

Multivariate Verfahren

Einheit 2: Mehrebenenanalyse - Lineare gemischte Modelle (1)

Wintersemester 2025 | Prof. Dr. Stephan Goerigk

Einführung in hierarchische Datenstrukturen

- Zentrale Annahme der (multiplen) linearen Regression (siehe Einheit 1):

Die Residuen (ε_i) sind unabhängig voneinander.

$$\varepsilon_i \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$$

(\rightarrow unabhängig normalverteilt mit Erwartungswert Null und konstanter Varianz [Homoskedastizität])

- Was genau bedeutet es, wenn ε_i unabhängig sind?
- ..., dass ε_i nicht systematisch mit einem anderen Merkmal zusammenhängen
- ..., dass der Wert einer Person keine Informationen über den Wert anderer Person enthält
- ..., dass es keine unberücksichtigten Gruppen/Cluster in den Datenpunkten gibt

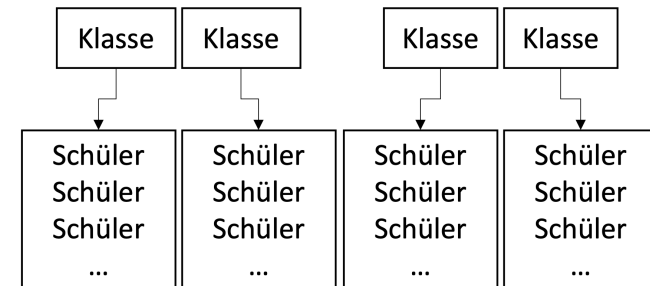
Einführung in hierarchische Datenstrukturen

- Unabhängigkeit der Daten bzw. ε_i ist in der Psychologie oft verletzt
- Häufiger Grund: **hierarchischen Datenstrukturen**

Beispiele für hierarchische Daten:

- **Schüler in Klassen (2-Level)**
- gleiche Lehrer
- gleiches Klassenzimmer
- gleiche Mitschüler
- ...

2-Level Design



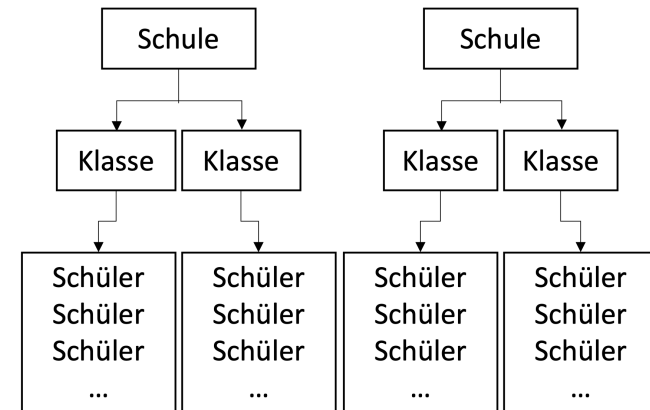
Einführung in hierarchische Datenstrukturen

- Unabhängigkeit der Daten bzw. ε_i ist in der Psychologie oft verletzt
- Häufiger Grund: **hierarchischen Datenstrukturen**

Beispiele für hierarchische Daten:

- Schüler in Klassen (2-Level)
- **Schüler in Klassen in Schulen (3-Level)**

3-Level Design



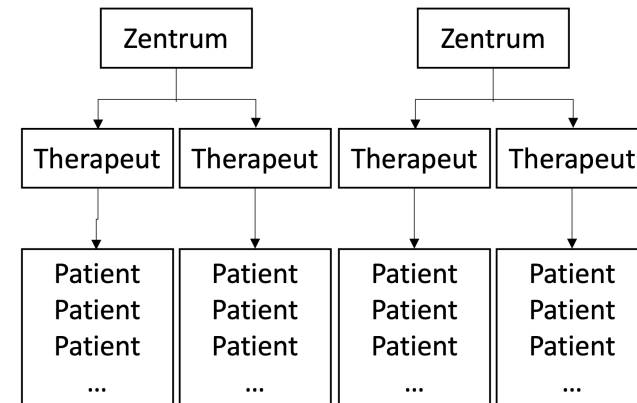
Einführung in hierarchische Datenstrukturen

- Unabhängigkeit der Daten bzw. ε_i ist in der Psychologie oft verletzt
- Häufiger Grund: **hierarchischen Datenstrukturen**

Beispiele für hierarchische Daten:

- Schüler in Klassen (2-Level)
- Schüler in Klassen in Schulen (3-Level)
- **Patienten in Therapeuten in Studienzentren (3-Level)** → multizentrische klinische Studie

3-Level Design



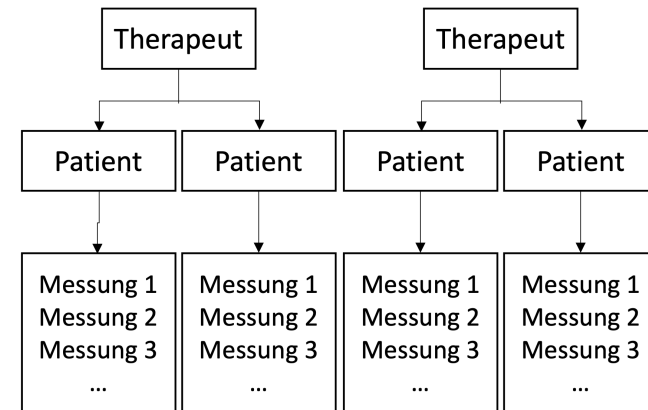
Einführung in hierarchische Datenstrukturen

- Unabhängigkeit der Daten bzw. ε_i ist in der Psychologie oft verletzt
- Häufiger Grund: **hierarchischen Datenstrukturen**

Beispiele für hierarchische Daten:

- Schüler in Klassen (2-Level)
- Schüler in Klassen in Schulen (3-Level)
- Patienten in Therapeuten in Studienzentren (3-Level)
- **Messzeitpunkte in Patienten in Therapeuten (3-Level)** → Messwiederholungsdesign

3-Level Design



Einführung in hierarchische Datenstrukturen

Begriffsklärung hierarchische Daten:

- Daten mit mehreren Ebenen (Levels)
- Niedrigere Levels sind in höhere Levels "geschachtelt" (engl. "nested")
- Elemente einer niedrigeren Ebene ist eindeutig einem Element einer höheren Ebene zuordenbar.

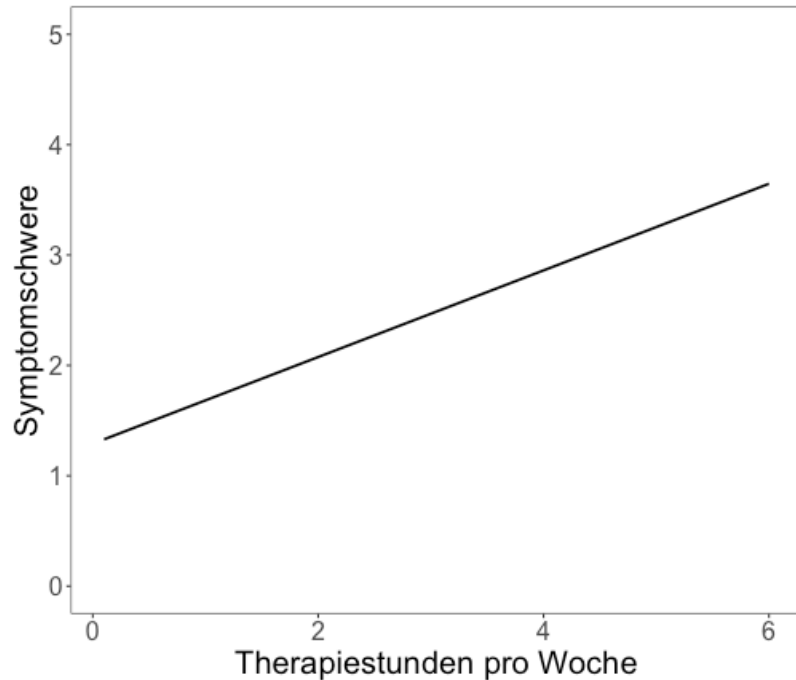
→ Nicht-Berücksichtigung dieser Einflüsse hat **relevante Implationen!**

Einführung in hierarchische Datenstrukturen

Was folgt aus hierarchische Datenstrukturen:

- Die Merkmale einer höheren Ebene können die Elemente auf niedrigerer Ebene gleichermaßen beeinflussen (z.B. Didaktische Kompetenz des Lehrers die Matheleistung aller Schüler in seiner Klasse)
- Anders gesagt: Personen innerhalb eines Clusters sind sich ähnlicher, weil sie einem gemeinsamen Einfluss ausgesetzt sind
- Messwerte sind voneinander **abhängig**
- Folgen der Nichtbeachtung hierarchischer Datenstrukturen:
 - Falsche Prüfverteilung der Regressionskoeffizienten für Signifikanztests wird verwendet
 - α -Inflation, da die Nullhypothese (H_0) öfters fälschlich verworfen wird
 - **Ökologischer Fehlschluss** kann erfolgen

Ökologischer Fehlschluss



- Beispiel: Zusammenhang zwischen Therapiedosis und Symptomlast
- Es scheint ein positiver Zusammenhang zu bestehen. Führt mehr Therapie zu mehr Symptomen?
- Unsere Regression zeigt auch eine positive Steigung:

```
lm(Symptomschwere ~ Therapiestunden, data = data)
```

Call:

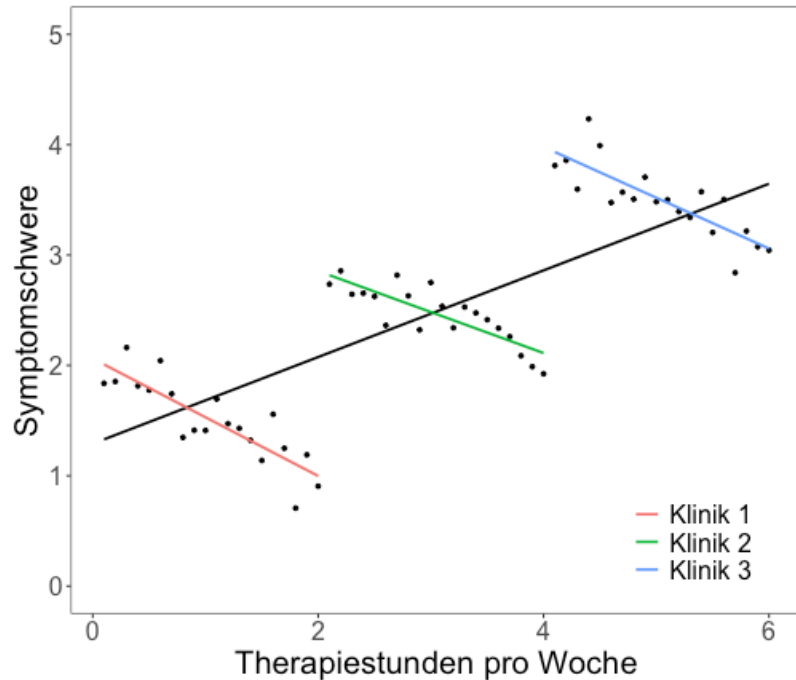
```
lm(formula = Symptomschwere ~ Therapiestunden, data = data)
```

Coefficients:

(Intercept)	Therapiestunden
1.2907	0.3926

- Wie könnte das Ergebnis zustande kommen?

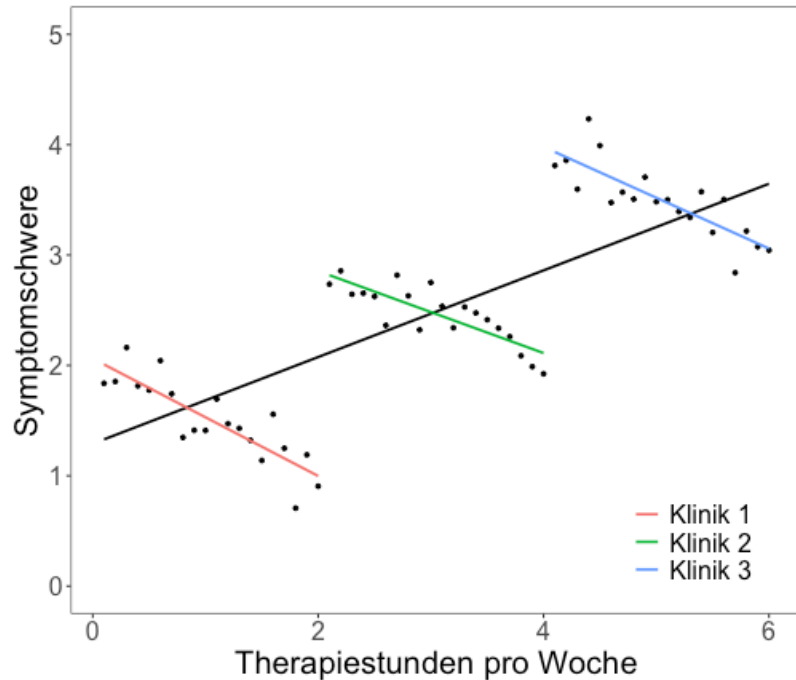
Ökologischer Fehlschluss



- Hierarchische Datenstruktur:
 - Klinik 1 behandelt leichte Depressionen
 - Klinik 2 behandelt mittelgradige Depressionen
 - Klinik 3 behandelt schwere Depressionen
- Patienten mit mehr Therapiesitzungen (z. B. 2x wöchentlich statt 1x) weisen eine schnellere Verbesserung in den Symptomen auf
- Innerhalb der Gruppen besteht ein negativer Zusammenhang zwischen Therapiesitzungen und Symptomschwere
- Nichtberücksichtigung der Hierarchie führt zu falscher Schlussfolgerung.

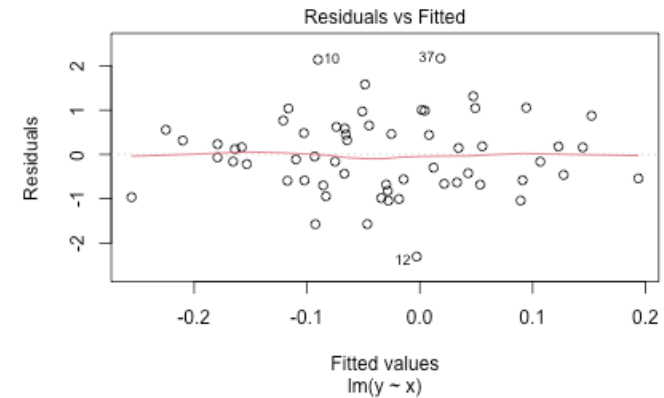
Mehrebenenanalyse - Lineare gemischte Modelle

Ökologischer Fehlschluss



Um zu Prüfen inwiefern Annahme unabhängiger ε_i verletzt ist können wir uns Plot der standardisierten ε_i gegen standardisierte vorhergesagte Werte anzeigen lassen:

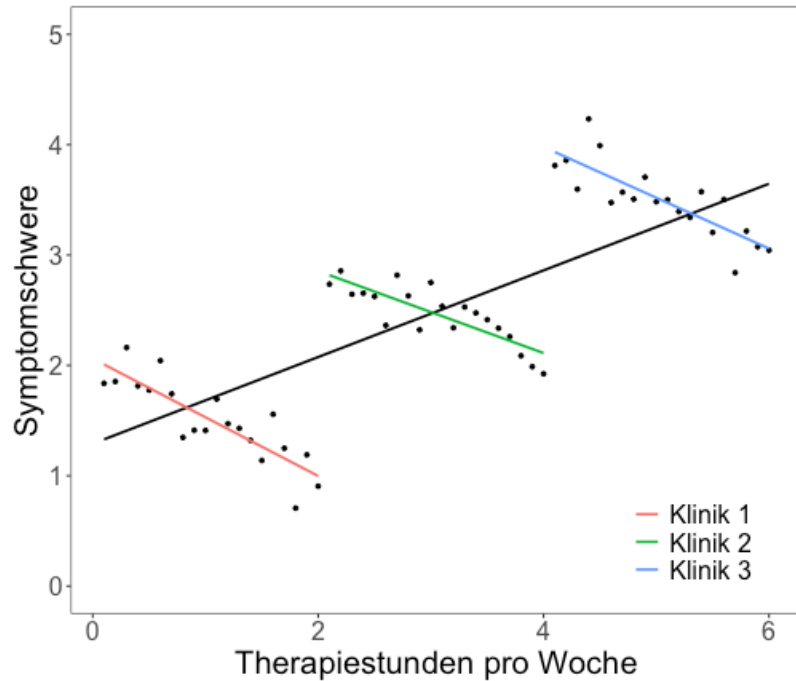
So in der Art sollte der Graph idealerweise aussehen:



→ keine Systematik, keine Cluster

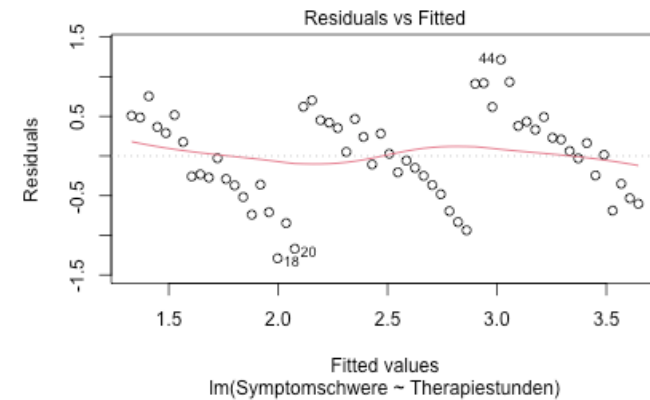
Mehrebenenanalyse - Lineare gemischte Modelle

Ökologischer Fehlschluss



Darstellung der Residuen für unser einfaches lineares Regressionsmodell:

```
model = lm(Symptomschwere ~ Therapiestunden, data = data)
plot(model, which = 1) # zum Darstellen der Residuen
```



→ Störeinflüsse hierarch. Datenstruktur sind sichtbar

Ökologischer Fehlschluss

Weitere Beispiele für Ökologischen Fehlschluss:

- Speed-accuracy-trade off
 - Höhere Geschwindigkeit geht mit weniger Fehlern einher (zwischen Personen)
 - Höhere Geschwindigkeit geht mit mehr Fehlern einher (innerhalb von Personen)
- Training und Müdigkeit
 - Mehr Training führt zu weniger Müdigkeit (zwischen Personen)
 - Mehr Training führt zu mehr Müdigkeit (innerhalb von Personen)
- ...

Lösungsansätze um hierarchische Daten zu berücksichtigen

Lösungsversuch: Gruppen getrennt modellieren

- 1 Regressionsmodell pro Gruppe → 1 Steigung pro Gruppe
- Problem 1: Overfitting innerhalb der Gruppen
- Problem 2: Wie soll man Innergruppeneffekte zusammenfassen, um zu einer Gesamtaussage zu kommen?
- Problem 3: Heterogenität innerhalb der Gruppen wird abgebildet, aber Heterogenität zwischen Gruppen wird ignoriert

Lösung: Regressionsansatz der...

- ... Effekt auf Gruppen- und Individualebene in einer Gleichung simultan schätzt
- ... diese dadurch voneinander abtrennbar macht
- ... Einflüsse von Prädiktoren auf beiden Ebenen schätzen kann

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Zur Erinnerung noch einmal unser normales (multiple) lineares Regressionmodell:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 \cdot X_{1i} + \beta_2 \cdot X_{2i} + \dots + \beta_k \cdot X_{ki} + \varepsilon_i, \quad \varepsilon_i \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$$

- $\beta_0, \beta_1, \beta_2, \dots$ repräsentieren die **durchschnittliche** Steigung der Regressionsgrade (engl. **fixed effects**).
- Da es sich um den Durchschnitt handelt, gibt es für jeden Koeffizienten ($\beta_0, \beta_1, \beta_2, \dots$) nur 1 Schätzwert.
- Wenn hierarchische Datenstruktur vorliegen können die Koeffizienten (z.B. von Schule zu Schule) variieren
- Wir benötigen ein flexibleres Modell, dass diese Unterschiede zwischen Koeffizienten auf Elementen höherer Hierarchielevels berücksichtigt

Was bedeutet "flexibleres Modell" mathematisch?

→ Variation der Regressionskoeffizienten auf höheren Hierarchiestufen simultan mitmodellieren (engl. **random effects**)

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Standard-Regression:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i$$

- Im Linear mixed Model dürfen Regressionsparameter variieren.

Wenn β_0 und β_1 in jedem Cluster der höheren Hierarchiestufen unterschiedlich sein dürfen:

$$y_{ij} = \beta_{0j} + \beta_{1j} x_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

β_{0j} = Regressionskonstante (Intercept) im Cluster j

β_{1j} = Steigungsparameter (Slope) im Cluster j

ε_{ij} = Fehlervariable (Residual Error) für die Person i in Cluster j

i = Index für Individuum

j = Index für Level-2-Einheit (Gruppenindikator)

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Standard-Regression:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i$$

- Im Linear mixed Model dürfen Regressionsparameter variieren.

Wenn β_0 und β_1 in jedem Cluster der höheren Hierarchiestufen unterschiedlich sein dürfen:

$$y_{ij} = \beta_{0j} + \beta_{1j} x_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

- Jede Person i in Cluster j hat einen Messwert x_{ij}
- Jedes Cluster j hat einen eigenen Y-Achsenabschnitt β_{0j}
- β_{0j} ist der durchschnittliche Y-Achsenabschnitt für Messwerte x_{ij} , d.h. aller Personen i in Cluster j
- Jedes Cluster j hat eine eigene Steigung β_{1j}
- β_{1j} ist die durchschnittliche Steigung für Messwerte x_{ij} , d.h. aller Personen i in Cluster j

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

- β_0 und β_1 sind die durchschnittlichen Koeffizienten im Regressionsmodell
- β_{0j} und β_{1j} können über die Level-2-Einheiten hinweg variieren
- β_{0j} und β_{1j} weisen also jeweils Varianz auf

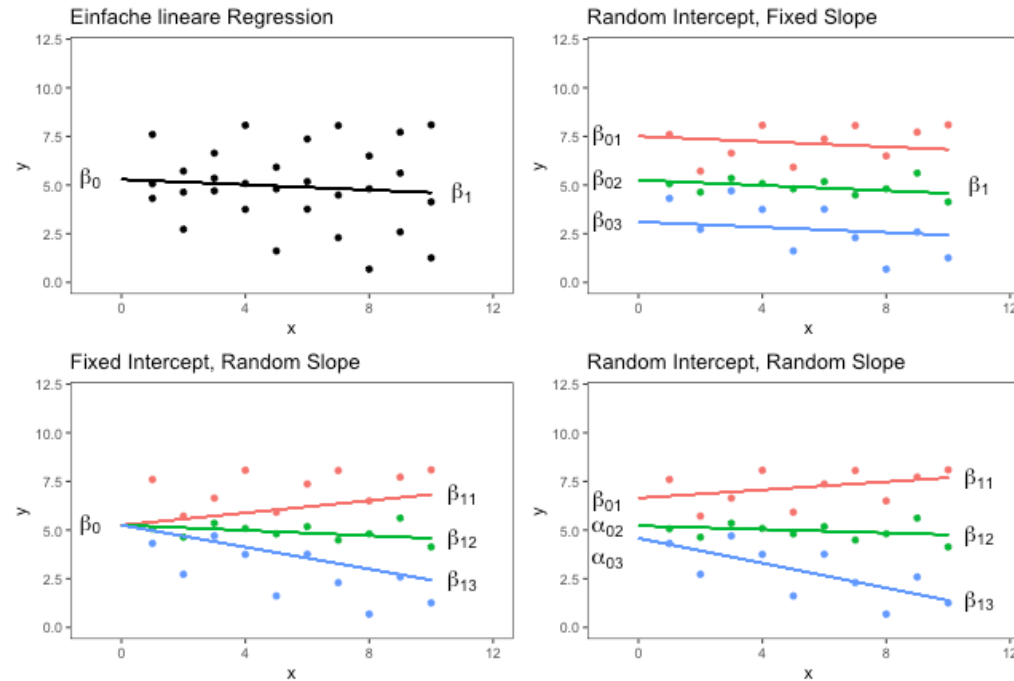
Nomenklatur Linearer gemischter Modelle:

- Den Durchschnittswert (z.B. der Steigung β_1) eines Regressionskoeffizienten nennen wir **Fixed Effekt**
- Die Varianz der (z.B. β_{1j}) um diesen Durchschnittswert (β_1) herum nennen wir **Random Effect**

Mehrebenenanalyse - Lineare gemischte Modelle

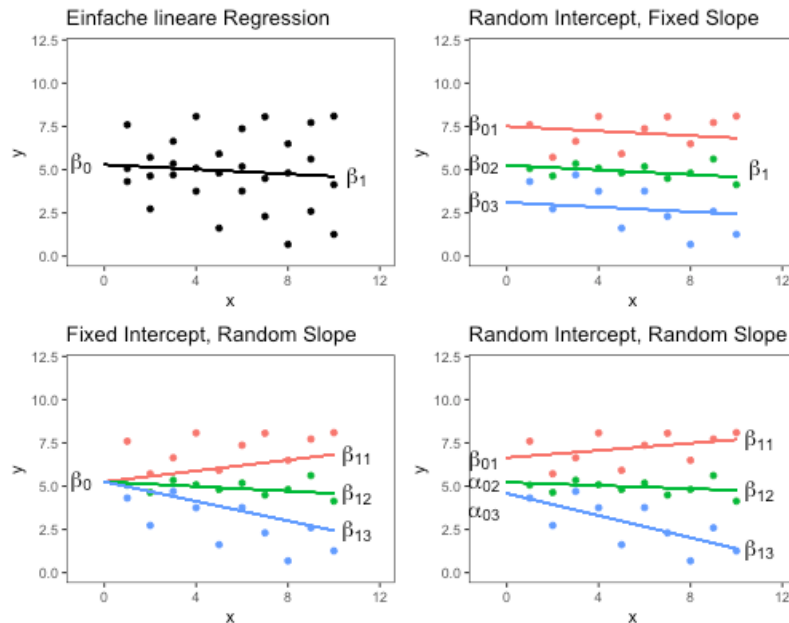
Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Es können auch Modelle geschätzt werden, die nur bezüglich des Y-Achsenabschnitts oder der Steigung variieren:



Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Es können auch Modelle geschätzt werden, die nur bezüglich des Y-Achsenabschnitts oder der Steigung variieren:



Einfache lineare Regression:

- Feste Parameter, keine Variation

Random Intercept, Fixed Slope (2-Level):

- Y-Achsenabschnitt darf zwischen Gruppen variieren
- Steigung ist über Gruppen hinweg fixiert

Fixed Intercept, Random Slope (2-Level):

- Y-Achsenabschnitt ist über Gruppen hinweg fixiert
- Steigung darf zwischen Gruppen variieren

Random Intercept, Random Slope (2-Level):

- Y-Achsenabschnitt und Steigung dürfen variieren

→ Wahl des Modells folgt theoretischen Überlegungen

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

- WICHTIG: Das Konzept **einer** Populations-Regressionsfunktion (Level 1) mit 1 Populations-Intercept und 1 Populations-Steigung wird beibehalten
- Unterschiedliche Intercepts/Steigungen der Gruppen werden auf Ebene der Fixed Effects **nicht** explizit als Interaktionseffekt modelliert
- β_0 und β_1 werden auf Level-2 als Kombination aus Durchschnittsintercept (γ_{00}), bzw. Durchschnittssteigung (γ_{01}) und einer Streuung (Fehler) modelliert.

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

- (Durchschnittliche) Fixed Effekte auf Level 1
- Berücksichtigung der Variation über cluster (z.B. Schulen) hinweg auf Level 2
- β_{0j} und β_{1j} werden als Funktion von Level-2-Parametern modelliert

Level 1 Gleichung:

$$y_{ij} = \beta_{0j} + \beta_{1j}x_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Level 2 Gleichung:

$$\beta_{0j} = \gamma_{00} + u_{0j}, \quad u_{0j} \sim \mathcal{N}(0, \tau_{00})$$

$$\beta_{1j} = \gamma_{10} + u_{1j}, \quad u_{1j} \sim \mathcal{N}(0, \tau_{11})$$

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Durch Berücksichtigung der Hierarchie (Clusterstruktur) gibt es **drei Quellen** von Zufallsvariationen:

1. Level-1-Zufallsfehler: r_{ij} in den y-Werten (Residuen): Abweichungen der Probandenwerte von der Regression.
2. Level-2-Abweichungen: u_{0j} der Random-Intercepts um den Populations-Intercept.
3. Level-2-Abweichungen: u_{1j} der Random-Slopes um die Durchschnittssteigung
 - Diese Koeffizienten quantifizieren (in Kombination) die Abweichung...
 - ...einer spezifischen Person vom Durchschnitt aller Personen (L1)
 - ...einer spezifischen Gruppe vom Durchschnitt aller Gruppen (L2).
 - Jede dieser Abweichungen wird als Varianz/Standardabweichung ausgedrückt
 - Es ergeben sich somit mehrere voneinander unterscheidbare Varianzkomponenten.

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Varianzkomponenten:

- σ^2 : Residualvarianz auf Level 1 (Varianz der ε_{ij})
- τ_{00} : Varianz der Y-Achsenabschnitte (Varianz der u_{0j})
- τ_{11} : Varianz der Steigungskoeffizienten (Varianz der u_{1j})
- τ_{01} : Kovarianz zwischen den Steigungskoeffizienten und Y-Achsenabschnitten (zwischen u_{0j} und u_{1j})
- τ_{01} : z.B., positive Kovarianz: Gruppen, die ein höheres Intercept haben, haben einen höheren Slope.
- Für jeden weiteren Prädiktor auf Level 1 gibt es (z.B. für den zweiten Prädiktor) ein β_{2j} mit den dazugehörigen Varianzkomponenten:
 - τ_{22} als Varianz der u_{2j} ,
 - τ_{21} als Kovarianz der u_{2j} und u_{1j} ,
 - τ_{20} als Kovarianz der u_{2j} und u_{0j} .

Mehrebenenanalyse - Lineare gemischte Modelle

Lineare gemischte Modelle (Linear mixed models)

Einsetzen in eine kombinierte Gleichung:

Level 1 Gleichung:

$$y_{ij} = \beta_{0j} + \beta_{1j}x_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Level 2 Gleichung:

$$\beta_{0j} = \gamma_{00} + u_{0j}$$

$$\beta_{1j} = \gamma_{10} + u_{1j}$$

Einsetzen von Level 2 in Level 1:

$$y_{ij} = \gamma_{00} + u_{0j} + (\gamma_{10} + u_{1j})x_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Umstellen und Ausmultiplizieren:

$$y_{ij} = \gamma_{00} + \gamma_{10}x_{ij} + u_{0j} + u_{1j}x_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

$$y_{ij} = \textit{fixed} + \textit{random}$$

Mehrebenenanalyse - Lineare gemischte Modelle

Fixed effects vs. Random effects

Fixed Effects (feste Effekte)

- Durchschnittliche Intercepts/Steigungen über alle Gruppen hinweg
- Häufig das, was uns beim Hypothesentesten interessiert!
- klassische (multiple) Regressionsmodelle enthalten nur feste Effekte

Random Effects (zufällige Effekte)

- Variation von Intercepts/Steigungen über Gruppen hinweg
- Ausmaß der Varianz kann geschätzt werden
- "Bereinigen" die festen Effekte vom Einfluss der hierarchischen Struktur

Mixed Effects (Regression) (gemischte Effekte)

- Regressionsmodelle, die fixed und random Effekte beinhalten

Lineare gemischte Modelle in R

In R gibt es mehrere Pakete zur Berechnung von linearen gemischten Modellen:

- **lme4**: Schnell, effizient und ideal für große Datensätze, jedoch ohne standardmäßige p -Werte.
- **lmerTest**: Fügt p -Werte und Freiheitsgrade zu **lme4** hinzu, jedoch etwas langsamer.
- **nlme**: Flexibel, unterstützt verschiedene Fehlerstrukturen, aber langsamer und komplexer.
- **glmmTMB**: Sehr flexibel, arbeitet mit nicht-normalverteilten Daten, jedoch komplexer in der Anwendung.
- **brms**: Bayesianische Modellierung mit großer Flexibilität, aber langsamer und erfordert Kenntnisse der Bayes-Statistik.
- **MCMCglmm**: Bayesianische MCMC-Modellierung, flexibel, aber langsam und komplex.
- **HLMdiag**: Diagnosen für hierarchische Modelle, nützlich in Kombination mit **lme4** oder **nlme**.
- **afex**: Vereinfachte ANOVA-ähnliche gemischte Modelle, jedoch weniger flexibel für komplexe Modelle.

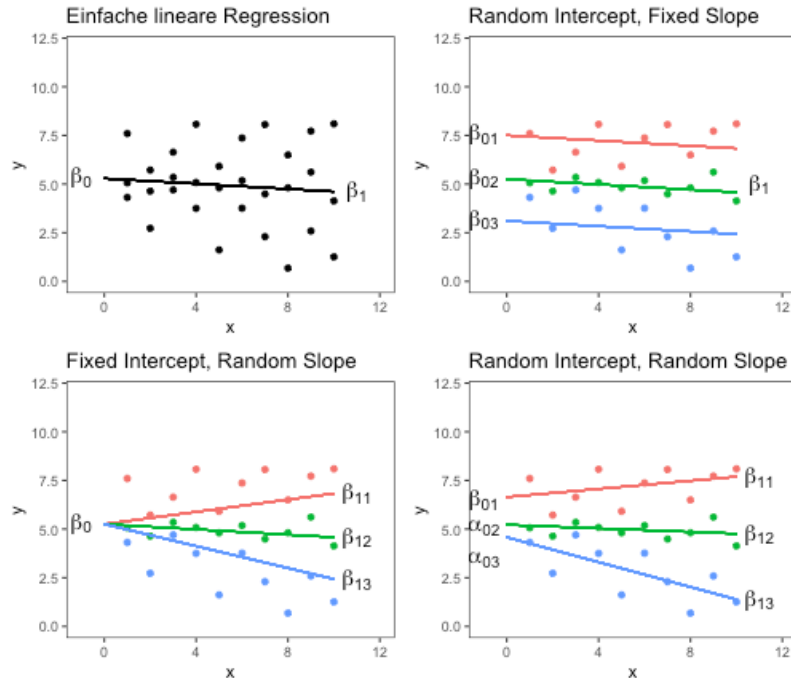
In der Lehrveranstaltung werden wir mit einer Kombination aus **lme4** und **lmerTest** arbeiten.

```
# Zur Installation der Pakete:
```

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

```
install.packages("lmerTest")
```

Lineare gemischte Modelle in R



Einfache lineare Regression:

```
lm(y ~ x, data = data)
```

Random Intercept, Fixed Slope (2-Level):

```
lmer(y ~ x + (1|group), data = data)
```

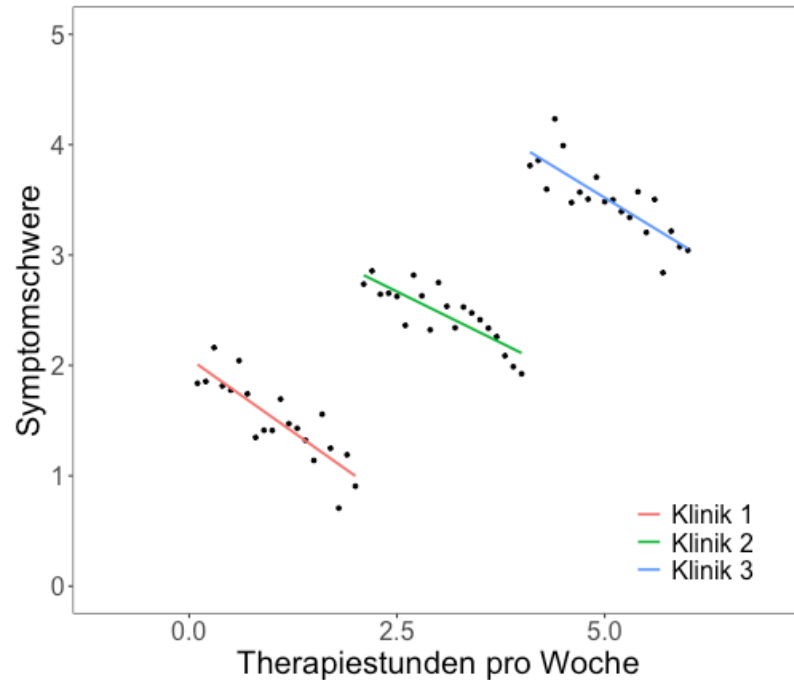
Fixed Intercept, Random Slope (2-Level):

```
lmer(y ~ x + (0 + x|group), data = data)
```

Random Intercept, Random Slope (2-Level):

```
lmer(y ~ x + (x|group), data = data)
```

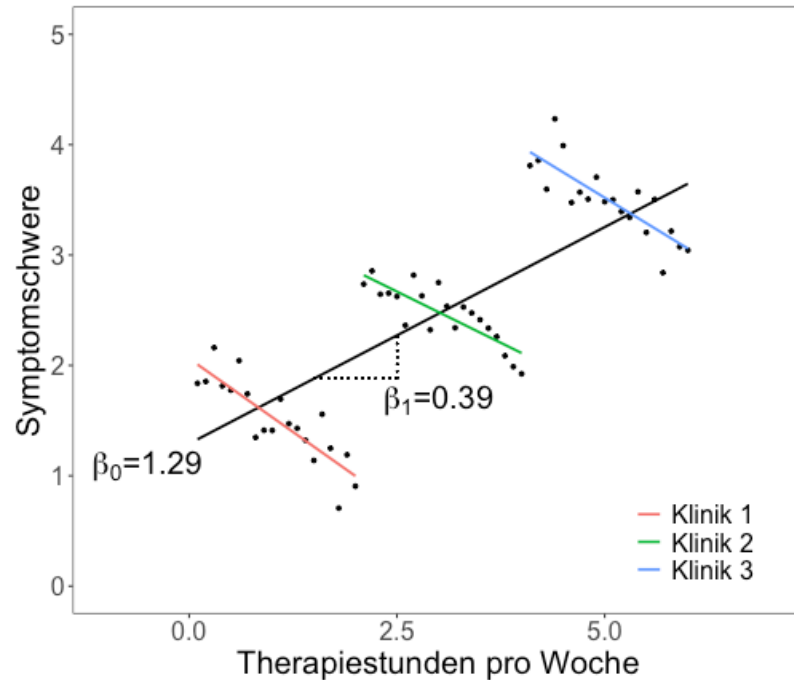
Lineare gemischte Modelle in R



Ansicht Datensatz in R (Ausschnitt):

	Therapiestunden	Symptomschwere	Klinik
1	0.1	1.84	Klinik 1
2	0.2	1.85	Klinik 1
3	0.3	2.16	Klinik 1
4	0.4	1.81	Klinik 1
5	0.5	1.78	Klinik 1
21	2.1	2.74	Klinik 2
22	2.2	2.86	Klinik 2
23	2.3	2.64	Klinik 2
24	2.4	2.65	Klinik 2
25	2.5	2.62	Klinik 2
26	2.6	2.36	Klinik 2
41	4.1	3.81	Klinik 3
42	4.2	3.86	Klinik 3
43	4.3	3.60	Klinik 3
44	4.4	4.23	Klinik 3
45	4.5	3.99	Klinik 3
46	4.6	3.48	Klinik 3

Lineare gemischte Modelle in R



Einfaches lineares Regressionsmodell:

```
model = lm(Symptomschwere ~ Therapiestunden, data = data)
summary(model)
```

Call:

```
lm(formula = Symptomschwere ~ Therapiestunden, data = data)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.2907	-0.3627	0.0208	0.4243	1.2157

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	1.29071	0.14575	8.856	2.30e-12 ***
Therapiestunden	0.39259	0.04156	9.448	2.44e-13 ***

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

Residual standard error: 0.5574 on 58 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.6061, Adjusted R-squared: 0.5993

F-statistic: 89.26 on 1 and 58 DF, p-value: 2.442e-13

Lineare gemischte Modelle in R

- Fixed Effekte
 - $\beta_0 = 1.29$ (Y-Achsenabschnitt)
 - $\beta_1 = 0.39$ (Steigung)
- Varianzkomponenten
 - $\sigma^2 = 0.5574^2 = 0.31$ (Residualvarianz)
- Interpretation:
 - Ignorieren der hierarchischen Datenstruktur
 - positive Steigung - mehr Therapie führt zu mehr Symptomen (ökologischer Fehlschluss)

Einfaches lineares Regressionsmodell:

```
model = lm(Symptomschwere ~ Therapiestunden, data = data)
summary(model)
```

Call:

```
lm(formula = Symptomschwere ~ Therapiestunden, data = data)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.2907	-0.3627	0.0208	0.4243	1.2157

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	1.29071	0.14575	8.856	2.30e-12 ***
Therapiestunden	0.39259	0.04156	9.448	2.44e-13 ***

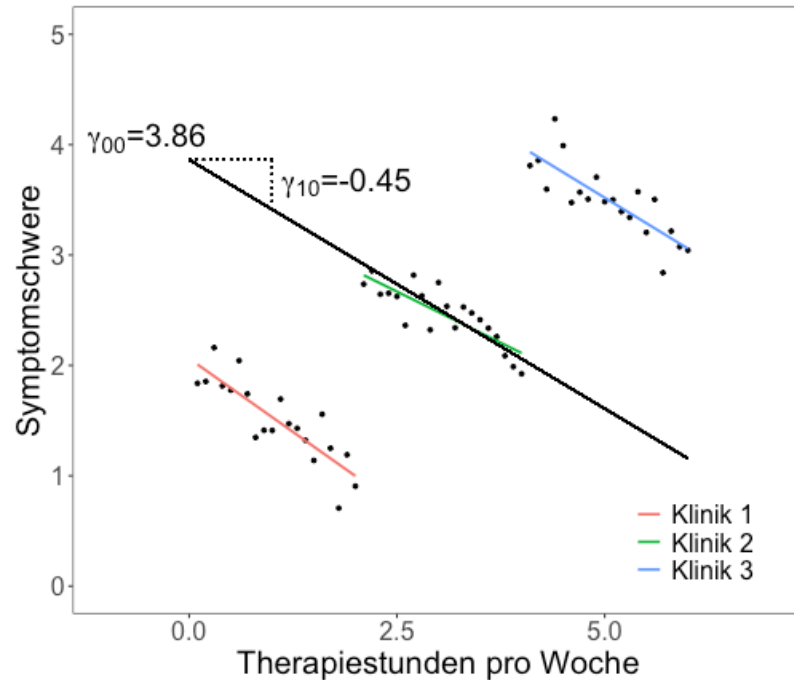
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.5574 on 58 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.6061, Adjusted R-squared: 0.5993

F-statistic: 89.26 on 1 and 58 DF, p-value: 2.442e-13

Lineare gemischte Modelle in R



Random Intercept, Fixed Slope Modell:

```
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1|Klinik), data = data)
summary(model)
```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1 | Klinik)
Data: data

REML criterion at convergence: -9.3

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.4940	-0.5752	-0.1298	0.5436	2.4178

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Klinik	(Intercept)	3.6108	1.9002
Residual		0.0339	0.1841

Number of obs: 60, groups: Klinik, 3

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	3.86411	1.10450	3.499
Therapiestunden	-0.45114	0.04114	-10.965

Correlation of Fixed Effects:

	(Intr)
Therapstndn	-0.114

Lineare gemischte Modelle in R

- Fixed Effekte
 - $\gamma_{00} = 3.86$
 - $\gamma_{10} = -0.45$
- Varianzkomponenten
 - $\sigma^2 = 0.03$
 - $\tau_{00} = 3.61$

-

Interpretation:

- Hierarchische Datenstruktur wird berücksichtigt
- negative Steigung - mehr Therapie führt zu weniger Symptomen
- Mit 1 zusätzlichen Therapiestunde nehmen Symptome um -0.45 Punkte ab

Random Intercept, Fixed Slope Modell:

```
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1|Klinik), data = data)
summary(model)
```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1 | Klinik)
Data: data

REML criterion at convergence: -9.3

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.4940	-0.5752	-0.1298	0.5436	2.4178

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Klinik	(Intercept)	3.6108	1.9002
Residual		0.0339	0.1841

Number of obs: 60, groups: Klinik, 3

Fixed effects:

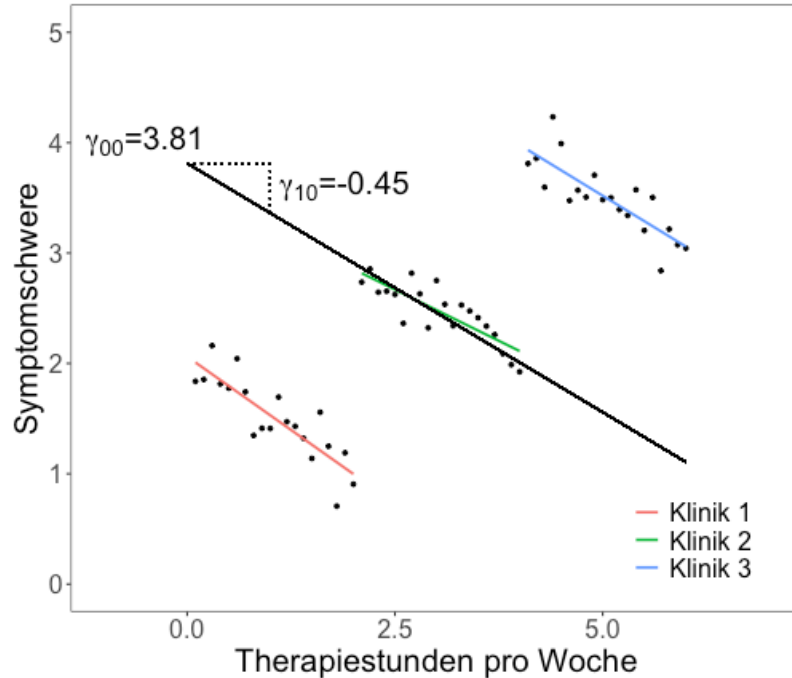
	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	3.86411	1.10450	3.499
Therapiestunden	-0.45114	0.04114	-10.965

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)
Therapstndn -0.114

Mehrebenenanalyse - Lineare gemischte Modelle

Lineare gemischte Modelle in R



Random Intercept, Random Slope Modell:

```
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden|Klinik), data = data)
summary(model)
```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']

Formula: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden | Klinik)

Data: data

REML criterion at convergence: -9.8

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.3469	-0.5817	-0.1171	0.5837	2.5651

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.	Corr
Klinik	(Intercept)	3.182983	1.78409	
	Therapiestunden	0.001463	0.03825	1.00
Residual		0.033578	0.18324	

Number of obs: 60, groups: Klinik, 3

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	3.8132	1.0376	3.675
Therapiestunden	-0.4511	0.0465	-9.701

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)

Therapstndn 0.367

optimizer (nloptwrap) convergence code: 0 (OK)

boundary (singular) fit: see help('isSingular')

Lineare gemischte Modelle in R

- Fixed Effekte
 - $\gamma_{00} = 3.81$ (durchschn. Y-Achsenabschnitt)
 - $\gamma_{10} = -0.45$ (durchschn. Steigung)
- Varianzkomponenten
 - $\sigma^2 = 0.03$ (Residualvarianz)
 - $\tau_{00} = 3.18$ (Varianz um durchschn. Y-Achsenabschnitt)
 - $\tau_{11} = 0.001$ (Varianz um durchschn. Steigung)
 - $\tau_{01} = 1$ (Korrelation Y-Achsenabschnitt und Steigung)

Random Intercept, Random Slope Modell:

```
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden|Klinik), data = data)
summary(model)
```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']

Formula: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden | Klinik)

Data: data

REML criterion at convergence: -9.8

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.3469	-0.5817	-0.1171	0.5837	2.5651

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.	Corr
Klinik	(Intercept)	3.182983	1.78409	
	Therapiestunden	0.001463	0.03825	1.00
Residual		0.033578	0.18324	

Number of obs: 60, groups: Klinik, 3

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	3.8132	1.0376	3.675
Therapiestunden	-0.4511	0.0465	-9.701

Correlation of Fixed Effects:

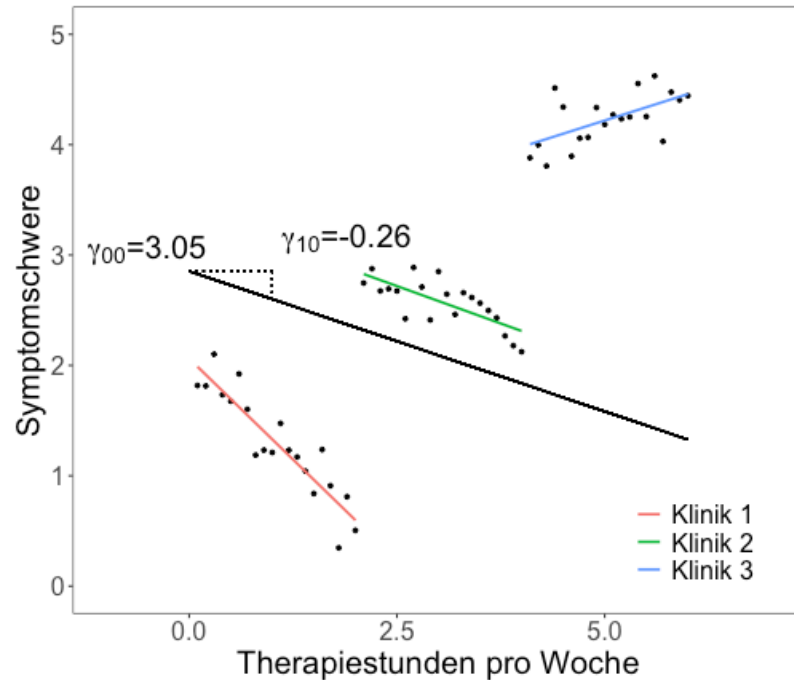
(Intr)

Therapstndn 0.367

optimizer (nloptwrap) convergence code: 0 (OK)

boundary (singular) fit: see help('isSingular')

Lineare gemischte Modelle in R



Random Intercept, Random Slope Modell:

```
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden|Klinik), data = data)
summary(model)
```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']

Formula: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden | Klinik)

Data: data

REML criterion at convergence: -7.5

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.16647	-0.64824	-0.07715	0.56942	2.21719

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.	Corr
Klinik	(Intercept)	0.49779	0.7055	
	Therapiestunden	0.21973	0.4688	0.84
Residual		0.03362	0.1834	

Number of obs: 60, groups: Klinik, 3

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	2.8546	0.4266	6.692
Therapiestunden	-0.2544	0.2736	-0.930

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)

Therapstndn 0.753

Lineare gemischte Modelle in R

- Fixed Effekte
 - $\gamma_{00} = 2.85$
 - $\gamma_{10} = -0.25$
- Varianzkomponenten
 - $\sigma^2 = 0.03$
 - $\tau_{00} = 0.5$
 - $\tau_{11} = 0.22$
 - $\tau_{01} = 0.838$

Random Intercept, Random Slope Modell:

```
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden|Klinik), data = data)
summary(model)
```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden | Klinik)
Data: data

REML criterion at convergence: -7.5

Scaled residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-2.16647	-0.64824	-0.07715	0.56942	2.21719

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.	Corr
Klinik	(Intercept)	0.49779	0.7055	
	Therapiestunden	0.21973	0.4688	0.84
	Residual	0.03362	0.1834	

Number of obs: 60, groups: Klinik, 3

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	2.8546	0.4266	6.692
Therapiestunden	-0.2544	0.2736	-0.930

Correlation of Fixed Effects:
(Intr)
Therapstndn 0.753

Einfluss der hierarchischen Struktur bestimmen

- Frage: Wie viel Hierarchie steckt in den Daten? Braucht es ein Linear mixed model?
- Mathematisch: Wie viel Varianz geht auf die Unterschiede zwischen Level-2 Einheiten zurück?
- Unconditional Random Effects Model (UREM) = Random-Intercept-Modell ohne Prädiktor
- Mithilfe des UREM wird eine Intra-Klassen-Korrelation (ICC) berechnet

```
model = lmer(Symptomschwere ~ 1 + (1|Klinik), data = data)
summary(model)
```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: Symptomschwere ~ 1 + (1 | Klinik)
Data: data

REML criterion at convergence: 53.1

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.86999	-0.49102	0.04661	0.56602	2.43104

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Klinik	(Intercept)	2.1648	1.4713
	Residual	0.1096	0.3311

Number of obs: 60, groups: Klinik, 3

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	2.6981	0.8505	3.172

Intra-Klassen-Korrelation:

$$ICC = \frac{\tau_{00}}{\tau_{00} + \sigma^2}$$

$$ICC = \frac{2.16}{2.16 + 0.11} = 0.96$$

96% der Gesamtvarianz können durch die Unterschiede zwischen den Kliniken erklärt werden.

→ Berücksichtigung der hierarchischen Struktur ist notwendig!

Hypothesentesten mit linearen gemischten Modellen - Freiheitsgrade (df)

Freiheitsgrade im LMM sind abhängig von der Intra-Klassen-Korrelation (ICC), dh. vom Ausmaß der Hierarchie in den Daten:

- $ICC = 1$:
 - Keine Varianz innerhalb der Cluster
 - alle Messwerte innerhalb eines Clusters sind identisch
 - df = Anzahl der Cluster (abzüglich der geschätzten Parameter für die Prädiktoren)
- $ICC = 0$:
 - Gruppenzugehörigkeit erklärt keine Varianz in den Messwerten. Das bedeutet
 - Messwert jeder Person variiert unabhängig von der Clusterzugehörigkeit frei variieren kann.
 - df = Anzahl der Personen (abzüglich der geschätzten Parameter)
- $0 < ICC < 1$:
 - Die Anzahl der Freiheitsgrade liegt irgendwo zwischen der Anzahl der Cluster (L2) und der Anzahl der Personen (L1).

Satterthwaite-Korrektur & Kenward-Roger-Korrektur (enthalten im `lmerTest` Paket):

Diese Korrekturen adjustieren Freiheitsgrade je nach ICC. Freiheitsgrade können auch dezimale Werte annehmen.

Hypothesentesten mit linearen gemischten Modellen - p -Werte

- Achtung: **lme4**, berichtet keine Freiheitsgrade oder eine der beiden Korrekturen — also auch keine p -Werte.
- R-Paket **lmerTest** erweitert **lme4** und liefert als default Freiheitsgrade auf Basis der Satterthwaite-Korrektur.
- **Unterschiede in Korrekturen:**
Je nach angewandter Korrektur können sich die Freiheitsgrade und p -Werte geringfügig unterscheiden.

```
# ohne lmerTest Paket:  
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1|Klinik), data = data)  
summary(model)$coefficients # $coefficients um nur fixed effects zu zeigen
```

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	3.447621	1.1541201	2.987229
Therapiestunden	-0.245737	0.0662906	-3.706966

- keine df und p -Werte
- Frequentistisches Hypothesentesten nicht möglich

```
library(lmerTest)  
model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1|Klinik), data = data)  
summary(model)$coefficients # $coefficients um nur fixed effects zu zeigen
```

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	3.447621	1.1541201	2.08900	2.987229	0.091259166
Therapiestunden	-0.245737	0.0662906	56.89018	-3.706966	0.000477163

- $\gamma_{10} = -0.25$, $t_{(56.90)} = -3.71$, $p = .0004$
- Mit zusätzlichen Therapiestunden erfolgte eine signifikante Symptomreduktion von -0.25 pro Einheit.

Hypothesentesten mit linearen gemischten Modellen - Konfidenzintervalle

- Zur Erinnerung: Konfidenzintervalle werden genutzt, um den Bereich anzugeben, in dem der wahre Wert einer Parameter-Schätzung mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit (z.B. 95%) liegt, und so die Unsicherheit der Schätzung zu quantifizieren.
- Nach Laden des **lmerTest** Pakets können auch Konfidenzintervalle mit Satterthwaite-Korrektur berechnet werden:

```
library(lmerTest)

model = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1|Klinik), data = data)

confint(model, level = 0.95)
```

	2.5 %	97.5 %
.sig01	0.8297828	4.741979
.sigma	0.2480310	0.358650
(Intercept)	0.8610277	6.066188
Therapiestunden	-0.3730128	-0.107600

→ Mit zusätzlichen Therapiestunden erfolgte eine signifikante Symptomreduktion ($\gamma_{10}=-0.26$, $CI_{95\%}$ -0.37 to -0.11).

Hypothesentesten mit linearen gemischten Modellen - Modellvergleiche

χ^2 -likelihood ratio test:

```
einfach = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1|Klinik), data = data)
komplex = lmer(Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden|Klinik), data = data)

anova(einfach, komplex)
```

Data: data

Models:

einfach: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1 | Klinik)

komplex: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden | Klinik)

	npars	AIC	BIC	logLik	-2*log(L)	Chisq	Df	Pr(>Chisq)
einfach	4	50.859	59.237	-21.4297	42.859			
komplex	6	2.321	14.887	4.8395	-9.679	52.538	2	3.904e-12 ***

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

Hypothesentesten mit linearen gemischten Modellen - Modellvergleiche

```
anova(einfach, komplex)
```

```
Data: data
Models:
einfach: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (1 | Klinik)
komplex: Symptomschwere ~ Therapiestunden + (Therapiestunden | Klinik)
      npar    AIC    BIC   logLik -2*log(L)  Chisq Df Pr(>Chisq)
einfach    4 50.859 59.237 -21.4297   42.859
komplex    6  2.321 14.887  4.8395  -9.679 52.538  2  3.904e-12 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Relativer Modellfit

- Akaike Information Criterion (AIC, kleiner = besser)
- Bayesian Information Criterion (BIC, kleiner = besser)

χ^2 -likelihood ratio test

- Aufgeklärte Varianz einfaches Modell vs. aufgeklärte Varianz komplexes Modell
- Im einfachen Modell müssen weniger Parameter geschätzt werden (**npar**)
- Signifikantes Ergebnis zeigt Überlegenheit des komplexeren Modells
- Nicht-signifikantes Ergebnis → einfaches / "sparsameres" Modell beibehalten

- Lineare gemischte Modelle ermöglichen Analyse von Daten mit **hierarchischen Datenstrukturen**.
- Nicht-Berücksichtigung hierarchischer Datenstrukturen führt zu **Fehlschlüssen** (z.B. ökologischer Fehlschluss).
- Lineare gemischte Modelle werden auf mehreren ineinander geschachtelten **Ebenen** analysiert.
- Lineare gemischte Modelle setzen sich aus **Fixed Effekten** und **Random Effekten** zusammen.
- Je nach Modellkomplexität dürfen unterschiedliche Modellkoeffizienten über Datenstrukturen **variieren** (Random Intercept, Random Slope).
- Ausmaß der hierarchischen Strukturen kann mittels **Intra-Klassen-Korrelation (ICC)** geschätzt werden.
- Signifikanztest der Modellkoeffizienten (Intercept, Steigungen) erfordern **Anpassung der Freiheitsgrade**.