf der zweiten Zeile das Streudiagramm des Zusammenhangs zwischen z und x. Die Linie ist ein sog. *scatterplot smoother* und zeigt grob geschätzt den Trend im bivariaten Zusammenhang. Unterhalb der Diagonalen stehen die Pearson-Korrelationskoeffizienten für die bivariaten Zusammenhänge mit der Anzahl beobachteten Paare, die in die Berechnung eingeflossen sind. Das (i, j)-Kästchen zeigt den Korrelationskoeffizienten für den Zusammenhang, dessen Streudiagramm im (j, i)-Kästchen steht. So bezieht sich der Korrelationskoeffizient von 0.86 im (3, 2)-Kästchen auf den Zusammenhang zwischen z und x; das entsprechende Streudiagramm steht ja im (2, 3)-Kästchen.

Speichern Sie die Datei `scatterplot_matrix.R` in einem neuen Subordner `functions` in Ihrem R-Projekt. Sie können die Funktion dann wie folgt laden und verwenden. Das Resultat und eine Erklärung über die Infos, die dieser Streudiagrammmatrix zu entnehmen sind, finden Sie in Abbildung 12.2. Weitere Infos im Blogeintrag *Drawing scatterplot matrices* (28.11.2019).

```
> source(here("functions", "scatterplot_matrix.R"))
> scatterplot_matrix(d)
```

Wir werden nun zwei Analysen miteinander vergleichen. Wenn wir echte Daten analysieren würden, würden wir dies übrigens nicht tun: Wir würden nur die sinnvollste Analyse ausführen. Aber das Ziel dieses Kapitels ist es, herauszufinden, welche Analyse in Szenarien wie diesem überhaupt die sinnvollste ist. Im ersten Modell wird der Störfaktor ignoriert:

```
> dag1.lm1 <- lm(y ~ x, data = d)
> summary(dag1.lm1)$coefficients

            Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  5.42095   0.122448 44.2715 1.3402e-66
```

```
x           -0.10792   0.068005 -1.5869 1.1575e-01
```

Die Parameterschätzungen dieses Modells sind zu interpretieren wie es in Abschnitt 9.5 auf Seite 113 erklärt wurde:

- Nimmt man eine grosse Anzahl Beobachtungen, für die die x-Werte 0 sind, dann würde man laut diesem Modell erwarten, dass ihr y-Mittel 5.4 ± 0.1 beträgt.
- Wenn man eine grosse Anzahl Beobachtungen, für die die x-Werte 1 sind, mit einer grossen Anzahl Beobachtungen, für die die x-Werte 0 sind, vergleicht, dann würde man laut diesem Modell erwarten, dass das y-Mittel der ersten Gruppe 0.11 ± 0.07 niedriger ist als das Mittel der zweiten Gruppe.

Mit dieser Interpretation gibt es kein Problem! Man bemerke aber, dass wir in dieser Interpretation keine Kausalität implizieren.

Im zweiten Modell wird der Störfaktor berücksichtigt:

```
> dag1.lm2 <- lm(y ~ x + z, data = d)
> summary(dag1.lm2)$coefficients
             Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  5.41271    0.10132 53.4197 9.5903e-74
x            0.54453    0.11132  4.8916 3.9711e-06
z           -1.19568    0.17602 -6.7927 8.8799e-10
```

Auch die Parameterschätzung dieses Modells können wir interpretieren wie es in Abschnitt Abschnitt 9.5 erklärt wurde:

- Nimmt man eine grosse Anzahl Beobachtungen, für die die x- und z-Werte beide 0 sind, dann würde man laut diesem Modell erwarten, dass ihr y-Mittel 5.4 ± 0.1 beträgt.
- Wenn man eine grosse Anzahl Beobachtungen, für die die x-Werte 1 und die z-Werte 0 sind, mit einer grossen Anzahl Beobachtungen, für die die x- und z-Werte beide 0 sind, vergleicht, dann würde man laut diesem Modell erwarten, dass das y-Mittel der ersten Gruppe 0.54 ± 0.11 höher ist als das Mittel der zweiten Gruppe.
- Wenn man eine grosse Anzahl Beobachtungen, für die die z-Werte 1 und die x-Werte 0 sind, mit einer grossen Anzahl Beobachtungen, für die die x- und z-Werte beide 0 sind, vergleicht, dann würde man laut diesem Modell erwarten, dass das y-Mittel der ersten Gruppe 1.2 ± 0.2 niedriger ist als das Mittel der zweiten Gruppe.

Der zweite Punkt widerspricht der Interpretation des ersten Modells *nicht*: Nur weil die Parameter in den Modellen zum Teil gleich heissen (`(Intercept)`, `x`), bedeutet das noch nicht, dass sie gleich zu interpretieren sind. Im zweiten Modell kann man den geschätzten `x`-Parameter nicht interpretieren, ohne die ins Modell aufgenommene z-Variable zu berücksichtigen; im ersten Modell muss man den geschätzten `x`-Parameter interpretieren, ohne die nicht im Modell vorhandene z-Variable zu berücksichtigen!

Wenn man die geschätzten Parameter des zweiten Modells mit Gleichung 12.2 auf Seite 151 vergleicht, sieht man, dass das zweite Modell die Parameter aus dieser Gleichung in etwa richtig schätzt. Tatsächlich sind die Unterschiede zwischen den Parameterschätzungen des Modells und den Parameter aus der Gleichung rein zufallsbedingt und ausserdem schätzt das Modell diese Parameter im Schnitt ohne Verzerrung. Wenn man dies genauer überprüfen möchte, kann man eine Simulation programmieren, in der man anhand von Gleichungen 12.1 und 12.2 ein paar tausend Datensätze generiert und diese analysiert. Die Funktion `generate_dag1()` generiert defaultmässig 10'000 solche Datensätze mit je 100 Beobachtungen und analysiert diese mal wie im ersten Modell (ohne z) und mal wie im zweiten Modell (mit z). Für jede Stichprobe und jedes Modell wird die Schätzung des `x`-Parameters gespeichert und ausgegeben.

```
> generate_dag1 <- function(
+   n = 100,       # Anzahl Datenpunkte
+   sims = 10000, # Anzahl Simulationen
+   z_x = 1.2,     # Effekt z -> x
+   x_y = 0.6,     # Effekt x -> y
```

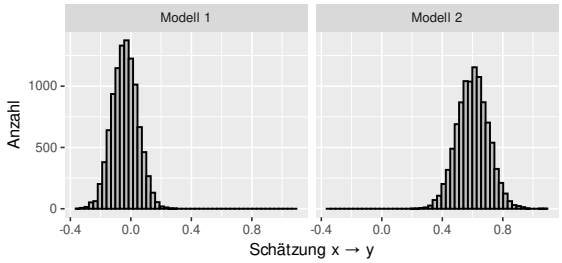


Abbildung 12.3: Modell 2, das den Störfaktor z berücksichtigt, liefert eine unverzerrte Schätzung des Parameters, der den Einfluss von x auf y in Gleichung 12.1 ausdrückt (0.6). Modell 1 liefert aber eine verzerrte Schätzung dieses Parameters. Je nach den in Gleichungen 12.1 und 12.2 gewählten Parameterwerten wird diese Verzerrung eine Über- oder Unterschätzung sein; hier handelt es sich um eine Unterschätzung.

```
+   z_y = -1.3     # Effekt z -> y
+ ) {
+   est_lm1 <- vector(length = sims)
+   est_lm2 <- vector(length = sims)

+   for (i in 1:sims) {
+     z <- rnorm(n)
+     x <- 0 + z_x*z + rnorm(n)
+     y <- 5.2 + x_y*x + z_y*z + rnorm(n)
+     mod.lm1 <- lm(y ~ x)
+     mod.lm2 <- lm(y ~ x + z)
+     est_lm1[[i]] <- coef(mod.lm1)[[2]]
+     est_lm2[[i]] <- coef(mod.lm2)[[2]]
+   }

+   return(tibble(`Modell 1` = est_lm1,
+                 `Modell 2` = est_lm2))
+ }
```

Wir lassen die Funktion mit den Defaulteinstellungen laufen und stellen die Schätzung des x-Parameters in beiden Modellen dar (Abbildung 12.3).

```
> est_dag1 <- generate_dag1()
>
> est_dag1 |>
+   pivot_longer(cols = everything(),
+                names_to = "Modell",
+                values_to = "Schätzung") |>
+   ggplot(aes(x = Schätzung)) +
+   geom_histogram(bins = 50,
+                  fill = "grey", colour = "black") +
+   facet_grid(cols = vars(Modell)) +
+   xlab("Schätzung x → y") +
+   ylab("Anzahl")
```

Die Simulation bestätigt, dass Modell 2, aber nicht Modell 1, eine unverzerrte Schätzung des kausalen Einflusses von x auf y liefert (0.6):

```
> apply(est_dag1, 2, mean)

 Modell 1  Modell 2
-0.038737  0.600681
```

Das Modell ohne den Störfaktor ist nicht falsch. Wenn man sich für die Frage interessiert, wie gross der durchschnittliche Unterschied in der y-Variablen ist, wenn man Beobachtungen ver-

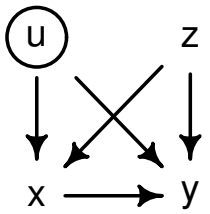


Abbildung 12.4: Der Störfaktor z ist im Datensatz vorhanden, aber der Störfaktor u wurde nicht erhoben.

gleicht, die sich um eine Einheit in der x-Variablen unterscheiden, ist dieses Modell genau das, was man braucht. Aber die Schätzungen dieses Modells kann man nicht kausal interpretieren, wenn man von den kausalen Zusammenhängen in Abbildung 12.1 ausgeht.

Das Fazit der obigen Betrachtungen scheint klar: Wenn man vermutet, dass Störfaktoren im Spiel sind, sollte man diese in der Analyse berücksichtigen, wenn man kausale Einflüsse schätzen will. In der Praxis ist dies aber nicht so einfach. Erstens setzt dieser Ansatz voraus, dass wir alle Störfaktoren kennen und überhaupt berücksichtigen können. Zweitens sind unsere Messungen nicht perfekt. Und drittens ist es möglich, dass die Störfaktoren einen nichtlinearen Effekt ausüben, während wir oben nur lineare Effekte berücksichtigt haben. Die Konsequenzen der ersten beiden Umstände können Sie in den folgenden fakultativen Aufgaben genauer unter die Lupe nehmen. Das Fazit verrate ich Ihnen schon:

Merksatz: Machen Sie sich keine Hoffnung, dass Sie mit statistischen Mitteln den Einfluss von Störfaktoren angemessen berücksichtigen können. Dazu müssten Sie nämlich alle Störfaktoren kennen, diese perfekt gemessen haben und die funktionale Form ihrer kausalen Einfluss richtig spezifizieren. **Statistische Mittel sind kein Ersatz für ein solides Forschungsdesign, das Störfaktoren neutralisiert.**

Aufgabe 1: Unbekannte Störfaktoren. In Abbildung 12.4 wurde unser DAG um einen Störfaktor u erweitert. Dieser Störfaktor ist aber unbekannt oder kann aus irgendwelchen Gründen nicht erhoben werden. Wir gehen von den folgenden kausalen Gleichungen aus:

$$
\begin{aligned}
z_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2),\\
u_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2),\\
x_i &= 0 + 1.2 \cdot z_i + 0.9 \cdot u_i + \tau_i,\\
y_i &= 5.2 + 0.6 \cdot x_i - 1.3 \cdot z_i + 2.5 \cdot u_i + \varepsilon_i,\\
\tau_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2),\\
\varepsilon_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2).
\end{aligned}
$$

Einen Datensatz mit 50 Beobachtungen können wir wie folgt generieren. Bemerken Sie, dass die Variable u zwar kreiert wird, aber nicht dem Datensatz hinzugefügt wird: Sie beeinflusst die x- und y-Variablen, aber wurde in der simulierten Studie ja nicht erhoben.

```
> n <- 50
> z <- rnorm(n)
> u <- rnorm(n)
> x <- 0 + 1.2*z + 0.9*u + rnorm(n)
> y <- 5.2 + 0.6*x - 1.3*z + 2.5*u + rnorm(n)
> d <- tibble(y, x, z)
```

Wir könnten nun ein Modell rechnen, in das immerhin der Störfaktor z aufgenommen wurde:

```
> aufgabe1.lm <- lm(y ~ x + z, data = d)
> summary(aufgabe1.lm)$coefficients
```

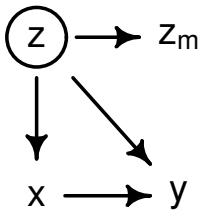


Abbildung 12.5: Es gibt im kausalen Zusammenhang zwischen x und y einen Störfaktor z, aber dieser wurde nicht direkt erhoben. Stattdessen müssen wir uns mit einem Indikator z_m begnügen.

```
            Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)   5.7908    0.30545 18.9583 1.1819e-23
x             1.6191    0.23888  6.7779 1.7762e-08
z            -2.1752    0.45849 -4.7443 1.9858e-05
```

1. Erklären Sie haargenau, was die Parameterschätzung für `x` bedeutet.
2. Zeigen Sie anhand einer Simulation, dass das Modell `aufgabe1.lm` keine unverzerrte Schätzung des kausalen Einflusses von x auf y liefert, obwohl der Störfaktor z berücksichtigt wurde.
3. Würde sich die Situation verbessern, wenn wir mit Datensätzen von 200 statt von 50 Beobachtungen arbeiten würden?

Aufgabe 2: Messfehler im Störfaktor. Abbildung 12.5 zeigt ein Szenario, wo z ein Störfaktor im Zusammenhang von x und y ist, aber wo wir z selber nicht gemessen haben. Stattdessen haben wir einen **Indikator** z_m von z gemessen. Dieser widerspiegelt das **Konstrukt** (z) imperfekt. Dass man Konstrukte (z.B. Arbeitsgedächtnis, L2-Schreibfähigkeit, L1-Vokabelwissen, Intelligenz, sozioökonomischer Status usw.) nur imperfekt misst, ist eher die Regel als die Ausnahme. Es ist aber wichtig, zu verstehen, wie sich diesen Messfehler auf die statistische Kontrolle auswirkt; siehe dazu auch Lecture 9 im Skript *Quantitative methodology: An introduction*.

Wir übernehmen die kausalen Gleichungen aus dem Anfang dieses Abschnitts: x beeinflusst y und z beeinflusst sowohl x als auch y. Der Unterschied besteht darin, dass wir statt z nun z_m beobachten. Die gemessene Variable z_m setzt sich zusammen aus dem Konstrukt z und einem Messfehler ψ, der aus einer Normalverteilung mit Mittel 0 und Standardabweichung 0.3 (also Varianz 0.3^2) stammt.

$$\begin{aligned}
z_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2),\\
z_{m,i} &= z_i + \psi_i,\\
x_i &= 0 + 1.2 \cdot z_i + \tau_i,\\
y_i &= 5.2 + 0.6 \cdot x_i - 1.3 \cdot z_i + \varepsilon_i,\\
\psi_i &\sim \text{Normal}(0, 0.3^2),\\
\tau_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2),\\
\varepsilon_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2).
\end{aligned} \tag{12.3}$$

In R können wir 50 Beobachtungen dieser Variablen wie folgt simulieren. Beachten Sie, dass z dem Datensatz nicht hinzugefügt wird, da wir statt z z_m gemessen haben.

```
> n <- 50
> z <- rnorm(n)
> z_m <- z + rnorm(n, sd = 0.3)
> x <- 0 + 1.2*z + rnorm(n)
> y <- 5.2 + 0.6*x - 1.3*z + rnorm(n)
> d <- tibble(y, x, z_m)
```

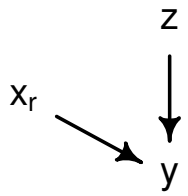


Abbildung 12.6: In diesem Szenario wurden die x-Werte zufällig und unabhängig von z zugewiesen. Dies wäre typisch für kontrollierte Experimente, in denen die unabhängige Variable x von den Forschenden nach dem Zufallsprinzip manipuliert wird.

Statt z können wir nur z_m in der Analyse berücksichtigen:

```
> aufgabe2.lm <- lm(y ~ x + z_m, data = d)
> summary(aufgabe2.lm)$coefficients
            Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  5.34024    0.13115 40.7195 2.6165e-38
x            0.48323    0.12591  3.8379 3.6947e-04
z_m         -1.23087    0.18704 -6.5808 3.5390e-08
```

1. Erklären Sie haargenau, was die Parameterschätzung für `x` bedeutet.
2. Zeigen Sie anhand einer Simulation, dass das Modell `aufgabe2.lm` keine unverzerrte Schätzung des kausalen Einflusses von x auf y liefert, obwohl der Störfaktor z mit einem Indikator z_m berücksichtigt wurde.
3. Würde sich die Situation verbessern, wenn wir mit Datensätzen von 200 statt von 50 Beobachtungen arbeiten würden?
4. Wäre es besser, den Störfaktor z in keinerlei Weise zu berücksichtigen?
5. Würde sich die Situation verbessern, wenn wir über einen genaueren Indikator von z verfügten? Wiederholen Sie zur Beantwortung dieser Frage die Simulation, aber verwenden Sie für ψ in Gleichung 12.3 eine Standardabweichung von 0.1 statt 0.3.

12.2 Kontrollvariablen bei kontrollierten Experimenten

In Abschnitt 12.1 haben wir das Szenario behandelt, in dem die Drittvariable z sowohl x als auch y beeinflusst. Dieses Szenario ist typisch für sog. observationelle (oder korrelationelle) Studien und Quasi-Experimente. In diesem Abschnitt behandeln wir dahingegen kontrollierte Experimente, in denen die Werte von x nach dem Zufallsprinzip von den Forschenden manipuliert wurden. In Abbildung 12.6 wird das x daher als x_r dargestellt (r für *randomised*). Ein typisches Beispiel für das hier betrachtete abstrakte Szenario ist die zufällige Zuordnung von Versuchspersonen zu den Konditionen eines Experiments. In diesem Fall wäre x eine kategorielle Variable, aber ohne Beschränkung der Allgemeinheit werden wir uns hier für kontinuierliche x-Variablen interessieren. Das vereinfacht nur die Simulationen; an den Schlussfolgerungen ändert dies nichts. Die Variable z wäre dann eine Variable, für die man sich zwar in erster Linie nicht interessiert, aber von der man vermutet, dass sie mit der abhängigen Variablen (y) korreliert ist. Das Paradebeispiel hierfür ist ein Prätest/Posttest-Experiment, wo x die Rolle der Kondition übernimmt, y die Posttestergebnisse darstellt und z die Prätestergebnisse.

Für die Simulationen gehen wir von dem von den folgenden Gleichungen beschriebenen Mechanismus aus:

$$\begin{aligned} x_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2), \\ z_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2), \\ y_i &= 5.2 + 0.3 \cdot x_i + 0.9 \cdot z_i + \varepsilon_i, \\ \varepsilon_i &\sim \text{Normal}(0, 1^2). \end{aligned} \tag{12.4}$$

In R können wir einen Datensatz mit 100 Beobachtungen, die diesen Gleichungen entsprechen, wie folgt kreieren:

```
> n <- 100
> x <- rnorm(n)
> z <- rnorm(n)
> y <- 5.2 + 0.3*x + 0.9*z + rnorm(n)
> d <- tibble(y, x, z)
```

```
> # Streudiagrammmatrix nicht im Skript
> scatterplot_matrix(d)
```

Wiederum rechnen wir ein Modell ohne und eins mit der z-Variablen. Man bemerke, dass zumindest für diese simulierten Daten beide Modell recht ähnliche Schätzungen für den `x`-Parameter liefern: 0.36 ± 0.15 und 0.36 ± 0.11.

```
> dag2.lm1 <- lm(y ~ x, data = d)
> summary(dag2.lm1)$coefficients

            Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  5.29974    0.14026 37.7847 3.1594e-60
x            0.36021    0.14648  2.4591 1.5680e-02
```

```
> dag2.lm2 <- lm(y ~ x + z, data = d)
> summary(dag2.lm2)$coefficients

            Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  5.34570    0.10719 49.8733 5.9563e-71
x            0.36387    0.11179  3.2548 1.5628e-03
z            0.90360    0.10705  8.4409 3.0763e-13
```

Tatsächlich liefern *beide* Modelle eine unverzerrte Schätzung des kausalen Einflusses von x auf y. Keines der Modelle ist also schlecht. Trotzdem ist das zweite Modell, in dem die z-Variable mitberücksichtigt wird, das Modell, das man rechnen sollte, wenn man überhaupt über die z-Variable verfügt. Der Grund dafür wird klarer, wenn wir wieder ein paar tausend Datensätze generieren. Dafür könnten wir zwar eine neue Funktion `generate_dag2()` schreiben. Aber wenn wir der Funktion `generate_dag1()` den Parameterwert 0 für `z_x` übergeben, erhalten wir auch die gewünschten Datensätze:

```
> est_dag2 <- generate_dag1(x_y = 0.3, z_y = 0.9, z_x = 0)
```

Wie Abbildung 12.7 zeigt, liefern beide Modelle unverzerrte Schätzungen des kausalen Einflusses von x auf y aus Gleichung 12.4. Die Schätzungen von Modell 2 variieren aber weniger von Datensatz zu Datensatz, das heisst, sie liegen im Schnitt näher bei dem eigentlichen Wert.

```
> est_dag2 |>
+   pivot_longer(cols = everything(),
+                names_to = "Modell",
+                values_to = "Schätzung") |>
+   ggplot(aes(x = Schätzung)) +
+   geom_histogram(bins = 50,
+                  fill = "grey", colour = "black") +
+   facet_grid(cols = vars(Modell)) +
+   xlab("Schätzung x → y") +
+   ylab("Anzahl")
```

Eine numerische Kontrolle bestätigt dies. Die Mittel der beiden Verteilungen sind nahezu gleich und nur wegen der beschränkten Anzahl Simulationen nicht genau 0.3. Verglichen zu den Schätzungen von Modell 1 haben die Schätzungen von Modell 2 aber eine Standardabweichung, die etwa 25% niedriger ist:

```
> apply(est_dag2, 2, mean)

Modell 1 Modell 2
```

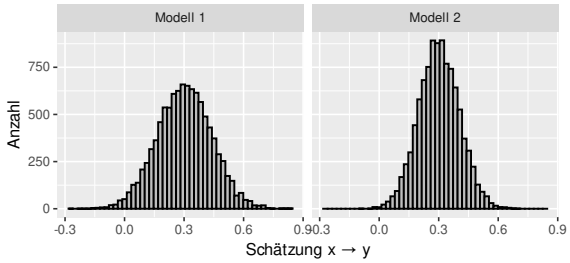


Abbildung 12.7: Beide Modelle liefern unverzerrte Schätzungen des Parameters, der den Einfluss von x auf y in Gleichung 12.4 ausdrückt (0.3). Die Schätzungen von Modell 2 variieren aber weniger zwischen den simulierten Datensätzen, das heisst, sie sind im Schnitt genauer.

```
 0.30180  0.30163

> apply(est_dag2, 2, sd)

Modell 1 Modell 2
 0.13666  0.10191
```

Fazit. Die Genauigkeit, mit der ein Modellparameter geschätzt wird, hängt von der Datenmenge und der Fehlervarianz ab. Dies zeigte sich bereits in der Formel zur Berechnung des Standardfehlers eines Mittels ($\widehat{\text{SE}} = \frac{s}{\sqrt{n}}$). Die Genauigkeit kann man also erhöhen, indem man mehr Daten sammelt oder indem man die Fehlervarianz senkt. Letzteres kann man wiederum auf ein paar Arten und Weisen bewirken:

- indem man zuverlässigere Instrumente, die das Konstrukt, für das man sich interessiert, genauer messen, verwendet;
- indem man den Einfluss von weiteren Variablen auf die outcome-Variable im Design der Studie reduziert. Wenn Alter ein möglicher Faktor wäre, könnte man zum Beispiel nur Teilnehmende in einer bestimmten schmalen Altersspanne rekrutieren. Hier muss man natürlich eine Abwägung zwischen der Genauigkeit der Ergebnisse und ihrer Generalisierbarkeit machen.
- indem man den Einfluss solcher weiteren Variablen statistisch berücksichtigt.

In dem wir die Drittvariable z ins Modell aufnehmen, obwohl sie keinen Störfaktor im Zusammenhang zwischen x und y darstellt, wird die Fehlervarianz kleiner und die Genauigkeit der Schätzungen grösser. Auch wenn Ihnen der Einfluss irgendeiner Variablen egal ist, kann es sich daher lohnen, diese Variable trotzdem mitzuerheben, wenn sie den Restfehler eingreifend reduzieren kann, insbesondere wenn die zusätzliche Variable leicht zu erheben ist.

Merksatz: Auch in kontrollierten Experimenten lohnt es sich, wichtige Kontrollvariablen in der Analyse zu berücksichtigen. Der Grund ist nicht, dass man eine verzerrte Schätzung vorbeugen will—auch ohne Kontrollvariablen würde das Modell eine unverzerrte Schätzung liefern. Vielmehr ist der Grund, dass man die Genauigkeit der Schätzung dadurch erhöhen kann. Dieser Vorteil trifft übrigens auch dann zu, und sogar *besonders* dann, wenn die Kontrollvariablen (z) nicht mit der unabhängigen Variablen (x) korreliert ist.

Übertreiben Sie aber nicht mit der Anzahl Kontrollvariablen. Eine oder zwei Kontrollvariablen, von denen man im Vorfeld weiss, dass sie stark mit dem outcome, aber kaum miteinander, korrelieren werden, und die man auch *vor* der Intervention erheben kann, sind nützlicher als eine grosse Anzahl von Kontrollvariablen, die vielleicht je nach Wetterlage und Mondposition einen Einfluss haben könnten. Insbesondere Prätestergebnisse sind wertvolle Kontrollvariablen, da sie in der Regel stark mit den Posttestergebnissen kontrollieren und weder von der Intervention betroffen sind noch die Gruppenzugehörigkeit bei der Intervention kausal beeinflussen.

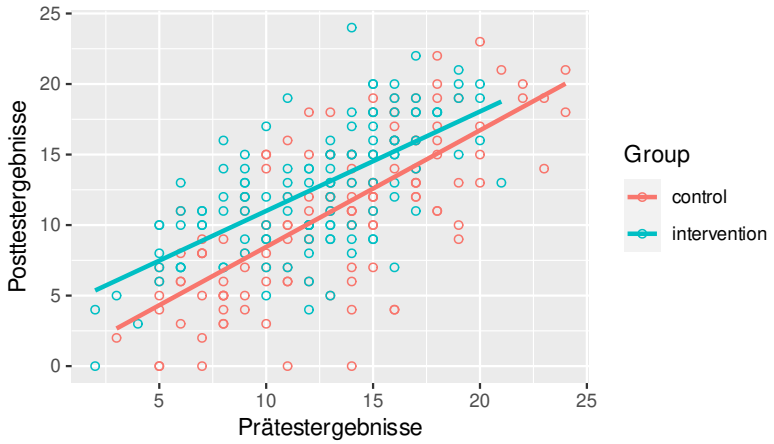


Abbildung 12.8: Individuelle T3- vs. T1-Ergebnisse bei Hicks (2021).

Beispiel: Prätest/Posttestexperiment. Aus den Überlegungen in diesem Abschnitt folgt, dass die Standardanalyse eines Prätest/Posttestexperiments mit kontinuierlichen Posttestergebnissen recht einfach ist:

```
> mod.lm <- lm(posttest ~ kondition + pretest, data = d)
```

Von Interesse wäre dann die Schätzung des `kondition`-Parameters. Diese Analyse wollen wir nun an einem Beispiel illustrieren. Die Daten, die wir analysieren werden, stammen aus einer Studie von Hicks (2021), in der bei 260 Kindern untersucht wurde, wie gut diese deutsch–englische Kognatwörter lernen konnten. Es fanden drei Datenerhebungen statt: T1, T2 und T3. Nach der ersten Datenerhebung wurde mit 120 Kindern eine Intervention durchgeführt, die zum Ziel hatte, den Kindern ein grösseres Bewusstsein für Kognatkorrespondenzen beizubringen. Die anderen 140 Kinder dienten als Kontrollgruppe.

Wir interessieren uns hier für die Frage, ob die Intervention dazu führte, dass die Kinder besser deutsch–englische Kognatwörter lernen. Wir tun hier, als ob die Kinder zufällig und unabhängig voneinander den Konditionen zugeordnet wurden. Das war zwar nicht der Fall, aber das Ziel hier ist es, zu zeigen, wie die Standardanalyse in diesem Ideallfall aussähe. Wir interessieren uns für die Posttestergebnisse bei der dritten Erhebung (T3); die Prätestergebnisse dienen uns als Kontrollvariable (T1); die Messungen der zweiten Erhebung ignorieren wir.

Lesen wir zunächst die Daten ein. Wir behalten der Übersichtlichkeit halber nur die Spalten, die wir tatsächlich brauchen.

```
> d <- read_csv(here("data", "hicks2021.csv")) |>
+   select(ID, Class, Group, T1cog, T3cog)
```

Eine Möglichkeit, die Daten grafisch darzustellen, ist in einem Streudiagramm, in dem die Datenpunkte je nach Kondition eine andere Farbe haben. Mit `geom_smooth()` können wir pro Kondition eine Trendlinie hinzufügen. Man bemerke, dass für beliebige Prätestwerte die Interventionsgruppe im Schnitt besser abzuscheiden scheint als die Kontrollgruppe (Abbildung 12.8).

```
> ggplot(d,
+        aes(x = T1cog, y = T3cog,
+            colour = Group)) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   geom_smooth(method = "lm", se = FALSE) +
+   xlab("Prätestergebnisse") +
+   ylab("Posttestergebnisse")
```

Wir können, wie bereits erwähnt, ein recht einfaches Modell rechnen, um den Interventionseffekt zu schätzen:

```
> hicks.lm <- lm(T3cog ~ Group + T1cog, data = d)
```

Um das Intercept etwa informativer zu machen, können wir *sum-coding* auf `Group` anwenden (siehe Abschnitt 10.1.4 auf Seite 124) und die Kontrollvariable um ihr Mittel zentrieren. Das Intercept stellt dann das erwartete durchschnittliche Ergebnis zu T3 bei Versuchspersonen mit einem durchschnittlichen T1-Ergebnis dar, über die beiden Konditionen des Experiments hinweg. Diese Schritte sind aber optional; nur die Interpretation des Intercepts ändert sich hierdurch.

```
> d$n.Group <- ifelse(d$Group == "intervention", 0.5, -0.5)
> d$c.T1cog <- d$T1cog - mean(d$T1cog)
> hicks.lm <- lm(T3cog ~ n.Group + c.T1cog, data = d)
> summary(hicks.lm)$coefficients

             Estimate Std. Error t value    Pr(>|t|)
(Intercept) 11.80908   0.224474 52.6079 1.3379e-139
n.Group      2.23604   0.451342  4.9542  1.3182e-06
c.T1cog      0.77484   0.050416 15.3687  3.0049e-38
```

Diese Analyse liefert eine Schätzung des Interventionseffekt von 2.2 ± 0.5 Punkten zugunsten der Interventionsgruppe.

Bemerken Sie, dass wir nirgends davon ausgegangen sind, dass die Prä- und Posttest identisch oder auch nur ähnlich waren. Tatsächlich hätte die Analyse gleich ausgesehen, auch wenn die Kontrollvariable kein Prätestergebnis, sondern etwa ein IQ-Score oder eine Selbstbeurteilung, die vor der Intervention erhoben wurde, gewesen wäre.

Bemerken Sie weiter, dass die Schätzung für `c.T1cog` *uns nicht interessiert*. Wir brauchen diesen Parameter, um die Genauigkeit der Parameterschätzung für `n.Group` zu erhöhen, aber dass die Posttestergebnisse positiv mit den Prätestergebnissen ist nicht relevant für die Forschungsfrage. M.E. muss im Forschungsbericht daher auch nicht auf diese Parameterschätzung eingegangen werden.

Tatsächlich wurden die Kinder in der Studie von Hicks (2021) aber nicht nach dem Zufallsprinzip und unabhängig voneinander den Konditionen zugeordnet. Stattdessen wurden sie per Schulklasse zugeordnet, und auch diese Zuordnung erfolgte nicht nach dem Zufallsprinzip:

> "Based on the number of lessons teachers were able to dedicate to the project, 10 classes were assigned to the control group and 7 classes to the intervention group." (Hicks, 2021, S. 6)

Entgegen den Tatsachen werden wir jetzt tun, als ob die Kinder zwar in ganzen Klassen, aber schon nach dem Zufallsprinzip den Konditionen zugeordnet wurden. Das heisst, wir tun jetzt, als ob die vorliegenden Daten aus einem **cluster-randomised experiment** kommen. Das Ziel ist es, zu zeigen, wie man Daten aus solchen Experimenten auf eine recht einfache aber korrekte Art und Weise analysieren kann. Für weitere Details verweise ich auf Vanhove (2015, 2020a).

Dass die Kinder nicht unabhängig voneinander, sondern in ganzen Klassen den Konditionen zugeordnet wurden, müssen wir unbedingt in der Analyse berücksichtigen. Eine einfache Art und Weise, dies zu tun, besteht darin, pro Klasse den Durchschnitt des *outcomes* und der Kontrollvariablen zu berechnen. Statt mit den individuellen Daten zu rechnen, rechnen wir mit diesen Klassendurchschnitten weiter. Abbildung 12.9 zeigt das resultierende Streudiagramm.

```
> d_per_class <- d |>
+   group_by(Class, Group) |>
+   summarise(
+     mean_T1 = mean(T1cog),
+     mean_T3 = mean(T3cog),
+     n = n(),
+     .groups = "drop"
+   )
> ggplot(d_per_class,
+        aes(x = mean_T1, y = mean_T3,
+            colour = Group)) +
```

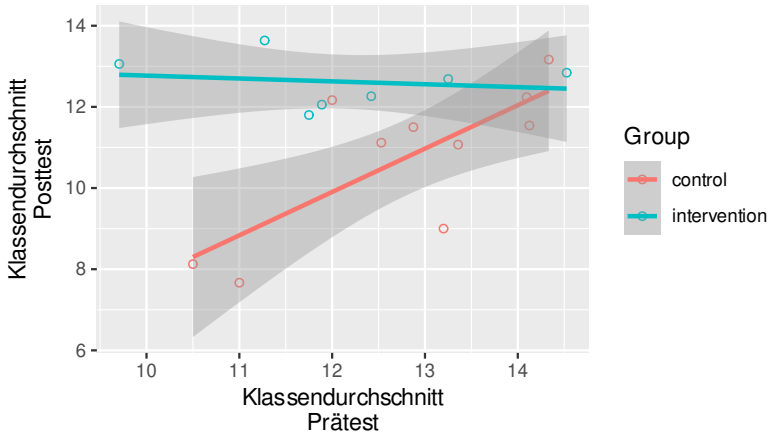


Abbildung 12.9: Durchschnittliche T3- vs. T1-Ergebnisse pro Klasse bei Hicks (2021).

```
+   geom_point(shape = 1) +
+   geom_smooth(method = "lm", se = TRUE) +
+   xlab("Klassendurchschnitt\nPrätest") +
+   ylab("Klassendurchschnitt\nPosttest")
```

Über die Tatsache, dass die Trendlinien nicht schön parallel verlaufen wie in Abbildung 12.8 würde ich mir keine grossen Sorgen machen. Dies könnte dennoch darauf hindeuten, dass die Intervention relativ stärker wirkt in Klassen, die im Schnitt beim Prätest schlechter abschnitten. Diese Möglichkeit untersuchen Sie genauer in den Aufgaben am Schluss dieses Kapitels.

```
> hicks_class.lm <- lm(mean_T3 ~ Group + mean_T1, data = d_per_class)
> summary(hicks_class.lm)$coefficients
                  Estimate Std. Error t value  Pr(>|t|)
(Intercept)        3.97119    3.18837  1.2455 0.2333822
Groupintervention  2.22440    0.68093  3.2667 0.0056227
mean_T1            0.53026    0.24686  2.1481 0.0496965
```

Diese Analyse, in der von einer zufälligen Zuordnung auf Klassenebene ausgegangen wird, ergibt einen geschätzten Interventionseffekt von 2.2 ± 0.7 Punkten. Obwohl der Standardfehler um die Schätzung grösser ist als in der ersten Analyse, ist diese Analyse zu bevorzugen, da sie der Tatsache Rechnung trägt, dass die Versuchspersonen nicht unabhängig voneinander den Konditionen zugewiesen wurden.

12.3 Vorsicht bei *posttreatment*-Variablen

In Abschnitt 12.1 beeinflusste die Drittvariable z sowohl x als auch y; in Abschnitt 12.2 beeinflusste z nur y und wurde sie auch nicht von x beeinflusst. Wenn die Drittvariable aber möglicherweise selber von x beeinflusst wird, spricht man von einer *posttreatment*-Variablen. Eine solche Beeinflussung ist in kontrollierten Experimenten dann möglich, wenn die z-Variable nach der Durchführung der Intervention erhoben wurde. Ich tue Ihnen in diesem Skript die Details nicht an, da ich diese im Blogeintrag *The consequences of controlling for a post-treatment variable* (29.6.2021) besprochen habe. Das Fazit kann man in zwei Aufzählungszeichen zusammenfassen:

- Vorsicht bei *posttreatment*-Variablen.
- Erheben Sie in Ihren Experimenten die Kontrollvariablen, bevor die Intervention durchgeführt wird. Damit vermeiden Sie nämlich, dass Ihre Kontrollvariablen *posttreatment*-Variablen sind.

12.4 Noch der Vollständigkeit halber

12.4.1 Kollinearität

Wenn man mehrere Prädiktoren in ein Modell aufnimmt, kann man in Gutachten oder beim Stöbern im Internet auf den Begriff *Kollinearität* stossen. Ich will über diesen Begriff hier nicht allzu viele Worte verlieren und verweise Sie stattdessen auf Vanhove (2021a), falls jemand dieses Bildungswort mal in Ihre Richtung wirft.

12.4.2 Was heissen *multiple R squared* und *adjusted R squared*?

Eine Zeile im `summary()`-Output, die wir bisher ignoriert haben, ist die Zeile mit den Infos `Multiple R-squared` (R^2) und `Adjusted R-squared` (R^2_{adj}). Diese Zahlen wollen wir nun genauer unter die Lupe nehmen. Dazu benutzen wir einen Datensatz von Vanhove et al. (2019). Die Datei `helascot_ratings.csv` enthält zwischen 2 und 18 Beurteilungen auf einer 9er-Skala des Wortschatzreichtums in kurzen von Kindern geschriebenen Texten. Wir fokussieren uns hier auf argumentative französische Texte, die bei der zweiten Messerhebung geschrieben wurden und die von Ratern mit französischer Muttersprache (‘‘`bi-French`’’ oder ‘‘`mono-French`’’) beurteilt wurden. Für jeden Text berechnen wir die durchschnittliche Beurteilung:

```
> ratings <- read_csv(here("data", "helascot_ratings.csv"))
> ratings_per_text <- ratings |>
+   filter(Text_Language == "French") |>
+   filter(Text_Type == "arg") |>
+   filter(Time == 2) |>
+   filter(Rater_NativeLanguage %in% c("bi-French", "mono-French")) |>
+   group_by(Text) |>
+   summarise(mean_rating = mean(Rating))
```

Die Datei `helascot_metrics.csv` enthält zu jedem Text Unmengen von quantifizierten lexikalischen Merkmalen der beurteilten Texte. Wir fügen diese dem tibble mit den durchschnittlichen Beurteilungen hinzu:

```
> metrics <- read_csv(here("data", "helascot_metrics.csv"))
> ratings_per_text <- ratings_per_text |>
+   left_join(metrics, by = "Text")
```

Wir möchten ein Regressionsmodell rechnen, das erfasst, wie die durchschnittliche Beurteilung mit ausgewählten Textmerkmalen zusammenhängt. Das erste Merkmal ist die Anzahl *tokens*[1] im beurteilten Text (`nTokens`), das zweite ist der Guiraud-Index. Diesen berechnet man wie folgt:

$$\text{Guiraud} = \frac{\text{Anzahl } \textit{types}}{\sqrt{\text{Anzahl } \textit{tokens}}}.$$

Abbildung 12.10 zeigt eine Streudiagrammmatrix mit den drei Variablen. Übrigens stelle ich das outcome am liebsten links oben und die Prädiktoren rechts.

```
> ratings_per_text |>
+   select(mean_rating, Guiraud, nTokens) |>
+   scatterplot_matrix(labels = c("Mittel Beurteilung", "Guiraud",
+                                 "Anzahl Tokens"))
```

Das Histogramm für `nTokens` zeigt eine positive Schiefe auf. Da diese Variable nur strikt positive Werte haben kann, können wir den Logarithmus ziehen, um diese positive Schiefe entgegenzuwirken.[2] Hier nehmen wir den Zweierlogarithmus, aber wir hätten auch irgendwelchen anderen

[1] *Tokens* sind die Wörter in einem Text, *types* die unterschiedlichen Wörter.

[2] Der Logarithmus ist die Umkehrfunktion der Exponierung. Da $10^3 = 1000$, gilt folglich $\log_{10} 1000 = 3$. Ebenso gilt $\log_2 128 = 7$, da eben $2^7 = 128$. Grundsätzlich drückt man mit Logarithmen Grössenordnungen aus. Welchen Logarithmus ($\log_{10}$, $\log_2$, $\log_{16}$, $\log_e$) man dazu verwendet, ist eigentlich unerheblich: Die Zahlen ändern sich zwar, aber die relativen Distanzen zwischen ihnen bleiben gleich. Die Logarithmusfunktionen sind aber nur für strikt positive Zahlen definiert.

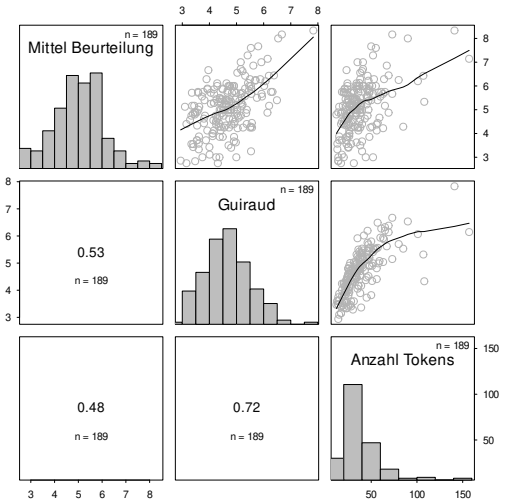


Abbildung 12.10: Streudiagrammmatrix mit den durchschnittlichen Textbeurteilungen sowie den Guiraud-Werten und der Anzahl *tokens* der Texte. Die Anzahl *tokens* ist rechtsschief verteilt, weshalb wir statt mit den Rohwerten mit den Logarithmen dieser Werte weiterrechnen werden.

Logarithmus nehmen können. Der Vorteil mit dem Zweierlogarithmus ist, dass ich eben selber, ohne gross nachdenken zu müssen, weiss, dass die Zahl 4 Texte der Länge 16 repräsentiert (da $2^4 = 16$), die Zahl 5 Texte der Länge 32 (doppelt so lang) und die Zahl 6 Texte der Länge 64 (wieder doppelt so lang).

```
> ratings_per_text$log2.nTokens <- log2(ratings_per_text$nTokens)
```

Aufgabe. Zeichnen Sie die Streudiagrammmatrix erneut, diesmals mit `log2.nTokens` statt mit `nTokens`. Kreieren Sie zusätzlich eine Variable mit dem 10er-Logarithmus von `nTokens`. Dazu können Sie die Funktion `log10()` verwenden. Zeichnen Sie dann eine Streudiagrammmatrix mit dieser Variablen, sodass Sie sehen können, dass sich dadurch die Zahlen entlang den Achsen zwar ändern, aber die Muster nicht.

Kommen wir nun endlich zu den R^2-Werten. Dazu rechnen wir zunächst ein lineares Modell mit den drei Variablen und wenden dann die `summary()`-Funktion auf das Modellobjekt an:

```
> ratings.lm <- lm(mean_rating ~ log2.nTokens + Guiraud,
+                  data = ratings_per_text)
> summary(ratings.lm)


Call:
lm(formula = mean_rating ~ log2.nTokens + Guiraud, data = ratings_per_text)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-2.4598 -0.6453  0.0314  0.6066  2.0814

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)     1.223      0.504    2.43  0.01616
log2.nTokens    0.349      0.160    2.19  0.02981
Guiraud         0.450      0.128    3.51  0.00057

Residual standard error: 0.902 on 186 degrees of freedom
```

```
Multiple R-squared:  0.294,Adjusted R-squared:  0.287
F-statistic: 38.8 on 2 and 186 DF,  p-value: 8.36e-15
```

Die erste Zahl (`Multiple R-squared`, man schreibt einfach R^2), drückt aus, welchen Anteil der Varianz im outcome in diesem Datensatz von der geschätzten Regressionsgleichung erfasst wird. Oft spricht man dabei dann von 'erklärter Varianz', aber das Modell erklärt ja eigentlichen Sinne nichts—das ist den Forschenden überlassen. Um zu sehen, wo diese Zahl herkommt, ermitteln wir die Varianz im outcome. Diese beträgt etwa 1.14:

```
> var(ratings_per_text$mean_rating)

[1] 1.1396
```

Die Varianz der Modellresiduen beträgt noch etwa 0.80:

```
> var(resid(ratings.lm))

[1] 0.80421
```

Von der Varianz in der outcome-Variablen bleibt also noch $\frac{0.80}{1.14} = 71\%$ übrig, wenn man die linearen Zusammenhänge mit den vier Prädiktoren berücksichtigt. Mit anderen Worten erfasst das Modell 29% der Varianz im outcome:

```
> 1 - var(resid(ratings.lm)) / var(ratings_per_text$mean_rating)

[1] 0.29429
```

Es gibt noch andere Methoden, um R^2 zu berechnen, aber diese ergeben beim allgemeinen linearen Modell alle die gleiche Lösung—nicht jedoch beim verallgemeinerten linearen Modell, das wir noch nicht besprochen haben. Siehe Kvålseth (1985).

Ein Problem mit R^2 ist, dass es nur grösser werden kann, wenn man dem Modell mehr und mehr Prädiktoren hinzufügt. Dies auch dann wenn diese Prädiktoren eigentlich nicht mit dem outcome zusammenhängen: Rein durch Zufall wird der geschätzte Regressionskoeffizient für den Zusammenhang zwischen einem zusätzlichen, irrelevanten Prädiktor und dem outcome in der Stichprobe nie ganz genau 0 sein. In der *Stichprobe* beschreibt ein irrelevanter Prädiktor also immer noch ein bisschen Varianz im outcome, auch wenn er dies in der *Population* nicht tut. Diese Tatsache können wir leicht überprüfen, indem wir dem Datensatz und dem Modell eine Zufallsvariable, die keinen Bezug zum outcome hat, hinzufügen:

```
> ratings_per_text$quatsch <- rnorm(n = nrow(ratings_per_text))
> ratings.lm2 <- lm(mean_rating ~ log2.nTokens + Guiraud + quatsch,
+                   data = ratings_per_text)
> summary(ratings.lm2)$r.squared

[1] 0.29802
```

Der R^2-Wert ist nun etwas grösser als vorher, obwohl der neue Prädiktor vollkommen irrelevant ist. Um dieses Problem vorzubeugen, wird der R^2-Wert manchmal nach unten korrigiert, und zwar mit dieser Formel:

$$R^2_{\text{adj}} = 1 - \frac{(1 - R^2)(n - 1)}{n - p - 1},$$

wo n die Anzahl Datenpunkte ist und p die Anzahl Prädiktoren. In unserem Fall ergibt dies fürs `ratings.lm`-Modell

```
> 1 - (1 - summary(ratings.lm)$r.squared)*(189 - 1)/(189 - 2 - 1)

[1] 0.2867
```

und fürs `ratings.lm2`-Modell

```
> 1 - (1 - summary(ratings.lm2)$r.squared)*(189 - 1)/(189 - 3 - 1)

[1] 0.28664
```

Dies sind die `Adjusted R-squared`-Werte im `summary()`-Output.

Selber bin ich kein grosser Fan von R^2 oder R^2_{adj}; siehe *Why reported R^2 values are often too high* (22.4.2016). Viele Forschende scheinen übrigens zu denken, dass R^2 ihnen sagt, wie viel Varianz das geschätzte Regressionsmodell vermutlich in einer neuen Stichprobe erfassen wird. Das stimmt aber nicht: R^2_{adj} schätzt, wie viel Varianz ein Modell mit den gleichen Prädiktoren *aber mit neuen Parameterschätzungen* in einer neuen Stichprobe erfassen wird. Dies unter der Annahme, dass sowohl die ursprüngliche als auch die hypothetische neue Stichprobe Zufallsstichproben aus der gleichen Population sind. Wer sich für die Vorhersagekraft des Modells interessiert, sollte sich ohnehin besser über die Prinzipien der prädiktiven Modellierung schlau machen. Siehe dazu die Literaturempfehlungen.

12.4.3 Und was ist mit diesem *F*-Test im `summary()`-Output?

Die letzte Zeile im `summary()`-Output kann man erst verstehen, wenn man weiss, was *F*-Tests überhaupt sind. Siehe dazu Kapitel 14. Aber falls Sie neugierig sind: Die Infos auf dieser Zeile sind komplett unwichtig; ich ignoriere sie immer.

12.5 Weiterführende Literatur

Abschnitt 12.1 hat versucht, klar zu machen, dass man sich nicht zu viel von 'statistischer Kontrolle' versprechen sollte. Die Gründe dafür kann man nochmals genauer in Christenfeld et al. (2004) und Huitema (2011, Part VII) nachlesen. Insbesondere empfehle ich aber Westfall & Yarkoni (2016), auch wenn es in diesem Artikel hauptsächlich um Signifikanztests handelt, die wir eben noch nicht besprochen haben. Wer lieber eine Diskussion dieser Probleme in einem sprachwissenschaftlichen Kontext liest, kann sich die letzten paar Seiten in Berthele & Vanhove (2020) anschauen.

Zum Nutzen von Kontrollvariablen, um die Genauigkeit von Schätzungen in kontrollierten Experimenten zu erhöhen, und zur Analyse von Prätest/Posttestexperimenten, siehe Vanhove (2015) und dort zitierte Literatur.

Eine Einführung in die Grundprinzipien der prädiktiven Modellierung findet sich bei Yarkoni & Westfall (2017). Für ausführlichere Informationen empfehle ich Kuhn & Johnson (2013). Shmueli (2010) erklärt weiter, wieso ein Modell, das hinsichtlich seiner Vorhersagekraft optimiert wurde, nutzlos sein kann, wenn es darum geht, kausale Schlussfolgerungen zu ziehen, und umgekehrt. Der Merksatz hier ist, dass man sich bereits bei der Planung des Forschungsprojekts ganz genau überlegen sollte, was das wichtigste Ziel ist: kausale Einflüsse schätzen oder ein möglichst vorhersagekräftiges Modell basteln. Denn beide Ziele beissen sich öfters.

12.6 Aufgaben

1. Wir rechnen ein neues Modell mit den Textbeurteilungsdaten. Statt des Guiraud-Indexes verwenden wir das *type/token*-Verhältnis (`TTR`) als Prädiktor.

```
> mod1.lm <- lm(mean_rating ~ log2.nTokens + TTR,
+               data = ratings_per_text)
> summary(mod1.lm)$coefficients
             Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)   -2.0262    1.17207 -1.7287 8.5515e-02
log2.nTokens   1.0332    0.12875  8.0250 1.1131e-13
TTR            2.3493    0.80032  2.9355 3.7503e-03
```

   (a) Entscheiden Sie für jede dieser Aussagen, ob sie stimmt, und begründen Sie Ihre Antwort.

      i. Dem Modelloutput kann man entnehmen, dass es einen positiven linearen Zusammenhang zwischen den TTR-Werten und den Beurteilungen gibt, sodass Texte mit höheren TTR-Werten im Schnitt bessere Beurteilungen erhalten als Texte mit niedrigeren TTR-Werten.

ii. Dem Modelloutput kann man entnehmen, dass ein höherer TTR-Wert dazu führt, dass ein Text eine bessere Beurteilung erhält.

(b) Zeichnen Sie eine Streudiagrammmatrix mit den drei im Modell vorhandenen Variablen. Wollen Sie Ihre Antwort auf die letzte Frage überarbeiten?

(c) Erklären Sie haargenau, was die folgenden Zahlen im Modelloutput bedeuten:

i. -2.0 (Schätzung für `(Intercept)`);

ii. 1.0 (Schätzung für `log2.nTokens`);

iii. 2.3 (Schätzung für `TTR`).

(d) Wie müsste man das Modell anpassen, damit das Intercept die vom Modell erwartete durchschnittliche Beurteilung eines Textes mit einer durchschnittlichen log-Anzahl *tokens* und einem durchschnittlichen TTR-Wert zeigt?

(e) Nehmen Sie an, ein Text zähle 64 *tokens* und habe einen TTR-Wert von 0.7. Welche durchschnittliche Beurteilung würde man auf der Basis dieses Modells für diesen Text erwarten?

2. Wir rechnen ein neues Modell mit den Daten aus Vanhove (2014), denen wir in Abschnitt 11.3 begegnet sind. Wir wollen den Zusammenhang zwischen einerseits der Variablen `CorrectSpoken` und andererseits den Prädiktoren `WST.Right` (Ergebnis bei einem fortgeschrittenen L1-Vokabeltest), `Raven.Right` (Ergebnis bei einem Intelligenztest) und `DS.Span` (Ergebnis bei einem Kurzzeitgedächtnistest) modellieren:

```
> cognates <- read_csv(here("data", "vanhove2014_cognates.csv"))
> background <- read_csv(here("data", "vanhove2014_background.csv"))
> cognates <- cognates |>
+   left_join(background, by = "Subject") |>
+   filter(English.Overall != -9999)
> mod2.lm <- lm(CorrectSpoken ~ WST.Right + Raven.Right + DS.Span,
+               data = cognates)
> summary(mod2.lm)$coefficients
             Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  5.81082   1.539239  3.7751 2.2687e-04
WST.Right    0.23561   0.039228  6.0062 1.2875e-08
Raven.Right  0.30060   0.044536  6.7498 2.7474e-10
DS.Span     -0.38129   0.321283 -1.1868 2.3712e-01
```

(a) Entscheiden Sie für jede dieser Aussagen, ob sie stimmt, und begründen Sie Ihre Antwort.

i. Dem Modelloutput kann man entnehmen, dass es einen negativen linearen Zusammenhang zwischen den `DS.Span`-Werten und der Anzahl richtig übersetzter gesprochener Wörter gibt.

ii. Dem Modelloutput kann man entnehmen, dass, wenn man L1-Vokabelkenntnisse und Kürzzeitgedächtniskapazität konstant hält, es einen positiven linearen Zusammenhang zwischen Intelligenz und der Anzahl richtig übersetzter gesprochener Wörter gibt.

(b) Zeichnen Sie eine Streudiagrammmatrix mit den vier im Modell vorhandenen Variablen. Wollen Sie Ihre Antwort auf die letzte Frage überarbeiten?[3]

(c) Erklären Sie haargenau, was die folgenden Zahlen im Modelloutput bedeuten:

i. 5.8 (Schätzung für `(Intercept)`);

ii. 0.3 (Schätzung für `Raven.Right`);

iii. -0.4 (Schätzung für `DS.Span`).

[3]Eigentlich sollte die Visualisierung der Daten (hier mittels einer Streudiagrammmatrix) der erste Schritt der Analyse sein, nicht ein Schritt, den man wie hier zwecks der Kontrolle ausführt.

3. Wir greifen das Modell `mueller_per_class.lm` wieder auf (siehe Seite 162) und fügen ihm eine Interaktion zwischen `Group` und `mean_T1` hinzu:

```
> hicks_per_class.lm2 <- lm(mean_T3 ~ Group*mean_T1, data = d_per_class)
> summary(hicks_per_class.lm2)$coefficients[, 1:2]

                          Estimate Std. Error
(Intercept)               -2.9242    3.57409
Groupintervention         16.4022    5.05912
mean_T1                    1.0689    0.27788
Groupintervention:mean_T1 -1.1397    0.40421
```

   (a) Erklären Sie die genaue Bedeutung von allen vier Parameterschätzungen.

   (b) Fügen Sie dem tibble `d_per_class` zwei neue Variablen hinzu. Die erste sollte eine summenkodierte Variante von `Group` sein ($+0.5$ für 'intervention', -0.5 für 'control'.) Die zweite sollte eine um ihr Stichprobenmittel zentrierte Variante der Variablen `mean_T1` sein. Rechnen Sie das Modell `mueller_per_class.lm2` neu mit diesen neu kodierten Variablen. Dabei sollten Sie feststellen, dass sich drei Parameterschätzungen eingreifend geändert haben und eine gleich geblieben ist.

   (c) Erklären Sie die genaue Erklärung von allen vier Parameterschätzungen im neuen Modell. Wie erklären Sie sich den Unterschied in den Schätzungen für die Gruppenvariable im ersten Modell (16.4) und im zweiten (2.1)?

   (d) Berechnen Sie das vom Modell vorhergesagte durchschnittliche Posttestergebnis einer Klasse mit einem durchschnittlichen Prätestergebnis von 11 Punkten, die der Kontrollgruppe zugeordnet wurde. Führen Sie diese Berechnung sowohl anhand der Parameterschätzungen des ersten Modells als auch anhand der Parameterschätzungen des zweiten Modells aus. Was stellen Sie dabei fest?

   (e) Gleiche Aufgabe, aber für eine Klasse, die der Interventionsgruppe zugeordnet wurde. Wie gross ist also der geschätzte Interventionseffekt für Klassen mit einem durchschnittlichen Prätestergebnis von 11 Punkten?

   (f) Berechnen Sie das vom Modell vorhergesagte durchschnittliche Posttestergebnis einer Klasse mit einem durchschnittlichen Prätestergebnis von 13 Punkten, die der Kontrollgruppe zugeordnet wurde. Führen Sie diese Berechnung sowohl anhand der Parameterschätzungen des ersten Modells als auch anhand der Parameterschätzungen des zweiten Modells aus. Was stellen Sie dabei fest?

   (g) Gleiche Aufgabe, aber für eine Klasse, die der Interventionsgruppe zugeordnet wurde. Wie gross ist also der geschätzte Interventionseffekt für Klassen mit einem durchschnittlichen Prätestergebnis von 13 Punkten?

   (h) Wie würden Sie die Frage, wie sich die Intervention auf die Posttestleistung auswirkt, beantworten?

Kapitel 13

Die Logik des Signifikanztests

Für viele Forschende scheint der Sinn und Zweck einer statistischen Analyse das Produzieren eines möglichst 'signifikanten' p-Wertes zu sein. Meines Erachtens lässt sich dies dadurch erklären, dass solche Forschende die Bedeutung von p-Werten falsch verstehen. Um derartige Missverständnisse vorzubeugen, introduziert dieses Kapitel p-Werte zunächst rein konzeptuell, ohne zusätzliche Mathe zu verwenden.

13.1 Randomisierung als Inferenzbasis

13.1.1 Ein einfaches Experiment

Stellen Sie sich folgendes Experiment vor. Um den Effekt von Alkohol auf die Sprechgeschwindigkeit zu untersuchen, werden sechs Germanistikstudierende zu einem Experiment eingeladen. Sechs Teilnehmende ist natürlich eine lächerlich kleine Anzahl, aber diese Erklärung bleibt dadurch übersichtlich. Nach dem Zufallsprinzip wird die Hälfte der Studierenden der Experimentalgruppe und die andere Hälfte der Kontrollgruppe zugeteilt. Die Versuchspersonen in der Experimentalgruppe müssen ein Videofragment beschreiben, nachdem sie zuerst 5 Deziliter alkoholhaltiges Bier getrunken haben. Die Versuchspersonen in der Kontrollgruppe erledigen dieselbe Aufgabe, trinken statt alkoholhaltigem aber 5 Deziliter alkoholfreies Bier. Die Versuchspersonen wissen nicht, ob das Bier, das sie trinken, alkoholfrei oder alkoholhaltig ist. Gemessen wird die Sprechgeschwindigkeit in Silben pro Sekunde. Auch die Mitarbeitenden, die die Silben zählen, wissen nicht, welche Versuchspersonen welcher Kondition zugeteilt wurden (*double-blind experiment*).

Von den sechs Studierenden wurden Sandra, Daniel und Maria nach dem Zufallsprinzip der Kontrollgruppe zugeteilt, während Nicole, Michael und Thomas der Experimentalgruppe zugeteilt wurden. Die Versuchspersonen in der Kontrollgruppe äusserten beim Beschreiben des Videofragments 4.2, 3.8 und 5.0 Silben pro Sekunde; diejenigen in der Experimentalgruppe 3.1, 3.4 und 4.3 Silben pro Sekunde; siehe Abbildung 13.1. Es ist klar, dass die Versuchspersonen in der Kontrollgruppe eine höhere durchschnittliche Sprechgeschwindigkeit haben als jene in der Experimentalgruppe: Der Unterschied zwischen den Gruppenmitteln beträgt etwa 0.73 Silben pro Sekunde. Können wir daraus schliessen, dass das Trinken von alkoholhaltigem vs. alkoholfreiem Bier diesen Unterschied mitverursacht hat, oder beruht er auf reinem Zufall?

13.1.2 Warum randomisieren?

Die Versuchspersonen wurden nach dem Zufallsprinzip einer der Gruppen zugeordnet. So wurde sichergestellt, dass die Ergebnisse nicht systematisch verzerrt wurden. Zum Beispiel gibt es in der Kontrollgruppe zwei Frauen und in der Experimentalgruppe nur eine. Aber dieser Unterschied ist rein zufällig. Das Ziel von Randomisierung ist eben nicht, perfekt äquivalente Gruppen zu generieren, sondern eine systematische Verzerrung vorzubeugen, sowohl was bekannte als was unbekannte Störvariablen betrifft. Siehe Vanhove (2015) zu diesem Missverständnis.

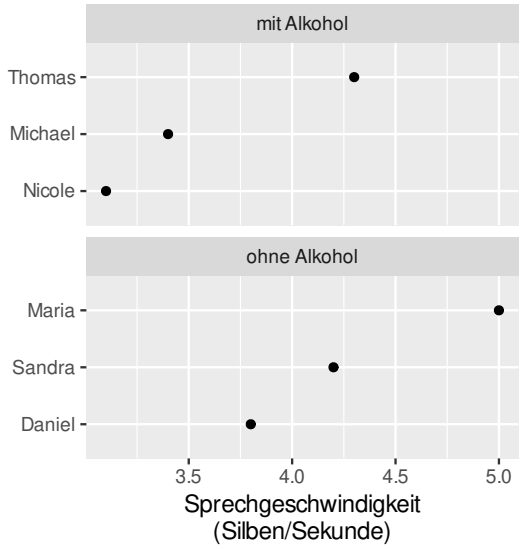


Abbildung 13.1: Ergebnisse eines fiktiven Experiments.

Ausserdem handelt es sich in diesem Fall um ein *double-blind experiment*: Weder die Versuchspersonen selber noch die auswertenden Mitarbeitenden wussten, wer welcher Kondition zugeteilt wurde. Dies beugt eine Verzerrung der Ergebnisse aufgrund von **Erwartungseffekten** vonseiten der Versuchspersonen (*subject-expectancy effect*, vgl. den Placebo-Effekt) oder vonseiten der Forschenden (*observer-expectancy effect*) vor.

Sicher hätten wir dieses Design verfeinern können, etwa indem wir die Herkunft der Versuchspersonen in den beiden Gruppen fixiert hätten (z.B. eine Bünderin, ein Zürcher und eine Bernerin in jeder Gruppe; wer sich für solche raffiniertere Designs interessiert, kann sich ausgewählte Kapitel aus Oehlert, 2010, anschauen) oder indem wir die Sprachgeschwindigkeit der Versuchspersonen auch vor dem Experiment gemessen hätten ('Prätest'), sodass wir diese in der Analyse hätten mitberücksichtigen können. Aber auch ohne solche Raffinesse erlaubt dieses Design dank der Randomisierung und der Blindierung gültige Aussagen.

13.1.3 Die Nullhypothese und Re-Randomisierung

Der Unterschied zwischen den Mitteln der Gruppen beträgt 0.73 Silben pro Sekunde. Da wir ein randomisiertes Experiment ausgeführt haben und somit eine systematische Verzerrung der Ergebnisse vorgebeugt haben, könnten wir daraus sogar schliessen, dass dieser Unterschied z.T. von unserer experimentellen Manipulation *verursacht* wurde: Der Konsum von 5 Deziliter alkoholhaltigem Bier senkt die Sprechgeschwindigkeit.

Bevor wir eine solche kausale Aussage machen, müssen wir uns mit einer trivialeren Erklärung beschäftigen: Vielleicht beruht der Unterschied auf reinem Zufall. Dies ist unsere **Nullhypothese** (H_0), die wir mit einer ziemlich vagen **Alternativhypothese** (H_A) kontrasieren können:

- H_0: Der Unterschied zwischen beiden Mitteln ist *nur* dem Zufallsfaktor zuzuschreiben.
- H_A: Der Unterschied ist *auch teilweise* der experimentellen Manipulation zuzuschreiben.

In der sog. 'frequentistischen' Tradition des Nullhypothesen Testens berechnet man, wie wahrscheinlich es ist, das beobachtete Muster (hier: den Unterschied zwischen den Gruppenmitteln) oder noch extremere Muster anzutreffen, wenn die Nullhypothese denn tatsächlich stimmen würde. Diese Wahrscheinlichkeit bezeichnet man als den p-Wert (p für *probability*). Ist diese Wahrscheinlichkeit gering, dann zieht man daraus in der Regel die Schlussfolgerung, dass die Annahme, dass die Nullhypothese stimmt, wohl nicht berechtigt ist, und dass auch ein systematischer Effekt im Spiel ist. In der Regel hantiert man dabei eine arbiträre Schwelle (z.B. 5%), unter der der p-Wert als zu klein gilt.

Bevor wir uns einigen konzeptuellen Problemen mit diesem Vorgehen widmen und einige Kom-

plikationen besprechen, schauen wir uns eine Methode an, um den p-Wert zu berechnen. Wenn wir davon ausgehen, dass die Nullhypothese stimmt, dann ist der Unterschied zwischen den Gruppen lediglich das Ergebnis der Randomisierung, also des Zufalls. Unter dieser Annahme hätte Michael auch in der Kontrollgruppe 3.4 Silben pro Sekunde geäussert; ebenso hätte Sandra in der Experimentalgruppe 4.2 Silben pro Sekunde geäussert. Wenn das Zufallsverfahren also statt Michael Sandra der Experimentalgruppe zugeteilt hätte und Alkoholkonsum die Sprechgeschwindigkeit nicht beeinflusst, dann wäre das Mittel der Experimentalgruppe 3.87 gewesen und das der Kontrollgruppe 4.07. In diesem Fall hätten wir also eine um 0.20 Silben pro Sekunde höhere Sprechgeschwindigkeit in der Experimentalgruppe festgestellt.

Insgesamt gibt es 20 Möglichkeiten, wie die Experimental- und Kontrollgruppe hätten aussehen können. Diese Zahl können wir mit dem binomischen Koeffizienten (auch *choose*-Funktion genannt) berechnen:[1]

$$\binom{6}{3} = \frac{6!}{3! \cdot (6-3)!} = \frac{6 \cdot 5 \cdot 4 \cdot 3 \cdot 2 \cdot 1}{(3 \cdot 2 \cdot 1) \cdot (3 \cdot 2 \cdot 1)} = 20.$$

Oder in R:

```
> choose(n = 6, k = 3)

[1] 20
```

Jede dieser Möglichkeiten ist in Abbildung 13.2 dargestellt. Für jede können wir berechnen, wie gross der Gruppenunterschied ist. Der R-Code ist dabei nicht wichtig, weshalb ich ihn nicht zeige; nur die Logik ist wichtig.

Abbildung 13.3 stellt die 20 möglichen Gruppenunterschiede dar, die man hätte antreffen können, wenn die Nullhypothese tatsächlich stimmen würde. Im Schnitt betrüge der Gruppenunterschied unter Annahme der Nullhypothese 0, aber je nachdem, welche Versuchsperson welcher Kondition zugeordnet worden wäre, hätte man kleinere aber durchaus auch grössere Unterschiede feststellen können. Dieser Grafik kann man entnehmen, wie ungewöhnlich nun Gruppenunterschiede, die mindestens so gross sind wie der Gruppenunterschied, den wir tatsächlich festgestellt haben, unter Annahme der Nullhypothese wären. Die roten Strichellinien zeigen, dass in 6 von 20 Fällen die Gruppenunterschiede um 0.73 Silben pro Sekunde oder noch mehr voneinander abweichen. Auch wenn die Nullhypothese in unserem Beispiel tatsächlich stimmen würde, hätten wir also in 6 der 20 möglichen Stichproben (also in 30% der Fälle) einen Gruppenunterschied von 0.73 Silben pro Sekunde oder sogar noch mehr feststellt. Dies ist unser p-Wert. Da eine Wahrscheinlichkeit von 30% doch beträchtlich ist, würde wohl kaum jemand schlussfolgern, dass wir ausschlaggebende Evidenz gegen die Nullhypothese gesammelt haben. Dies heisst aber *nicht*, dass wir die Nullhypothese 'bestätigt' haben, sondern lediglich, dass nur wenig statistische Evidenz vorliegt, dass sie abgelehnt werden sollte. Absenz von Evidenz für einen Unterschied ist keine Evidenz für Absenz dieses Unterschieds.

13.1.4 Bemerkungen

Verknüpfung zum Forschungsdesign. Der Hypothesentest, den wir soeben durchgeführt haben, ist ein **Randomisierungstest** (manchmal auch **Permutationstest** genannt). Sein Gebrauch wird durch das Forschungsdesign, genauer gesagt: durch die uneingeschränkte Randomisierung und der Blindierung, legitimiert:

- Wenn es zum Beispiel so gewesen wäre, dass wir Sandra etwa aus medizinischen Gründen nie der 'mit Alkohol'-Gruppe zugewiesen hätten, dann hätte es nicht 20 mögliche Ergebnisse unter der Nullhypothese gegeben, sondern nur 10: Alle Permutationen mit Sandra in der 'mit Alkohol'-Gruppe hätten nicht vorkommen können. Dies hätte man dann in der Analyse berücksichtigen müssen, indem man die Randomisierungen mit Sandra in der 'mit Alkohol'-Gruppe hätte ausser Acht lassen sollen.
- Wenn es so gewesen wäre, dass Michael und Nicole unbedingt in der gleichen Kondition getestet werden wollten, dann hätte es auch keine 20 möglichen Ergebnisse unter der

[1] Für grössere Gruppen wird diese Zahl schnell zu gross, um das Vorgehen nachvollziehbar darzustellen. So gibt es 137'846'528'820 Möglichkeiten, um eine Gruppe von 40 Teilnehmenden in zwei gleich grossen Gruppen zu verteilen.

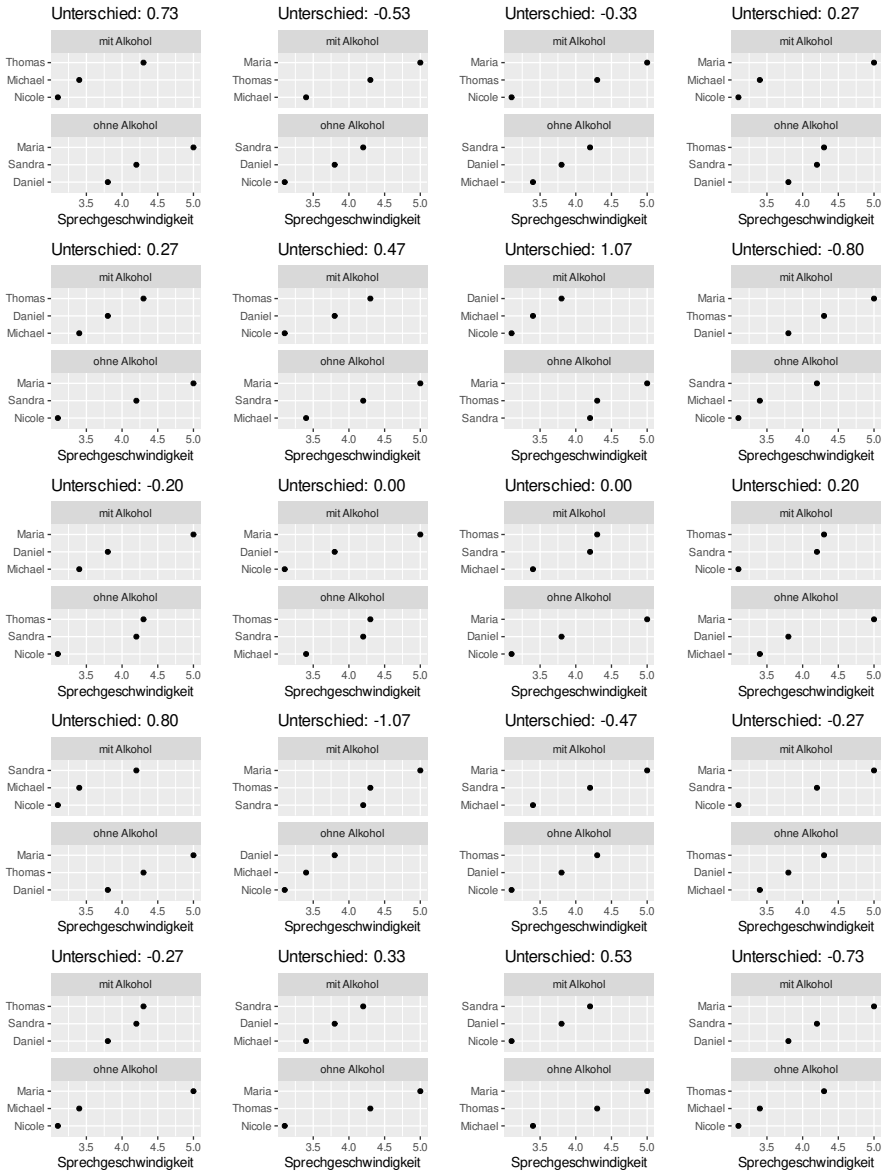


Abbildung 13.2: Die 20 möglichen Ergebnisse laut der Annahme, dass die Unterschiede in der Stichprobe nur der Randomisierung zuzuschreiben sind.

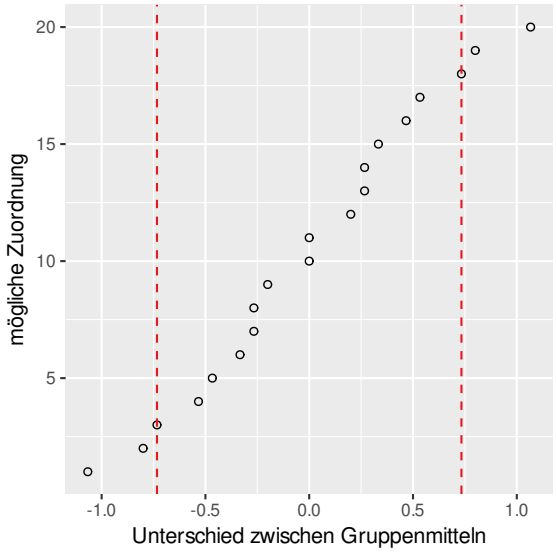


Abbildung 13.3: Die Unterschiede zwischen den Gruppenmitteln in allen 20 möglichen Konstellationen. Die roten senkrechten Strichellinien stellen den in der tatsächlichen beobachteten Unterschied dar (-0.73) und seine Gegenzahl (0.73) dar.

Nullhypothese gegeben, sondern wiederum nur 10: Alle Permutationen mit Nicole und Michael in anderen Konditionen hätten nicht vorkommen können. Auch dies hätte man dann berücksichtigen müssen.

- Wenn es so gewesen wäre, dass wir zwecks Ausgleichs der beiden Gruppen mindestens eine Frau und einen Mann jeder Kondition hätten zuordnen wollen, dann hätten die zwei Permutationen mit lediglich Männern oder Frauen in einer Kondition nicht vorkommen können. Ein solches Design mag unter Umständen zwar sinnvoll sein, aber diese Einschränkung hätte man ebenfalls berücksichtigen müssen.

Züfallige Auswahl vs. zufällige Zuordnung. Dieses Experiment und seine Auswertung illustrieren weiter den Unterschied zwischen **zufälliger Zuordnung** und **zufälliger Auswahl**: Wir haben unsere Versuchspersonen zufällig den experimentellen Konditionen zugeordnet, aber wir haben sie nicht zufällig aus irgendeiner Population gewählt. Wenn wir überzeugendere Evidenz für eine Wirkung der experimentellen Manipulation gefunden hätten, dann hätten wir folglich daraus immer noch nicht ohne Weiteres schliessen können, dass die experimentelle Manipulation einen Effekt in einer bestimmten *Population* hätte. Dazu hätten wir sowohl die Versuchsperson zufällig aus dieser Population wählen müssen (*random sampling*) und diese dann zufällig den Kondition zuweisen müssen (*random assignment*). Ohne eine zufällige Auswahl beruht eine solche Schlussfolgerung auf einer (oft impliziten) sachlogischen Argumentation—nicht auf einer statistischen Gegebenheit. Das muss nicht heissen, dass eine solche Schlussfolgerung dann falsch ist. Aber es ist wichtig zu erkennen, dass es sich hierbei nicht um eine statistische Frage handelt. Diese Nuance entspricht dem Unterschied zwischen **interner Validität** (Ist der Unterschied oder der Effekt, der wir in dieser Stichprobe beobachtet haben, der experimentellen Manipulation zuzuschreiben?) und **externer Validität** (Lässt sich dieser Befund über die Stichprobe hinaus generalisieren?)

Wer sich für die Effizienz didaktischer Methoden interessiert ist, muss wohl die externe Validität der Untersuchung berücksichtigen. Aber für etwa experimentelle Psychologen ist externe Validität nicht unbedingt so wichtig (Mook, 1983): Für sie kann es wichtiger sein, zu zeigen, dass eine Manipulation überhaupt einen Effekt erzeugen *kann*, ohne dass die Grenzen dieses Befunds schon erprobt werden müssen.

Statistische vs. wissenschaftliche Hypothesen. Die für den Test formulierten Null- und Alternativhypothesen sind statistische Hypothesen. Diese haben einen erstaunlich geringen wissenschaftlichen Inhalt: Die Nullhypothese besagt lediglich, dass die beobachteten Muster rein auf

Zufall basieren; die Alternativhypothese, dass sie nicht rein auf Zufall basieren. Worauf die Muster dann—neben Zufall—schon zurückzuführen wären, darüber macht die Alternativhypothese keine Aussage. In unserem Beispiel wären ein paar mögliche Auslöser die folgenden:

- Alkohol senkt die Hemmungen beim Sprechen, was dann wiederum die Sprechgeschwindigkeit erhöht.
- Leute mit einem halben Liter alkoholhaltigem Bier intus drücken sich eher in einfachen Strukturen und Floskeln aus, die sie schneller aussprechen als schwierigere Strukturen und neue Phrasen.
- Die auswertenden Mitarbeitenden haben doch irgendwie mitbekommen, wer welcher Gruppe zugeordnet wurde, und haben sich bewusst oder unbewusst bei ihren Auswertungen von diesem Wissen leiten lassen.

Merksatz. Auch wenn ein Muster unter der Nullhypothese sehr implausibel ist, sagt Ihnen der Signifikanztest noch nicht, aus welchem Grund das Muster möglicherweise zu Stande gekommen ist.

Weiter ist zu bemerken, dass die Alternativhypothese auch statistisch vage ist. Zum Beispiel besagt sie nicht, wie gross eine allfällige, von Alkohol ausgelöste Änderung der Sprechgeschwindigkeit sein könnte. Sie besagt nicht einmal, ob diese Änderung eine Beschleunigung oder eine Verlangsamung wäre.

Ein- und zweiseitige Tests. Im obigen Beispiel wurde ein zweiseitiger Signifikanztest verwendet: Es wurde nicht nur berechnet, wie wahrscheinlich es unter Annahme der Nullhypothese wäre, einen Unterschied von mindestens 0.73 Silben pro Sekunde zugunsten der Kontrollgruppe (dem beobachteten Ergebnis) anzutreffen, sondern auch, wie wahrscheinlich es unter Annahme der Nullhypothese wäre, einen Unterschied von mindestens 0.73 Silben pro Sekunde zugunsten der Experimentalgruppe anzutreffen. Der Grund hierfür ist, dass die Alternativhypothese vage war und wir lediglich die Vermutung aufgestellt haben, dass Alkoholkonsum *irgendeine* Änderung der Sprechgeschwindigkeit herbeiführen dürfte.

In der Literatur trifft man ab und zu auch einseitige Tests an. Bei solchen Tests schaut man sich nur eine der beiden Wahrscheinlichkeiten ('grösser' oder 'kleiner') an. Die p-Werte von einseitigen Tests sind kleiner als jene von zweiseitigen Tests. Einseitige Tests können sinnvoll sein, wenn man *im Vorhinein* klar spezifiziert hat, dass nur ein Unterschied in einer bestimmten Richtung mit der wissenschaftlichen Hypothese, die hinter der Arbeit steckt, kompatibel ist. Für eine kurze Übersicht, siehe *One-sided tests: Efficient and underused* unter `https://daniellakens.blogspot.com`. Man sollte sich aber nicht zuerst die Daten anschauen und erst dann entscheiden, dass man einen einseitigen Test verwenden möchte—etwa, weil der zweiseitige Test ein nichtsignifikantes Ergebnis produziert.

13.2 Zur Bedeutung des p-Wertes

Wie das Beispiel zeigt, ist p die Wahrscheinlichkeit, dass man das beobachtete Muster (hier: einen Gruppenunterschied von 0.73 Silben pro Sekunde) *oder ein noch extremeres Muster* feststellen würde, *wenn die Nullhypothese tatsächlich stimmen würde*. Die alternativen Gruppenunterschiede haben wir ja unter der Annahme, dass der beobachtete Gruppenunterschied nur durch Zufall zu Stande gekommen ist, generiert. Sämtliche andere Definitionen und Interpretationen des p-Wertes sind schlicht und einfach falsch. Zur Vorbeugung einiger häufiger Missverständnisse:

- Der p-Wert ist *nicht* die Wahrscheinlichkeit, dass die Nullhypothese stimmt. Wir können also nicht schlussfolgern, dass es eine Wahrscheinlichkeit von 30% gibt, dass H_0 stimmt.
- Der p-Wert ist auch nicht das Komplement der Wahrscheinlichkeit, dass die Alternativhypothese stimmt. Wir können in diesem Beispiel also *nicht* schlussfolgern, dass H_A mit $1 - 0.3 = 70\%$ Wahrscheinlichkeit zutrifft.

- Der p-Wert ist nicht das Komplement der Wahrscheinlichkeit, dass sich das beobachtete Ergebnis in einer Replikationsstudie bestätigen würde. (Ich habe keine blasse Ahnung, wo dieses Missverständnis herkommt, aber diesen Kommentar habe ich einmal in einem Gutachten erhalten.)

Solche—und andere—Missverständnisse trifft man geläufig an, sogar manchmal in Statistikeinführungen, die sich an Psychologie- und Linguistikstudierende richten! Für weitere Missverständnisse, siehe Goodman (2008) und Greenland et al. (2016).

Viele Forschende unterscheiden zwischen 'statistisch signifikanten' und 'statistisch nicht-signifikanten' p-Werten. Dabei gelten p-Werte unter einer bestimmten Schwelle für sie als statistisch signifikant. Bei einem statistisch signifikanten p-Wert schlussfolgern diese Forschenden dann, dass die Daten nach der Nullhypothese zu unwahrscheinlich sind, sodass sie diese Hypothese zugunsten der Alternativhypothese ablehnen. Die Signifikanzschwelle (als α bezeichnet) kann im Prinzip von den Forschenden arbiträr festgelegt werden; in den Sozial- und Geisteswissenschaften liegt sie in der Regel aber fast ausnahmslos bei $\alpha = 0.05$—dies grundsätzlich aus keinem anderen Grund, als dass eine Hand fünf Finger zählt.

Schreibtipp. In der Statistik ist 'Signifikanz' ein technischer Begriff, der nicht mit dem alltäglicheren Begriff von praktischer oder theoretischer Signifikanz oder Bedeutung verwechselt werden soll. Versuchen Sie in Ihren eigenen Arbeiten, diese Zweideutigkeit zu vermeiden.

13.3 Fehlentscheide

Auch wenn man es sich wohl gerne anders wünschte, bieten Signifikanztests keine Sicherheit. Traditionellerweise spricht man beim Signifikanztesten (engl.: *null hypothesis significance testing* oder *NHST*) von zwei Arten von Fehlentscheiden, die man treffen kann.

Die erste Art von Fehlentscheid ist, dass man eine tatsächlich zutreffende Nullhypothese ablehnt. Wer sich der traditionellen α-Schwelle von 5% bedient, wird tatsächlich zutreffende Nullhypothesen mit einer Wahrscheinlichkeit von jeweils 5% ablehnen—vorausgesetzt, dass die Daten richtig analysiert werden. Diese Art von Fehlentscheid nennt man einen **Fehler der ersten Art** (engl.: *Type-I error*; auch: falsch positiv, also etwas finden, was nicht da ist). Da man α selber definieren kann bzw. da α *de facto* bereits auf 0.05 vordefiniert wurde, ist die Häufigkeit von Fehlern der ersten Art im Prinzip festgelegt: Nur α% (also 5%) aller statistischen Nullhypothesen würde man fälschlicherweise ablehnen, wenn man die Daten richtig analysiert. In der Praxis tauchen hier jedoch einige Komplikationen auf, denen wir uns zu einem späteren Zeitpunkt widmen; siehe Kapitel und 14 und 17.

Wenn nun H_0 nicht zutrifft (d.h., das Muster lässt sich nicht nur durch Zufall erklären), dann besteht trotzdem die Gefahr, dass man einen p-Wert über der α-Schwelle findet. In solchen Fällen würde man die Nullhypothese nicht ablehnen, obwohl dies eigentlich schon erwünscht wäre. Diese Art von Fehlentscheid nennt man einen **Fehler der zweiten Art** (engl.: *Type-II error*; auch: falsch negativ, also etwas nicht finden, was schon da ist). Die Wahrscheinlichkeit eines Fehlers der zweiten Art wird als β bezeichnet (nicht zu verwirren mit den βs aus den Regressionsmodellen); das Komplement von β, $1 - \beta$, nennt man die statistische **power** eines Tests. β (und somit die power) können nicht ohne Weiteres festgelegt werden, denn diese Wahrscheinlichkeit hängt von vier Faktoren ab:

1. wie stark das eigentliche Muster denn wäre, wenn die Nullhypothese nicht zutrifft (z.B. wie stark moderater Alkoholkonsum die Sprechgeschwindigkeit beeinflusst): Je stärker das Muster (z.B. je grösser der Unterschied), desto höher die power;
2. wie gross die Fehlervarianz ist (z.B. wie stark die Teilnehmenden innerhalb jeder Gruppe voneinander abweichen): Je grösser die Fehlervarianz, desto niedriger die power;
3. wie gross die Datenmenge ist: Je mehr Daten, desto grösser die power;
4. welcher Test verwendet wird und ob ihre Annahmen ungefähr erfüllt sind.

Mittels Powerberechnung (siehe Kapitel 15) kann man die power eines Signifikanztests einschätzen.

	H_0 stimmt	H_0 stimmt nicht
$p < \alpha$	Fehler der 1. Art (α)	OK ($1 - \beta$)
$p > \alpha$	OK ($1 - \alpha$)	Fehler der 2. Art (β)
Total	$\alpha + (1 - \alpha) = 100\%$	$(1 - \beta) + \beta = 100\%$

Die Interpretation von nicht-signifikanten p-Werten. Aufgrund des Fehlers der zweiten Art kann man bei einem nicht-signifikanten Ergebnis weder schlussfolgern, dass es einen Unterschied gibt, noch dass es *keinen* gibt: Es ist immer möglich, dass man den Unterschied lediglich nicht gefunden hat. Wenn Sie irgendwo lesen, dass A und B sich nicht signifikant voneinander unterschied und daher einander gleich (oder 'grundsätzlich gleich') sind, ist dies in der Regel nur bequeme Rhetorik: **Absenz von Evidenz ist nicht gleich Evidenz für Absenz**. Schmidt (1996) nennt diesen Fehlschluss übrigens "the most devastating of all to the research enterprise" (S. 126).

Manchmal trifft man auch den Begriff **Fehler der dritten Art** (*Type-III error*) an. Dieser wird unterschiedlich definiert. Für manche ist ein Fehler der dritten Art, wenn man die richtige Antwort auf eine falsche Frage gibt; andere verwenden ihn für Situationen, in denen Forschende die Nullhypothese zwar zu Recht ablehnen, aber fälschlicherweise schlussfolgern, dass der Unterschied positiv ist, während er eigentlich negativ ist (oder umgekehrt).

Viele MethodikerInnen und StatistikerInnen (aber längst nicht alle!) halten das Paradigma des Signifikanztests und insbesondere der Fehler der ersten und zweiten Art für überholt. Auf seinem Blog bringt Andrew Gelman dies auf den Punkt (`http://andrewgelman.com/2004/12/29/type_1_type_2_t/`):

> "**Never a Type 1 or Type 2 error**
>
> I've never in my professional life made a Type I error or a Type II error. But I've made lots of errors. How can this be?
>
> A Type 1 error occurs only if the null hypothesis is true (typically if a certain parameter, or difference in parameters, equals zero). In the applications I've worked on, in social science and public health, I've never come across a null hypothesis that could actually be true, or a parameter that could actually be zero.
>
> A Type 2 error occurs only if I claim that the null hypothesis is true, and I would certainly not do that, given my statement above!"

In unserem Beispiel, etwa, wäre es kaum vorstellbar, dass moderater Alkoholkonsum nicht den geringsten Effekt auf die Sprechgeschwindigkeit hätte. (Die Nullhypothese besagt ja, dass dieser Effekt gleich 0 ist; aber 0 heisst eben buchstäblich 0, also 0,000...) Die Fehler, die er dann aber sehr wohl gemacht hat, bezeichnet Gelman als *Type-S-* und *Type-M*-Fehler (Gelman & Carlin, 2014). Das S steht für *sign* (Vorzeichen); Typ-S-Fehler macht man, wenn man behauptet, ein Zusammenhang sei positiv, während er eigentlich negativ ist (oder umgekehrt.) Das M steht dann wieder für *magnitude* (Grössenordnung); Typ-M-Fehler macht man, wenn man behauptet, ein Zusammenhang sei klein, während er eigentlich gross ist (oder umgekehrt).

13.4 Randomisierungs- und Permutationstests in R

13.4.1 Gruppenunterschiede

Randomisierungstests trifft man in der Literatur zwar nur selten an, aber sie haben den Vorteil, dass sie wenig Annahmen machen. Angenommen haben wir bei den Berechnungen oben eigentlich nur, dass die Versuchspersonen nach dem Zufallsprinzip den Konditionen zugeteilt wurden. Wir haben dabei die Gruppenmittel verglichen, aber wir hätten auch zum Beispiel die Mediane

miteinander vergleichen können. In R können solche Tests mithilfe der `independence_test()`-Funktion aus dem `coin`-Package durchgeführt werden. Mit den folgenden Befehlen werden die Daten zunächst in einen tibble gegossen und dann einem Permutationstest unterzogen:

```
> Rates <- c(4.2, 3.8, 5.0,
+            3.1, 3.4, 4.3)
> Condition <- factor(c(rep("ohne Alkohol", 3),
+                       rep("mit Alkohol", 3)))
> d <- tibble(Rates, Condition)
> d

# A tibble: 6 x 2
  Rates Condition
  <dbl> <fct>
1   4.2 ohne Alkohol
2   3.8 ohne Alkohol
3   5   ohne Alkohol
4   3.1 mit Alkohol
5   3.4 mit Alkohol
6   4.3 mit Alkohol

> library(coin)
> independence_test(Rates ~ Condition, data = d,
+                   distribution = exact())


Exact General Independence Test

data:  Rates by
 Condition (mit Alkohol, ohne Alkohol)
Z = -1.31, p-value = 0.3
alternative hypothesis: two.sided
```

Mit der Parametereinstellung `exact()` für `distribution` wird eingestellt, dass ein exakter Permutationstest durchgeführt werden soll. Mit einem solchen Test wird das beobachtete Ergebnis mit jeder möglichen Permutation abgeglichen. Für grössere Datensätze ist die Anzahl möglicher Permutationen aber riesig, sodass diese kaum mehr zu berechnen sind. In solchen Fällen kann man `distribution = approximate(nrsample = 10000)`; dann werden 'nur' 10'000 zufällige Permutationen generiert. Hier ein Beispiel mit den Daten von Klein et al. (2014), die wir bereits in Kapitel 10 analysiert haben:

```
> klein <- read_csv(here("data", "Klein2014_money_abington.csv"))
> independence_test(Sysjust ~ MoneyGroup, data = klein,
+                   distribution = approximate(nresample = 10000))

Error in xtrafo(object@x): data class "character" is not supported
```

Laut der Fehlermeldung wird die Datenklasse "character" nicht unterstützt. Die Lösung besteht darin, die Variable `MoneyGroup` entweder als Zahl oder als Faktor umzukodieren:

```
> # Als Zahl:
> klein$n.MoneyGroup <- ifelse(klein$MoneyGroup == "control", 0, 1)
> independence_test(Sysjust ~ n.MoneyGroup, data = klein,
+                   distribution = approximate(nresample = 10000))


Approximative General Independence Test

data:  Sysjust by n.MoneyGroup
Z = -0.0304, p-value = 0.99
alternative hypothesis: two.sided

> # Als Faktor
```

```
> klein$f.MoneyGroup <- as.factor(klein$MoneyGroup)
> independence_test(Sysjust ~ f.MoneyGroup, data = klein,
+                   distribution = approximate(nresample = 10000))


Approximative General Independence Test

data:  Sysjust by
 f.MoneyGroup (control, treatment)
Z = 0.0304, p-value = 0.99
alternative hypothesis: two.sided
```

Manchmal unterscheiden sich die p-Werte leicht voneinander. Das liegt dann daran, dass eben jeweils 'nur' 10'000 Permutationen generiert wurden: Je nachdem, welche Permutationen generiert werden, ist der p-Wert ein anderer. An den Schlussfolgerungen ändert dies jedoch selten etwas.

13.4.2 Andere Muster (z.B. Korrelationen)

Permutationstests kann man auch einsetzen, um p-Werte für andere Muster als Gruppenunterschiede zu berechnen. Auf Seite 100 haben Sie den Korrelationskoeffizienten für den Zusammenhang zwischen zwei Indikatoren für kognitive Kontrolle in einer Stichprobe von 34 Teilnehmenden berechnet (Daten von Poarch et al., 2019).

```
> poarch <- read_csv(here("data", "poarch2018.csv"))
> cor_poarch <- cor(poarch$Flanker, poarch$Simon)
> cor_poarch
[1] 0.46236
```

Das Vorgehen beim Berechnen von p-Werten ist immer gleich. Der p-Wert drückt aus, wie wahrscheinlich es denn wäre ein Muster zu beobachten, dass mindestens so extrem wäre wie das tatsächlich beobachtete Muster, *wenn die Nullhypothese stimmen würde*. Beim Berechnen eines p-Wertes für einen Korrelationskoeffizienten ist die Aufgabe also, die Wahrscheinlichkeit zu berechnen, den beobachteten Korrelationskoeffizienten oder einen noch stärkeren Korrelationskoeffizienten in der Stichprobe anzutreffen, wenn es in der Population gar keinen Zusammenhang zwischen den zwei Variablen gäbe.

Um diese Wahrscheinlichkeit zu berechnen, müssen wir zuerst die Verteilung der Korrelationskoeffizienten generieren, die wir in dieser Stichprobe feststellen würde, wenn die zwei Variablen (Flanker und Simon) unabhängig voneinander wären. Eine Möglichkeit, dies zu machen, besteht darin, die beobachteten Werte einer der Variablen zu permutieren (= durcheinander zu schmeissen), ohne die beobachteten Werte der anderen Variablen mitzupermutieren; welche Variable permutiert wird, macht übrigens nichts aus. Hierdurch wird der systematische Zusammenhang zwischen den zwei Variablen gebrochen.[2] Abbildung 13.4 zeigt den beobachteten Zusammenhang und zwei Zusammenhänge, die man antreffen könnte, wenn man die Simon-Variable zufällig durcheinander schmeisst. Der R-Code unten zeigt Ihnen, wie Sie diese Abbildung selber zeichnen können.

```
> p1 <- ggplot(poarch,
+              aes(x = Flanker,
+                  y = Simon)) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   ggtitle("Eigentlicher Datensatz")
>
```

[2] Noch ein kleines Beispiel: Stellen Sie sich vor, dass Sie drei Paare von Beobachtungen haben: $(1, 100)$, $(2, 200)$ und $(3, 300)$. Zwischen den zwei Werten pro Beobachtung gibt es eine perfekte Korrelation. Wenn nun die Werte der ersten Beobachtung permutiert werden, ohne die Werte der anderen Beobachtung mitzupermutieren, könnte man etwa diese Paare feststellen: $(2, 100)$, $(3, 200)$, $(1, 300)$. Oder auch: $(3, 100)$, $(2, 200)$, $(1, 300)$. Die Stärke der Korrelation bei jeder Permutation ist nun rein zufallsbedingt. Zum Beispiel ist es genau so wahrscheinlich, eine negative Korrelation anzutreffen als eine positive.

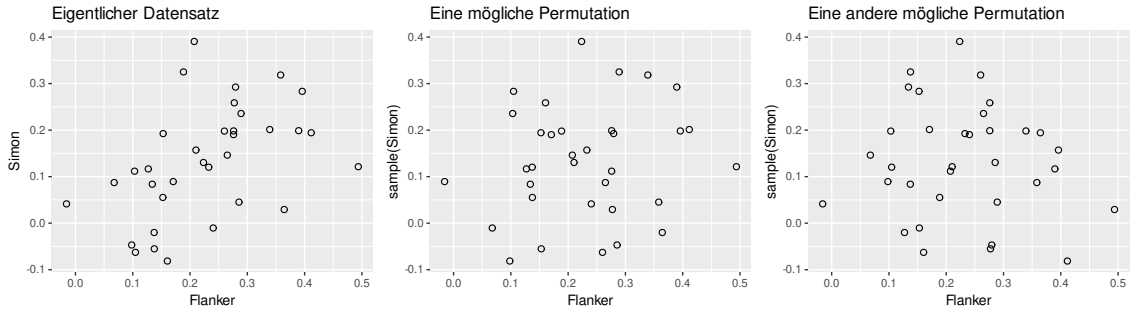


Abbildung 13.4: *Links*: Der festgestellte Zusammenhang zwischen den Variablen Flanker und Simon in der Studie von Poarch et al. (2018). *Mitte und rechts*: Indem die eine Variable (hier: Simon) unabhängig von der anderen permutiert wird, wird der systematische Zusammenhang zwischen beiden Variablen gebrochen. Dies entspricht der Nullhypothese. Um zu wissen, wie die Korrelationskoeffizienten laut der Nullhypothese verteilt sind, kann man diese Permutierung ein paar tausend Mal vornehmen und jeweils die Korrelation zwischen den Variablen berechnen.

```
> # Wenn man bei sample() keine weiteren Parameter einstellt,
> # wird der Input zufällig permutiert.
> p2 <- ggplot(poarch,
+              aes(x = Flanker,
+                  y = sample(Simon))) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   ggtitle("Eine mögliche Permutation")
>
> p3 <- ggplot(poarch,
+              aes(x = Flanker,
+                  y = sample(Simon))) +
+   geom_point(shape = 1) +
+   ggtitle("Eine andere mögliche Permutation")
>
> # Mit grid.arrange() aus dem Package gridExtra
> # können Sie mehrere Grafiken in einer Abbildung zeichnen.
> gridExtra::grid.arrange(p1, p2, p3, ncol = 3)
```

Bei 34 Beobachtungen gibt es fast 300 Sextillionen (eine 3 mit 38 Nullen) mögliche Permutationen der Simon-Variablen:

$$34! = 34 \cdot 33 \cdot 32 \cdot \dots \cdot 3 \cdot 2 \cdot 1 \approx 2.95 \cdot 10^{38}.$$

Es ist unmöglich, für all diese den Korrelationskoeffizienten zu berechnen. Daher begnügen wir uns hier mit 20'000 Permutationen:

```
> n_runs <- 20000
> r_h0 <- vector(length = n_runs)
>
> for (i in 1:n_runs) {
+   r_h0[[i]] <- cor(poarch$Flanker, sample(poarch$Simon))
+ }
```

Die Verteilung der Korrelationskoeffizienten unter der Nullhypothese können Sie in einem Histogramm darstellen; Abbildung 13.5 zeigt eine etwas ausführlichere Variante.

```
> df_r_h0 <- tibble(r_h0)
> ggplot(df_r_h0,
+        aes(r_h0)) +
+   geom_histogram(fill = "grey", colour = "black",
+                  breaks = seq(-1, 1, 0.05)) +
+   geom_vline(xintercept = -cor_poarch,
```

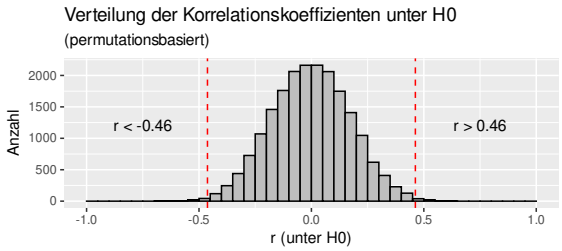


Abbildung 13.5: Die Verteilung der Korrelationskoeffizienten für diese Stichprobe mit 34 Beobachtungen, wenn man eine Variable zufällig permutiert.

```
+              linetype = 2, colour = "red") +
+   geom_vline(xintercept = cor_poarch,
+              linetype = 2, colour = "red") +
+   ggtitle("Verteilung der Korrelationskoeffizienten unter H0",
+           subtitle = "(permutationsbasiert)") +
+   xlab("r (unter H0)") +
+   ylab("Anzahl") +
+   annotate("text", x = -0.75, y = 1200, label = "r < -0.46") +
+   annotate("text", x = 0.75, y = 1200, label = "r > 0.46")
```

Aus dieser Verteilung kann man ablesen, wie ungewöhnlich Korrelationskoeffizienten von $r = 0.46$ oder noch stärkere Korrelationskoeffizienten wären, wenn es keinen systematischen Zusammenhang zwischen den zwei Variablen gibt. Für den einseitigen Test (H_A : Die Korrelation ist positiv.) schaut man sich an, welche Proportion der unter der H_0 generierten Korrelationskoeffizienten gleich 0.46 oder grösser sind:

```
> # Einseitiger p-Wert
> mean(r_h0 >= cor_poarch)

[1] 0.0024
```

Also 0.24% ($p = 0.0024$). Wenn Sie diese Berechnungen nochmals selber ausführen, werden Sie ein leicht anderes Ergebnis feststellen. Das liegt daran, dass die 20'000 Permutationen bei Ihnen dann eben nicht die gleichen sind wie bei mir.

Für den zweiseitigen Test (H_A : Die Korrelation ist nicht gleich 0, aber könnte sowohl positiv als auch negativ sein.) muss man sich zudem auch noch anschauen, welche Proportion der unter der H_0 generierten Korrelationskoeffizienten gleich -0.46 oder kleiner ist:

```
> # Zweiseitiger p-Wert
> mean(r_h0 >= cor_poarch) + mean(r_h0 <= -cor_poarch)

[1] 0.0054
```

Also 0.54% ($p = 0.0054$). Die Wahrscheinlichkeit, eine solche starke Korrelation oder eine noch stärkere anzutreffen, wenn die Nullhypothese tatsächlich stimmen würde, ist also recht klein.

Mit der `independence_test()`-Funktion wird dieses Vorgehen erleichert. Aber wichtiger ist eben vor allem die Logik hinter dem Vorgehen:

```
> independence_test(Simon ~ Flanker, data = poarch,
+                   distribution = approximate(nresample = 10000))


Approximative General Independence Test

data:  Simon by Flanker
Z = 2.66, p-value = 0.0064
alternative hypothesis: two.sided
```

Das Ergebnis fällt hier leicht anders aus als bei unseren manuellen Berechnungen, aber das liegt

lediglich an der Zufallsauswahl der Permutationen.

13.5 Geläufige Signifikanztests als mathematische Kürzel: der t-Test

Obwohl Permutationstests gültige Signifikanztests sind, deren Annahmen sich insbesondere in kontrollierten Experimenten durch das Forschungsdesign rechtfertigen lassen, trifft man sie in der Praxis selten an. Dies ist zum Teil historischen Gründen zuzuschreiben: Anno dazumal war es zu aufwendig, ein paar tausend Permutationen der Daten durchzurechnen, um die Verteilung eines Gruppenunterschieds oder eines Korrelationskoeffizienten unter der Nullhypothese zu generieren. Stattdessen wurden Signifikanztests entwickelt, deren mathematische Herleitung zwar komplizierter ist, die aber schneller ausgeführt werden können. Beispiele solcher Tests sind der t-Test und der F-Test. Dass diese so oft verwendet werden, verdanken sie der Tatsache, dass ihre Ergebnisse oft mit jenen der Permutationstests übereinstimmen:

> "the statistician does not carry out this very simple and very tedious process [= Daten permutieren], but his conclusions have no justification beyond the fact that they agree with those which could have been arrived at by this elementary method." (Fisher, 1936)

Der meist verbreitete dieser mathematischen Tricks, der t-Test, wird hier vorgestellt, sodass wir ihn in den Aufgaben verwenden können.

13.5.1 Der t-Wert

Mit den folgenden Befehlen werden zwei Stichproben (Gruppe A und Gruppe B) mit 4 bzw. 2 Beobachtungen aus Normalverteilungen generiert. Die Normalverteilungen sind einander gleich, denn sie haben das gleiche Mittel und die gleiche Standardabweichung.

```
> gruppe <- rep(c("Gruppe A", "Gruppe B"), times = c(4, 2))
> ergebnis <- c(rnorm(n = 4, mean = 3, sd = 1),
+               rnorm(n = 2, mean = 3, sd = 1))
```

Diese Daten können wir wie gehabt in einem linearen Modell modellieren. Hier ist das zwar überflüssig, da wir wissen, dass es eigentlich keinen systematischen Unterschied zwischen den Gruppen gibt (sie stammen ja aus der gleichen Verteilung), aber so kann das Vorgehen besser illustriert werden.

```
> # Modellieren
> mod.lm <- lm(ergebnis ~ gruppe)
>
> # Geschätzte Koeffizienten usw. anzeigen
> summary(mod.lm)$coefficients

               Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)     3.84191    0.29422 13.0579 0.00019855
gruppeGruppe B -0.51515    0.50961 -1.0109 0.36925320
```

Aufgrund des Zufalls wird der Unterschied zwischen den zwei Stichproben natürlich nie genau gleich 0 sein. Hier beträgt er -0.52; bei Ihnen wird er anders aussehen (zufällig generierte Daten). Die erste Information in diesem Output, die wir bisher immer ignoriert haben, sind die Werte in der Spalte `t value`. Es handelt sich hierbei lediglich um das Verhältnis des Unterschieds zwischen der Parameterschätzung und der Parameter laut der Nullhypothese (meistens 0) und des geschätzten Standardfehlers dieses Unterschieds:

$$t = \frac{\text{Parameterschätzung} - \text{Parameter laut } H_0}{\text{geschätzter Standardfehler}}.$$

Der Output der `summary()`-Funktion zeigt stets den t-Wert unter der Annahme, dass der Parameter laut der Nullhypothese 0 beträgt.

```
> # 2. Zeile, 1. Spalte: Estimate
> summary(mod.lm)$coefficients[2, 1]

[1] -0.51515

> # 2. Zeile, 2. Spalte: Std. Error
> summary(mod.lm)$coefficients[2, 2]

[1] 0.50961

> # Ratio der beiden
> summary(mod.lm)$coefficients[2, 1] / summary(mod.lm)$coefficients[2, 2]

[1] -1.0109

> # = t-value (2. Zeile, 3. Spalte)
> summary(mod.lm)$coefficients[2, 3]

[1] -1.0109
```

13.5.2 Die *t*-Verteilungen

Wieso berechnet man solche *t*-Werte überhaupt? Der Grund ist, dass unter bestimmten Annahmen diese *t*-Werte in eine bestimmte Verteilung (eine *t*-Verteilung) fallen, wenn die Nullhypothese stimmt. Diese Verteilung hängt nicht von der Skala und Variabilität der Daten ab. In der Prä-Computerära (und jetzt noch immer) vereinfachte dies die Berechnungen erheblich.

Dass *t*-Werte unter der Nullhypothese einer *t*-Verteilung folgen, kann mit einer Simulation gezeigt werden. Mit den folgenden Befehlen werden ähnlich wie oben Daten für zwei Gruppen (mit 4 bzw. 2 Beobachtungen) aus der gleichen Normalverteilung generiert, und zwar 20'000 Mal. Jedes Mal wird der *t*-Wert für den Gruppenunterschied gespeichert.

```
> n_runs <- 20000
> n_gruppeA <- 4
> n_gruppeB <- 2
> t_werte <- vector(length = n_runs)
>
> for (i in 1:n_runs) {
+   sim_gruppe <- rep(c("Gruppe A", "Gruppe B"),
+                     times = c(n_gruppeA, n_gruppeB))
+   sim_ergebnis <- c(rnorm(n = n_gruppeA, mean = 3, sd = 1),
+                     rnorm(n = n_gruppeB, mean = 3, sd = 1))
+   sim_mod.lm <- lm(sim_ergebnis ~ sim_gruppe)
+   t_werte[[i]] <- summary(sim_mod.lm)$coefficients[2, 3]
+ }
```

Wenn wir die 20'000 *t*-Werte grafisch darstellen, sehen wir, dass die Verteilung dieser Werte einer *t*-Verteilung mit 4 Freiheitsgraden entspricht; siehe Abbildung 13.6. Die Anzahl Freiheitsgrade ist, bei unabhängigen Daten, die Anzahl Beobachtungen minus die Anzahl geschätzter Parameter. Es gab 6 Beobachtungen und zwei geschätzte Parameter (`(Intercept)` und `gruppeGruppe B`), sodass die Anzahl Freiheitsgrade hier 4 beträgt.

```
> df_t <- tibble(t_werte)
> ggplot(df_t, aes(t_werte)) +
+   # Histogramm der t-Werte
+   geom_histogram(aes(y = ..density..), # Wahrscheinlichkeitsdichte zeichnen
+                  bins = 100, fill = "lightgrey", colour = "darkgrey") +
+   # geschätzte Wahrscheinlichkeitsdichte
+   geom_density(colour = "darkblue") +
+   # theoretische t-Verteilung mit 4 Freiheitsgraden
+   stat_function(fun = dt, args = list(df = 4),
+                 colour = "red", linetype = "dashed") +
+   xlab("t-Wert") +
```

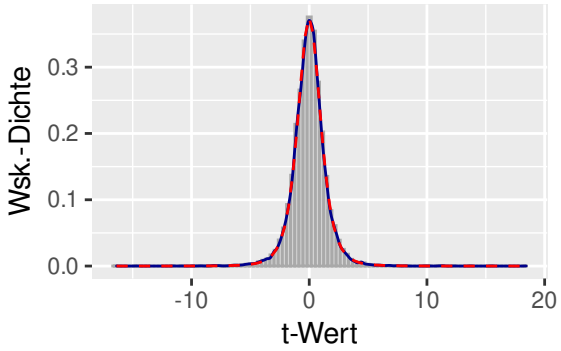


Abbildung 13.6: Die Verteilung von 20'000 t-Werten aus einer Simulation. Die blaue Linie stellt die auf der Basis der Simulationen geschätzte Wahrscheinlichkeitsdichte dar; die rote Strichellinie stellt eine t-Verteilung mit 4 Freiheitsgraden dar.

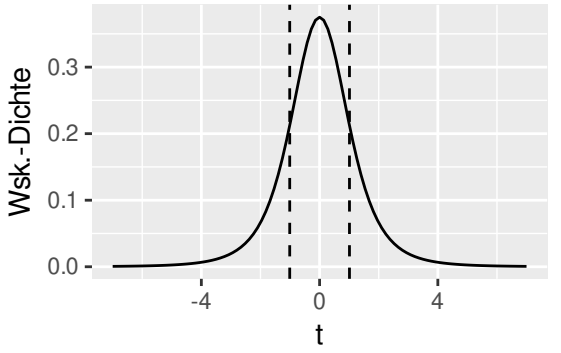


Abbildung 13.7: Die t-Verteilung mit 4 Freiheitsgraden. Die Strichellinien stellen den beobachteten t-Wert (positiv und negativ) dar.

```
+   ylab("Wsk.-Dichte")
```

Aufgabe: Ungleiche Varianzen. Erhöhen Sie im Simulationscode die Standardabweichung der ersten Gruppe von 1 auf 10. Zeichnen Sie das Histogramm und die Wahrscheinlichkeitsdichten erneut; dazu können Sie die genau gleichen Befehle verwenden. Entspricht die Verteilung dieser t-Werte noch immer einer t-Verteilung mit 4 Freiheitsgraden?

Stellen Sie die Standardabweichung der ersten Gruppe wieder auf 1 und erhöhen Sie diesmal die Standardabweichung der zweiten Gruppe auf 10. Zeichnen Sie das Histogramm und die Wahrscheinlichkeitsdichten erneut. Was stellen Sie fest?

13.5.3 Der t-Test selbst

Um nun die Frage zu beantworten, wie wahrscheinlich der beobachtete Gruppenunterschied oder noch extremere Gruppenunterschiede laut der Nullhypothese wären, können wir den beobachteten t-Wert mit der geeigneten t-Verteilung abgleichen (Abbildung 13.7).

```
> ggplot(data = tibble(t = c(-7, 7)),
+        aes(x = t)) +
+   stat_function(fun = dt, args = list(df = 4)) +
+   geom_vline(xintercept = 1.010885, linetype = 2) +
+   geom_vline(xintercept = -1.010885, linetype = 2) +
+   ylab("Wsk.-Dichte")
```

Da es sich um eine mathematisch festgelegte Verteilung handelt, ist es für den Computer ein Kinderspiel, die Wahrscheinlichkeit von t-Werten, die extremer als der beobachtete t-Wert sind,

zu berechnen (die Flächen unter der Kurve jenseits der Strichellinien):

```
> pt(-1.010885, df = 4 + 2 - 2) +
+   pt(1.010885, df = 4 + 2 - 2, lower.tail = FALSE)

[1] 0.36925
```

Dies ist auch die Wahrscheinlichkeit, die im Modelloutput der letzten Spalte zu entnehmen ist: $p = 0.37$.

Statt die Daten mit der `lm()`-Funktion zu analysieren, kann man sie auch der `t.test()`-Funktion füttern. Der Parameter `var.equal` wird hier auf `TRUE` gestellt, was soviel heisst, dass bei der Berechnung davon ausgegangen werden soll, dass die Gruppen laut der Nullhypothese aus Populationen mit der gleichen Varianz stammen; dies entspricht der Homoskedastizitätsannahme des allgemeinen linearen Modells:[3]

```
> t.test(ergebnis ~ gruppe, var.equal = TRUE)


Two Sample t-test

data:  ergebnis by gruppe
t = 1.01, df = 4, p-value = 0.37
alternative hypothesis: true difference in means between group Gruppe A and group Gruppe B is not
95 percent confidence interval:
 -0.89974  1.93005
sample estimates:
mean in group Gruppe A mean in group Gruppe B
                3.8419                 3.3268
```

Die Ergebnisse sind denen des linearen Modells gleich und alle Informationen in diesem Output kann man auch dem linearen Modell entnehmen. Zusammenfassen würde man das Ergebnis des Testes etwa so: "$t(4) = 1.01$, $p = 0.37$".

> **Merksatz: Ein *t*-Test ist ein lineares Modell.** Und zwar eins, in dem nur ein Gruppenunterschied modelliert wird.

Wenn man nicht davon ausgehen will, dass die Varianzen in den beiden Gruppen gleich sind, kann man `var.equal = FALSE` (die Defaulteinstellung) einstellen. Dann wird der sog. *t*-Test nach Welch durchgeführt, in dem der *t*-Wert und die Anzahl Freiheitsgrade leicht anders berechnet werden:

```
> t.test(ergebnis ~ gruppe, var.equal = FALSE)


Welch Two Sample t-test

data:  ergebnis by gruppe
t = 1.35, df = 4, p-value = 0.25
alternative hypothesis: true difference in means between group Gruppe A and group Gruppe B is not
95 percent confidence interval:
 -0.54753  1.57784
sample estimates:
mean in group Gruppe A mean in group Gruppe B
                3.8419                 3.3268
```

Ruxton (2006) empfiehlt, dass der *t*-Test nach Welch immer dann durchgeführt werden soll, wenn man einen *t*-Test durchführen möchte.

[3] Wenn Sie mit eigenen Datensätzen arbeiten, müssen Sie noch den `data`-Parameter einstellen.

13.5.4 Annahmen

Die Annahmen beim normalen *t*-Test, auch *t*-Test nach Student genannt, sind die gleichen wie die Annahmen, die man macht, wenn man für die Parameterschätzungen in einem allgemeinen linearen Modell Konfidenzintervalle anhand von *t*-Verteilungen konstruieren will. Im Kontext eines Signifikanztests kann man diese Annahmen folgendermassen zusammenfassen: Bei einem *t*-Test nach Student für einen Vergleich von zwei Gruppen wird von der Nullhypothese ausgegangen, dass beide Gruppen einfache Zufallsstichproben aus derselben Normalverteilung sind.

Beim *t*-Test nach Welch wird lediglich die Homoskedastizitätsannahme aufgehoben. Die Annahmen des *t*-Tests nach Welch kann man also wie folgt zusammenfassen: Bei einem *t*-Test nach Welch für einen Vergleich von zwei Gruppen wird von der Nullhypothese ausgegangen, dass beide Gruppen einfache Zufallsstichproben aus Normalverteilungen mit dem gleichen Mittel sind. Über die Varianz dieser Normalverteilungen werden keine Annahmen getroffen.

Streng genommen testet man bei *t*-Tests also die Nullhypothese, dass die Gruppen Zufallsstichproben sind (*random sampling*), und zwar Zufallsstichproben aus einer bestimmten Verteilung. Beim Randomisierungstest sind wir nicht hiervon ausgegangen. Stattdessen haben wir die Tatsache, dass wir die Teilnehmenden zufällig den Konditionen zugeordnet haben (*random assignment*), ausgenutzt. Über Zufallsstichproben verfügt man selten, aber die zufällige Zuordnung von Versuchspersonen zu Konditionen ist ein Basisprinzip des experimentellen Forschungsdesigns.

Wie oben bereits erwähnt, liefern *t*-Tests und Randomisierungstests in der Regel aber recht ähnliche Ergebnisse, insbesondere wenn die Datenmenge nicht äusserst klein ist. Auch wenn es sich hier natürlich nur um ein Beispiel handelt, sieht man dies, wenn man die Daten von Klein et al. (2014) betrachtet: Ein Randomisierungstest für die Gruppenmittel lieferte einen *p*-Wert von 0.99 (siehe Seite 177); ein *t*-Test nach Student liefert einen *p*-Wert von 0.98:

```
> t.test(Sysjust ~ MoneyGroup, data = klein, var.equal = TRUE)


Two Sample t-test

data:  Sysjust by MoneyGroup
t = 0.0302, df = 82, p-value = 0.98
alternative hypothesis: true difference in means between group control and group treatment is not
95 percent confidence interval:
 -0.38705  0.39898
sample estimates:
  mean in group control mean in group treatment
                 3.5341                   3.5281
```

13.5.5 *t*-Tests für andere Parameterschätzungen

Die *t*-Verteilungen können auch eingesetzt werden, um die Nullhypothese bei Parameterschätzungen, die sich nicht auf Gruppenmittel beziehen, zu testen. In den `summary()`-Outputs in den vorigen Kapiteln finden Sie hierfür viele Beispiele:

- Seite 112: Die Nullhypothesen, die überprüft werden, besagen, dass die Parameter für `(Intercept)` und `AOA` eigentlich gleich 0 sind. Bemerken Sie, dass diese erste Nullhypothese für niemanden von Interesse ist, da man sich kaum für den Interceptparameter interessiert und da niemand behaupten würde, er dürfte gleich 0 sein. Auch die zweite Nullhypothese kann kaum stimmen, denn sie besagt, dass das `AOA` überhaupt keinen linearen Zusammenhang zum `GJT` aufweist.
- Seite 124: Die überprüften Nullhypothesen besagen wiederum, dass die Parameter für `(Intercept)` und `n.Kondition` in der Population gleich 0 sind. Die *t*- und *p*-Werte für `n.Kondition` könnte man auch mit der `t.test()`-Funktion berechnen, wie wir es soeben gemacht haben.
- Seite 129: Wiederum besagen die überprüften Nullhypothesen, dass die Parameter in die Population gleich 0 sind.

- Seite 138: Idem. Von Interesse wäre hier allenfalls der Signifikanztest für den Interaktionsparameter (`DraganMitCS`).

Auch für einen Korrelationskoeffizienten können wir einen p-Wert mittels eines t-Tests berechnen. Mit den Permutationstests in Abschnitt 13.4.2 auf Seite 178 sind wir für den Korrelationskoeffizienten für den Zusammenhang zwischen den Flanker- und Simondaten in Poarch et al. (2019) bei einem p-Wert von 0.0069 ausgekommen. Mit `cor.test()` erhalten wir grundsätzlich das gleiche Resultat ($t(32) = 2.95$, $p = 0.0059$):[4]

```
> cor.test(poarch$Flanker, poarch$Simon)


Pearson's product-moment correlation

data:  poarch$Flanker and poarch$Simon
t = 2.95, df = 32, p-value = 0.0059
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.14721 0.69228
sample estimates:
    cor
0.46236
```

Übrigens erhält man den gleichen p-Wert, wenn man diese Daten in einem Regressionsmodell analysiert:

```
> # Output nicht gezeigt
> poarch1.lm <- lm(Flanker ~ Simon, data = poarch)
> poarch2.lm <- lm(Simon ~ Flanker, data = poarch)
> summary(poarch1.lm)
> summary(poarch2.lm)
```

Zwar handelt es sich in all diesen Beispielen eigentlich um t-Tests, aber den Begriff t-Test reserviert man in der Regel für Gruppenunterschiede, die man dann eben auch mit der `t.test()`-Funktion überprüfen kann.

13.6 Aufgaben

1. Schauen Sie sich die Grafiken in Abbildung 13.8 an. Wenn Sie eine Interventionsstudie durchführen, in der die Versuchspersonen nach dem Zufallsprinzip den Gruppen zugeordnet werden aber beide Gruppen identisch behandelt werden (also eine Interventionsstudie ohne Intervention), muss die Nullhypothese stimmen. Wenn Sie die Daten trotzdem analysieren würden, aus welcher der vier Verteilungen wurde Ihr p-Wert dann stammen? Versuchen Sie, diese Frage ohne Computerhilfe zu beantworten.
   (Tipp: Wie oft würde man einen p-Wert unter 0.05 feststellen? Wie oft einen p-Wert unter 0.10? Wie oft einen unter 0.15, usw.?)
2. Ändern Sie den Simulationscode aus dem letzten Abschnitt (Seite 182), um Ihre Antwort zu überprüfen.
3. Aus welcher Art von Verteilung würde der p-Wert stammen, wenn die Nullhypothese nicht stimmt? Versuchen Sie, diese Frage ohne Computerhilfe zu beantworten.
4. Ändern Sie den Simulationscode aus dem letzten Abschnitt, um Ihre Antwort zu überprüfen.

[4] Ich zeige hier nur so viele Nachkommastellen, um Ihnen zu zeigen, dass sich die Ergebnisse nur minimal unterscheiden. $p = 0.01$ oder $p < 0.01$ würde hier reichen.

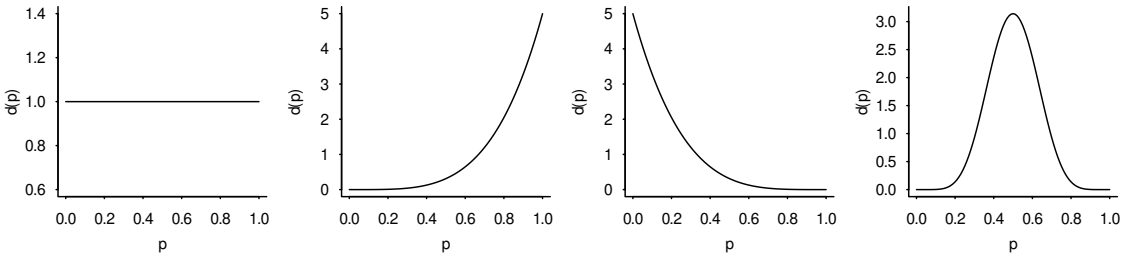


Abbildung 13.8: Aus welcher Verteilung stammt der p-Wert, wenn die Nullhypothese tatsächlich stimmt? *Links:* Gleichverteilung – alle p-Werte zwischen 0 und 1 wären gleich wahrscheinlich. *Mitte links:* Linksschiefe Verteilung – hohe p-Werte wären wahrscheinlicher als kleine p-Werte. *Mitte rechts:* Rechtsschiefe Verteilung – kleine p-Werte wären wahrscheinlicher als hohe p-Werte. *Rechts:* Glockenkurve – p-Werte um 0.5 herum wären am wahrscheinlichsten.

Kapitel 14

Varianzanalyse

14.1 Mehrere Gruppen vergleichen: Das Problem

Wenn wir statt zwei nun mehrere Gruppen mithilfe von Signifikanztests hinsichtlich eines outcomes vergleichen möchten, läge es auf der Hand, mehrere t-Tests einzusetzen. Wenn man zum Beispiel drei Gruppen vergleichen möchte, könnte man zuerst Gruppen A und B vergleichen, dann Gruppen A und C und zu guter Letzt Gruppen B und C. Das Problem mit diesem Vorgehen ist, dass die Wahrscheinlichkeit, *irgendeinen* signifikanten Unterschied zu finden, wenn die Nullhypothese tatsächlich stimmt, grösser als α (in der Regel: $\alpha = 0.05$) ist. Die Simulationen in diesem Abschnitt stellen dieses Problem unter Beweis. Danach folgen mögliche Lösungen.

Generieren wir zuerst einen Daten, für die wir wissen, dass die Nullhypothese buchstäblich stimmt. Wir gehen hier zwar von *random sampling* aus, aber wenn wir von *random assignment* ausgingen, würde sich am Problem und an der Lösung nichts ändern. Mit dem folgenden Befehl wird ein Datensatz (tibble) namens `d` kreiert. Dieser enthält 60 Beobachtungen von je zwei Variablen: `gruppe` (drei Ausprägungen mit je 20 Beobachtungen) und `ergebnis`. Letztere Variable wurde aus einer Normalverteilung generiert, deren Eigenschaften unabhängig von `gruppe` sind. Die Nullhypothese stimmt also. Abbildung 14.1 stellt diese Daten grafisch dar.

```
> d <- tibble(
+   gruppe = rep(c("A", "B", "C"), times = 20),
+   ergebnis = rnorm(n = 3*20, mean = 10, sd = 3)
+ )
```

Wir könnten nun diesen Datensatz drei Mal aufspalten: Ein Mal behalten wir nur die Daten aus den Gruppen A und B, ein Mal behalten wir nur die Daten aus Gruppen A und C, und ein Mal nur die Daten aus Gruppen B und C. Wir führen dann jedes Mal einen t-Test nach Student aus. Bei Ihnen werden der Output anders aussehen, da die Daten zufällig generiert wurden. Was den R-Code betrifft, bemerke man die Verwendung von `%in%` sowie des Platzhalters `_`. Mit dem letzteren übergibt man das tibble, das man vor dem vorigen `|>` kreiert hat, einem bestimmten Parameter in einer nächsten Funktion (hier dem `data`-Parameter in der `t.test()`-Funktion).

```
> # A vs. B
> d |>
+   filter(gruppe %in% c("A", "B")) |>
+   t.test(ergebnis ~ gruppe, data = _, var.equal = TRUE)


Two Sample t-test

data:  ergebnis by gruppe
t = 2.49, df = 38, p-value = 0.017
alternative hypothesis: true difference in means between group A and group B is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.40762 3.96646
```

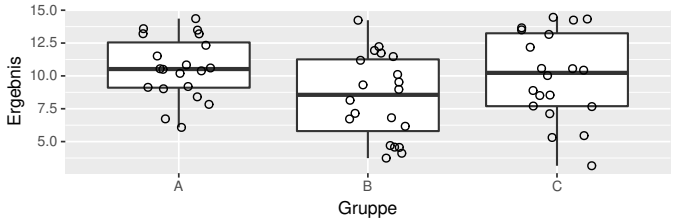


Abbildung 14.1: Zufällig generierte Daten: drei Zufallsstichproben von je 20 Beobachtungen aus der gleichen Normalverteilung. Bei Ihnen werden diese Daten natürlich anders aussehen.

```
sample estimates:
mean in group A mean in group B
        10.5572          8.3702

> # A vs. C
> d |>
+   filter(gruppe %in% c("A", "C")) |>
+   t.test(ergebnis ~ gruppe, data = _, var.equal = TRUE)


Two Sample t-test

data:  ergebnis by gruppe
t = 0.641, df = 38, p-value = 0.53
alternative hypothesis: true difference in means between group A and group C is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -1.2605  2.4283
sample estimates:
mean in group A mean in group C
        10.5572          9.9733

> # B vs. C
> d |>
+   filter(gruppe %in% c("B", "C")) |>
+   t.test(ergebnis ~ gruppe, data = _, var.equal = TRUE)


Two Sample t-test

data:  ergebnis by gruppe
t = -1.56, df = 38, p-value = 0.13
alternative hypothesis: true difference in means between group B and group C is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -3.68485  0.47858
sample estimates:
mean in group B mean in group C
         8.3702          9.9733
```

Wenn man sich in die Logik des Signifikanztestens einschreibt, dann müsste man aufgrund dieser Ergebnisse die Nullhypothese, dass die Daten in jeder Gruppe aus der gleichen Verteilung stammen, ablehnen, denn für den Vergleich zwischen Gruppen A und B findet man ja einen p-Wert, der kleiner als $\alpha = 0.05$ ist ($p = 0.017$). Dies obwohl die Nullhypothese in dieser Simulation buchstäblich stimmt. Dass man Nullhypothesen, die tatsächlich stimmen, ab und zu zu Unrecht ablehnt, ist klar—und das ist hier auch nicht das Problem. Vielmehr ist das Problem, dass diese Fehlerquote (Fehler der ersten Art) angeblich bei $\alpha = 0.05$ festgelegt wurde, aber eigentlich wesentlich höher ist.

Diese Tatsache können wir mit einer Simulation illustrieren. Mit den folgenden Befehlen wird

das gleiche Szenario wie oben (3 Gruppen mit je 20 Beobachtungen; Nullhypothese stimmt; 3 t-Tests) 5'000 durchlaufen. Jedes Mal wird der p-Wert der einzelnen t-Tests gespeichert sowie auch der kleinste der jeweils drei p-Werte.

```
> n_runs <- 5000
> pval_ab <- vector(length = n_runs)
> pval_ac <- vector(length = n_runs)
> pval_bc <- vector(length = n_runs)
> min_pval <- vector(length = n_runs)
>
> for (i in 1:n_runs) {
+   sim_df <- tibble(
+     gruppe = rep(c("A", "B", "C"), times = 20),
+     ergebnis = rnorm(n = 3*20, mean = 10, sd = 3)
+   )

+   # A vs. B
+   sim_df_ab <- sim_df |>
+     filter(gruppe %in% c("A", "B"))
+   pval_ab[[i]] <- t.test(ergebnis ~ gruppe, data = sim_df_ab)$p.value

+   # A vs. C
+   sim_df_ac <- sim_df |>
+     filter(gruppe %in% c("A", "C"))
+   pval_ac[[i]] <- t.test(ergebnis ~ gruppe, data = sim_df_ac)$p.value

+   # B vs. C
+   sim_df_bc <- sim_df |>
+     filter(gruppe %in% c("B", "C"))
+   pval_bc[[i]] <- t.test(ergebnis ~ gruppe, data = sim_df_bc)$p.value

+   # Kleinsten der 3 p-Werte speichern
+   min_pval[[i]] <- min(c(pval_ab[[i]], pval_ac[[i]], pval_bc[[i]]))
+ }
```

Wenn die Nullhypothese stimmt, müssten die p-Werte gleichverteilt sein (siehe Aufgaben letztes Kapitel). Wenn Sie Histogramme der p-Werte der einzelnen t-Tests zeichnen, werden Sie feststellen, dass dies tatsächlich der Fall ist. Die Abweichungen, die Sie feststellen werden, sind zufallsbedingt; wenn Sie die Anzahl Simulationen erhöhen, werden diese Abweichungen kleiner. Wenn Sie nun aber die Verteilung der jeweils kleinsten der drei p-Werte (`min_pval`) zeichnen, werden Sie feststellen, dass diese *nicht* gleichverteilt sind; siehe Abbildung 14.2 auf der nächsten Seite.

Wenn wir uns bei unseren Inferenzen darüber, ob sich die drei Gruppen voneinander unterscheiden, nach dem kleinsten der drei p-Werte richten, würden wir nicht in bloss $\alpha = 5\%$ der Fälle die Nullhypothese zu Unrecht ablehnen, sondern in mehr als 10% der Fälle, wenn drei Gruppen verglichen werden:

```
> mean(min_pval < 0.05)

[1] 0.1364
```

Familywise Type-I error rate. Wenn man mehrere Signifikanztests verwendet, um eine Nullhypothese zu überprüfen, steigt die Wahrscheinlichkeit, dass mindestens einer von ihnen einen signifikanten p-Wert produziert—auch wenn die Nullhypothese stimmt und jeder Test korrekt ausgeführt wurde. Die Wahrscheinlichkeit, dass man mindestens einen signifikanten p-Wert antrifft, wenn die Nullhypothese stimmt, nennt man die *familywise Type-I error rate*; siehe Abbildung 14.3 auf der nächsten Seite.

In Fällen wie im obigen Beispiel ist die Tatsache, dass man eine Nullhypothese mit mehreren Tests überprüft hat (*multiple comparisons*), allen klar. Ausserdem kann das Problem in solchen

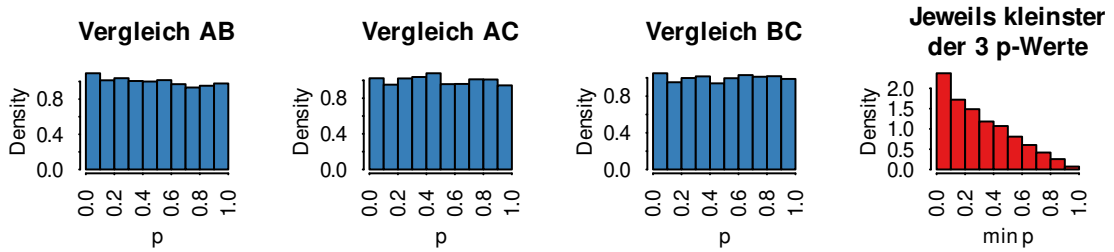


Abbildung 14.2: Wenn die Nullhypothese stimmt, sollte der p-Wert aus einer Gleichverteilung stammen. Für die p-Werte aus den einzelnen t-Tests ist dies auch der Fall: Die Wahrscheinlichkeit, dass man einen p-Wert kleiner als 0.05 beobachtet, liegt tatsächlich bei 5%, wenn die Nullhypothese stimmt. Wenn man aber auf der Basis des jeweils kleinsten der drei p-Werte schliesst, ob sich die Gruppen unterscheiden, dann sind die relevanten p-Werte nicht gleich- sondern rechtsschief verteilt: Die Wahrscheinlichkeit, dass man *irgendeinen* p-Wert kleiner als 0.05 beobachtet, ist erheblich höher als 5%, auch wenn die Nullhypothese stimmt.

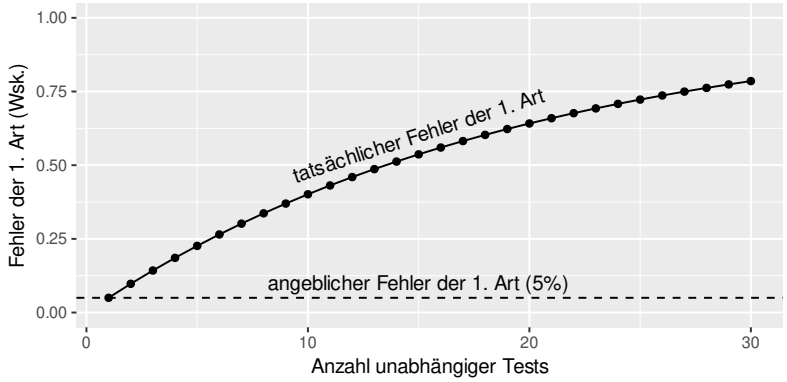


Abbildung 14.3: Wenn alle Nullhypothesen stimmen und mehrere unabhängige Signifikanztests durchgeführt werden, dann wird die Wahrscheinlichkeit, dass mindestens ein Test ein signifikantes Ergebnis produziert immer grösser ($y = 1 - (1 - 0.05)^{\text{Anzahl Tests}}$). Diese Wahrscheinlichkeit ist der *familywise Type-I error rate*. Zwei Tests sind unabhängig voneinander, wenn das Ergebnis des einen Tests überhaupt keine Indizien darüber gibt, was das Ergebnis des anderen Tests sein wird—z.B., weil komplett andere Daten benutzt werden. Wenn die Tests nicht unabhängig voneinander sind (z.B., weil man die gleichen Daten mit mehreren Tests auswertet), wird dieses Problem zwar immer noch vorhanden sein, aber es wird weniger ausgeprägt sein.

Fällen relativ leicht behoben werden. In anderen Fällen sind die *multiple comparisons* weniger einfach aufzudecken bzw. schwieriger bei der Interpretation der Ergebnisse zu berücksichtigen—zum Beispiel, weil im Forschungsbericht nur eine Auswahl der ausgeführten Signifikanztests beschrieben wird. Siehe hierzu Kapitel 17.

14.2 Erste Lösung: Randomisierungstest

Die einfachste Art und Weise, das *multiple comparisons*-Problem zu lösen, ist, die Nullhypothese mit einem einzigen Test zu überprüfen statt mit mehreren Tests. Am häufigsten wird hierzu Varianzanalyse (ANOVA: *analysis of variance*) bzw. der F-Test eingesetzt (siehe nächsten Abschnitt). Aber das Gleiche kann man bewirken mit einem Randomisierungstest, der m.E. einfacher nachvollziehbar ist.

Der Randomisierungstest geht von der gleichen Nullhypothese wie im letzten Kapitel aus: Die Versuchspersonen (oder was auch immer beobachtet wurde) wurden nach dem Zufallsprinzip den Gruppen zugeordnet und die Unterschiede zwischen den Gruppenmitteln, die wir hier gerade berechnen, sind lediglich das Ergebnis dieser zufälligen Zuordnung.

```
> d |>
+   group_by(gruppe) |>
+   summarise(mittel = mean(ergebnis))

# A tibble: 3 x 2
  gruppe mittel
  <chr>   <dbl>
1 A       10.6
2 B        8.37
3 C        9.97
```

Die entscheidende Frage ist nun: Wie wahrscheinlich wäre es, dass sich die Mittel so stark oder noch stärker voneinander unterscheiden würden, wenn diese Nullhypothese tatsächlich stimmt? Um diese Frage zu beantworten, müssen wir zuerst in einer Zahl ausdrücken, wie stark sich diese drei Mittel voneinander unterscheiden. Die Varianz der Gruppenmittel bietet sich hierfür an.

```
> d |>
+   group_by(gruppe) |>
+   summarise(mittel = mean(ergebnis)) |>
+   select(mittel) |>
+   var()

       mittel
mittel 1.2824
```

Die Varianz der Stichprobenmittel beträgt also 1.282. Bei Ihnen wird das Ergebnis aufgrund der zufällig generierten Daten anders aussehen. Um die Verteilung der Varianzen der Stichprobenmittel unter Annahme der Nullhypothese zu generieren, können wir die Beobachtungen ein paar tausend Mal zufällig den Gruppenbezeichnungen zuordnen und jedes Mal die Varianz der Stichprobenmittel der permutierten Daten berechnen. Die Logik ist identisch mit jener der Permutationstests aus dem letzten Kapitel, nur schauen wir uns die Varianz der Gruppenmittel statt des Unterschieds zwischen den zwei Gruppenmitteln an.

```
> n_runs <- 10000
> var_mittel_H0 <- vector(length = n_runs)
>
> # Der Datensatz d wird hier als d_H0 kopiert,
> # sodass er nachher nicht überschrieben wird.
> d_H0 <- d
>
> for (i in 1:n_runs) {
+   d_H0$gruppe <- sample(d_H0$gruppe)

+   var_mittel_H0[[i]] <- d_H0 |>
+     group_by(gruppe) |>
+     summarise(mittel = mean(ergebnis)) |>
+     select(mittel) |>
+     var()
+ }
```

Die Verteilung dieser Varianzen (`var_mittel_H0`) wird in Abbildung 14.4 dargestellt. Die Proportion der Varianzen, die mindestens so gross wie die beobachtete Varianz sind, ist ein gültiger p-Wert.

```
> mean(var_mittel_H0 > 1.282355)

[1] 0.0664
```

In diesem Fall also $p = 0.066$. Von Durchführung zu Durchführung wird sich dieser Wert leicht ändern, da er auf 'nur' 10'000 der fast 578 Quadrillionen möglicher Permutationen basiert.[1] Aber

[1] Für die Interessierten: Es gibt $\binom{60}{20} \approx 4.2 \cdot 10^{15}$ Möglichkeiten, um 20 Versuchspersonen aus einer Gruppe von 60 zu

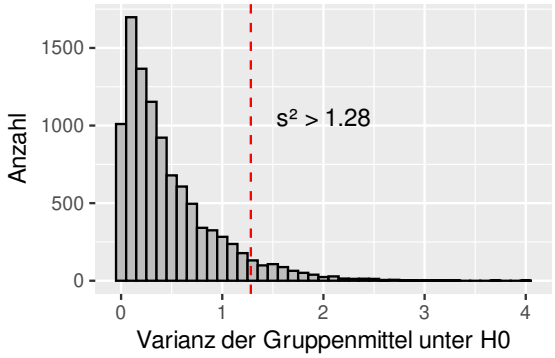


Abbildung 14.4: Die Verteilung der Varianzen der Stichprobenmittel, wenn die Beobachtungen zufällig den Gruppen neu zugeordnet werden. Die Proportion der Varianzen, die mindestens so gross wie die beobachtete Varianz sind, stellt ein gültiger p-Wert dar.

die Unterschiede werden minimal sein.

Aufgabe 1. Wir haben die Unterschiede zwischen den Gruppenmitteln mit dem Varianzmass erfasst. Würde sich am Ergebnis etwas ändern, wenn wir stattdessen die Standardabweichung benutzt hätten? Versuchen Sie die Frage zu beantworten, ohne den Computer zu verwenden.

Aufgabe 2. In Abschnitt 10.2 auf Seite 126 wurde ein echter Datensatz mit drei Gruppen vorgestellt. Überprüfen Sie die Nullhypothese, dass sich die Durchschnittsleistung zwischen den 'no information'-, 'information'- und 'strategy'-Konditionen nicht unterscheidet und zwar mit einem Permutationstest. Über die leicht unterschiedlichen Gruppengrössen brauchen Sie sich keine Sorgen zu machen, d.h., bei Ihrer Berechnung können Sie stets 15 Datenpunkte der 'information'-Kondition zuordnen, 14 der 'no information'-Kondition und 16 der 'strategy'-Kondition.

Mit dem `coin`-Package. Permutationstests wie diese braucht man nicht selber zu programmieren, obwohl ich es für didaktisch sinnvoll halte, dass man dies eben schon tut. Mit der Funktion `independence_test()` aus dem `coin`-Package können sie schnell und einfach durchgeführt werden. Am Ergebnis ändert sich nichts. Wenn Sie diese Funktion mehrmals laufen lassen, werden Sie feststellen, dass die kleineren Abweichungen dem Zufallsverfahren hinter dem Test zuzuweisen sind.

```
> coin::independence_test(ergebnis ~ factor(gruppe), data = d,
+                         distribution = approximate(nresample = 10000))


Approximative General Independence Test

data:  ergebnis by factor(gruppe) (A, B, C)
maxT = 2.25, p-value = 0.06
alternative hypothesis: two.sided
```

14.3 Zweite Lösung: Varianzanalyse und F-Tests

Permutationtests waren anno dazumals zu schwierig, um durchzuführen. Ähnlich wie im letzten Kapitel gibt es aber mathematische Kniffe, mit dem man in der Regel zu recht ähnlichen Ergebnissen kommt. Diese Tricks heissen Varianzanalyse (ANOVA: *analysis of variance*) und der F-Test. Da Forschungsartikel oft voller ANOVAs und F-Tests stehen, werden diese Tricks hier kurz vorgestellt.

wählen. Dann gibt es noch $\binom{40}{20} \approx 1.4 \cdot 10^{11}$ Möglichkeiten, um 20 Versuchspersonen aus der restlichen Gruppe von 40 zu wählen. Zusammen ergibt das etwa $4.2 \cdot 10^{15} \cdot 1.4 \cdot 10^{11} \approx 5.78 \cdot 10^{26}$ Möglichkeiten.

14.3.1 Streuungszerlegung

Der erste Schritt in einer ANOVA besteht darin, dass man die Streuung im outcome in zwei Teile zerlegt: Streuung zwischen den Gruppen und Streuung innerhalb der Gruppen. Dazu berechnet man zuerst die Gesamtquadratsumme (vgl. Quadratsumme auf Seite 46). Bei Ihnen werden diese Zahlen anders aussehen, da die Daten zufällig generiert wurden.

```
> # Gesamtquadratsumme
> sq.total <- sum((d$ergebnis - mean(d$ergebnis))^2)
> sq.total

[1] 556.72
```

Um die Streuung innerhalb der Gruppen, die Residuenquadratsumme, zu berechnen, kann man von allen Beobachtungen ihr Gruppenmittel abziehen. Oder man modelliert die Daten in einem allgemeinen linearen Modell und berechnet die Quadratsumme der Residuen:

```
> d.lm <- lm(ergebnis ~ gruppe, data = d)
>
> # Residuenquadratsumme
> sq.rest <- sum((resid(d.lm))^2)
> sq.rest

[1] 505.43
```

Die vom Modell erfasste Quadratsumme beträgt also:

```
> sq.gruppe <- sq.total - sq.rest
> sq.gruppe

[1] 51.294
```

Wir haben, zusätzlich zum Intercept, zwei Parameter gebraucht, um den Einfluss des Gruppenfaktors zu modellieren. Dies können Sie kontrollieren, indem Sie das Modell `df.lm` inspizieren. Im Schnitt beschreibt jeder zusätzliche Parameter also eine Quadratsumme von 25.6:

```
> meanSq.gruppe <- sq.gruppe / 2
> meanSq.gruppe

[1] 25.647
```

Es gibt 60 unabhängige Datenpunkte und das Modell schätzt bereits 3 Parameter (Intercept + 2 Parameter für die Gruppenunterschiede). Daher könnten wir im Prinzip noch 57 Parameter schätzen lassen. Dies wäre zwar nicht sinnvoll, aber es wäre möglich. Mehr Parameter zu schätzen, ginge nicht: In einem allgemeinen linearen Modell kann man nur so viele Parameter schätzen als es Beobachtungen gibt. Im Schnitt würden diese 57 Parameter eine Quadratsumme von 8.87 erfassen:

```
> meanSq.rest <- sq.rest / (60 - 2 - 1)
> meanSq.rest

[1] 8.8671
```

Die kritische Einsicht ist nun, dass wenn die Nullhypothese stimmt, die zwei Gruppenparameter im Schnitt nur die gleiche Quadratsumme wie die 57 nicht-modellierten Parameter beschreiben können. Also: Wenn H_0 zutrifft, sollten `meanSq.gruppe` und `meanSq.rest` einander gleich sein. Eine andere Art und Weise, um dies auszudrücken, ist, dass das Verhältnis von `meanSq.gruppe` und `meanSq.rest` laut der Nullhypothese im Schnitt ('$\mathbb{E}$') 1 sein soll:

$$H_0 : \mathbb{E}\left(\frac{\texttt{meanSq.gruppe}}{\texttt{meanSq.rest}}\right) = 1.$$

Dieses Verhältnis bezeichnet man als F. In unserem Fall beträgt F 2.89.

```
> f.wert <- meanSq.gruppe / meanSq.rest
> f.wert
```

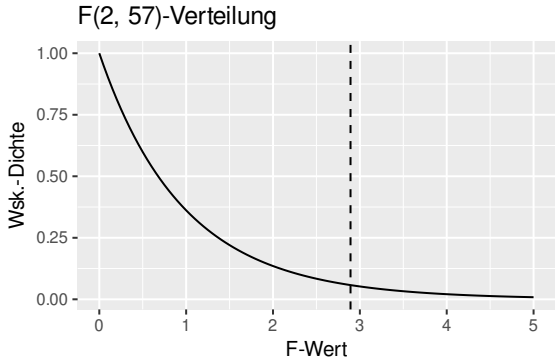


Abbildung 14.5: Die F-Verteilung mit 2 und 57 Freiheitsgraden. (F-Verteilungen haben zwei Freiheitsgrade.) Die Strichellinie stellt den beobachteten F-Wert dar.

```
[1] 2.8924
```

14.3.2 Der F-Test

Aufgrund des Stichprobenfehlers wird F nie ganz genau 1 sein. Die nächste Frage ist daher: Wie ungewöhnlich wäre ein F-Wert von 2.89 oder grösser, wenn die Nullhypothese stimmt? Wenn die Daten in den unterschiedlichen Gruppen aus Normalverteilungen mit dem gleichen Mittel und der gleichen Varianz stammen, dann fällt der F-Wert in eine bestimmte Verteilung, nämlich eine F-Verteilung. F-Verteilungen haben zwei Parameter ('Freiheitsgrade'): die Anzahl Parameter, die man brauchte, um den Effekt zu modellieren (hier: 2), und die Anzahl Beobachtungen, die man nicht aufgebraucht hat (hier: 57). Abbildung 14.5 zeigt eine $F(2, 57)$-Verteilung.[2]

Die Fläche unter der Kurve rechts von der Strichellinie ist die Wahrscheinlichkeit, dass man einen F-Wert von 2.89 oder mehr beobachtet, wenn die Nullhypothese tatsächlich stimmt. Sie kann so berechnet werden:

```
> pf(f.wert, df = 2, df2 = 60 - 2 - 1, lower.tail = FALSE)

[1] 0.063619
```

Dies ist fast das gleiche Ergebnis wie beim Permutationstest.

14.3.3 Varianzanalyse in R

Glücklicherweise muss man all diese Schritte nicht von Hand ausführen. Es reicht, die Daten in einem allgemeinen linearen Modell zu modellieren (was oben bereits gemacht wurde) und die `anova()`-Funktion aufs Modell anzuwenden:

```
> anova(d.lm)

Analysis of Variance Table

Response: ergebnis
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
gruppe     2     51   25.65    2.89  0.064
Residuals 57    505    8.87
```

Berichten würde man dieses Ergebnis wie folgt: $F(2, 57) = 2.89$, $p = 0.064$.

Aufgabe 1. In Abschnitt 10.2 auf Seite 126 wurde ein echter Datensatz mit drei Gruppen vorgestellt. Überprüfen Sie die Nullhypothese, dass sich die Durchschnittsleistung zwischen den 'no information'-, 'information'- und 'strategy'-Konditionen nicht unterscheidet und zwar mit einer ANOVA.

[2] Achtung: 2, 57 ist keine Kommazahl; es handelt sich um zwei separate Zahlen, die Freiheitsgrade.

Aufgabe 2. In Abschnitt 10.1.3 auf Seite 121 wurde ein echter Datensatz mit zwei Gruppen vorgestellt. Diesen haben Sie im letzten Kapitel mit einem *t*-Test analysiert. Analysieren Sie ihn hier nochmals mit einem normalen *t*-Test (also nicht nach Welch) und mit einer ANOVA. Welchen Merksatz ziehen Sie?
(Tipp: Quadrieren Sie den *t*-Wert, den Sie beim *t*-Test erhalten.)

14.4 Varianzanalyse mit mehreren Prädiktoren

Varianzanalyse kann man auch anwenden, wenn es mehrere Prädiktoren in einem Modell gibt. Die Daten aus der Dragan/Luca-Studie (siehe Seite 132) kann man wie folgt in einer ANOVA auswerten:

```
> b11 <- read_csv(here("data", "berthele2011.csv"))
> b11.lm1 <- lm(Potenzial ~ CS * Name, data = b11)
> anova(b11.lm1)

Analysis of Variance Table

Response: Potenzial
           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
CS          1    1.8    1.76    2.51 0.11557
Name        1    0.4    0.36    0.52 0.47190
CS:Name     1    8.0    7.97   11.37 0.00095
Residuals 151  105.8    0.70
```

Jede Zeile in der Tabelle zeigt, wie viele Parameter für einen bestimmten Prädiktor modelliert werden mussten (`Df`) und was die assoziierte Quadratsumme und seine *F*- und *p*-Werte sind. Aber Vorsicht: Wenn wir die Reihenfolge der Prädiktoren ändern, ändern sich ein paar Zahlen:

```
> b11.lm2 <- lm(Potenzial ~ Name * CS, data = b11)
> anova(b11.lm2)

Analysis of Variance Table

Response: Potenzial
           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
Name        1    0.8    0.79    1.12 0.29134
CS          1    1.3    1.33    1.90 0.16967
Name:CS     1    8.0    7.97   11.37 0.00095
Residuals 151  105.8    0.70
```

Der Grund hierfür ist, dass bei der Berechnung von `Sum Sq` sequenziell vorgegangen wird. Wenn wir die Varianzanalyse von Hand ausführen würden, würden wir:

1. die Gesamtquadratsumme berechnen;

   ```
   > (ss.gesamt <- sum((b11$Potenzial - mean(b11$Potenzial))^2))

   [1] 115.87
   ```

2. den Effekt der ersten Variable rausrechnen und berechnen, wie gross die Quadratsumme ist, die diese erfassen kann;

   ```
   > cs.lm <- lm(Potenzial ~ CS, data = b11)
   > (ss.cs <- ss.gesamt - sum(resid(cs.lm)^2))

   [1] 1.755
   ```

3. den Effekt der zweiten Variable rausrechnen und berechnen, wie gross die Quadratsumme ist, die diese erfassen kann;

   ```
   > name.lm <- lm(Potenzial ~ CS + Name, data = b11)
   > (ss.name <- ss.gesamt - ss.cs - sum(resid(name.lm)^2))
   ```

```
[1] 0.3644
```

4. den Interaktionseffekt rausrechnen und berechnen, wie gross die Quadratsumme ist, die dieser erfassen kann;

```
> interaktion.lm <- lm(Potenzial ~ CS + Name + CS:Name, data = b11)
> (ss.interaktion <- ss.gesamt - ss.cs - ss.name -
+     sum(resid(interaktion.lm)^2))

[1] 7.9651
```

5. die restliche Quadratsumme berechnen;

```
> (ss.rest <- ss.gesamt - ss.cs - ss.name - ss.interaktion)

[1] 105.79
```

6. F-Werte für alle Effekte berechnen.

```
> ss.cs / (ss.rest/151)

[1] 2.5051

> ss.name / (ss.rest/151)

[1] 0.52014

> ss.interaktion / (ss.rest/151)

[1] 11.369
```

Je nachdem, ob wir `CS` oder `Name` als erste Variable ins Modell eintragen, ändert sich die Quadratsumme, die dieser Variable zugeschrieben wird. Der Grund dafür ist, dass die Variablen `CS` und `Name` in diesem Datensatz etwas miteinander korreliert sind: Es gibt mehr Datenpunkte für Dragan ohne Codeswitches als mit und mehr Datenpunkte für Luca mit Codeswitches als ohne:

```
> xtabs(~ CS + Name, data = b11)

      Name
CS     Dragan Luca
  mit      28   44
  ohne     51   32
```

Ein Teil der Streuung in den `Potenzial`-Werten kann daher nicht eindeutig dem einen oder dem anderen Prädiktor zugewiesen werden. Wird `CS` als erste Variable dem Modell hinzugefügt, dann wird all die Streuung, für die es nicht ganz klar ist, ob sie `CS` oder `Name` zu verdanken ist, der Variable `CS` zugeschrieben; wird `Name` als erste Variable dem Modell hinzugefügt, wird all diese Streuung ihr zugeschrieben. Daher ändern sich die Ergebnisse für diese Variablen, je nachdem, welche Variable zuerst hinzugefügt wurde. Am Ergebnis für den letzten Effekt (die Interaktion) ändert sich jedoch nichts.

Type-I, Type-II, Type-III sum of squares. Wenn die Quadratsummen und die von ihnen abgeleiteten F- und p-Werte sequenziell berechnet werden (wie oben), spricht man von *Type-I sum of squares*. Diese Berechnungsart ist insbesondere dann sinnvoll, wenn man sich für den als letzten modellierten Effekt interessiert, aber zuerst noch ein paar andere Variablen berücksichtigt.

Eine alternative Berechnungsart wird auf typische kreative Weise *Type-II sum of squares* genannt. Hierzu werden die Effekte in allen möglichen Reihenfolgen ins Modell eingetragen (aber Interaktionen kommen immer nach Haupteffekten) und gilt als der F- und p-Wert eines Effektes jene F- und p-Werte, die man antrifft, wenn der Effekt als letzter eingetragen wurde. In unserem Beispiel sähe das Ergebnis wie folgt aus:

- `CS`: Man übernimmt die Angaben für `CS` aus der ANOVA-Tabelle für Modell `b11.lm2`, da hier `CS` als letzter Haupteffekt eingetragen wurde: $F(1, 151) = 1.9$, $p = 0.17$.

- `Name`: Man übernimmt die Angaben für `Name` aus der ANOVA-Tabelle für Modell `b11.lm1`, da hier `Name` als letzter Haupteffekt eingetragen wurde: $F(1, 151) = 0.52$, $p = 0.47$.
- Die Interaktion kommt immer nach den Haupteffekten, weshalb ihr Ergebnis in beiden Modellen gleich ist: $F(1, 151) = 11.4$, $p < 0.001$.

Diese Ergebnisse kann man automatisch mit der `Anova()`-Funktion (mit grossem A) aus dem `car`-Package berechnen:

```
> car::Anova(b11.lm1)

Anova Table (Type II tests)

Response: Potenzial
          Sum Sq  Df F value  Pr(>F)
CS           1.3   1    1.90 0.16967
Name         0.4   1    0.52 0.47190
CS:Name      8.0   1   11.37 0.00095
Residuals  105.8 151
```

Es gibt auch noch die Berechnungsart *Type-III sum of squares*, aber von dieser wird meistens abgeraten. *Type-I* und *Type-II sum of squares* können beide je nach der Situation nützlich sein, und wenn man sich nur für die Interaktion interessiert oder wenn man es genau die gleiche Anzahl Beobachtungen pro 'Zelle' gibt, macht es eh nichts aus. Schmeissen Sie aber bitte keine Daten weg, um so gleich grosse Zellen zu erhalten und nicht zwischen diesen Berechnungsarten wählen zu müssen!

14.5 Begriffe

One-way ANOVA (einfaktorielle Varianzanalyse). Eine Varianzanalyse mit einem Prädiktor. Meistens ist dies eine Gruppenvariable mit zwei oder mehreren Ausprägungen.

Two-way ANOVA (zweifaktorielle Varianzanalyse). Eine Varianzanalyse mit zwei Prädiktoren. Oft ist hierbei die Interaktion zwischen den Prädiktoren von Interesse. Wenn die eine Variable zwei Ausprägungen hat und die andere vier, spricht man oft von einer 2×4 *two-way* ANOVA. *Three-way*, *four-way*, usw., ANOVA gibt es auch: Man fügt dem Modell einfach mehr Prädiktoren hinzu.

ANCOVA. Steht für *analysis of covariance*. Es handelt sich lediglich um eine Varianzanalyse, in der mindestens eine kontinuierliche Kontrollvariable berücksichtigt wird.

RM-ANOVA. Steht für *repeated-measures analysis of variance*. Dieses Vorgehen kann man verwenden, wenn etwa mehrere Datenpunkte der gleichen Variable pro Versuchsperson vorliegen. RM-ANOVA wird hier nicht besprochen, da es mittlerweile flexiblere Werkzeuge gibt, um mit Abhängigkeitsstrukturen in den Daten umzugehen (gemischte Modelle).

MANOVA. Steht für *multivariate analysis of variance*. Es ist eine Erweiterung von ANOVA auf mehrere *outcomes*. Zu MANOVA schreiben Everitt & Hothorn (2011) in der Einführung ihres Buches *An introduction to applied multivariate analysis with R* Folgendes:

> "But there is an area of multivariate statistics that we have omitted from this book, and that is multivariate analysis of variance (MANOVA) and related techniques (...). There are a variety of reasons for this omission. First, we are not convinced that MANOVA is now of much more than historical interest; researchers may occasionally pay lip service to using the technique, but in most cases it really is no more than this. They quickly move on to looking at the results for individual variables. And MANOVA for repeated measures has been largely superseded by the models that we shall describe [in ihrem Buch]." (S. vii-viii)

14.6 Geplante Vergleiche und Post-hoc-Tests

Mit einfaktorieller Varianzanalyse versucht man die Frage zu beantworten, ob sich die Gruppenmittel (*irgendwelche* Gruppenmittel) in der Population voneinander unterscheiden oder ob *irgendwelche* Gruppenmittel sich nicht nur wegen der zufälligen Zuordnung unterscheiden. Findet man einen kleinen p-Wert, dann tendiert man dazu, davon auszugehen, dass irgendwelche Gruppenmittel sich tatsächlich voneinander unterscheiden. Die Varianzanalyse bietet aber keine Antwort auf die naheliegende Folgefrage: Welche Gruppen unterscheiden sich eigentlich genau voneinander? Unterscheiden sich Gruppen A und B, oder eher Gruppen A und C oder B und C?

Um solche Fragen zu beantworten, bedienen sich Forschende oft auf die Varianzanalyse folgender Signifikanztests. Wenn sich die gestellten Fragen erst *nach* der Datenerhebung ergeben und nicht im Vorhinein aus der Theorie abgeleitet wurden (exploratorische Analyse), spricht man von **Post-hoc-Tests**. Wenn die Fragen schon *vor* der Untersuchung vorlagen (konfirmatorische Analyse), spricht man von **geplanten Vergleichen**.

Häufig verwendete Verfahren für solche nachfolgende Tests tragen Namen wie 't-Tests mit Bonferroni-Korrektur', 't-Tests mit Holm–Bonferroni-Korrektur', 'Fishers *least significant difference*-Test', 'Scheffé-Test' usw. Die Idee ist, dass das aufgrund der mehrfachen Tests gestiegene globale Risiko, einen Fehler der ersten Art zu begehen, kontrolliert werden muss.

Zusätzliche Tests sind jedoch nicht immer nötig oder erwünscht. Entscheidend sind meines Erachtens die Theorie und die Hypothesen, die der Studie zu Grunde lagen, und welche Datenmuster man als Belege für dese Theorie und Hypothesen betrachten würde:

- Sagt die Theorie voraus, dass es *irgendwelche* Gruppenunterschiede (egal welche) geben wird, dann reicht eine Varianzanalyse aus. Man kann zusätzlich eventuell interessante Gruppenunterschiede deskriptiv berichten, etwa indem man das lineare Modell, für das man die Varianzanalyse ausgeführt hat, grafisch darstellt. Diese möglichen Unterschiede überlässt man dann einer neuen, konfirmatorischen Studie (siehe Bender & Lange, 2001, S. 344). Falls die Varianzanalyse keine Signifikanz ergibt, sollte man in diesem Fall auch auf zusätzliche Tests verzichten, sodass man den *familywise Type-I error rate* nicht erhöht.
- Sagt die Theorie jedoch einen *spezifischen* Gruppenunterschied voraus, oder werden mehrere separate Theorien überprüft, die sich auf unterschiedliche Gruppenmittel beziehen (z.B. A vs. B und C vs. D), dann braucht man eigentlich die Varianzanalyse nicht auszuführen und reichen t-Tests. Allfällige interessante aber nicht vorhergesagte Gruppenunterschiede werden deskriptiv (nicht inferenzstatistisch) berichtet und man überlasst sie wiederum einer neuen, konfirmatorischen Studie.
- Sagt die Theorie voraus, dass sich ein bestimmter Unterschied *oder* ein bestimmter anderer Unterschied zeigen wird, dann sollte man sich über die oben angesprochenen Methoden schlau machen. Dies gilt auch wenn die Theorie komplexere Gruppenunterschiede vorhersagt, etwa 'Das Gesamtmittel von Gruppen A und B ist niedriger als das Gesamtmittel von Gruppen B, C und D'. Siehe hierzu Schad et al. (2020).
- Sagt die Theorie voraus, dass sich ein bestimmter Unterschied *und* ein bestimmter anderer Unterschied zeigen wird, dann reichen m.E. wiederum zwei t-Tests.

Eine kurze Einführung mit vielen Referenzen ist Bender & Lange (2001). Konkrete Ratschläge finden Sie in Ruxton & Beauchamp (2008). Diesen sind jedoch wohl schwierig zu folgen ist, wenn man noch keine konkrete Erfahrung mit derartigen Analysen hat. Ein Blogeintrage zum Thema ist *On correcting for multiple comparisons: Five scenarios* (1.4.2016).

Seien Sie vorsichtig und sparsam mit Post-Hoc-Erklärungen. Im Nachhinein gelingt es einem oft, gewisse Muster in den Daten theoretisch zu deuten. Dabei ist es durchaus möglich, dass diese Muster rein zufallsbedingt sind und sich bei einer neuen Studie nicht mehr ergeben.

Es ist übrigens erstaunlich einfach, sich selbst im *Nach*hinein weiszumachen, dass man ein bestimmtes Muster in den Daten *vorher*gesagt hat. Ein wichtiger Grund hierfür ist, dass

wissenschaftliche Theorien und Hypothesen oft vage sind und mehreren statistischen Hypothesen entsprechen. Um zu vermeiden, dass man zuerst sich selbst und nachher seinen Lesenden vortäuscht, dass man die Muster in den Daten so vorhergesagt hat, wie sie sich ergeben haben, kann man seine wissenschaftlichen und statistischen Hypothesen präregistrieren: Man spezifiziert vor der Datenerhebung, welche Muster man erwartet und wie man die Daten analysieren wird. Für mehr Informationen zu Präregistration, siehe etwa `http://datacolada.org/64`, Wagenmakers et al. (2012b) und Chambers (2017).

14.7 Zwischenfazit Signifikanztests

- p-Werte drücken die Wahrscheinlichkeit aus, mit der man das beobachtete Muster (z.B. einen Gruppenunterschied oder eine andere Parameterschätzung) oder noch extremere Muster antreffen würde, wenn die Nullhypothese tatsächlich stimmen würde.
- Die Nullhypothese ist fast ausnahmslos, dass das Muster nur aufgrund von Zufall zu Stande gekommen ist, sei dies wegen der zufälligen Zuordnung in einem Experiment oder wegen der Zufallsauswahl, wenn man mit Stichproben aus einer Population arbeitet. Anders ausgedrückt: Sie besagt, dass der eigentliche Gruppenunterschied bzw. der Parameter, den man zu schätzen versucht hat, gleich 0 ist.
- Mit Signifikanztests überprüft man nicht, ob ein Unterschied oder ein Parameter gross ist; man testet lediglich die Nullhypothese, dass dieser Parameter einen bestimmen Wert hat (in der Regel 0). Man kann Signifikanztests daher nicht einsetzen, um zu bestimmen, ob man irgendeinen beobachteten Unterschied als gross oder klein einstufen sollte.
- Auch wenn die Nullhypothese nicht stimmt, muss das nicht heissen, dass dafür Ihre wissenschaftliche Hypothese stimmt: Vielleicht gibt es noch andere theoretische Ansätze, die mit den Befunden kompatibel sind, oder vielleicht verzerrt Ihre Datenerhebung die Ergebnisse.
- Oft versucht man die Wahrscheinlicht, dass man die Nullhypothese ablehnt, obwohl diese stimmt, auf 5% zu reduzieren, indem man nicht schlussfolgert, dass die Nullhypothese nicht stimmt, wenn $p > 0.05$.
- $p > 0.05$ heisst aber *nicht*, dass die Nullhypothese stimmt.
- Randomisierungs- bzw. Permutationstests, t-Tests und F-Tests dienen alle dem gleichen Zweck. t-Tests verwendet man dabei, um die Nullhypothese für Parameterschätzungen (z.B. Gruppenunterschiede oder Regressionskoeffizienten) zu testen; F-Tests, um zu testen, ob ein Prädiktor (oft mit mehr als zwei Ausprägungen) mehr Streuung in den Daten beschreibt als man rein durch Zufall erwarten würde.
- t- und F-Tests können vom allgemeinen linearen Modell abgeleitet werden. Ihre Annahmen sind den Annahmen dieses Modells gleich. Man kann sie aber durchaus auch als Annäherungen zu Randomisierungs- bzw. Permutationstests verstehen und einsetzen.
- Es gibt Signifikanztests, denen wir noch nicht begegnet sind. Von der Berechnung her unterscheiden diese sich von den t- und F-Tests, aber ihr Ziel ist nach wie vor gleich: Die Wahrscheinlichkeit berechnen, mit der man ein beobachtetes oder ein noch extremeres Muster antreffen würde, wenn dieses Muster nur Zufall zuzuschreiben wäre.

14.8 F-Test im `summary()`-Output

Jetzt können wir auch endlich die letzte Zeile im `summary()`-Output eines `lm()`-Modells entziffern. Greifen wir nochmals das Modell `b11.lm1` auf:

```
> summary(b11.lm1)


Call:
```

```
lm(formula = Potenzial ~ CS * Name, data = b11)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-2.0938 -0.6275  0.0357  0.3725  2.6364

Coefficients:
               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)       2.964      0.158   18.74  < 2e-16
CSohne            0.663      0.197    3.37  0.00096
NameLuca          0.399      0.202    1.97  0.05025
CSohne:NameLuca  -0.933      0.277   -3.37  0.00095

Residual standard error: 0.837 on 151 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.087,Adjusted R-squared:  0.0689
F-statistic:  4.8 on 3 and 151 DF,  p-value: 0.0032
```

Der F-Test ($F(3, 151) = 4.8$, $p = 0.003$) testet die Nullhypothese, dass alle Prädiktoren zusammen im Modell überhaupt keine Varianz im outcome erfassen. Anhand des `anova()`-Outputs kann man die Zahlen rekonstruieren.

```
> anova(b11.lm1)

Analysis of Variance Table

Response: Potenzial
           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
CS          1    1.8    1.76    2.51 0.11557
Name        1    0.4    0.36    0.52 0.47190
CS:Name     1    8.0    7.97   11.37 0.00095
Residuals 151  105.8    0.70

> meanSq.total <- (1.755 + 0.364 + 7.965) / 3
> meanSq.rest <- 105.786 / 151
> fwert <- meanSq.total / meanSq.rest
> fwert

[1] 4.798
```

Den p-Wert kann man dann mit der $F(3, 151)$-Verteilung berechnen:

```
> pf(fwert, 3, 151, lower.tail = FALSE)

[1] 0.0031998
```

Ich habe noch nirgends gesehen, dass dieser F-Test relevant für die Beantwortung einer Forschungsfrage ist. Sie können ihn also ohne Weiteres ignorieren.

Kapitel 15

Powerberechnungen

Auch wenn es tatsächlich einen Unterschied zwischen zwei Gruppen oder einen Zusammenhang zwischen einigen Variablen auf der Populationsebene gibt, ist es möglich, dass man in einer Stichprobe diesen Unterschied oder diesen Zusammenhang nicht mit einem Signifikanztest belegen kann. Ebenso ist es in Experimenten mit zufälliger Zuordnung möglich, dass man einen tatsächlich existierenden Interventionseffekt nicht aufdecken kann. Diese Tatsache wird in Abbildung 15.1 auf der nächsten Seite illustriert. Die Wahrscheinlichkeit, zu der ein Signifikanztest ein tatsächlich vorhandenes Muster belegt, nennt man seine **power**. Fürs Planen von Studien kann es nützlich sein, diese power in Erwägung zu ziehen. In diesem Kapitel wird daher gezeigt, wovon die power eines Tests abhängt und wie man diese berechnen kann.

Der Ehrlichkeit halber füge ich dem hinzu, dass ich selber selten Powerberechnungen ausführe. Der erste Grund hierfür ist, dass, wie Sie in diesem Kapitel sehen werden, eine sinnvolle Powerberechnung voraussetzt, dass man bereits über viele Informationen über das Problem verfügt; siehe aber auch *Don't fight the power (analysis)* unter `http://jakewestfall.org`. Der zweite Grund ist, dass Powerberechnungen vor allem dann nützlich sind, wenn man seine Schlussfolgerungen hauptsächlich auf p-Werten basiert, was ich immer mehr zu vermeiden versuche.

15.1 Power mit Simulationen berechnen

Um die power des in Abbildung 15.1 illustrierten Szenarios zu berechnen, können wir eine Simulation schreiben. Der Simulationscode unten bewirkt das folgende:

1. Wir definieren die Standardabweichung der zwei Populationen. In dieser Simulationen ist die Standardabweichung $\sigma = 2$ für beide Populationen. Übrigens sind beide Verteilungen normalverteilt, da dies eine Annahme des t-Tests ist, die für die Analyse verwendet wird. (Hier gehen wir von Zufallsstichproben aus Populationen aus; wir könnten die Simulation auch so gestalten, dass wir von einem Experiment mit zufälliger Zuordnung ausgingen, aber die praktischen Unterschiede sind unerheblich.)
2. Wir definieren den Unterschied zwischen den Mitteln der beiden Normalverteilung. Hier $\mu_B - \mu_A = 0.7$.
3. Wir legen die Anzahl Beobachtungen pro Stichprobe fest. Hier $n_A = n_B = 32$.
4. Wir ziehen 10'000 Mal eine Stichprobe aus jeder Population.
5. Diese Stichproben werden in einem allgemeinen linearen Modell modelliert und der p-Wert des Unterschieds (basierend auf einer t-Verteilung) wird gespeichert. Für diesen letzten Schritt könnte man auch die `t.test()`-Funktion verwenden, aber den jetzigen Code kann man einfacher anpassen, um komplizierteren Designs gerecht zu werden.
6. Die Verteilung der p-Werte wird dargestellt (Abbildung 15.2).
7. Die Proportion der signifikanten p-Werte ($p < 0.05$) wird berechnet.

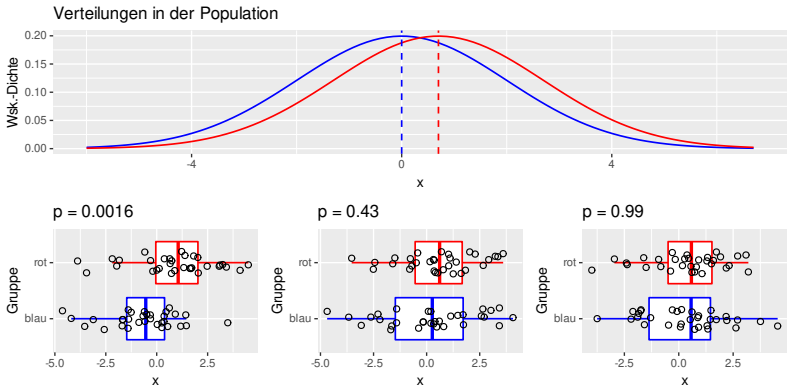


Abbildung 15.1: *Obere Zeile:* Zwei Normalverteilungen mit $\sigma = 2$. Das Mittel der blauen Normalverteilung liegt bei 0; das Mittel der roten bei 0.7. *Untere Zeile:* Aus diesen Normalverteilungen wurden drei Mal jeweils Zufallsstichproben mit 32 Beobachtungen gezogen. Obwohl es in der Population einen Unterschied zwischen den Mitteln dieser Verteilungen gibt, kann es durchaus vorkommen, dass man keinen signifikanten Unterschied zwischen den Stichprobenmitteln feststellt. Die Wahrscheinlichkeit, zu der man einen signifikanten Unterschied feststellt, wenn es in der Population tatsächlich einen Unterschied gibt, nennt man die power eines Signifikanztests.

```
> # Merkmale der Population; rumspielen!
> sd_gruppe <- 2
> unterschied <- 0.7
>
> # Stichprobengrössen; rumspielen!
> n_gruppeA <- 32
> n_gruppeB <- 32
>
> # Simulationseinstellungen
> n_runs <- 10000
> p_werte <- vector(length = n_runs)
>
> # Zufallsdaten generieren und analysieren
> for (i in 1:n_runs) {
+   df <- tibble(
+     gruppe = rep(c("A", "B"), times = c(n_gruppeA, n_gruppeB)),
+     outcome = c(rnorm(n = n_gruppeA, mean = 0, sd = sd_gruppe),
+                 rnorm(n = n_gruppeB, mean = unterschied, sd = sd_gruppe))
+   )

+   mod.lm <- lm(outcome ~ gruppe, data = df)

+   p_werte[[i]] <- summary(mod.lm)$coefficients[2, 4]
+ }
>
> # Proportion signifikanter p-Werte
> mean(p_werte < 0.05)
[1] 0.2718
```

Schlussfolgerung: Wenn die Populationen normalverteilt mit $\sigma = 2$ sind und es einen Unterschied von 0.7 zwischen ihren Mitteln gibt, dann gibt es eine Wahrscheinlichkeit von (nur!) etwa 27%, dass man einen signifikanten Unterschied feststellt, wenn man Zufallsstichproben von je 32 Beobachtungen zieht. Der Signifikanztest hier ist ein zweiseitiger t-Test unter Annahme von gleichen Varianzen.

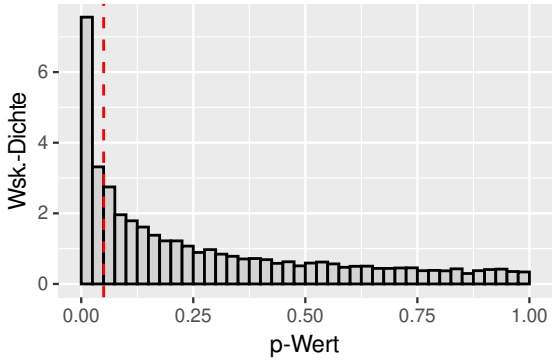


Abbildung 15.2: Die Verteilung der p-Werte in der Powersimulation.

Aufgabe 1. Wie ändert sich die power in diesem Beispiel, wenn die Normalverteilungen Standardabweichungen von $\sigma = 3$ statt von $\sigma = 2$ hätten?

Aufgabe 2. Wie ändert sich die power in diesem Beispiel, wenn wir statt 32 Beobachtungen in jeder Stichprobe, 54 Beobachtungen in einer Stichprobe und 10 in den anderen hätten?

Aufgabe 3. Wie viel power hätte man, wenn der Unterschied zwischen den zwei Populationen infinitesimal ist? Versuchen Sie, diese Frage zunächst ohne Simulation zu beantworten. Überprüfen Sie dann Ihre Antwort mit einer Simulation.

15.2 Analytisch Powerberechnung

Für ein paar Signifikanztests, darunter t-Tests, kann man die power auch analytisch berechnen. Die Formeln dazu werden hier nicht gezeigt, aber sie sind in der `power.t.test()`-Funktion implementiert worden. Für einen Unterschied von 0.7 Einheiten zwischen Normalverteilungen mit $\sigma = 2$ und Stichproben mit je 32 Beobachtungen, kann man die power so berechnen:

```
> power.t.test(n = 32, delta = 0.7, sd = 2)


     Two-sample t test power calculation

              n = 32
          delta = 0.7
             sd = 2
      sig.level = 0.05
          power = 0.28041
    alternative = two.sided

NOTE: n is number in *each* group
```

Der Vorteil dieser Funktion ist, dass man die erwünschte power einstellen kann, dafür die Anzahl Beobachtungen leer lassen kann, um zu erfahren, wie viele Beobachtungen man pro Stichprobe bräuchte, um die erwünschte power zu erreichen:

```
> power.t.test(delta = 0.7, sd = 2, power = 0.90)


     Two-sample t test power calculation

              n = 172.52
          delta = 0.7
             sd = 2
      sig.level = 0.05
```

```
          power = 0.9
    alternative = two.sided

NOTE: n is number in *each* group
```

173 Beobachtungen pro Stichprobe bräuchte man also, um zu einer Wahrscheinlichkeit von 90% einen signifikanten Unterschied zu finden, auch wenn die Populationen um 0.7 Einheiten voneinander abweichen und eine Standardabweichung von 2 haben.

Man kann auch die anderen Parameter leer lassen:

```
> power.t.test(n = 40, sd = 2, power = 0.75)


     Two-sample t test power calculation

              n = 40
          delta = 1.1929
             sd = 2
      sig.level = 0.05
          power = 0.75
    alternative = two.sided

NOTE: n is number in *each* group
```

Wenn man 75% power haben möchte, 40 Beobachtungen pro Gruppe hat und davon ausgeht, dass die Populationen eine Standardabweichung von 2 haben, muss man also hoffen, dass der Unterschied zwischen den Populationsmitteln mindestens 1.2 Einheiten beträgt.

Um eine Powerberechnung durchzuführen, muss man über genau drei der vier folgenden Informationen verfügen:

- Die Anzahl Beobachtungen.
- Die Effektgrösse in der Population (hier: Unterschied zwischen den Populationsmitteln). Dies kann die erwartete oder verhoffte Effektgrösse sein, aber auch die kleinste Effektgrösse, die man selber für relevant halten würde.
- Die Variabilität in der Population (hier: Standardabweichung der Verteilungen).[1]
- Die erwünschte power.

Abbildung 15.3 auf der nächsten Seite illustriert, wie diese vier Faktoren zusammenhängen. Meines Erachtens ist es übrigens nicht sehr sinnvoll, über *die* power eines Tests zu sprechen: Sinnvoller wäre es, zu sagen, dass ein Test unter bestimmten Annahmen (betreffend den eigentlichen Unterschied, die Variabilität innerhalb der Gruppen und die Verteilung der Residuen) eine gewisse power hätte und unter anderen Annahmen eine andere. Abbildung 15.3 bringt dies m.E. auf den Punkt.

```
> # Kombinationen von Stichprobengrössen, Unterschieden
> # und Standardabweichungen generieren, für die man die power
> # berechnen will.
> power.df <- expand.grid(
+   Stichprobengroesse = seq(from = 2, to = 100, by = 1),
+   Delta = seq(0.3, 1.5, by = 0.3),
+   SD = c(0.5, 1, 1.5, 2)
+ )
>
> # Power berechnen und speichern
> power.df$Power <- power.t.test(n = power.df$Stichprobengroesse,
+                                delta = power.df$Delta,
+                                sd = power.df$SD)$power
```

[1] Im Prinzip ist nur das Verhältnis zwischen der Effektgrösse und der Variabilität relevant; siehe Cohen (1977, 1992).

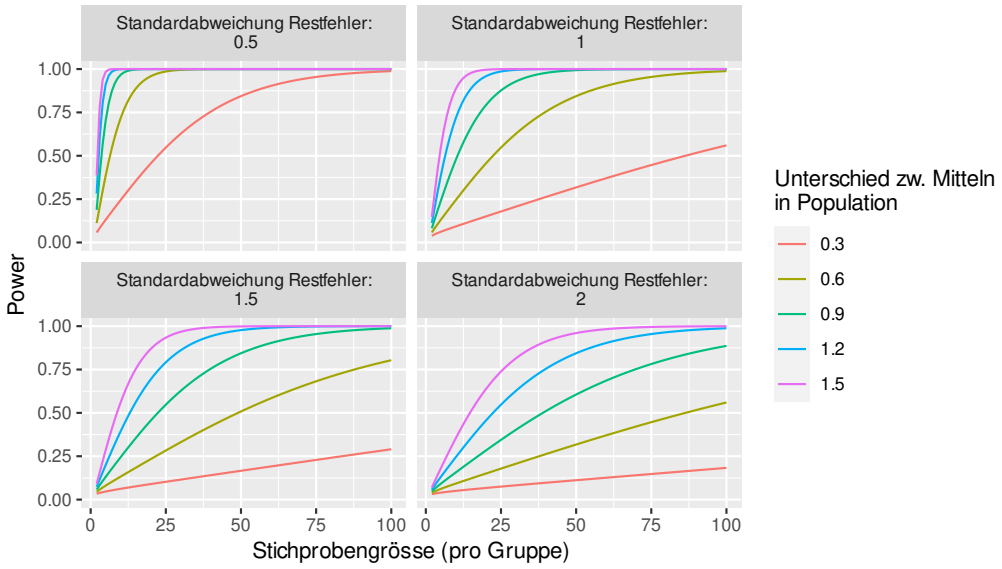


Abbildung 15.3: Die power eines Tests hängt von der Effektgrösse (hier: dem Unterschied zwischen den Mitteln in der Population), der Fehlervarianz (hier gezeigt als die Standardabweichung des Restfehlers) und der Datenmenge ab.

```
>
> # Text hinzufügen
> power.df$SD <- paste("Standardabweichung Restfehler:\n", power.df$SD)
>
> # Grafik zeichnen
> ggplot(power.df,
+        aes(x = Stichprobengroesse,
+            y = Power,
+            colour = factor(Delta))) +
+   geom_line() +
+   ylim(0, 1) +
+   facet_wrap(vars(SD)) +
+   xlab("Stichprobengrösse (pro Gruppe)") +
+   scale_colour_discrete(name = "Unterschied zw. Mitteln\nin Population")
```

15.3 Weiterführende Literatur

Eine kurze Einführung in die Powerberechnung ist Cohen (1992). Ein weiterer lesenswerter Artikel ist Kelley et al. (2003). Zwei Blogeinträge zum Thema sind *Abandoning standardised effect sizes and opening up other roads to power* (14.7.2017) und *Increasing power and precision using covariates* (24.10.2017). Fortgeschrittenere Litatur, aber relevant für Experimente in den Sprachwissenschaften, ist Westfall et al. (2014).

Kapitel 16

Überflüssige Signifikanztests

Wann und ob Signifikanztests sinnvoll sind, darüber scheiden sich die Geister. Was weniger umstritten ist, ist, dass Signifikanztests oft in Kontexten eingesetzt werden, in denen sie überflüssig sind (sog. *silly tests*, Abelson, 1995). Überflüssige Tests führen dazu, dass Forschungsberichte schwerer zugänglich werden, da Lesende noch mehr als sonst die relevanten Informationen von den irrelevanten trennen müssen. Im Folgenden werden daher fünf Arten überflüssiger Signifikanztests besprochen, sodass Sie diese in Ihren eigenen Arbeiten nicht verwenden. Siehe auch Vanhove (2021b).

16.1 RM-ANOVA für Prätest/Posttest-Designs

Ein nützliches Forschungsdesign ist das Prätest/Posttest-Design mit einer Kontroll- und Experimentalgruppe. Alle Teilnehmenden erledigen zuerst eine Aufgabe (Prätest), werden dann nach dem Zufallsprinzip der Experimental- oder Kontrollgruppe zugewiesen und erledigen nach Ablauf der Intervention die gleiche oder eine ähnliche Aufgabe (Posttest). Solche Daten werden oft mit einer Varianzanalyse mit Messwiederholungen (RM-ANOVA) ausgewertet. Die Ergebnisse könnten dann etwa wie folgt berichtet werden:

> "A repeated-measures ANOVA yielded a nonsignificant main effect of Condition ($F(1, 48) < 1$) but a significant main effect of Time ($F(1, 48) = 154.6$, $p < 0.001$). In addition, the Condition $\times$ Time interaction was significant ($F(1, 48) = 6.2$, $p = 0.016$)." [Nach einem fiktiven Beispiel von Vanhove, 2015.]

Das Problem mit dieser Analyse ist, dass drei Tests berichtet werden ('main effect of Condition', 'main effect of Time' und 'Condition $\times$ Time interaction'), aber nur die Interaktion von Interesse ist: Interessant ist nur, ob sich die Leistung in der Experimentalgruppe mehr verbessert hat als jene in der Kontrollgruppe.

- Dass die Posttestleistung über die beiden Gruppen hinweg besser ist als die Prätestleistung ('main effect of Time'), ist uninteressant: Vielleicht handelt es sich um einen Übungseffekt, vielleicht ist der Posttest einfacher als der Prätest, vielleicht haben die Teilnehmenden in beiden Gruppen etwas aus dem Experiment gelernt.
- Dass sich die Leistung der beiden Gruppen über die beiden Messpunkte hinweg unterscheidet oder nicht ('main effect of Condition'), ist auch nicht relevant für unsere Frage: Vielleicht gibt es im Schnitt tatsächlich kaum einen Unterschied, aber haben die Teilnehmenden in der Experimentalgruppe trotzdem mehr gelernt (z.B. wenn ihre Leistung beim Prätest niedriger war als jene der Kontrollgruppe, aber dafür beim Posttest höher).
- Nur der Interaktionseffekt ist hier interessant: Ist der Effekt von 'Time' unterschiedlich gross je nach 'Condition'?

Diese Analyse kann wesentlich vereinfacht werden, indem nicht die Rohdaten, sondern die *Unterschiede* zwischen der Posttest- und dem Prätestleistung jeder Versuchsperson mit einem t-Test

ausgewertet werden. Am Ergebnis würde sich nichts ändern, aber die Analyse ist jetzt besser nachvollziehbar und berichtet wird nur ein einziger (relevanter) Test.

Eine noch bessere Alternative besteht darin, ein lineares Modell zu konstruieren, in dem die Posttestergebnisse als outcome gelten und sowohl die Gruppenzugehörigkeit als auch die Prätestergebnisse als Prädiktoren mitmodelliert werden (= ANCOVA). Dies führt zu einer grosseren power bzw. zu mehr Präzision und hat den Vorteil, dass Prä- und Posttest nicht einmal auf der gleichen Skala ausgedrückt werden müssen. Siehe Vanhove (2015) für mehr Informationen.

16.2 *Balance tests*

Auch wenn sie die Teilnehmenden nach dem Zufallsprinzip den unterschiedlichen Gruppen zugeordnet haben, beschreiben Forschende oft, wie sich die Gruppen voneinander unterscheiden, was etwa das Alter, die Fremdsprachenkenntnisse oder den IQ der Versuchspersonen betrifft. Hierzu werden dann oft Signifikanztests eingesetzt. In Vanhove (2015) bespreche ich drei Gründe, weshalb solche Signifikanztests überflüssig sind; diese sind die zwei wichtigsten:

- Solche Signifikanztests überprüfen die Nullhypothese, dass sich (etwa) das Durchschnittsalter in den unterschiedlichen Gruppen nur aufgrund von Zufall unterscheidet. Da die Versuchspersonen den Gruppen aber nach dem Zufallsprinzip zugewiesen wurden, *wissen* wir, dass diese Nullhypothese tatsächlich stimmt. Entweder sagt der Test dann, dass der Unterschied zwischen den Gruppen rein zufallsbedingt ist—was wir schon wussten—oder er sagt, dass es schon einen systematischen Unterschied gibt—was falsch wäre (Fehler der ersten Art). Der Test kann uns also nichts sagen, was wir noch nicht wussten und was gleichzeitig auch noch stimmt.
- Die Verwendung solcher *balance tests* lässt vermuten, dass Forschende denken, dass das Ziel von Randomisierung ist, perfekt balanzierte Gruppen zu generieren. Wie wir in Kapitel 13 bereits gesehen haben, ist dies eben nicht das Ziel. Vielmehr ist das Ziel von Randomisierung, eine *systematische* Verzerrung vorzubeugen. In den p-Werten und Konfidenzintervallen sind Gruppenunterschiede, die aufgrund von Zufall zu Stande kommen, bereits berücksichtigt. Es ist also nicht nötig, dass Gruppen hinsichtlich der Hintergrundsvariablen perfekt balanziert sind.

Wichtige Hintergrundsvariablen können natürlich in der Analyse berücksichtigt werden, aber das macht man besser, indem man sie dem Modell als Prädiktoren hinzufügt. Gegebenfalls kann man *zusätzlich* die Randomisierung so einschränken, dass die Gruppen hinsichtlich solcher Variablen vergleichbarer sind (*blocking*, siehe Imai et al., 2008, Vanhove, 2015 und die Funktion `walkthrough_blocking()` im `cannonball`-Package).

16.3 Tautologische Tests

> "The 70 participants were divided into three proficiency groups according to their performance on a 20-point French-language test. The high-proficiency group consisted of participants with a score of 16 or higher ($n = 20$); the mid-proficiency group of participants with a score between 10 and 15 ($n = 37$); and the low-proficiency group of participants with a score of 9 or lower ($n = 13$). An ANOVA showed significant differences in the test scores between the high-, mid- and low-proficiency groups ($F(2, 67) = 133.5$, $p < 0.001$)." [Fiktives Beispiel aus dem Blogeintrag *Silly significance tests: Tautological tests* (15.10.2014)]

Das Problem mit diesem Signifikanztest ist, dass er vollkommen tautologisch ist. Ähnlich wie *balance tests* können solche tautologischen Tests uns nichts sagen, was wir noch nicht wussten und was gleichzeitig auch stimmt: Wir haben die Gruppen absichtlich so konstruiert, dass sie sich hinsichtlich einer bestimmten Variablen nicht überlappen. Selbstverständlich stimmt die Nullhypothese ('Jeglicher Unterschied beruht rein auf Zufall.') hier nicht.

Tautologische Tests sind symptomatisch für ein wichtigeres Problem: die Vorstellung, dass Prädiktoren unbedingt kategorisch sein sollten bzw. dass man immer Grüppchen bilden sollte. Indem man aus kontinuierlichen Daten Gruppen bildet, verliert man Information und dadurch

auch statistische Genauigkeit. Siehe hierzu weiter *The problem with cutting up continuous variables and what to do when things aren't linear* (16.10.2015).

16.4 Tests, die nichts mit der Forschungsfrage zu tun haben

Erstaunlich häufig sind Signifikanztests, die eigentlich gar nichts mit der Forschungsfrage zu tun haben. Ein fiktives Beispiel hierfür ist, wenn man eine Interventionsstudie durchführt und nicht nur die Leistung der Kontroll- und Interventionsgruppe vergleicht, sondern auch noch die Leistung der Jungen und der Mädchen, oder die Leistung bei unterschiedlichen Sozialschichten usw. Faktoren wie Geschlecht und Sozialschicht mögen die Leistung beeinflüssen, aber nur deswegen müssen diese Faktoren nicht nochmals mit einem Signifikanztest überprüft werden. Wenn man davon ausgeht, dass solche Faktoren wichtig sind, ist es sinnvoller, wenn man sie sofort im Modell mitberücksichtigt anstatt separate Analysen mit ihnen durchzuführen.

Für weitere Empfehlungen, siehe den Blogeintrag (siehe *Silly significance tests: Tests unrelated to the genuine research questions*, 8.6.2015).

16.5 Tests für Haupteffekte, während man sich für die Interaktion interessiert

Oft interessiert man sich für die Interaktion zwischen zwei oder mehreren Prädiktoren. Wenn man diese Interaktion in einer Varianzanalyse testet, erhält man aber auch Signifikanztests für die Haupteffekte. Aber wichtig sind diese letzteren Tests nicht. M.E. tragen sie im Gegenteil dazu bei, dass Forschungsberichte schwer verdaulich werden. Wenn es aus irgendeinem Grund unbedingt nötig sein sollte, dass Signifikanztests für uninteressante Haupteffekte berichtet werden, sollten diese m.E. in einer Tabelle stehen, deren Beschriftung dann deutlich macht, dass eigentlich nur die Interaktion relevant ist.

16.6 Fazit

Nur weil man einen Signifikanztest durchführen könnte oder weil die Software einen ausspuckt, heisst das noch nicht, dass man ihn auch berichten sollte. Fragen Sie sich immer, wie relevant jeder Signifikanztest wäre, und zwar für die Fragen, die Sie beantworten wollen.

Missverstehen Sie den letzten Absatz bitte nicht: Ich schlage *nicht* vor, dass man nur jene Signifikanztests berichten soll, die einen signifikanten p-Wert ergeben. Ausserdem denke ich auch nicht, dass jede Analyse mit einem p-Wert belegt werden sollte.

Kapitel 17

Fragwürdige Forschungspraktiken

Wenn man mit Signifikanztests umgeht—sei es, weil man sie selber verwendet oder weil man sie beim Lesen der Forschungsliteratur oft antrifft—, sollte man sich einiger häufiger Fehlanwendungen bewusst sein, die dazu führen, dass *p*-Werte nicht länger ihre angebliche Bedeutung haben. Das übergreifende Problem hinter all diesen fragwürdigen Forschungspraktiken ist grundsätzlich, dass Forschende und Herausgeber bestimmte Ergebnisse (lies: signifikante Ergebnisse) bevorzugen und dass der Forschungs- und Publikationsprozess daher auf das Produzieren und Publizieren von solchen Ergebnissen ausgerichtet ist. Wenn man bei der Datenerhebung, Analyse und Veröffentlichung aber flexibel genug vorgeht, ist es äusserst einfach, signifikante Muster zu finden und zu berichten, ohne dass diese 'Befunde' einigermassen der Realität entsprechen.

Damit Sie sich selbst über fragwürdige, mit Signifikanztests verknüpfte Forschungspraktiken informieren können, werden hier einige einschlägige Artikel vorgestellt. Gute Übersichten über diese Probleme in Buchform sind Chambers (2017, *The seven deadly sins of psychology*) und **?**, *Science fictions*.

17.1 Sterling et al. (1995) zu *publication bias*

Sterling et al. (1995, 4 Seiten Text) zählten, wie oft Signifikanztests in medizinischen und psychologischen Fachzeitschriften einen signifikanten *p*-Wert ergaben. In den medizinischen Zeitschriften wurde die Nullhypothese in 85% der Fälle abgelehnt, in den Psychologiezeitschriften sogar in satten 96%. Wie Sterling et al. erklären, zeigen diese Zahlen, dass Forschende und Herausgeber gegen nicht-signifikante Befunde diskriminieren, denn sogar wenn die Nullhypothese nie stimmen würde, wäre es unmöglich, dass so viele Tests signifikante Ergebnisse aufweisen. Ihre Vermutung ist, dass Forschende dazu neigen, Artikel zu signifikanten (statt zu nicht-signifikanten) Befunden zu schreiben, und dass Herausgeber dazu neigen, Artikel mit nicht-signifikanten Befunden abzulehnen. Dieses *publication bias* kann dazu führen, dass die Literatur die Evidenz und die Stärke eines bestimmten Effekts (etwa 'Zweisprachigkeit führt zu kognitiven Vorteilen.') überschätzt (siehe auch de Bruin et al., 2015).

17.2 Kerr (1998) zu *hypothesizing after the results are known*

Kerr (1998, 20 Seiten Text) bespricht Gründe und Nachteile einer häufig vorkommenden Praxis beim Schreiben wissenschaftlicher Artikel: Die Forschenden suchen in ihren Daten nach interessanten Mustern, aber anstatt dass sie ihre Befunde darstellen als das Ergebnis einer exploratorischen Analyse, wird der Bericht geschrieben, als ob sie das beobachtete Muster vorhergesagt hätten. Diese Praxis bezeichnet Kerr als HARKing – *hypothesizing after the results are known*. Als Kosten von HARKing sieht er unter anderen die folgenden (S. 211):

- "Translating Type I errors into hard-to-eradicate theory."
- "Disguising post hoc explanations as a priori explanations (when the former tend also be more ad hoc, and consequently, less useful)."

- "Not communicating valuable information about what did not work."
- "Encouraging retention of too-broad, disconfirmable old theory."
- "Inhibiting identification of plausible alternative hypotheses."
- "Implicitly violating basic ethical principles."

HARKing ist eng verknüpft mit Rosinenpickerei (*cherry picking*). Hierbei schaut man sich (explizit aber auch implizit!) unterschiedliche Muster an (Muster könnten hier etwa Gruppenunterschiede oder Korrelationen sein) und berichtet dann nur die stärksten oder anderswie auffälligsten. Das Problem hiermit wird im xkcd-Cartoon in Abbildung 17.1 auf den Punkt gebracht.

Diese und verwandte Probleme werden auch auf verständliche Art und Weise von de Groot (2014, ursprünglich veröffentlicht auf Niederländisch im Jahr 1956; 3.5 Seiten Text + 3 Seiten Kommentar) besprochen. Siehe auch Berthele (2019) zu ähnlichen Problemen in der angewandten Linguistik.

17.3 Simmons et al. (2011) zu intransparenter Flexibilität beim Erheben und Analysieren von Daten

Simmons et al. (2011, 7 Seiten Text) zeigen mit einem eigenen echten Beispiel und anhand von Simulationen, dass die Verwendung einiger geläufiger Praktiken dazu führen kann, dass man die Nullhypothese zu einer sehr hohen Wahrscheinlichkeit ablehnt, auch wenn diese stimmt. Die untersuchten Praktiken sind:

- mehrere outcomes analysieren und dann eben nur denjenigen, der für die 'besten' Ergebnisse sorgt, berichten;
- nach der ersten Welle der Datenerhebung schauen, ob es schon ein signifikantes Ergebnis gibt; wenn nicht, weitere Daten erheben;[1]
- Kontrollvariablen erst in der Analyse berücksichtigen, wenn das Ergebnis ohne sie nicht-signifikant ist;[2]
- im Design mehrere Konditionen haben, aber einige davon weglassen, wenn dies zu 'besseren' Ergebnissen führt.

Selbstverständlich gibt es noch andere Praktiken, die die Fehlerquote noch erhöhen können – zum Beispiel einen lockeren Umgang mit Ausreissern. Das übergreifende Problem in all diesen Fällen ist, dass man signifikante Ergebnisse als 'gut' oder 'informativ' und nicht-signifikante Ergebnisse als 'schlecht' oder 'nicht informativ' betrachtet. Daher betrachtet man dann wiederum Entscheide in der Datenerhebung oder Analyse, die zu signifikanten Ergebnissen führen (z.B. das Weglassen bzw. das Hinzufügen einer Kontrollvariable oder das Weglassen bzw. Behalten einiger Ausreisser), als verteidigbar oder logisch, während man dies vielleicht nicht gemacht hätte, wenn diese Entscheide zu nicht-signifikanten Ergebnissen geführt hätten.

Es sei hier noch darauf hingewiesen, dass die Autoren mittlerweile nicht mehr hinter ihrer zweiten Empfehlung stehen (*Authors must collect at least 20 observations per cell or else provide a compelling cost-of-data-collection justification*); siehe Simmons et al. (2018).

Komplimentär zu diesem Artikel sind die Artikel von Gelman & Loken (2013) und Steegen et al. (2016), in denen gezeigt wird, wie viel Flexibilität Forschende bei der Auswertung überhaupt haben (siehe auch Poarch et al., 2019). Wissenschaftliche Theorien können meistens mehreren statistischen Hypothesen entsprechen. Diese Flexibilität kann dazu führen, dass sich Forschende (auch unbewusst) auf jene Muster in den Daten fokussieren, die sie als kompatibel mit ihrer Theorie betrachten. Dabei können sie dann aber aus dem Auge verlieren, dass es andere

[1] Wenn man dies selber vorhat, sollte man sich bei etwa Lakens (2014) darüber schlau machen, wie man die Daten zu analysieren hat. Die relevanten Entscheidungen müssen übrigens vor der Datenerhebung getroffen werden, nicht erst nachher!

[2] Das Problem hierbei ist nicht, dass Kontrollvariablen in der Analyse berücksichtigt werden, sondern dass man sie nur dann verwendet, wenn sie zu einem signifikanten Ergebnis führen. Wichtige Kontrollvariablen in der Analyse zu berücksichtigen, ist eine gute Idee, nur soll die Entscheidung, welche Kontrollvariablen man berücksichtigt, nicht von den Ergebnissen abhängen.

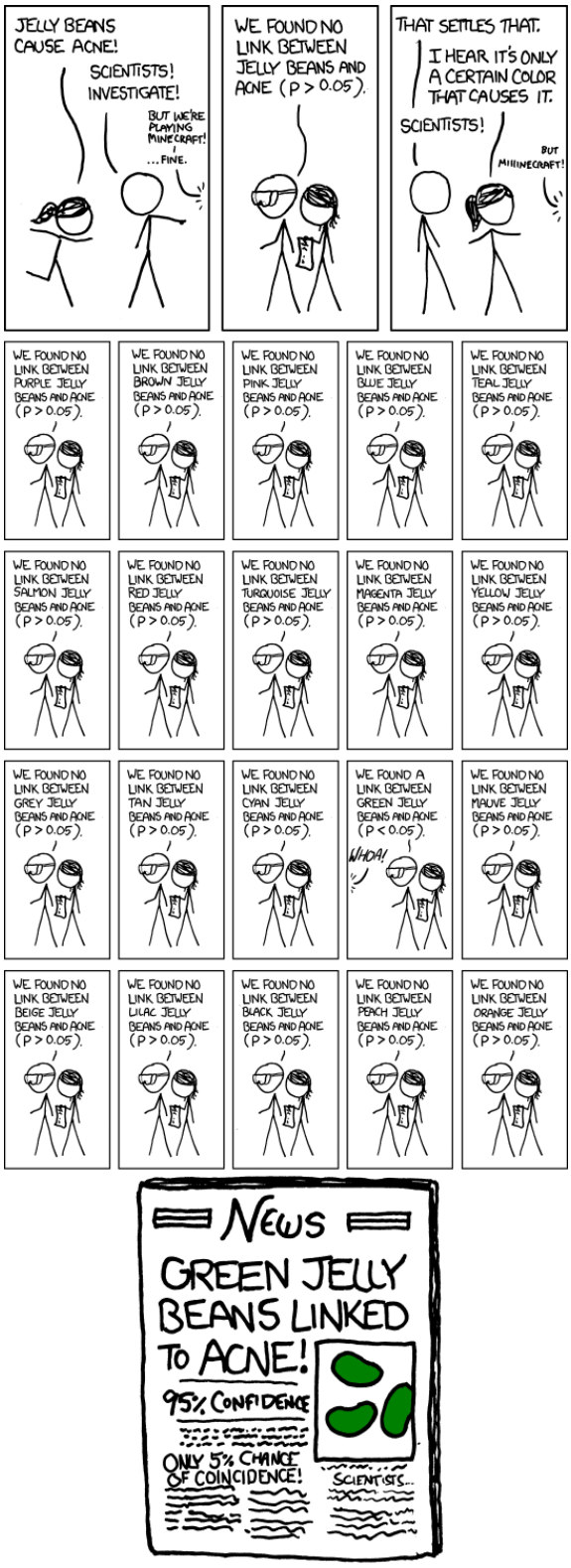


Abbildung 17.1: Quelle: `https://xkcd.com/882/`.

Auswertungsmöglichkeiten geben dürfte, die zu Ergebnissen führen, die nicht mit der Theorie kompatibel sind. Ähnliches wird auch in einer ethnografischen Studie von Peterson (2016) aufgezeigt.

Kapitel 18

Binäre outcomes auswerten

Mit der Behandlung des allgemeinen linearen Modells und der Auseinandersetzung mit Signifikanztests sollten die statistischen Grundlagen gelegt worden sein. Über fortgeschrittenere Themen und zusätzliche Techniken kann man sich dann schlau machen, wenn man sie eben tatsächlich selber braucht. In Kapitel 19 gibt es dazu Literaturempfehlungen. Eine Technik, die man öfters braucht, ist **logistische Regression**. Dies ist ein Werkzeug, mit dem man binäre outcomes analysieren kann; das allgemeine lineare Modell, mit dem wir uns bisher beschäftigt haben, eignet sich eben für kontinuierliche outcomes. Beispiele von binären outcomes sind

- Korrektheit, etwa ob eine Übersetzung als richtig oder als falsch gilt;
- die Realisierung des `/r/`-Phonems als [R] oder [r];
- die An- bzw. Abwesendheit eines Morphems;
- ob nach *wegen* eine Dativ- oder Genitivform kommt, usw.

Logistische Regression ist eine Erscheinungsform des **verallgemeinerten linearen Modells** (*generalised linear model*). Da der Schritt vom *allgemeinen* zum *verallgemeinerten* linearen Modell Studierenden und Mitarbeitenden erfahrungsgemäss Schwierigkeiten zubereitet, behandelt dieses Kapitel die wichtigsten Prinzipien logistischer Regression.

18.1 Das lineare Wahrscheinlichkeitsmodell

Man kann binäre outcomes im allgemeinen linearen Modell analysieren, indem man eine Ausprägung der Variable als 0 und die andere als 1 kodiert und dann wie gehabt weiterfährt. Man spricht in diesem Fall vom linearen Wahrscheinlichkeitsmodell (*linear probability model*). Insbesondere bei der Analyse von Experimenten, in denen die Prädiktoren auch kategoriell sind, hat dieser Ansatz seine VertreterInnen (z.B. Hellevik, 2009; Huang, 2019).

Einiger möglicher Probleme mit dem linearen Wahrscheinlichkeitsmodell sollte man sich dennoch bewusst sein (siehe Jaeger, 2008). Ein besonders auffälliges Problem ist, dass ein lineares Modell mit kontinuierlichen Prädiktoren unmögliche Daten vorhersagen kann, nämlich Werte unter 0 oder grösser als 1. Auch die Konfidenzintervalle um modellierte Wahrscheinlichkeiten können teilweise ausserhalb des Intervalls [0, 1] liegen, während Wahrscheinlichkeiten immer in diesem Intervall liegen.

Um diese Probleme zu lösen, kann man das allgemeine lineare Modell so anpassen, dass es auch mit nicht-kontinuierlichen outcomes umgehen kann. Dies ergibt das verallgemeinerte lineare Modell (*generalized linear model*). Das verallgemeinerte lineare Modell hat mehrere Erscheinungsformen, die wir hier nicht alle behandeln werden (siehe Faraway, 2006). Für binäre Daten ist die wohl gängigste Erscheinungsform das logistische Regressionsmodell, dem die Einführung in diesem Kapitel gewidmet ist. Referenzen zu weiterführender Literatur finden Sie im nächsten Kapitel.

18.2 Ein kategorischer Prädiktor

Tversky & Kahneman (1981) legten ihren Versuchspersonen ein hypothetisches Szenario vor und baten sie, zwischen zwei möglichen Aktionen zu wählen:

> "Imagine that the U.S. is preparing for the outbreak of a an unusual Asian disease, which is expected to kill 600 people. Two alternative programs to combat the disease have been proposed. Assume that the exact scientific estimate of the consequences of the programs are as follows:"

Bei etwa der Hälfte der Versuchspersonen wurden die Konsequenzen der Programme wie folgt formuliert (*gain framing*):

> "If Program A is adopted, 200 people will be saved.
>
> If Program B is adopted, there is a 1/3 probability that 600 people will be saved, and a 2/3 probability that no people will be saved."

Bei den anderen Versuchspersonen war die Formulierung wie folgt (*loss framing*):

> "If Program A is adopted, 400 people will die.
>
> If Program B is adopted, there is a 1/3 probability that nobody will die, and a 2/3 probability that 600 people will die."

Die Konsequenz von Programm A ist, egal wie sie formuliert wird, identisch, und das gleiche gilt für Programm B. Ausserdem sind die Erwartungswerte von Programmen A und B einander gleich: Im Schnitt sterben jeweils 400 Leute.

Die Ergebnisse waren wie folgt:

```
> d <- tibble(
+   Framing = c("gain", "loss"),
+   ProgrammA = c(109, 34),
+   ProgrammB = c(43, 121)
+ )
> d

# A tibble: 2 x 3
  Framing ProgrammA ProgrammB
  <chr>       <dbl>     <dbl>
1 gain          109        43
2 loss           34       121
```

Die Frage ist nun, ob sich die Präferenzen der Versuchspersonen für Programm A oder B ändern, wenn diese Konsequenzen dieser Programme anders (aber logisch identisch) beschrieben werden.

18.2.1 Proportionen und Wahrscheinlichkeiten

Berechnen wir für die beiden Konditionen die Proportion der Entscheide für das Programm, das Sicherheit bietet (Programm A):

```
> d <- d |>
+   mutate(prop_sicher = ProgrammA / (ProgrammA + ProgrammB))
> d

# A tibble: 2 x 4
  Framing ProgrammA ProgrammB prop_sicher
  <chr>       <dbl>     <dbl>       <dbl>
1 gain          109        43       0.717
2 loss           34       121       0.219
```

Diese Proportionen können wir natürlich auch grafisch darstellen:

```
> # Grafik nicht im Skript
> ggplot(d, aes(x = Framing, y = prop_sicher)) +
+   geom_point() +
+   ylim(0, 1) +
+   ylab("Proportion Wahl für sicheres Ergebnis") +
+   coord_flip()
```

Wenn wir über keine weiteren Informationen verfügen, sind diese Proportionen unsere besten Schätzungen der Wahrscheinlichkeit, zu der die *gain*- bzw. die *loss*-Formulierung eine Wahl für das Programm A auslöst. Es sind aber lediglich Schätzungen: Eine andere Stichprobe würde andere Proportionen ergeben.

18.2.2 Chancen und Chancenverhältnisse

Statt in Proportionen kann man die Daten auch in Chancen (*odds*) ausdrücken. Eine Chance sagt, wie viel wahrscheinlicher ein Ergebnis als ein anderes ist. Auf der Basis dieser Stichprobe können wir schätzen, dass eine Wahl für Programm A beim *gain*-Framing etwa 2.5 Mal so wahrscheinlich ist als eine Wahl für Programm B: $\frac{109}{43} = 2.53$. Anders gesagt: für jede Wahl für Programm B gibt es 2.5 Wahlen für Programm A. Beim *loss*-Framing ist eine Wahl für A etwa 0.3 Mal so wahrscheinlich als eine Wahl für B: $\frac{34}{121} = 0.28$. Anders gesagt, für jede Wahl für B gibt es nur etwa 0.3 Wahlen für A.

```
> d <- d |>
+   mutate(odds = prop_sicher / (1 - prop_sicher))
> d

# A tibble: 2 x 5
  Framing ProgrammA ProgrammB prop_sicher  odds
  <chr>       <dbl>     <dbl>       <dbl> <dbl>
1 gain          109        43       0.717 2.53
2 loss           34       121       0.219 0.281
```

Die Chance, dass man A statt B wählt, ist beim *gain*-Framing also etwa 9 Mal so gross als beim *loss*-Framing ($\frac{2.53}{0.28} = 9.0$). Diese Zahl nennt man das Chancenverhältnis (*odds ratio*). Umgekehrt gilt, dass die Chance, dass man A statt B wählt, beim *loss*-Framing etwa 0.11 Mal so gross ist als beim *gain*-Framing: ($\frac{0.28}{2.53} = 0.11$).

In diesem Beispiel kann man all diese Zahlen leicht von Hand berechnen. Bei etwas komplizierteren Datensätzen (z.B. in Datensätzen mit kontinuierlichen Prädiktoren) ist dies aber nicht mehr der Fall; dazu braucht man dann ein statistisches Modell. Darum schauen wir jetzt, wie wir mit einem logistischen Regressionsmodell diese Proportionen, Chancen und Chancenverhältnisse berechnen können.

18.2.3 Logistische Regression: Möglichkeit 1

Für einfache Datensätze kann man einen Datensatz konstruieren, der die Antwortmuster pro Kondition zusammenfasst. Dies haben wir oben schon gemacht. Diese Daten können wie folgt in ein logistisches Regressionsmodell gegossen werden:

```
> tversky.glm <- glm(cbind(ProgrammA, ProgrammB) ~ Framing,
+                    data = d, family = binomial(link = "logit"))
```

Statt `lm()` wird `glm()` (*generalized linear model*) verwendet. Vor der Tilde kommen die Namen der Spalten, die die Anzahl Beobachtungen der beiden Ausprägungen enthalten; diese werden mit `cbind()` kombiniert. Die Prädiktoren kommen wie üblich nach der Tilde.

Neu ist, dass ein `family`-Parameter spezifiziert werden muss. Wir gehen hier davon aus, dass die Daten aus einer Binomialverteilung stammen. Das Kästchen erklärt, was dies bedeutet. Was die Einstellung `link = "logit"` bedeutet, wird in Kürze erklärt.

Einschub: Binomialverteilungen. Wenn die Wahrscheinlichkeit, zu der sich eine Versuchsperson in der Studie von Tversky & Kahneman (1981) für Programm A entscheidet, bei $p = 0.4$ läge, wie wahrscheinlich wäre es dann, dass von vier Versuchspersonen genau drei sich für Programm A entscheiden? (p hat hier übrigens nichts mit den p-Werten von Signifikanztests zu tun.)

Es gibt vier Möglichkeiten, wie sich dieses Szenario ereignen kann. Jede dieser vier Möglichkeiten ist gleich wahrscheinlich:

- Person 1: A, Person 2: A, Person 3: A, Person 4: B: $0.4 \cdot 0.4 \cdot 0.4 \cdot (1 - 0.4) = 0.4^3 \cdot (1 - 0.4)^1 = 0.0384$.
- Person 1: A, Person 2: A, Person 3: B, Person 4: A: $0.4 \cdot 0.4 \cdot (1 - 0.4) \cdot 0.4 = 0.4^3 \cdot (1 - 0.4)^1 = 0.0384$.
- Person 1: A, Person 2: B, Person 3: A, Person 4: A: $0.4 \cdot (1 - 0.4) \cdot 0.4 \cdot 0.4 = 0.4^3 \cdot (1 - 0.4)^1 = 0.0384$.
- Person 1: B, Person 2: A, Person 3: A, Person 4: A: $(1 - 0.4) \cdot 0.4 \cdot 0.4 \cdot 0.4 = 0.4^3 \cdot (1 - 0.4)^1 = 0.0384$.

Die Wahrscheinlichkeit, zu der irgendeine dieser Möglichkeiten zutrifft, liegt also bei $4 \cdot 0.4^3 \cdot (1 - 0.4)^1 = 0.1536$.

Machen wir die gleiche Übung für ein anderes Szenario: Wenn $p = 0.7$, wie wahrscheinlich wäre es dann, dass genau 3 von 5 Personen sich für Programm A entscheiden? Eine Möglichkeit, wie sich dieses Szenario ereignen kann, ist diese:

- Person 1: A, Person 2: A, Person 3: A, Person 4: B, Person 5: B: $0.7 \cdot 0.7 \cdot 0.7 \cdot (1 - 0.7) \cdot (1 - 0.7) = 0.7^3 \cdot (1 - 0.7)^2 \approx 0.031$.

Jede andere Möglichkeit ist gleich wahrscheinlich, sodass wir dieses Ergebnis ($0.7^3 \cdot (1 - 0.7)^2$) nur mit der Anzahl Möglichkeiten zu multiplizieren haben. Diese Anzahl lässt sich wie folgt berechnen:

```
> choose(n = 5, k = 3)

[1] 10
```

Die `choose()`-Funktion berechnet, wie viele Möglichkeiten es gibt, k unterschiedliche Elemente aus n Elementen zu ziehen. Die Berechnung, die hinter ihr liegt, ist diese:

$$\frac{n!}{k!(n-k)!} = \frac{n \cdot (n-1) \cdot (n-2) \cdot \dots \cdot 1}{(k \cdot (k-1) \cdot \dots \cdot 1)((n-k) \cdot (n-k-1) \cdot \dots \cdot 1)}.$$

Für $n = 5$ und $k = 3$ ergibt dies

$$\frac{5 \cdot 4 \cdot 3 \cdot 2 \cdot 1}{(3 \cdot 2 \cdot 1)(2 \cdot 1)} = 10.$$

Insgesamt liegt die Wahrscheinlichkeit, zu der drei aus fünf Personen Programm A wählen (wenn $p = 0.7$) also bei $10 \cdot 0.7^3 \cdot (1 - 0.7)^2 = 0.3087$.

Aus diesen Beispielen können wir eine allgemeine Regel distillieren: Um die Wahrscheinlichkeit ('Pr'), dass ein Ereignis genau k von n Mal zutrifft, wenn jedes Ereignis unabhängig von den anderen eine Wahrscheinlichkeit von p hat, zu erhalten, multipliziert man die Anzahl Möglichkeiten, dass dies passieren kann, mit der Wahrscheinlichkeit dieser Möglichkeiten:

$$\Pr(k; n, p) = \frac{n!}{k!(n-k)!} \cdot p^k \cdot (1-p)^{(n-k)}.$$

Die Binomialverteilung drückt für alle Möglichkeiten für k die Wahrscheinlichkeit Pr(k; n, p) aus. Mit der R-Funktion `dbinom()` können wir diese schnell berechnen:

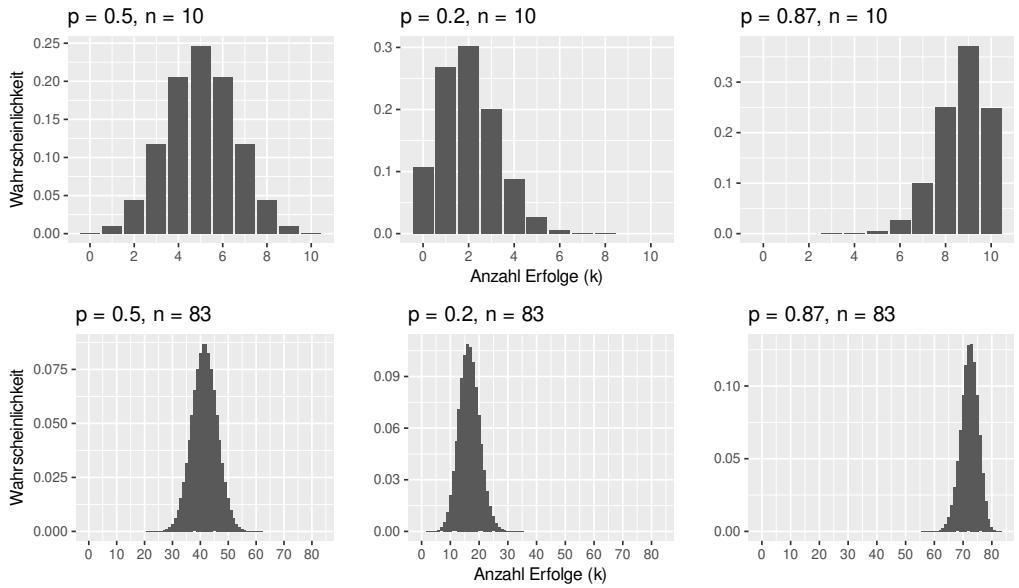


Abbildung 18.1: *Obere Zeile:* Drei Binomialverteilungen mit $n = 10$. *Untere Zeile:* Drei Binomialverteilungen mit $n = 83$.

```
> dbinom(x = 3, size = 4, prob = 0.4)

[1] 0.1536

> dbinom(x = 3, size = 5, prob = 0.7)

[1] 0.3087
```

Abbildung 18.1 zeigt sechs Beispiele von Binomialverteilungen mit unterschiedlichen p- und n-Werten.

Bemerken Sie, dass wir in diesen Beispielen davon ausgehen, dass p konstant ist und die Ereignisse voneinander unabhängig sind. Wenn es etwa so gewesen wäre, dass die Wahl von Person 2 von der Wahl von Person 1 abhängt, dann wären beide Ereignisse nicht länger unabhängig voneinander.

Die Parameterschätzung des Modells und ihre geschätzten Standardfehler können wie gehabt abgerufen werden:

```
> summary(tversky.glm)$coefficients

             Estimate Std. Error z value   Pr(>|z|)
(Intercept)  0.93015    0.18008  5.1651 2.4033e-07
Framingloss -2.19958    0.26478 -8.3073 9.7892e-17
```

Diesmal werden keine t-Werte, sondern z-Werte gezeigt. Diese werden aber identisch berechnet; der feine Unterschied ist lediglich, dass die p-Werte in der letzten Spalte nicht auf t-Verteilungen, sondern auf der Standardnormalverteilung (einer Normalverteilung mit $\mu = 0$ und $\sigma^2 = 1$) basieren. Insbesondere bei kleinen Stichproben verstehen sich diese p-Werte als Annäherungen.[1]

[1] Je komplexer die Modelle, desto approximativer die Inferenzen:

> "[I]t is striking that as model flexibility increases, so that the models become better able to describe the reality that we believe generated a set of data, so the methods for inference become less well founded. The linear model class is quite restricted, but within it, hypothesis testing and interval estimation are exact, while estimation is unbiased. For the larger class of GLMs this exactness is generally lost in favour of ... large sample approximations ..., while estimators themselves are consistent, but not necessarily unbiased." (Wood, 2006, xvi–xvii)

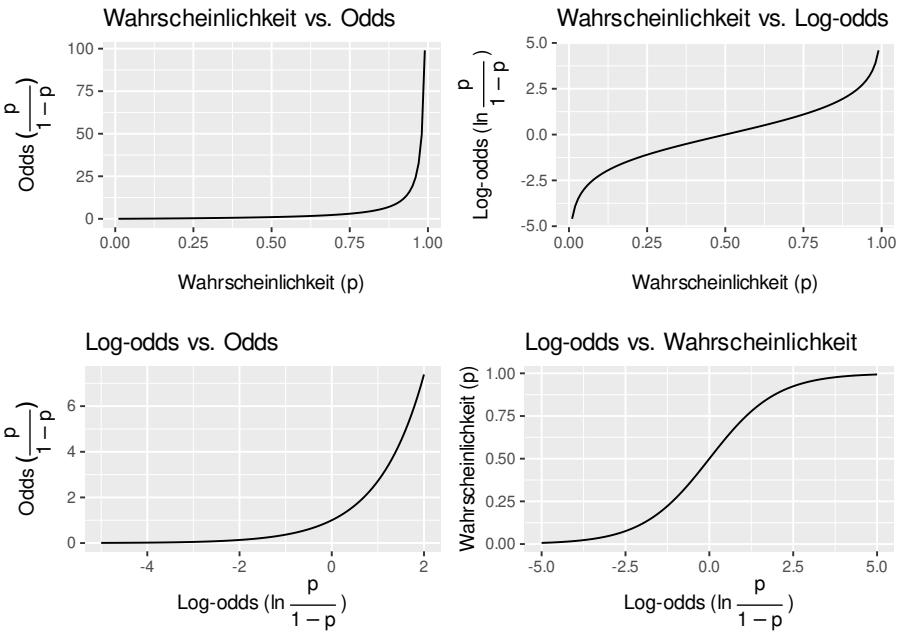


Abbildung 18.2: Odds, log-odds und Wahrscheinlichkeiten zueinander konvertieren.

Auf dem ersten Blick haben die geschätzten Parameter aber nichts mit den Zahlen, die wir oben berechnet haben, zu tun. Der Grund dafür ist, dass diese Parameter in **log-odds** ausgedrückt werden. Log-odds sind logarithmisch transformierte Wahrscheinlichkeitsquoten:[2]

$$\text{log-odds} = \ln(\text{odds}) = \ln\left(\frac{\text{Proportion A}}{\text{Proportion B}}\right) = \ln\left(\frac{\text{Proportion A}}{1 - \text{Proportion A}}\right). \tag{18.1}$$

Diese Funktion—die Proportionen zu log-odds transformiert—heisst die logit-Funktion: $\text{logit}(x) = \ln\left(\frac{x}{1-x}\right)$, was das `link = "logit"` im `glm()`-Befehl erklärt.

Log-odds vereinfachen das Rechnen hinter den Kulissen erheblich, sind aber schwieriger zu interpretieren. Abbildung 18.2 zeigt die Zusammenhänge zwischen Wahrscheinlichkeiten, Odds und log-odds. Diese Grafiken können wir verwenden, um herauszufinden, was die Parameterschätzungen genau bedeuten.

- Die Parameterschätzung des Intercepts beträgt 0.93 log-odds. Der Grafik links unten in Abbildung 18.2 können wir entnehmen, dass dies odds von etwa 2.5 entspricht. Der genaue Wert kann mit `exp()` berechnen werden; dies ist die Umkehrfunktion der logarithmischen Funktion:

```
> exp(0.93)

[1] 2.5345
```

  Oben hatten wir schon berechnet, dass es bei der *gain*-Framing 2.5 Wahlen für Programm A für jede Wahl für Programm B gab. Diese Parameterschätzung betrifft also die Präferenzen in der *gain*-Framing-Kondition. Das Intercept betrifft die *gain*-Framing-Kondition, da diese alphabetisch vor der *loss*-Framing-Kondition kommt (siehe Seite 125), und die Zahl betrifft jeweils die Wahl für Programm A statt für Programm B, da wir zuerst die Spalte `ProgrammA` ins Modell eingetragen haben.

- Eine Chance von 2.5-zu-1 bzw. log-odds von 0.93 entsprechen einer Wahrscheinlichkeit von etwa 0.72. Diese Zahl kann man mit der `plogis()`-Funktion berechnen:

```
> plogis(0.93)

[1] 0.71708
```

[2] ln ist die Kürzel für den sog. natürlichen Logarithmus, d.h., $\log_e$, wo $e \approx 2.71828$.

Dies ist die oben berechnete geschätzte Wahrscheinlichkeit, dass sich eine Versuchsperson in der *gain*-Framing-Kondition für Programm A entscheidet.

- Die Parameterschätzung für `Framingloss` beträgt -2.2 log-odds. Konvertiert zu odds ergibt dies 0.11:

```
> exp(-2.2)

[1] 0.1108
```

  Dies ist das Chancenverhältnis, das wir oben berechnet haben: Das Modell schätzt, dass die Chance, dass sich jemand in der *loss*-Kondition für Programm A entscheidet, 0.11 so gross ist wie die Chance, dass sich jemand in der *gain*-Kondition für Programm A entscheidet.

- Eine Chance kann man zwar zu einer Wahrscheinlichkeit konvertieren, ein Chancen*verhältnis* jedoch nicht.
- In log-odds ausgedrückt beträgt die 'Wahrscheinlichkeit', dass sich jemand in der *loss*-Kondition für Programm A entscheidet $0.93 + (-2.2) = -1.27$. Hierzu muss man nur die Parameterschätzungen beieinander aufzählen, genauso wie wir bei linearen Modellen gemacht haben.
- In odds ausgedrückt ergibt dies 0.28. Dies ist der gleiche Wert, den wir schon von Hand berechnet haben:

```
> exp(0.93 - 2.2)

[1] 0.28083
```

- Dies entspricht einer modellierten Wahrscheinlichkeit von 0.22; das hatten wir auch schon von Hand berechnet.

```
> plogis(0.93 - 2.2)

[1] 0.21926
```

Der Mehrwert von logistischer Regression ist vorübergehend minimal, denn all diese Schätzungen können auch von Hand berechnet werden. Was nützlich ist, ist, dass das Modell auch Standardfehler schätzt und das Berechnen von Konfidenzintervallen ermöglicht:[3]

```
> tversky_ki <- confint(tversky.glm)
> tversky_ki

               2.5 %  97.5 %
(Intercept)  0.58527  1.2931
Framingloss -2.73084 -1.6913
```

Verlieren Sie aber nicht aus dem Auge, dass auch diese Standardfehler und Konfidenzintervalle in *log-odds* ausgedrückt werden. In Tat und Wahrheit kann kaum jemand solche log-odds direkt interpretieren. Am besten berichten Sie die Ergebnisse eines logistischen Regressionsmodell daher auch in odds und/oder in Wahrscheinlichkeiten!

Das 95%-Konfidenzintervall für das Chancenverhältnis von 0.11 können wir leicht berechnen, indem wir das betreffende Konfidenzintervall zu odds konvertieren:

```
> exp(tversky_ki[2, ])

   2.5 %   97.5 %
0.065164 0.184283
```

Wenn sich die Antwortpräferenz nicht zwischen den Konditionen unterscheiden sollte (was meistens der Nullhypothese entspricht), wäre dieses Chancenverhältnis etwa 1. Diese Daten deuten aber sehr stark darauf hin, dass sich das Chancenverhältnis von 1 unterscheidet.

Das Chancenverhältnis ist wohl die wichtigste Erkenntnis der Studie, aber wenn wir wollen, können wir auch das 95%-Konfidenzintervall für die Chance von 2.5 (Präferenz der *gain*-Gruppe)

[3] Wenn diese Zahlen bei Ihnen leicht anders aussehen, müssen Sie noch das `MASS`-Paket installieren. Sie brauchen es aber nicht zu laden.

berechnen:

```
> exp(tversky_ki[1, ])

 2.5 % 97.5 %
1.7955 3.6442
```

Mit `plogis()` kann auch das Konfidenzintervall für die geschätzte Wahrscheinlichkeit von 0.72 berechnet werden:

```
> plogis(tversky_ki[1, ])

  2.5 %  97.5 %
0.64228 0.78468
```

Aufgabe. Das Konfidenzintervall um die geschätzten Präferenzen der Versuchspersonen in der *loss*-Kondition (sowohl für die Chance als auch für die Wahrscheinlichkeit) können nicht direkt aus diesem Modell hergeleitet werden. Dazu müssten Sie dafür sorgen, dass die *loss*- statt der *gain*-Kondition vom Intercept erfasst wird. Versuchen Sie, dies hinzukriegen.

18.2.4 Logistische Regression: Möglichkeit 2

Wenn man die Daten nicht in einem Datensatz wie `d` zusammengefasst hat oder sie nicht so zusammenfassen kann (z.B. weil kontinuierliche Prädiktoren mit im Spiel sind), kann man die logistische Regression oberflächlich leicht anders berechnen. Der Datensatz `d_anders`, den wir unten kreieren, enthält die genau gleichen Informationen wie Datensatz `d`, nur listet er die individuellen Wahlen auf:

```
> d_anders <- tibble(
+   Framing = c(rep("gain", 109 + 43),
+               rep("loss", 34 + 121)),
+   Wahl = c(rep("ProgrammA", 109), rep("ProgrammB", 43),
+            rep("ProgrammA", 34), rep("ProgrammB", 121))
+ )
> # 1, wenn Programm A; 0, wenn Programm B
> d_anders$sicher <- ifelse(d_anders$Wahl == "ProgrammA", 1, 0)
> # zur Kontrolle zufällige Auswahl anzeigen
> d_anders |>
+   slice_sample(n = 12)

# A tibble: 12 x 3
  Framing Wahl      sicher
  <chr>   <chr>      <dbl>
1 loss    ProgrammA      1
2 loss    ProgrammB      0
3 loss    ProgrammB      0
4 loss    ProgrammB      0
5 loss    ProgrammB      0
6 loss    ProgrammB      0
7 gain    ProgrammA      1
# ... with 5 more rows
```

Statt `glm()` zwei Spalten mit Anzahlen zu füttern, reicht es jetzt, einfach die Spalte mit Nullen und Einsen als outcome zu definieren:

```
> tversky.glm <- glm(sicher ~ Framing,
+                    data = d_anders, family = binomial(link = "logit"))
> summary(tversky.glm)$coefficients

            Estimate Std. Error z value   Pr(>|z|)
(Intercept)  0.93015    0.18008  5.1651 2.4032e-07
Framingloss -2.19958    0.26478 -8.3073 9.7888e-17
```

Was die Parameterschätzungen betrifft, ist dieses Modell dem Modell aus dem letzten Abschnitt gleich.

18.2.5 Lineares Wahrscheinlichkeitsmodell

Die Analyse mit dem linearen Wahrscheinlichkeitsmodell führt man wie folgt aus. Sie zeigt, dass beim *loss*-Framing die Präferenz fürs sichere Programm 50 ± 5 Prozentpunkte tiefer liegt als beim *gain*-Framing.

```
> tversky.lm <- lm(sicher ~ Framing, data = d_anders)
> summary(tversky.lm)$coefficients
```

```
            Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)  0.71711   0.035180  20.384 6.9944e-59
Framingloss -0.49775   0.049511 -10.053 1.0034e-20
```

Das 95%-Konfidenzintervall um diese Schätzung können wir wie gehabt ausrechnen. Das Resultat ist ein 95%-Konfidenzintervall von [-60, -40] Prozentpunkten.

```
> confint(tversky.lm)
```

```
                2.5 %   97.5 %
(Intercept)  0.64788  0.78633
Framingloss -0.59518 -0.40032
```

Einschub: Prozente und Prozentpunkte. Unterschiede zwischen Prozentzahlen drückt man am besten in Prozent*punkten* und nicht in Prozenten aus. So könnte man die Behauptung, dass die Präferenz fürs sichere Programm beim *loss*-Framing 50% niedriger als beim *gain*-Framing ist, auch so interpretieren, dass die Präferenz beim *loss*-Framing nur 50% so hoch ist wie beim *gain*-Framing, also $0.5 \cdot 0.72 = 36\%$. Dies stimmt aber nicht: Sie liegt bei $0.72 - 0.5 = 22\%$.

18.3 Mehrere kategorische Prädiktoren

Keysar et al. (2012, Experiment 1a) verwendeten die gleiche Aufgabe wie Tversky & Kahneman (1981), legten aber etwa der Hälfte der Versuchspersonen das Dilemma in ihrer Muttersprache (Englisch) und der anderen Hälfte in der Fremdsprache Japanisch vor. Sie interessierten sich dafür, ob der (logisch irrelevante) Unterschied in der Formulierung zwischen den *gain*- und *loss*-Konditionen einen kleineren Einfluss auf die Wahl der Versuchspersonen ausübt, wenn das Dilemma in einer Fremdsprache vorliegt. Wir lesen den Datensatz ein und lassen 12 willkürliche Zeilen anzeigen:

```
> d <- read_csv(here("data", "Keysar2012_Exp1a.csv"))
> d |>
+   slice_sample(n = 12)
```

```
# A tibble: 12 x 3
  Sprache   Formulierung Wahl
  <chr>     <chr>        <chr>
1 Englisch  Gewinn       unsicher
2 Japanisch Gewinn       unsicher
3 Englisch  Verlust      unsicher
4 Englisch  Gewinn       sicher
5 Japanisch Gewinn       sicher
6 Englisch  Verlust      sicher
7 Englisch  Verlust      unsicher
# ... with 5 more rows
```

18.3.1 Numerische Zusammenfassung und Grafik

Um die Anzahl Wahlen für die Programme bzw. die Proportion Wahlen für Programm A zu berechnen, verwenden wir einen kleinen Trick: Der Ausdruck `Wahl == "sicher"` ergibt 1, wenn bei der Variable `Wahl` der Wert `sicher` vorliegt und sonst 0. Wenn wir diese Werte addieren, erhalten wir also die Gesamtanzahl sichere Wahlen. Wenn wir ihr Mittel berechnen, erhalten wir die Proportion sichere Wahlen.

```
> d_summary <- d |>
+   group_by(Sprache, Formulierung) |>
+   summarise(n = n(),
+             n_sicher = sum(Wahl == "sicher"),
+             n_unsicher = sum(Wahl == "unsicher"),
+             prop_sicher = mean(Wahl == "sicher"),
+             .groups = "drop")
> d_summary
```

```
# A tibble: 4 x 6
  Sprache Formulierung     n n_sicher n_unsicher prop_sicher
  <chr>   <chr>        <int>    <int>      <int>       <dbl>
1 Englis~ Gewinn          31       24          7       0.774
2 Englis~ Verlust         30       14         16       0.467
3 Japani~ Gewinn          30       13         17       0.433
4 Japani~ Verlust         30       12         18       0.4
```

Ein erster Versuch, die Proportionen grafisch darzugestellen, klappt nicht ganz und wir erhalten eine Mitteilung: "geom_path: Each group consists of only one observation. Do you need to adjust the group aesthetic?"

```
> # Grafik: 1. Versuch; Grafik nicht gezeigt
> ggplot(d_summary,
+        aes(x = Formulierung, y = prop_sicher,
+            linetype = Sprache, shape = Sprache)) +
+   geom_point() +
+   geom_line() +
+   ylim(0, 1)
```

Die Warnung erklärt, wieso keine Linie zwischen den Punkten gezeichnet wurde: Die Funktion versteht nicht, zwischen welchen Punkten genau eine Linie gezeichnet werden soll, und braucht etwas Hilfe in der Form des `group`-Parameters (Abbildung 18.3):

```
> # Grafik: 2. Versuch
> ggplot(d_summary,
+        aes(x = Formulierung, y = prop_sicher,
+            linetype = Sprache, shape = Sprache,
+            group = Sprache)) +
+   geom_point() +
+   geom_line() +
+   ylim(0, 1) +
+   ylab("Proportion Wahlen fürs\nsichere Programm")
```

Man kann natürlich auch die Faktoren Sprache und Formulierung in der Grafik umwechseln:

```
> # Grafik nicht gezeigt
> ggplot(d_summary,
+        aes(x = Sprache, y = prop_sicher,
+            linetype = Formulierung, shape = Formulierung,
+            group = Formulierung)) +
+   geom_point() +
+   geom_line() +
+   ylim(0, 1) +
+   ylab("Proportion Wahlen fürs\nsichere Programm")
```

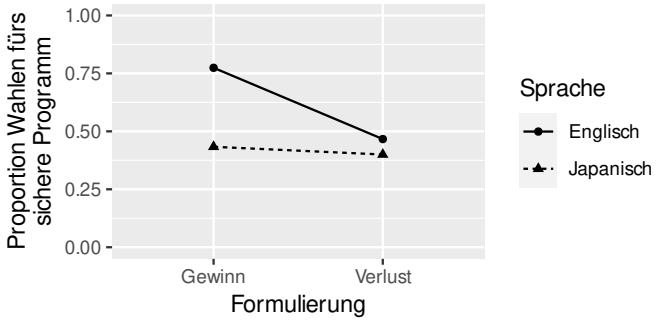


Abbildung 18.3: Präferenz für das Programm, das Sicherheit bietet (Programm A), je nach Formulierung und Sprache.

18.3.2 Was man *nicht* machen soll

Keysar et al. (2012) analysierten diese Daten mit zwei Signifikanztests. Der eine Test zeigte, dass es bei den Versuchspersonen, die die Aufgabe auf Englisch erledigten, einen signifikanten Unterschied zwischen den *gain*- und *loss*-Konditionen gab, bei denen, die den Test auf Japanisch erledigten, jedoch nicht. Es ist aber eine äusserst schlechte Idee, Daten so zu analysieren, denn, wie Gelman & Stern (2006) es auf den Punkt bringen, "The difference between 'significant' and 'not significant' is not itself statistically significant." Siehe auch *Assessing differences of significance* (28.10.2014) und Nieuwenhuis et al. (2011). Die Lösung besteht darin, sämtliche Daten in *einem* Modell zu analysieren. Diese Bemerkung gilt übrigens nicht nur für binäre outcomes.

18.3.3 Logistische Regression: Erster Versuch

Wir fügen zuerst dem Datensatz eine Variable hinzu, die 1 ist, wenn die Versuchsperson sich für die sichere Option entschieden hat, und 0, wenn nicht. Die beiden Prädiktoren werden dann im gleichen Modell berücksichtigt.

```
> d$Sicher <- ifelse(d$Wahl == "sicher", 1, 0)
> keysar.glm1 <- glm(Sicher ~ 1 + Formulierung + Sprache,
+                    data = d, family = binomial(link = "logit"))
> summary(keysar.glm1)$coefficients

                    Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)            0.876      0.337    2.60  0.00929
FormulierungVerlust   -0.726      0.379   -1.92  0.05511
SpracheJapanisch      -0.860      0.379   -2.27  0.02316

> confint(keysar.glm1)

                     2.5 %   97.5 %
(Intercept)          0.234  1.56239
FormulierungVerlust -1.480  0.00911
SpracheJapanisch    -1.615 -0.12590
```

Die Parameterschätzungen sind wie folgt zu interpretieren:

- Das Intercept erfasst die Präferenzen der Versuchspersonen, die die Referenzgruppe ausmachen. Hier handelt es sich um die Versuchspersonen in der *gain framing*-Kondition, die die Aufgabe auf Englisch erledigten. Dem Modell zufolge ist es 2.41 Mal so wahrscheinlich, dass diese sich für die sichere Option entscheiden als dass sie sich für die unsichere Option entscheiden. Bei dieser Zahl handelt es sich also nicht um ein Chancenverhältnis, sondern um eine Chance.

  ```
  > exp(0.88)

  [1] 2.41
  ```

- Der geschätzte Koeffizient für `SpracheJapanisch` erfasst den Unterschied zwischen den

Präferenzen der Versuchspersonen, die die Aufgabe auf Japanisch erledigten, und denen der Versuchspersonen, die die Aufgabe auf Englisch erledigten. Der Koeffizient (-0.86) wird in log-odds ausgedrückt. Exponiert man diese Zahl, erhält man das entsprechende Chancenverhältnis:

```
> exp(-0.86)

[1] 0.423
```

Dem Modell zufolge ist es also 0.42 Mal so wahrscheinlich, dass jemand in der Japanischgruppe die sichere Option wählt als dass jemand in der Englischgruppe die sichere Option wählt. Oder umgekehrt: Es ist $\exp(0.86) = 2.36$ Mal so wahrscheinlich, dass jemand in der Englischgruppe die sichere Option wählt als dass jemand der Japanischgruppe die sichere Option wählt.

- Der geschätzte Koeffizient für `FormulierungVerlust` erfasst den Unterschied zwischen den Präferenzen der Versuchspersonen in der *loss framing*-Kondition und denen der Versuchspersonen in der *gain framing*-Kondition. Das Chancenverhältnis beträgt:

```
> exp(-0.73)

[1] 0.482
```

Dem Modell zufolge ist es also 0.48 Mal so wahrscheinlich, dass jemand in der *loss framing*-Kondition die sichere Option wählt als dass jemand in der *gain framing*-Kondition die sichere Option wählt.

Das Modell `keysar.glm1` hilft uns bei der Beantwortung unserer Forschungsfrage leider keinen Schritt weiter: Wir wollten wissen, ob sich der Einfluss von *gain*- vs. *loss*-Framing ändert, wenn die Aufgabe in einer Fremdsprache statt in der Erstsprache vorliegt. Wir interessieren uns also für die Interaktion zwischen Sprache und Framing, sodass wir diese mitmodellieren müssen.

18.3.4 Logistisches Modell: Zweiter Versuch

Wir fügen dem Modell die Interaktion zwischen Sprache und Formulierung hinzu.

```
> keysar.glm2 <- glm(Sicher ~ 1 + Formulierung + Sprache +
+                      Formulierung:Sprache,
+                    data = d, family = binomial(link = "logit"))
> summary(keysar.glm2)$coefficients

                                  Estimate Std. Error
(Intercept)                           1.23      0.430
FormulierungVerlust                  -1.37      0.564
SpracheJapanisch                     -1.50      0.566
FormulierungVerlust:SpracheJapanisch  1.23      0.770
                                  z value Pr(>|z|)
(Intercept)                          2.87  0.00413
FormulierungVerlust                 -2.42  0.01552
SpracheJapanisch                    -2.65  0.00802
FormulierungVerlust:SpracheJapanisch 1.60  0.11067

> confint(keysar.glm2)

                                   2.5 % 97.5 %
(Intercept)                        0.442  2.154
FormulierungVerlust               -2.522 -0.291
SpracheJapanisch                  -2.662 -0.425
FormulierungVerlust:SpracheJapanisch -0.267  2.765
```

Die Parameterschätzungen sind wie folgt zu interpretieren:

- Das Intercept erfasst die Präferenzen der Versuchspersonen, die die Referenzgruppe ausmachen. Hier handelt es sich um die Versuchspersonen in der *gain framing*-Kondition, die

die Aufgabe auf Englisch erledigten. Dem Modell zufolge ist es 3.42 Mal so wahrscheinlich, dass diese sich für die sichere Option entscheiden als dass sie sich für die unsichere Option entscheiden. Bei dieser Zahl handelt es sich also nicht um ein Chancenverhältnis, sondern um eine Chance.

```
> exp(1.2321)

[1] 3.43
```

- Der geschätzte Koeffizient für `FormulierungVerlust` vergleicht die Referenzgruppe ('Englisch und Gewinn') mit der Gruppe 'Englisch und Verlust'. Das Chancenverhältnis beträgt:

```
> exp(-1.3657)

[1] 0.255
```

Dem Modell zufolge ist es also 0.26 Mal so wahrscheinlich, dass jemand in der Gruppe 'Englisch und Verlust' die sichere Option wählt als dass jemand in der Gruppe 'Englisch und Gewinn' die sichere Option wählt. Die gleiche Zahl erhalten wir, wenn wir uns Tabelle `d_summary` anschauen:

$$\frac{14/16}{24/7} = 0.26.$$

- Der geschätzte Koeffizient für `SpracheJapanisch` vergleicht die Referenzgruppe ('Englisch und Gewinn') mit der Gruppe 'Japanisch und Verlust'. Das Chancenverhältnis beträgt:

```
> exp(-1.5004)

[1] 0.223
```

Dem Modell zufolge ist es also 0.22 Mal so wahrscheinlich, dass jemand in der Gruppe 'Japanisch und Gewinn' die sichere Option wählt als dass jemand in der Gruppe 'Englisch und Gewinn' die sichere Option wählt. Die gleiche Zahl erhalten wir, wenn wir uns Tabelle `d_summary` anschauen:

$$\frac{13/17}{24/7} = 0.22.$$

- Der geschätzte Interaktionskoeffizient drückt aus, wie stark sich der Einfluss des Framings je nach der Sprache unterscheidet. (Oder, anders ausgedrückt, aber mathematisch identisch: wie stark sich der Einfluss der Sprache je nach dem Framing unterscheidet.) In log-odds ausgedrückt ist dieser Koeffizient schwierig zu interpretieren, sodass wir auch diese Zahl exponieren:

```
> exp(1.2285)

[1] 3.42
```

Was heisst nun diese 3.42? Den Einfluss des Framings bei den Versuchspersonen, die die Aufgabe auf Englisch erledigten, können wir in einem Chancenverhältnis (odds ratio; OR) ausdrücken:

$$\text{OR für Englisch} = \frac{14/16}{24/7} = 0.2552083.$$

Ich runde dieses Zwischenergebnis hier nicht ab, sodass das Endergebnis nicht vom Rundungsfehler betroffen wird.

Ebenso können wir den Einfluss des Framings bei den Versuchspersonen, die die Aufgabe

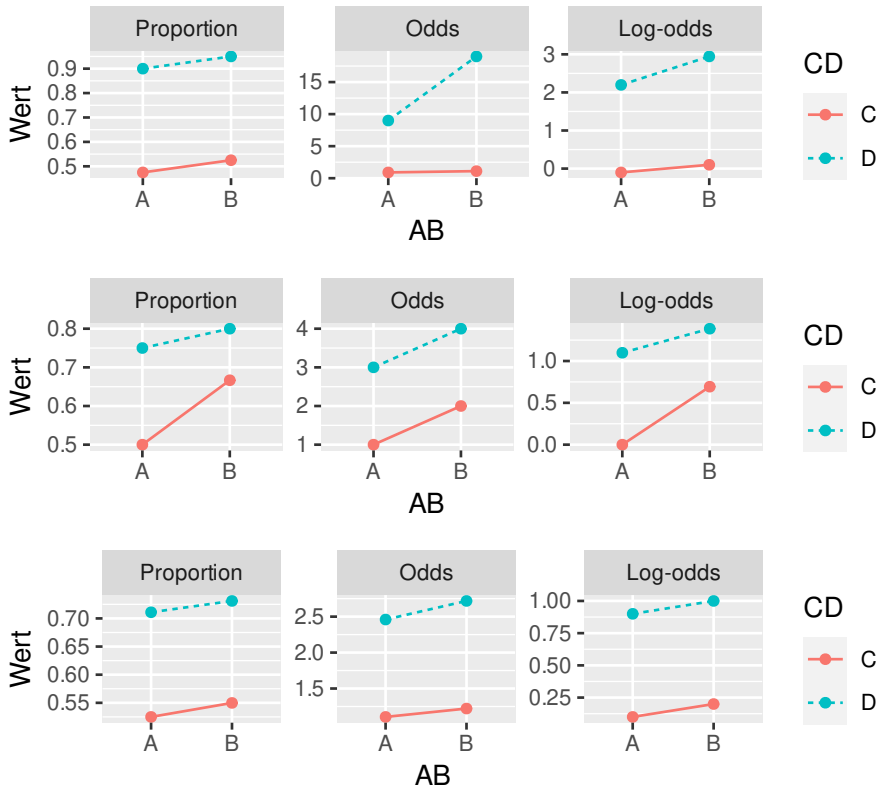


Abbildung 18.4: Ob man schlussfolgert, dass eine Interaktion vorliegt, hängt in diesen drei Beispielen davon ab, wie man die Daten ausdrückt: als Proportionen, als Odds (Chancen) oder als Log-Odds.

auf Japanisch erledigten, in einem Chancenverhältnis ausdrücken:

$$\text{OR für Japanisch} = \frac{12/18}{13/17} = 0.8717949.$$

Das Verhältnis dieser Verhältnisse sagt uns, wie viel stärker der Einfluss des Framings auf Japanisch als auf Englisch ist:

$$\frac{\text{OR für Japanisch}}{\text{OR für Englisch}} = \frac{0.8717949}{0.2552083} = 3.42.$$

Dies ist die Zahl, die wir erhalten, wenn wir den Interaktionskoeffizienten exponieren. Wenn sich das Chancenverhältnis nicht je nach Sprache unterscheidet, soll das Verhältnis dieser Verhältnisse bei 1 liegen. Auf der Basis des 95%-Konfidenzintervalls um diese 3.42 herum ([0.77, 15.9]) können wir noch nicht schlussfolgern, dass die Daten nicht mit einem identischen Chancenverhältnis für beide Sprachen kompatibel sind.

```
> exp(confint(keysar.glm2)[4, ])

Waiting for profiling to be done...

 2.5 % 97.5 %
 0.766 15.873
```

Die Interpretation der geschätzten Regressionskoeffizienten gestaltet sich bei logistischen Regressionsmodellen also deutlich schwieriger als beim allgemeinen linearen Modell, insbesondere wenn auch noch Interaktionen mit im Spiel sind. Für kommentierte Beispiele mit dreifachen Interaktionen und Interaktionen mit kontinuierlichen Prädiktoren, siehe Jaccard (2001).

Einschub: Interaktionen in verallgemeinerten linearen Modellen. Interaktionen sachlogisch zu interpretieren ist nicht so einfach, wie man manchmal vermutet (siehe Wagenmakers et al., 2012a). Bei logistischen Regressionsmodellen zeigt sich, wieso dies der Fall ist.

Die drei Grafiken auf der oberen Zeile von Abbildung 18.4 auf der vorherigen Seite zeigen drei Mal das gleiche Datenmuster, aber jeweils anders ausgedrückt. Ausgedrückt in Proportionen sieht man zwei parallele Linien (rot: 0.475–0.525, blau: 0.900–0.950), die zeigen, dass der Unterschied zwischen A und B in beiden Fällen 5 Prozentpunkte beträgt. Ausgedrückt in Proportionen liegt also keine Interaktion vor. Drückt man diese Proportionen aber in Chancen (odds) aus, dann ergeben sich nicht-parallele Linien, die auf die Existenz einer Interaktion hindeuten. Auch ausgedrückt als Log-Odds ergibt sich eine Interaktion.

Die drei Grafiken auf der mittleren Reihe sowie auch die drei Grafiken auf der unteren Reihe zeigen, dass es auch die umgekehrte Situationen geben kann: Auf der mittleren Reihe gibt es keine Interaktion, was die Chancen betrifft, aber schon was die Proportionen und Log-Odds betrifft; auf der unteren Reihe gibt es keine Interaktion, was die Log-Odds betrifft, aber schon was die Proportionen und Chancen betrifft.

Siehe *Interactions in logistic regression models* (7.8.2019).

18.3.5 Lineares Wahrscheinlichkeitsmodell

Eine Analyse mit dem linearen Wahrscheinlichkeitsmodell zeigt, dass der Unterschied zwischen den beiden Framings etwa 27 ± 18 Prozentpunkte kleiner ist, wenn das Dilemma auf Japanisch vorlegt wird als wenn es auf Englisch vorgelegt wird. Das 95%-Konfidenzintervall ($[-7$ p.p., 62p.p.$]$) zeigt aber, dass die Unsicherheit über diese Interaktion derart gross ist, dass eine Interaktion in die gegengestellte Richtung mit den Daten kompatibel sind. Diese Analyse führt also zum gleichen Schluss als die Analyse mit dem logistischen Regressionsmodell: Die Unsicherheit über die Interaktion zwischen Framing und Sprache ist zu gross, um zuversichtliche Aussagen über ihre Richtung machen zu können.

```
> keysar.lm <- lm(Sicher ~ Formulierung*Sprache, data = d)
> summary(keysar.lm)$coefficients
                                  Estimate Std. Error
(Intercept)                          0.774      0.087
FormulierungVerlust                 -0.308      0.124
SpracheJapanisch                    -0.341      0.124
FormulierungVerlust:SpracheJapanisch  0.274      0.176
                                  t value Pr(>|t|)
(Intercept)                          8.90 8.44e-15
FormulierungVerlust                 -2.48 1.46e-02
SpracheJapanisch                    -2.75 6.95e-03
FormulierungVerlust:SpracheJapanisch  1.56 1.22e-01

> confint(keysar.lm)
                                    2.5 %  97.5 %
(Intercept)                        0.6019  0.9465
FormulierungVerlust               -0.5532 -0.0618
SpracheJapanisch                  -0.5865 -0.0952
FormulierungVerlust:SpracheJapanisch -0.0747  0.6231
```

18.4 Kontinuierliche Prädiktoren

Auch kontinuierliche Prädiktoren können in einem logistischen Modell berücksichtigt werden. Für dieses Beispiel verwenden wir die Daten einer einzigen Versuchspersonen aus der Studie von Vanhove & Berthele (2013). Sie versuchte 181 Wörter aus den germanischen Sprachen Niederländisch, Friesisch, Dänisch und Schwedisch ins Deutsche zu übersetzen. Die Spalte `Korrekt`

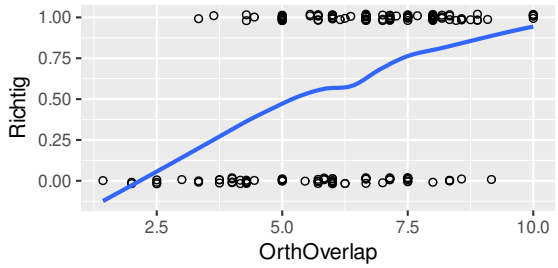


Abbildung 18.5: Ein Streudiagramm mit einer Trendlinie, die davon ausgeht, dass die abhängige Variable kontinuierlich (statt binär) ist. Immerhin zeigt sie, dass einen *monotonen* Zusammenhang zwischen den beiden Variablen gibt.

zeigt für jedes Wort, ob ihr dies gelungen ist; die Spalte `OrthOverlap` zeigt, was die orthografische Überlappung zwischen dem zu übersetzenden Wort und seiner Übersetzung ist (0 = keine Überlappung; 10 = vollständige Überlappung). Wir möchten wissen, wie stark die Erfolgsquote beim Übersetzen von der orthografischen Überlappung abhängt.

```
> d <- read_csv(here("data", "VanhoveBerthele2013_eineVpn.csv"))
>
> # Neue Variable mit 1 und 0
> d$Richtig <- ifelse(d$Korrekt == "richtig", 1, 0)
```

Um eine erste Idee über den Zusammenhang zwischen dem Prädiktor und der Richtigkeit der Übersetzung zu erhalten, können wir ein Streudiagramm mit einer Trendlinie zeichnen (Abbildung 18.5). Die Trendlinie geht davon aus, dass die abhängige Variable kontinuierlich ist, was hier natürlich nicht der Fall ist. Eine Konsequenz dieser Annahme ist, dass die Trendlinie vermuten lässt, dass die durchschnittliche Proportion richtiger Antworten bei Wörtern mit niedriger orthografischer Überlappung negativ ist.

```
> ggplot(data = d,
+        aes(x = OrthOverlap,
+            y = Richtig)) +
+   geom_point(shape = 1,
+              # Die Punkte leicht vertikal verschieben, um sie
+              # besser sichtbar zu machen.
+              position = position_jitter(width = 0, height = 0.02)) +
+   # se = FALSE schaltet das Konfidenzband aus
+   geom_smooth(se = FALSE)
```

Die Grafik hat trotzdem ihren Nutzen: Sie deutet darauf hin, dass der Zusammenhang zwischen dem Prädiktor und der abhängigen Variablen *monoton* ist: Wenn die orthografische Überlappung grösser wird, steigt die Erfolgsquote. Es ist zum Beispiel nicht so, dass die Erfolgsquote zuerst ansteigt und dann konstant bleibt oder senkt.

Der kontinuierliche Prädiktor kann wie gehabt dem Modell hinzugefügt werden:

```
> vanhove.glm <- glm(Richtig ~ OrthOverlap,
+                    data = d, family = binomial(link = "logit"))
> summary(vanhove.glm)$coefficients
             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -3.313      0.734   -4.51 6.37e-06
OrthOverlap     0.594      0.114    5.20 2.01e-07
```

Zur Interpretation der geschätzten Parameter:

- Das Intercept zeigt die modellierte Erfolgsquote (in log-odds!) für Fälle, in denen alle Prädiktoren den Wert 0 haben. In unserem Fall hiesse das also die modellierte Erfolgsquote bei Wörtern mit einer orthografischen Überlappung von 0. (Diese gibt es in diesem Datensatz übrigens nicht.) Konvertiert zu einer Chance:

```
> exp(-3.31)

[1] 0.0365
```

Laut dem Modell ist eine richtige Antwort bei Wörtern ohne orthografische Überlappung also 0.037 Mal so wahrscheinlich wie eine falsche Antwort. (Oder umgekehrt: Eine falsche ist 27.4 Mal so wahrscheinlich wie eine richtige.)

In Wahrscheinlichkeiten: Die Wahrscheinlichkeit, dass ein Wort ohne orthografische Überlappung richtig übersetzt wird, liegt bei 3.5%.

```
> plogis(-3.31)

[1] 0.0352
```

- Der geschätzte Parameter für `OrthOverlap` drückt aus, wie sich die Erfolgsquote (in log-odds!) laut dem Modell ändert, wenn `OrthOverlap` um eine Einheit ansteigt. Konvertiert zu einem Chancenverhältnis zeigt sich, dass es bei einem Wort mit einer orthografischen Überlappung von x 1.8 Mal so wahrscheinlich ist, eine richtige Antwort zu geben, als bei einem Wort mit einer orthografischen Überlappung von $x - 1$:

```
> exp(0.594)

[1] 1.81
```

- Ein konkreteres Beispiel: Die modellierte Erfolgsquote bei einem Wort mit einer orthografischen Überlappung von 5.4 beträgt, ausgedrückt in einem Chancenverhältnis, 0.90.

```
> exp(-3.31 + 0.594 * 5.4)

[1] 0.903
```

Ausgedrückt in einer Wahrscheinlichkeit beträgt sie 47.4%.

```
> plogis(-3.31 + 0.594 * 5.4)

[1] 0.474
```

Bei einem Wort mit einer orthografischen Überlappung von 6.4 erhält man die folgenden Werte:

```
> exp(-3.31 + 0.594 * 6.4)

[1] 1.63
```

($\frac{1.63}{0.90} = 1.8$.)

```
> plogis(-3.31 + 0.594 * 6.4)

[1] 0.62
```

Um die Ergebnisse des Modells zu berichten, ist es sinnvoll, diese grafisch darzustellen. In der Regel stellt man hierbei dar, wie sich die modellierte Wahrscheinlichkeit mit den kontinuierlichen Prädiktoren ändert (siehe Abbildung 18.6):

```
> # Datensatz, in dem der Prädiktor
> # zwischen ihrem Mindest- und Höchstwert variiert
> df_pred <- tibble(OrthOverlap = seq(from = min(d$OrthOverlap),
+                                     to = max(d$OrthOverlap),
+                                     length.out = 100))
>
> # Modellierte Wahrscheinlichkeiten ("response") hinzufügen
> df_pred$Wahrscheinlichkeit <- predict(vanhove.glm, newdata = df_pred,
+                                       type = "response")
>
> # Zeichnen
> ggplot(df_pred,
+        aes(x = OrthOverlap,
```

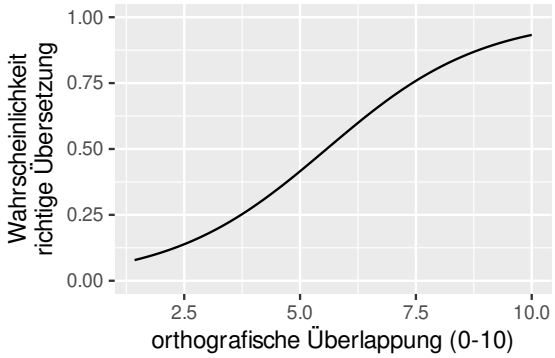


Abbildung 18.6: Der modellierte Zusammenhang zwischen der orthografischen Überlappung und der Wahrscheinlichkeit, zu der ein Wort richtig übersetzt wurde.

```
+            y = Wahrscheinlichkeit)) +
+   geom_line() +
+   ylim(0, 1) +
+   xlab("orthografische Überlappung (0-10)") +
+   ylab("Wahrscheinlichkeit\nrichtige Übersetzung")
```

Für mehr Info siehe *Tutorial: Adding confidence bands to effect displays* (12.5.2017) und `https://janhove.github.io/visualise_uncertainty`.

Merksatz: Nicht-Linearitäten nicht überinterpretieren! Abbildung 18.6 zeigt, dass es *laut dem Modell* einen nicht-linearen Zusammenhang zwischen dem Grad an orthografischer Überlappung und der Erfolgswahrscheinlichkeit gibt. Dies ist nicht erstaunlich: Wir haben diesen Zusammenhang zwar linear, aber in log-odds modelliert. Wenn wir ihn dann in Wahrscheinlichkeiten ausdrücken, ergibt sich eine nicht-lineare Kurve statt einer Geraden. Wir hätten gar keinen linearen Zusammenhang zwischen dem Prädiktor und der Erfolgswahrscheinlichkeit finden *können*.

Kapitel 19

Weiterbildung

19.1 Bücher

Anstatt die Literaturempfehlungen aus den letzten 300 Seiten nochmals zu wiederholen, beschränke ich mich hier auf drei Buchempfehlungen:

- Bodo Winters *Statistics for linguists: An introduction using R* schliesst von der Philosophie her gut bei diesem Skript an. Winter (2019) bespricht auch das verallgemeinerte lineare Modell und sog. **gemischte Modelle**, die zum Beispiel sehr nützlich sind, wenn man eine Studie analysieren möchte, in der unterschiedliche Versuchspersonen auf mehrere Stimuli reagieren.
- Richard McElreaths *Statistical rethinking: A Bayesian course with examples in R and Stan* (2. Herausgabe) ist eine gelungene Einführung in die sog. **bayessche Statistik**, die sich m.E. besonders empfiehlt, wenn man schon etwas Erfahrung im Umgang mit quantitativen Daten gesammelt hat (McElreath, 2020).
- *R for data science* von Wickham & Grolemund (2017) ist eine grossartige Ressource, mit der Sie sowohl Ihre R- als auch Ihre Analysefähigkeiten weiterentwickeln können. Das Buch ist kostenlos verfügbar unter `https://r4ds.had.co.nz/`.

19.2 Abschliessende Tipps

- Planen Sie regelmässig Zeit fürs Selbststudium ein. Auch wenn es nur jede zweite Woche zwei Stunden am Freitagnachmittag sind, hilft Ihnen das mehr, als wenn Sie erst in den letzte Monaten Ihres Doktorats volle Pulle Statistik lernen. Mit den Buchempfehlungen oben und den Literaturempfehlungen in den vorigen Kapiteln sollten Ihnen die Quellen nicht ausgehen.
- Niemand ist mit allen Verfahren vertraut. Versuchen Sie, zu antizipieren, was Sie selber brauchen werden, und versuchen Sie, sich diese Verfahren anzueignen. Wenn Ihre outcomes kategorisch sein werden, sollten Sie sich zum Beispiel wohl über logistische Regression schlau machen; wenn Ihre Daten eine Abhängigkeitsstruktur haben werden (z.B. mehrere Antworten pro Versuchsperson oder SchülerInnen in Klassen), dürften gemischte Modelle nützlich sein. Es ist sowieso eine gute Idee, sich über die Analysemethode zu informieren, bevor man anfängt, die Daten zu sammeln.
- Statistische Verfahren tragen öfters irreführende Namen. Sogenannte kausale Modelle erlauben es einem zum Beispiel nicht, kausale Zusammenhänge zu belegen; diese sind eine Annahme des Modells, kein Ergebnis von ihm. Ebenso wird 'konfirmatorische' Faktoranalyse in der Praxis wohl häufiger für exploratorische als für konfirmatorische Zwecke verwendet. Und dass ein 'signifikanter' Befund komplett tautologisch oder irrelevant sein kann, haben wir ja bereits diskutiert. Lassen Sie sich bei der Wahl Ihrer Werkzeuge also nicht zu stark von deren Namen leiten.

- Gehen Sie nicht davon aus, dass publizierte Analysen viel Sinn ergeben. **(!!!)** In vielen Artikeln ist dies nämlich nicht der Fall. Ausserdem werden viele Analysen schlecht berichtet. Oft wird zu viel irrelevante und daher ablenkende Information im Text berichtet und werden zu viele Signifikanztests berichtet; siehe Vanhove (2021b). Aus meiner Sicht sollten Sie keine Analysen ausführen oder berichten, die in der Literatur zwar gängig sind, aber die im Kontext Ihrer Studie Ihres Erachtens keinen Mehrwert haben. Und es ist nicht, weil eine Analyse irgendwelche Zahlen ausspuckt, dass all diese Zahlen auch für Sie oder Ihre Leserschaft relevant sind.
- Gehen Sie sparsam mit Signifikanztests um.
- Verwenden Sie reichlich Grafiken und nicht (nur) Tabellen, sowohl beim Analysieren als auch in Ihren Berichten. Zeigen Sie dabei möglichst die Variabilität der Daten (Streudiagramme, Boxplots) und die Unsicherheit Ihrer Schätzungen (z.B. Konfidenzintervalle).
- Machen Sie nach Möglichkeit Ihre Daten und R-Code online verfügbar. Einerseits brauchen Sie so Details, die Sie für irrelevant halten, nicht in den Bericht aufzunehmen: Interessierte Lesende können die Details selber im Anhang nachschlagen. Andererseits ist es durchaus möglich, dass in den nächsten Jahren statistische Verfahren entwickelt werden, mit denen man Ihre Daten besser auswerten kann. Wenn Ihre Daten frei zugänglich sind, können Sie entsprechend reanalysiert werden und vermeiden Sie, dass Ihre Studie irrelevant wird. Eine praktische Plattform, um Daten und Skripts zu teilen, ist `https://osf.io/`.
- Ob eine Analyse vertretbar ist, hängt in erster Linie davon ab, ob sie Ihnen dabei hilft, Ihre Fragen zu beantworten oder etwas über die Daten zu lernen. Gehen Sie nicht nach einem Flowchart vor, sondern überlegen Sie sich, was Sie eigentlich herausfinden möchten und ob die Zahlen im Output dafür relevant sind.

Anhang A

Häufige Fehlermeldungen in R

Probleme immer der Reihe nach lösen! Wenn Ihr ganzer Bildschirm voller roter Fehlermeldungen steht, fangen Sie dann bei der allerersten Fehlermeldung an. Öfters sind die anderen Fehlermeldungen Konsequenzen der ersten.

Debugging. Wenn Sie jemanden um Hilfe bitten, sollten Sie ein reproduzierbares Beispiel, das das Problem illustriert, schreiben. Diese Beispiele sollten möglichst *kurz* sein, siehe `https://stackoverflow.com/q/5963269/1331521`. Oft findet man beim Herstellen eines möglichst kurzen reproduzierbaren Beispiels selber die Lösung. Eine weitere nützliche Technik, um Fehler in Computercode aufzudecken, ist *rubber duck debugging*, siehe `https://rubberduckdebugging.com/`. Und öfters hilft auch ein Feierabendbier oder ein Spaziergang, sodass Sie sich am nächsten Tag mit einem frischen Kopf mit dem Problem beschäftigen können.

object 'x' not found

Sie versuchen ein Objekt abzurufen, das im Arbeitsgedächtnis nicht vorhanden ist. Tippfehler sind hierfür ein typischer Auslöser. Es kann auch vorkommen, dass Sie ein Objekt nicht eingelesen haben oder dass das Objekt anders heisst, als Sie denken.

Beispiel:

```
> x <- c(1, 5, 4)
> mean(X)

Error in mean(X): object 'X' not found
```

In der ersten Zeile wird ein Objekt namens `x` kreiert, aber in der zweiten wird versucht, das Mittel eines Objektes namens `X` zu berechnen. Gross- und Kleinschreibung spielen eine Rolle!

Wenn Sie sich nicht mehr sicher sind, welche Objekte alles im Arbeitsgedächtnis vorhanden sind, können Sie folgende Funktion verwenden; diese listet alle vorhandenen Objekte auf.

```
> ls()
```

Die gleichen Infos können Sie in RStudio im Fenster rechts oben nachschlagen.

could not find function 'x'

Sie wollen eine Funktion verwenden, die nicht besteht oder nicht zugänglich ist. Kontrollieren Sie zuerst, ob Sie den Namen der Funktion richtig eingetippt haben. Wenn es sich um eine Funktion aus einem Erweiterungspaket handelt, sollten Sie ausserdem dieses Paket geladen haben.

Beispiel:

```
> r.test(n = 50, r12 = 0.4)
Error in r.test(n = 50, r12 = 0.4): could not find function "r.test"
```

Die `r.test()`-Funktion ist Teil des Erweiterungspakets `psych`. Entweder sollten Sie das Paket zuerst mit `psych` laden oder Sie sollten dem Funktionsnamen noch `psych::` voranstellen.

Error in library(x) : there is no package called 'x'

Sie versuchen ein Erweiterungspaket zu laden, aber haben dieses noch nicht installiert.

Beispiel:

```
> library(ggjoy)
Error in library(ggjoy): there is no package called 'ggjoy'
```

Lösung: Paket installieren:

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

unexpected symbol

Häufige Auslöser für diese Fehlermeldung sind vergessene Kommas.

Beispiel:

```
> library(ggplot2)
> ggplot(data = iris
+        aes(x = Sepal.Width,
Error: unexpected symbol in:
"ggplot(data = iris
       aes"
```

Nach `data = iris` fehlt eine Komma.

Beispiel:

```
> ggplot(data = iris)
>        aes(x = Sepal.Width,
+            y = Sepal.Length)) +
Error: unexpected ')' in:
"       aes(x = Sepal.Width,
           y = Sepal.Length))"
```

Die Klammer nach der ersten Zeile soll eine Komma sein.

Beispiel:

```
> ggplot(data = iris,
+        aes(x = Sepal.Width,
+            y = Sepal.Length))) +
Error: unexpected ')' in:
"       aes(x = Sepal.Width,
           y = Sepal.Length)))"
```

Auf der dritten Zeile steht eine Klammer zu viel.

Es funktioniert nicht und es gibt nicht mal eine Fehlermeldung!

Vermutlich fehlt irgendwo eine Klammer oder etwas Ähnliches.

Beispiel: Dieser Befehl ergibt keine Fehlermeldung, aber produziert auch keine Grafik.

```
> ggplot(data = iris,
+        aes(x = Sepal.Width,
+            y = Sepal.Length) +
+   geom_point()
+
```

Wie Sie sehen, gibt es nach dem Befehl eine neue Zeile, die mit + anfängt. Das heisst, dass der Befehl noch nicht abgeschlossen ist: Nach abgeschlossenen Befehlen folgen Zeilen, die mit > anfangen. In diesem Fall ist der Auslöser eine fehlende Klammer auf der 3. Zeile: Die letzte Klammer schliesst den Befehl `aes(` ab, aber es fehlt noch eine Klammer, um den Befehl `ggplot(` abzuschliessen. So funktioniert es schon:

```
> ggplot(data = iris,
+        aes(x = Sepal.Width,
+            y = Sepal.Length)) +
+   geom_point()
>
```

Bemerken Sie, dass es nun eine neue Zeile mit > gibt: Der letzte Befehl wurde also ausgeführt.

Weiteres Beispiel: Dieser Befehl ergibt auch keine Fehlermeldung, aber produziert auch keine Grafik.

```
> ggplot(data = iris,
+        aes(x = Sepal.Width,
+            y = Sepal.Length))
> geom_point()
geom_point: na.rm = FALSE
stat_identity: na.rm = FALSE
position_identity
```

Problem: Das Plus-Zeichen nach der 3. Zeile fehlt.

Das Ergebnis einer Berechnung ist 'NA'

Sie wollen einen Mittelwert o.Ä. berechnen, aber die Datenreihe enthält `NA`-Angaben (*not available*). R betrachtet `NA`-Angaben als unbekannte Zahlen. Enthält eine Datenreihe eine unbekannte Zahl, dann ist ihr Mittel oder ihre Standardabweichung (usw.) auch unbekannt (`NA`).

```
> x <- c(5, 4, 18, NA, 3)
> mean(x)

[1] NA
```

Wenn Sie es für sinnvoll halten, können Sie das Mittel berechnen, ohne die unbekannte Zahl zu berücksichtigen:

```
> mean(x, na.rm = TRUE)

[1] 7.5
```

Für mehr Informationen zum Umgang mit fehlenden Daten, siehe Graham (2009).

Anhang B

Softwareversionen

```
> devtools::session_info()
- Session info -------------------------------------------
 setting  value
 version  R version 4.2.1 (2022-06-23)
 os       Ubuntu 22.04.1 LTS
 system   x86_64, linux-gnu
 ui       X11
 language (EN)
 collate  en_US.UTF-8
 ctype    en_US.UTF-8
 tz       Europe/Zurich
 date     2022-09-06
 pandoc   NA

- Packages -----------------------------------------------
 package      * version  date (UTC) lib source
 abind          1.4-5    2016-07-21 [1] CRAN (R 4.2.0)
 assertthat     0.2.1    2019-03-21 [1] CRAN (R 4.2.0)
 backports      1.4.1    2021-12-13 [1] CRAN (R 4.2.0)
 bit            4.0.4    2020-08-04 [1] CRAN (R 4.2.0)
 bit64          4.0.5    2020-08-30 [1] CRAN (R 4.2.0)
 boot           1.3-28   2021-05-03 [4] CRAN (R 4.2.0)
 brio           1.1.3    2021-11-30 [2] CRAN (R 4.2.0)
 broom          0.8.0    2022-04-13 [1] CRAN (R 4.2.0)
 cachem         1.0.6    2021-08-19 [2] CRAN (R 4.2.0)
 callr          3.7.0    2021-04-20 [2] CRAN (R 4.2.0)
 cannonball   * 0.1.1    2022-06-29 [1] Github (janhove/cannonball@fe70eff)
 car            3.1-0    2022-06-15 [1] CRAN (R 4.2.0)
 carData        3.0-5    2022-01-06 [1] CRAN (R 4.2.0)
 cellranger     1.1.0    2016-07-27 [1] CRAN (R 4.2.0)
 cli            3.3.0    2022-04-25 [2] CRAN (R 4.2.0)
 codetools      0.2-18   2020-11-04 [4] CRAN (R 4.2.0)
 coin         * 1.4-2    2021-10-08 [1] CRAN (R 4.2.0)
 colorspace     2.0-3    2022-02-21 [1] CRAN (R 4.2.0)
 cowplot        1.1.1    2020-12-30 [1] CRAN (R 4.2.0)
 crayon         1.5.1    2022-03-26 [2] CRAN (R 4.2.0)
 curl           4.3.2    2021-06-23 [2] CRAN (R 4.2.0)
 dagitty      * 0.3-1    2021-01-21 [1] CRAN (R 4.2.0)
 DBI            1.1.3    2022-06-18 [1] CRAN (R 4.2.0)
 dbplyr         2.2.1    2022-06-27 [1] CRAN (R 4.2.0)
 desc           1.4.1    2022-03-06 [2] CRAN (R 4.2.0)
```

```
devtools       2.4.3    2021-11-30 [1] CRAN (R 4.2.0)
digest         0.6.29   2021-12-01 [2] CRAN (R 4.2.0)
dplyr        * 1.0.9    2022-04-28 [1] CRAN (R 4.2.0)
ellipsis       0.3.2    2021-04-29 [2] CRAN (R 4.2.0)
evaluate       0.15     2022-02-18 [2] CRAN (R 4.2.0)
fansi          1.0.3    2022-03-24 [2] CRAN (R 4.2.0)
farver         2.1.0    2021-02-28 [1] CRAN (R 4.2.0)
fastmap        1.1.0    2021-01-25 [2] CRAN (R 4.2.0)
forcats      * 0.5.1    2021-01-27 [1] CRAN (R 4.2.0)
fs             1.5.2    2021-12-08 [2] CRAN (R 4.2.0)
generics       0.1.2    2022-01-31 [1] CRAN (R 4.2.0)
ggplot2      * 3.3.6    2022-05-03 [1] CRAN (R 4.2.0)
glue           1.6.2    2022-02-24 [2] CRAN (R 4.2.0)
gridExtra      2.3      2017-09-09 [1] CRAN (R 4.2.0)
gtable         0.3.0    2019-03-25 [1] CRAN (R 4.2.0)
haven          2.5.0    2022-04-15 [1] CRAN (R 4.2.0)
here         * 1.0.1    2020-12-13 [1] CRAN (R 4.2.0)
highr          0.9      2021-04-16 [2] CRAN (R 4.2.0)
hms            1.1.1    2021-09-26 [1] CRAN (R 4.2.0)
httr           1.4.3    2022-05-04 [2] CRAN (R 4.2.0)
jsonlite       1.8.0    2022-02-22 [2] CRAN (R 4.2.0)
knitr        * 1.39     2022-04-26 [2] CRAN (R 4.2.0)
labeling       0.4.2    2020-10-20 [1] CRAN (R 4.2.0)
lattice        0.20-45  2021-09-22 [4] CRAN (R 4.2.0)
libcoin        1.0-9    2021-09-27 [1] CRAN (R 4.2.0)
lifecycle      1.0.1    2021-09-24 [2] CRAN (R 4.2.0)
lubridate      1.8.0    2021-10-07 [1] CRAN (R 4.2.0)
magrittr       2.0.1    2020-11-17 [2] CRAN (R 4.0.2)
MASS           7.3-58.1 2022-08-03 [4] CRAN (R 4.2.1)
Matrix         1.4-1    2022-03-23 [4] CRAN (R 4.2.0)
matrixStats    0.62.0   2022-04-19 [1] CRAN (R 4.2.0)
memoise        2.0.1    2021-11-26 [2] CRAN (R 4.2.0)
mgcv           1.8-40   2022-03-29 [4] CRAN (R 4.2.0)
mnormt         2.1.0    2022-06-07 [1] CRAN (R 4.2.0)
modelr         0.1.8    2020-05-19 [1] CRAN (R 4.2.0)
modeltools     0.2-23   2020-03-05 [1] CRAN (R 4.2.0)
multcomp       1.4-20   2022-08-07 [1] CRAN (R 4.2.0)
munsell        0.5.0    2018-06-12 [1] CRAN (R 4.2.0)
mvtnorm        1.1-3    2021-10-08 [1] CRAN (R 4.2.0)
nlme           3.1-159  2022-08-09 [4] CRAN (R 4.2.1)
pillar         1.7.0    2022-02-01 [2] CRAN (R 4.2.0)
pkgbuild       1.3.1    2021-12-20 [2] CRAN (R 4.2.0)
pkgconfig      2.0.3    2019-09-22 [2] CRAN (R 4.2.0)
pkgload        1.2.4    2021-11-30 [2] CRAN (R 4.2.0)
plotrix        3.8-2    2021-09-08 [1] CRAN (R 4.2.0)
prettyunits    1.1.1    2020-01-24 [2] CRAN (R 4.2.0)
processx       3.5.3    2022-03-25 [2] CRAN (R 4.2.0)
ps             1.7.0    2022-04-23 [2] CRAN (R 4.2.0)
psych          2.2.5    2022-05-10 [1] CRAN (R 4.2.0)
purrr        * 0.3.4    2020-04-17 [2] CRAN (R 4.2.0)
R6             2.5.1    2021-08-19 [2] CRAN (R 4.2.0)
RColorBrewer * 1.1-3    2022-04-03 [1] CRAN (R 4.2.0)
Rcpp           1.0.8.3  2022-03-17 [1] CRAN (R 4.2.0)
readr        * 2.1.2    2022-01-30 [1] CRAN (R 4.2.0)
readxl       * 1.4.0    2022-03-28 [1] CRAN (R 4.2.0)
remotes        2.4.2    2021-11-30 [2] CRAN (R 4.2.0)
reprex         2.0.1    2021-08-05 [1] CRAN (R 4.2.0)
rlang          1.0.2    2022-03-04 [2] CRAN (R 4.2.0)
```

```
 rprojroot      2.0.3    2022-04-02 [2] CRAN (R 4.2.0)
 rstudioapi     0.13     2020-11-12 [2] CRAN (R 4.2.0)
 rvest          1.0.2    2021-10-16 [1] CRAN (R 4.2.0)
 sandwich       3.0-2    2022-06-15 [1] CRAN (R 4.2.0)
 scales         1.2.0    2022-04-13 [1] CRAN (R 4.2.0)
 sessioninfo    1.2.2    2021-12-06 [2] CRAN (R 4.2.0)
 shape          1.4.6    2021-05-19 [1] CRAN (R 4.2.0)
 stringi        1.7.6    2021-11-29 [2] CRAN (R 4.2.0)
 stringr      * 1.4.0    2019-02-10 [2] CRAN (R 4.2.0)
 survival     * 3.4-0    2022-08-09 [4] CRAN (R 4.2.1)
 testthat       3.1.4    2022-04-26 [2] CRAN (R 4.2.0)
 TH.data        1.1-1    2022-04-26 [1] CRAN (R 4.2.0)
 tibble       * 3.1.7    2022-05-03 [2] CRAN (R 4.2.0)
 tidyr        * 1.2.0    2022-02-01 [1] CRAN (R 4.2.0)
 tidyselect     1.1.2    2022-02-21 [1] CRAN (R 4.2.0)
 tidyverse    * 1.3.1    2021-04-15 [1] CRAN (R 4.2.0)
 tzdb           0.3.0    2022-03-28 [1] CRAN (R 4.2.0)
 usethis        2.1.5    2021-12-09 [2] CRAN (R 4.2.0)
 utf8           1.2.2    2021-07-24 [2] CRAN (R 4.2.0)
 V8             4.2.0    2022-05-14 [1] CRAN (R 4.2.0)
 vctrs          0.4.1    2022-04-13 [2] CRAN (R 4.2.0)
 vroom          1.5.7    2021-11-30 [1] CRAN (R 4.2.0)
 withr          2.5.0    2022-03-03 [2] CRAN (R 4.2.0)
 xfun           0.31     2022-05-10 [2] CRAN (R 4.2.0)
 xml2           1.3.3    2021-11-30 [2] CRAN (R 4.2.0)
 zoo            1.8-10   2022-04-15 [1] CRAN (R 4.2.0)

 [1] /home/jan/R/x86_64-pc-linux-gnu-library/4.2
 [2] /usr/local/lib/R/site-library
 [3] /usr/lib/R/site-library
 [4] /usr/lib/R/library

------------------------------------------------------------
```

Literaturverzeichnis

Abelson, Robert P. 1995. *Statistics as principled argument*. New York, NY: Psychology Press.

Albers, Casper J., Henk A. L. Kiers & Don van Ravenzwaaij. 2018. Credible confidence: A pragmatic view on the frequentist vs Bayesian debate. *Collabra: Psychology* 4(1). 31. doi:10.1525/collabra.149.

Baayen, R. Harald. 2008. *Analyzing linguistic data: A practical introduction to statistics using R*. Cambridge: Cambridge University Press.

Baayen, R. Harald & Maja Linke. 2020. Generalized additive mixed models. In Magali Paquot & Stefan Th. Gries (eds.), *A practical handbook of corpus linguistics*, 563–591. Cham, Switzerland: Springer Nature. doi:10.1107/978-3-030-46216-1_23.

Baguley, Thom. 2009. Standardized or simple effect size: What should be reported? *British Journal of Psychology* 100(3). 603–617. doi:10.1348/000712608X377117.

Bender, Ralf & Stefan Lange. 2001. Adjusting for multiple testing: when and how? *Journal of Clinical Epidemiology* 54(4). 343–349. doi:10.1016/S0895-4356(00)00314-0.

Berthele, Raphael. 2012. The influence of code-mixing and speaker information on perception and assessment of foreign language proficiency: An experimental study. *International Journal of Bilingualism* 16(4). 453–466. doi:10.1177/1367006911429514.

Berthele, Raphael. 2019. Policy recommendations for language learning: Linguists' contributions between scholarly debats and pseudoscience. *Journal of the European Second Language Association* 3(1). 1–11. doi:10.22599/jesla.50.

Berthele, Raphael & Jan Vanhove. 2020. What would disprove interdependence? Lessons learned from a study on biliteracy in Portuguese heritage language speakers in Switzerland. *International Journal of Bilingual Education and Bilingualism* 23(5). 550–566. doi:10.1080/13670050.2017.1385590.

Bialystok, Ellen, Fergus I. M. Craik, Raymond Klein & Mythili Viswanathan. 2004. Bilingualism, aging, and cognitive control: Evidence from the Simon task. *Psychology and Aging* 19(2). 290–303. doi:10.1037/0882-7974.19.2.290.

Broman, Karl W. & Kara H. Woo. 2017. Data organization in spreadsheets. *The American Statistician* doi:10.1080/00031305.2017.1375989.

Caruso, Eugene M., Kathleen D Vohs, Brittani Baxter & Adam Waytz. 2013. Mere exposure to money increases endorsement of free-market systems and social inequality. *Journal of Experimental Psychology: General* 142(2). 301–306. doi:10.1037/a0029288.

Chambers, Chris. 2017. *The seven deadly sins of psychology: A manifesto for reforming the culture of scientific practice*. Princeton, NJ: Princeton University Press.

Christenfeld, Nicholas J. S., Richard P. Sloan, Douglas Carroll & Sander Greenland. 2004. Risk factors, confounding, and the illusion of statistical control. *Psychosomatic Medicine* 66. 868–875. doi:10.1097/01.psy.0000140008.70959.41.

Clark, Michael. 2019. Generalized additive models. `https://m-clark.github.io/generalized-additive-models/`.

Cohen, Jacob. 1977. *Statistical power analysis for the behavioral sciences*. New York, NY: Academic Press revised edition edn.

Cohen, Jacob. 1992. A power primer. *Psychological Bulletin* 112(1). 155–159. doi:10.1037/0033-2909.112.1.155.

Cohen, Jacob, Patricia Cohen, Stephen G. West & Leona S. Aiken. 2003. *Applied multiple regression/correlation analysis for the behavioral sciences*. Mahwah, NJ: Erlbaum.

de Bruin, Angela, Barbara Treccani & Sergio Della Sala. 2015. Cognitive advantage in bilingualism: An example of publication bias? *Psychological Science* 26(1). 99–107. doi:10.1177/0956797614557866.

de Groot, Adrianus Dingeman. 2014. The meaning of 'significance' for different types of research. *Acta Psychologica* 148. 188–194. doi:10.1016/j.actpsy.2014.02.001. Translated and annotated by Eric-Jan Wagenmakers, Denny Borsboom, Josine Verhagen, Rogier Kievit, Marjan Bakker, Angelique Cramer, Dora Matzke, Don Mellenbergh, and Han L. J. van der Maas.

DeKeyser, Robert, Iris Alfi-Shabtay & Dorit Ravid. 2010. Cross-linguistic evidence for the nature of age effects in second language acquisition. *Applied Psycholinguistics* 31. 413–438. doi:10.1017/S0142716410000056.

Desgrippes, Magalie, Amelia Lambelet & Jan Vanhove. 2017. The development of argumentative and narrative writing skills in Portuguese heritage speakers in Switzerland (HELASCOT project). In Raphael Berthele & Amelia Lambelet (eds.), *Heritage and school language literacy development in migrant children: Interdependence or independence?*, 83–96. Bristol: Multilingual Matters. doi:10.21832/9781783099054-006.

DiCiccio, Thomas J. & Bradley Efron. 1996. Bootstrap confidence intervals. *Statistical Science* 11(3). 189–212. doi:10.1214/ss/1032280214.

Efron, Bradley. 1979. Bootstrap methods: Another look at the jackknife. *The Annals of Statistics* 7(1). 1–26. doi:10.1214/aos/1176344552.

Efron, Bradley & Robert J. Tibshirani. 1993. *An introduction to the bootstrap*. Boca Raton, FL: Chapman & Hall/CRC.

Ehrenberg, Andrew S. C. 1982. *A primer in data reduction: An introductory statistics textbook*. Chichester: Wiley.

Eriksen, Barbara A. & Charles W. Eriksen. 1974. Effects of noise letters upon the identification of a target letter in a nonsearch task. *Perception & Psychophysics* 16. 143–149. doi:10.3758/BF03203267.

Everitt, Brian & Torsten Hothorn. 2011. *An introduction to applied multivariate analysis with R*. New York: Springer.

Faraway, Julian J. 2005. *Linear models with R*. Boca Raton, FL: Chapman & Hall/CRC.

Faraway, Julian J. 2006. *Extending the linear model with r: Generalized linear, mixed effects and nonparametric regression models*. Boca Raton, FL: Chapman & Hall/CRC.

Fisher, Ronald Aylmer. 1936. "The coefficient of racial likeness" and the future of craniometry. *Journal of the Royal Anthropological Institute of Great Britain and Ireland* 66. 57–63. doi:10.2307/2844116.

Fox, John. 2003. Effect displays in R for generalised linear models. *Journal of Statistical Software* 8. 1–27. doi:10.18637/jss.v008.i15.

Gelman, Andrew & John Carlin. 2014. Beyond power calculations: Assessing Type S (sign) and Type M (magnitude) errors. *Perspectives on Psychological Science* 9(6). 641–651. doi:10.1177/1745691614551642.

Gelman, Andrew & Jennifer Hill. 2007. *Data analysis using regression and multilevel/hierarchical models*. New York, NY: Cambridge University Press.

Gelman, Andrew & Eric Loken. 2013. The garden of forking paths: Why multiple comparisons can be a problem, even when there is no 'fishing expedition' or 'p-hacking' and the research

hypothesis was posited ahead of time. `http://www.stat.columbia.edu/~gelman/research/unpublished/p_hacking.pdf`.

Gelman, Andrew & Hal Stern. 2006. The difference between "significant" and "not significant" is not itself statistically significant. *The American Statistician* 60(4). 328–331. doi:10.1198/000313006X152649.

Goodman, Steven. 2008. A dirty dozen: Twelve *p*-value misconceptions. *Seminars in Hematology* 45. 135–140. doi:10.1053/j.seminhematol.2008.04.003.

Graham, John W. 2009. Missing data analyis: Making it work in the real world. *Annual Review of Psychology* 60. 549–576. doi:10.1146/annurev.psych.58.110405.085530.

Greenland, Sander, Stephen J. Senn, Kenneth J. Rothman, John B. Carlin, Charles Poole, Steven N. Goodman & Douglas G. Altman. 2016. Statistical tests, *p* values, confidence intervals, and power: A guide to misinterpretations. *European Journal of Epidemiology* 31. 337–350. doi:10.1007/s10654-016-0149-3.

Healy, Kieran. 2019. *Data visualization: A practical introduction*. Princeton, NJ: Princeton University Press. Also freely available online from https://socviz.co/.

Hellevik, Ottar. 2009. Linear versus logistic regression when the dependent variable is a dichotomy. *Quality & Quantity* 43. 59–74. doi:10.1007/s11135-007-9077-3.

Hesterberg, Tim C. 2015. What teachers should know about the bootstrap: Resampling in the undergraduate statistics curriculum. *The American Statistician* 69(4). 371–386. doi:10.1080/00031305.2015.1089789.

Hicks, Nina Selina. 2021. Exploring systematic orthographic crosslinguistic similarities to enhance foreign language vocabulary learning. *Language Teaching Research* doi:10.1177/13621688211047353.

Hoekstra, Rink, Richard D. Morey, Jeffrey N. Rouder & Eric-Jan Wagenmakers. 2014. Robust misinterpretation of confidence intervals. *Psychonomic Bulletin & Review* 21(5). 1157–1164. doi:10.3758/s13423-013-0572-3.

Huang, Francis L. 2019. Alternatives to logistic regression models in experimental studies. *Journal of Experimental Education* doi:10.1080/00220973.2019.1699769.

Huff, Darrell. 1954. *How to lie with statistics*. New York: Norton.

Huitema, Bradley E. 2011. *The analysis of covariance and alternatives: Statistical methods for experiments, quasi-experiments, and single-case studies*. Hoboken, NJ: Wiley.

Imai, Kosuke, Gary King & Elizabeth A. Stuart. 2008. Misunderstandings between experimentalists and observationalists about causal inference. *Journal of the Royal Statistical Society: Series A (Statistics in Society)* 171. 481–502. doi:10.1111/j.1467-985X.2007.00527.x.

Jaccard, James. 2001. *Interaction effects in logistic regression*. Thousand Oaks, CA: Sage.

Jaeger, T. Florian. 2008. Categorical data analysis: Away from ANOVAs (transformation or not) and towards logit mixed models. *Journal of Memory and Language* 59(4). 434–446. doi:10.1016/j.jml.2007.11.007.

Johnson, Daniel Ezra. 2013. Descriptive statistics. In Robert J. Podesva & Devyani Sharma (eds.), *Research methods in linguistics*, 288–315. Cambridge: Cambridge University Press.

Kelley, Ken, Scott E. Maxwell & Joseph R. Rausch. 2003. Obtaining power or obtaining precision. *Evaluation & the Health Professions* 26(3). 258–287. doi:10.1177/0163278703255242.

Kerr, Norbert L. 1998. HARKing: Hypothesizing after the results are known. *Personality and Social Psychology Review* 2(3). 196–217. doi:10.1207/s15327957pspr0203_4.

Keysar, Boas, Sayuri L. Hayakawa & Sun Gyu An. 2012. The foreign-language effect: Thinking in a foreign tongue reduces decision biases. *Psychological Science* 23(6). 661–668. doi:10.1177/0956797611432178.

Klein, Olivier, Tom E. Hardwicke, Frederik Aust, Johannes Breuer, Henrik Danielsson, Alicia Hofelich Mohr, Hans IJzerman, Gustav Nilsonne, Wolf Vanpaemel & Michael C. Frank. 2018. A practical guide for transparency in psychological science. *Collabra: Psychology* 4(1). 20. doi: 10.1525/collabra.158.

Klein, Richard A., Kate A. Ratliff, Michelangelo Vianello, Reginald B. Adams Jr., Štěpán Bahník, Michael J. Bernstein, Konrad Bocian et al. 2014. Investigating variation in replicability: A "many labs" replication project. *Social Psychology* 45(3). 142–152. doi:10.1027/1864-9335/a000178.

Kuhn, Max & Kjell Johnson. 2013. *Applied predictive modeling*. New York: Springer. doi:10.1007/978-1-4614-6849-3.

Kvålseth, Tarald O. 1985. Cautionary note about R^2. *The American Statistician* 4(1). doi:10.2307/2683704.

Lakens, Daniël. 2014. Performing high-powered studies efficiently with sequential analyses. *European Journal of Social Psychology* 44. 701–710. doi:10.1002/ejsp.2023.

Lambelet, Amelia, Raphael Berthele, Magalie Desgrippes, Carlos Pestana & Jan Vanhove. 2017. Testing interdependence in Portuguese heritage speakers in Switzerland: the HELASCOT project. In Raphael Berthele & Amelia Lambelet (eds.), *Heritage and school language literacy development in migrant children: Interdependence or independence?*, 26–33. Bristol: Multilingual Matters. doi:10.21832/9781783099054-003.

Levenstein, Margaret C. & Jared A. Lyle. 2018. Data: Sharing is caring. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science* 1(1). 95–103. doi:10.1177/2515245918758319.

McElreath, Richard. 2020. *Statistical rethinking: A Bayesian course with examples in R and Stan*. Boca Raton, FL: CRC Press 2nd edn.

Mook, Douglas G. 1983. In defense of external invalidity. *American Psychologist* 38. 379–387. doi:10.1037/0003-066X.38.4.379.

Morey, Richard D., Rink Hoekstra, Jeffrey N. Rouder, Michael D. Lee & Eric-Jan Wagenmakers. 2016. The fallacy of placing confidence in confidence intervals. *Psychonomic Bulletin & Review* 23(1). 103–123. doi:10.3758/s13423-015-0947-8.

Nalborczyk, Ladislas, Paul-Christian Bürkner & Donald R. Williams. 2019. Pragmatism should not be a substitute for statistical literacy: A commentary on Albers, Kiers, and van Ravenzwaaij (2018). *Collabra: Psychology* 5(1). 13. doi:10.1525/collabra.197.

Nieuwenhuis, Sander, Birte U. Forstmann & Eric-Jan Wagenmakers. 2011. Erroneous analyses of interactions in neuroscience: A problem of significance. *Nature Neuroscience* 14. 1105–1107. doi:10.1038/nn.2886.

Noether, G. E. 1981. Why Kendall tau? *Teaching Statistics* 3(2). 41–43. doi:10.1111/j.1467-9639.1981.tb00422.x.

Oehlert, Gary W. 2010. *A first course in the design and analysis of experiments*. `http://users.stat.umn.edu/~gary/book/fcdae.pdf`.

Oppenheimer, Daniel M & Benoît Monin. 2009. The retrospective gambler's fallacy: Unlikely events, constructing the past, and multiple universes. *Judgment and Decision Making* 4(5). 326–334.

Pestana, Carlos, Amelia Lambelet & Jan Vanhove. 2017. Reading comprehension in Portuguese heritage speakers in Switzerland (HELASCOT project). In Raphael Berthele & Amelia Lambelet (eds.), *Heritage and school language literacy development in migrant children: Interdependence or independence?*, 58–82. Bristol: Multilingual Matters. doi:10.21832/9781783099054-005.

Peterson, David. 2016. The baby factory: Difficult research objects, disciplinary standards, and the production of statistical significance. *Socius* 2. 1–10. doi:10.1177/2378023115625071.

Poarch, Gregory J., Jan Vanhove & Raphael Berthele. 2019. The effect of bidialectalism on executive function. *International Journal of Bilingualism* 23(2). 612–628. doi:10.1177/1367006918763132.

Rohrer, Julia M. 2018. Thinking clearly about correlations and causation: Graphical causal models for observational data. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science* 1(1). 27–42. doi: 10.1177/2515245917745629.

Ruxton, Graeme D. 2006. The unequal variance *t*-test is an underused alternative to Student's *t*-test and the Mann–Whitney *u* test. *Behavioral Ecology* 17. 688–690. doi:10.1093/beheco/ark016.

Ruxton, Graeme D. & Guy Beauchamp. 2008. Time for some a priori thinking about post hoc testing. *Behavioral Ecology* 19(3). 690–693. doi:10.1093/beheco/arn020.

Schad, Daniel J., Shravan Vasishth, Sven Hohenstein & Reinhold Kliegl. 2020. How to capitalize on a priori contrasts in linear (mixed) models: A tutorial. *Journal of Memory and Language* 110. doi:10.1016/j.jml.2019.104038.

Schmidt, Frank L. 1996. Statistical significance testing and cumulative knowledge in psychology: Implications for training of researchers. *Psychological Methods* 1. 115–129. doi: 10.1037/1082-989X.1.2.115.

Shmueli, Galit. 2010. To explain or to predict? *Statistical Science* 25(3). 289–310. doi:10.1214/10-STS330.

Simmons, Joseph P., Leif D. Nelson & Uri Simonsohn. 2011. False-positive psychology: Undisclosed flexibility in data collection and analysis allows presenting anything as significant. *Psychological Science* 22. 1359–1366. doi:10.1177/0956797611417632.

Simmons, Joseph P., Leif D. Nelson & Uri Simonsohn. 2018. False-positive citations. *Perspectives on Psychological Science* 13(2). 255–259. doi:10.1177/1745691617698146.

Simon, J. Richard. 1969. Reactions toward the source of stimulation. *Journal of Experimental Psychology* 81. 174–176. doi:10.1037/h0027448.

Slavin, Robert E., Nancy Madden, Malgarita Calderón, Anne Chamberlain & Megan Hennessy. 2011. Reading and language outcomes of a multiyear randomized evaluation of transitional bilingual education. *Educational Evaluation and Policy Analysis* 33(1). 47–58. doi: 10.3102/0162373711398127.

Soderberg, Courtney K. 2018. Using OSF to share data: A step-by-step guide. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science* 1(1). 115–120. doi:10.1177/2515245918757689.

Steegen, Sara, Francis Tuerlinckx, Andrew Gelman & Wolf Vanpaemel. 2016. Increasing transparency through a multiverse analysis. *Perspectives on Psychological Science* 11(5). 702–712. doi:10.1177/1745691616658637.

Sterling, Theodore D., W. L. Rosenbaum & J. J. Weinkam. 1995. Publication decision revisited: The effect of the outcome of statistical tests on the decision to publish and vice versa. *The American Statistician* 49. 108–112. `http://www.jstor.org/stable/2684823`.

Stocker, Ladina. 2017. The impact of foreign accent on credibility: An analysis of cognitive statement ratings in a Swiss context. *Journal of Psycholinguistic Research* 46(3). 617–628. doi: 10.1007/s10936-016-9455-x.

Tversky, Amos & Daniel Kahneman. 1981. The framing of decisions and the psychology of choice. *Science* 211(4481). 453–458. doi:10.1126/science.7455683.

Vanhove, Jan. 2013. The critical period hypothesis in second language acquisition: A statistical critique and a reanalysis. *PLOS ONE* 8. e69172. doi:10.1371/journal.pone.0069172.

Vanhove, Jan. 2014. *Receptive multilingualism across the lifespan: Cognitive and linguistic factors in cognate guessing*: University of Fribourg dissertation. `http://doc.rero.ch/record/210293`.

Vanhove, Jan. 2015. Analyzing randomized controlled interventions: Three notes for applied linguists. *Studies in Second Language Learning and Teaching* 5. 135–152. doi:10.14746/ssllt.2015.5.1.7.

Vanhove, Jan. 2016. The early learning of interlingual correspondence rules in receptive multilingualism. *International Journal of Bilingualism* 20(5). 580–593. doi:10.1177/1367006915573338.

Vanhove, Jan. 2017. The influence of standard and substandard Dutch on gender assignment in second language German. *Language Learning* 67(2). 431–460. doi:10.1111/lang.12230.

Vanhove, Jan. 2018. Checking the assumptions of your statistical method without getting paranoid. doi:10.31234/osf.io/zvawb.

Vanhove, Jan. 2019. Metalinguistic knowledge about the native language and language transfer in gender assignment. *Studies in Second Language Learning and Teaching* 9(2). 397–419. doi:10.14746/ssllt.2019.9.2.7.

Vanhove, Jan. 2020a. Capitalising on covariates in cluster-randomised experiments. *PsyArXiv Preprints* doi:10.31234/osf.io/ef4zc.

Vanhove, Jan. 2020b. When labeling l2 users as nativelike or not, consider classification errors. *Second Language Research* 36(4). 709–724. doi:10.1177/0267658319827055.

Vanhove, Jan. 2021a. Collinearity isn't a disease that needs curing. *Meta-Psychology* 5. doi:10.15626/MP.2021.2548.

Vanhove, Jan. 2021b. Towards simpler and more transparent quantitative research reports. *ITL - International Journal of Applied Linguistics* 172(1). 3–25. doi:10.1075/itl.20010.van.

Vanhove, Jan & Raphael Berthele. 2013. Factoren bij het herkennen van cognaten in onbekende talen: algemeen of taalspecifiek? *Taal & Tongval* 65. 171–210. doi:10.5117/TET2013.2.VANH.

Vanhove, Jan & Raphael Berthele. 2017. Interactions between formal distance and participant-related variables in receptive multilingualism. *International Review of Applied Linguistics in Language Teaching* 55(1). 23–40. doi:10.1515/iral-2017-0007.

Vanhove, Jan, Audrey Bonvin, Amelia Lambelet & Raphael Berthele. 2019. Predicting perceptions of the lexical richness of short French, German, and Portuguese texts using text-based indices. *Journal of Writing Research* 10(3). 499–525. doi:10.17239/jowr-2019.10.03.04.

Wagenmakers, Eric-Jan, Angelos-Miltiadis Krypotos, Amy H. Criss & Geoff Iverson. 2012a. On the interpretation of removable interactions: A survey of the field 33 years after Loftus. *Memory & Cognition* 40(2). 145–160. doi:10.3758/s13421-011-0158-0.

Wagenmakers, Eric-Jan, Ruud Wetzels, Denny Borsboom, Han L. J. van der Maas & Rogier A. Kievit. 2012b. An agenda for purely confirmatory research. *Perspectives on Psychological Science* 7(6). doi:10.1177/1745691612463078.

Weisberg, Sanford. 2005. *Applied linear regression*. Hoboken, NJ: Wiley.

Weissgerber, Tracey L., Natasa M. Milic, Stacey J. Winham & Vesna D. Garovic. 2015. Beyond bar and line graphs: Time for a new data presentation paradigm. *PLOS Biology* 13(4). e1002128. doi:10.1371/journal.pbio.1002128.

Westfall, Jacob, David A. Kenny & Charles M. Judd. 2014. Statistical power and optimal design in experiments in which samples of participants respond to samples of stimuli. *Journal of Experimental Psychology: General* 143. 2020–2045. doi:10.1037/xge0000014.

Westfall, Jacob & Tal Yarkoni. 2016. Statistically controlling for confounding constructs is harder than you think. *PLOS ONE* 11(3). e0152719. doi:10.1371/journal.pone.0152719.

Wickham, Hadley. 2014. Tidy data. *Journal of Statistical Software* 59. doi:10.18637/jss.v059.i10.

Wickham, Hadley & Garrett Grolemund. 2017. *R for data science*. O'Reilly.

Wieling, Martijn. 2018. Analyzing dynamic phonetic data using generalized additive mixed modeling: A tutorial focusing on articulatory differences between L1 and L2 speakers of English. *Journal of Phonetics* 70. 86–116.

Winter, Bodo. 2019. *Statistics for linguists: An introduction using R*. Routledge. doi:10.4324/9781315165547.

Wood, Simon N. 2006. *Generalized additive models: An introduction with r*. Boca Raton, FL: Chapman & Hall/CRC.

Yarkoni, Tal & Jacob Westfall. 2017. Choosing prediction over explanation in psychology: Lessons from machine learning. *Perspectives in Psychological Science* 12(6). 1100–1122. doi:10.1177/1745691617693393.

Zuur, Alain F., Elena N. Ieno, Neil J. Walker, Anatoly A. Saveliev & Graham M. Smith. 2009. *Mixed effects models and extensions in ecology with R*. New York, NY: Springer.