

# Inferenzstatistik

R für empirische Wissenschaften v1.0.2

*Jan Philipp Nolte*

## Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einführung</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Stichprobenplanung und Power</b>	<b>3</b>
<b>3</b>	<b>Exkurs: Dollar-Operator</b>	<b>4</b>
<b>4</b>	<b>Voraussetzungen prüfen</b>	<b>5</b>
4.1	Normalverteilung	5
4.1.1	Q-Q Plot	5
4.1.2	Shapiro-Wilks Test	6
4.1.3	Kolgomorov-Smirnov Test	6
4.2	Varianzhomogenität	6
4.2.1	F-Test	6
4.2.2	Bartletts Test	7
4.2.3	Levene Test	8
<b>5</b>	<b>Testen</b>	<b>8</b>
5.1	Mittelwertsvergleich	8
5.1.1	t-Test	8
5.1.2	Welch-Test	9
5.1.3	Cohens'd	10
5.2	Regressionsanalysen	10
5.2.1	Einfache Lineare Regression	10
5.2.2	Multiple Lineare Regression	11
5.2.3	Informationskriterien und $R^2$	11
5.2.4	Logistische Regression	12
5.2.5	Hierarchische Regression	12
5.3	p-Wert Korrektur	13
5.4	Exkurs: Faktoren	13
5.5	Varianzanalysen	14
5.5.1	ANOVA	14
5.5.2	MANOVA	16
5.5.3	Kruskal-Wallis Test	17
5.6	Post-Hoc Tests	17
5.6.1	TukeyHSD	17
5.6.2	Post-Hoc-t-Tests	18

5.7	Korrelationskoeffizienten . . . . .	19
5.7.1	Produkt-Moment Korrelation nach Pearson . . . . .	19
5.7.2	Rangkorrelation nach Spearman . . . . .	19
5.7.3	Korrelationstabellen . . . . .	19
5.8	Kontingenztafeln . . . . .	20
5.8.1	Fisher-exact Test . . . . .	20
5.8.2	Mcnemars $\chi^2$ Test . . . . .	21
5.8.3	Pearsons $\chi^2$ Test . . . . .	21
<b>6</b>	<b>Explorative Faktorenanalyse . . . . .</b>	<b>21</b>
6.1	Naive Hauptkomponentenanalyse . . . . .	21
6.2	Maximum Likelihood Faktorenanalyse . . . . .	22
6.3	Scree Plot . . . . .	24

# 1 Einführung

Viele inferenzstatistische Verfahren sind direkt in R integriert. Ein paar Verfahren müssen wir jedoch mit externen Packages rechnen. Leider ist weder in **Base R** noch in den Packages eine wirklich konsistente, Pipe-freundliche Syntax gegeben. Außerdem sind die Outputs unbearbeitet nicht übersichtlich lesbar. Im Folgenden schauen wir uns diverse statistische Verfahren an und lassen uns die Ergebnisse in schöner Form mit Funktionen des **broom** (engl. für Besen) Packages wiedergeben. Aber dazu später mehr. Das Ziel dieses Kapitel ist das Vorstellen der Funktionen mit ihren Argumenten. Es dient mehr als Kompendium zum Nachschlagen, allerdings sollte man den grundlegenden Workflow verstanden und sich vor allem den Exkurs zu [Dollar-Operatoren](#) angeschaut haben. Bevor wir in die Inferenzstatistik eintauchen, schauen wir uns zuerst die Stichprobenplanung und Power-Berechnung an.

## 2 Stichprobenplanung und Power

Sowohl für die Stichprobenplanung als auch für die Power-Berechnung benötigen wir das Package **pwr**.

```
library(pwr)
```

Möchten wir nun zum Beispiel die optimale Stichprobengröße für eine ANOVA mit zwei Gruppen **k**, einer erwarteten Effektstärke **f** von .3 und einem  $\alpha$ -Niveau von 5% bei einer Power von 0.8 erhalten, benutzen wir `pwr.anova.test()` und setzen ein.

```
pwr.anova.test(k = 2,
               f = 0.3,
               sig.level = 0.05,
               power = 0.8)
```

```
##
##      Balanced one-way analysis of variance power calculation
##
##              k = 2
##              n = 44.58577
##              f = 0.3
##      sig.level = 0.05
##              power = 0.8
##
## NOTE: n is number in each group
```

Für andere Verfahren gibt es nach dem gleichen Schema entsprechende Funktionen (beispielsweise `pwr.t.test()`). Wenn man Post-Hoc die Power ausrechnen möchte, verwendet man die selbe Funktion. Anstelle des `power` Arguments schreiben wir aber diesmal die beobachtete Stichprobengröße **n** als Argument in die Funktion. Beachte, dass **f** auch hier die erwartete und nicht die beobachtete Effektstärke ist!

```
pwr.anova.test(k = 2,
               n = 30,
               f = 0.3,
               sig.level = 0.05)
```

```
##
##      Balanced one-way analysis of variance power calculation
##
##           k = 2
##           n = 30
##           f = 0.3
##      sig.level = 0.05
##           power = 0.6275046
##
## NOTE: n is number in each group
```

Falls die Stichprobenplanung für den gewünschten Test nicht in `pwr` implementiert ist, sei an dieser Stelle auf `g*Power` verwiesen.

### 3 Exkurs: Dollar-Operator

Während der Inferenzstatistik lässt es sich leider nicht vermeiden, ab und an das Dollarzeichen zu verwenden, um eine Spalte des Datensatzes auszuwählen. Warum geht es hier nicht einfach zuvor mit `select()`? Schauen wir uns mal genauer an, was die beiden Befehle jeweils zurückgeben.

```
tipp_wm %>%
  select(Person)
```

```
## # A tibble: 384 x 1
##   Person
##   <chr>
## 1 Thomas_Bayes
## 2 Thomas_Bayes
## 3 Thomas_Bayes
## 4 Thomas_Bayes
## 5 Thomas_Bayes
## 6 Thomas_Bayes
## 7 Thomas_Bayes
## 8 Thomas_Bayes
## 9 Thomas_Bayes
## 10 Thomas_Bayes
## # ... with 374 more rows
```

Während `select()` einen tibble mit der ausgewählten Spalte zurückgibt, erhält man durch

den Dollar-Operator einen Vektor. Was genau Vektoren ausmachen, ist an dieser Stelle nicht weiter wichtig und wird deshalb unter Extras erläutert. Um die Spalte ausgeben zu lassen, hat man immer das selbe Schema: `datensatzName$spaltenName`. Wollen wir aus dem Datensatz `tipp_wm` die Spalte `Person` herausziehen, schreiben wir einfach

```
tipp_wm$Person
```

```
## [1] "Thomas_Bayes" "Thomas_Bayes" "Thomas_Bayes" "Thomas_Bayes"  
## [5] "Thomas_Bayes" "Thomas_Bayes" "Thomas_Bayes" "Thomas_Bayes"  
## [9] "Thomas_Bayes" "Thomas_Bayes"
```

## 4 Voraussetzungen prüfen

Um zu entscheiden, welchen Test wir verwenden dürfen, müssen wir erst die Voraussetzungen prüfen.

### 4.1 Normalverteilung

Am besten prüft man die Normalverteilung rein graphisch mit Q-Q Plots.

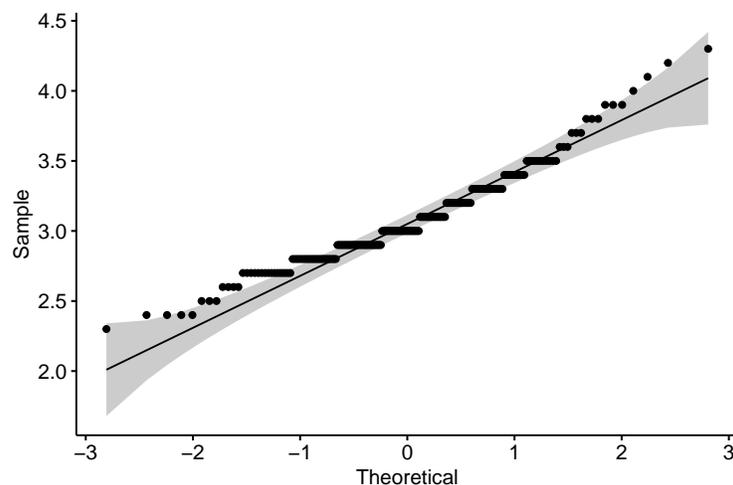
#### 4.1.1 Q-Q Plot

Dafür verwenden wir erneut das Package `ggpubr` (siehe Kapitel Visualisierungen).

```
library(ggpubr)
```

Als erstes Argument übergeben wir den Namen des Datensatzes. In Anführungszeichen schreiben wir als zweites Argument die zu überprüfende Spalte.

```
ggqqplot(big_five, "Extraversion")
```



### 4.1.2 Shapiro-Wilks Test

Alternativ kann auch der Shapiro-Wilks Test verwendet werden. Hier verwenden wir zum ersten mal die Dollar-Syntax. Der Funktion übergeben wir die Spalte `Extraversion` aus dem Datensatz `big_five`.

```
shapiro.test(big_five$Extraversion)
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data:  big_five$Extraversion  
## W = 0.95715, p-value = 9.845e-06
```

Nun sieht der p-Wert etwas seltsam aus. Bei SPSS und Stata wird unter `.001` nur noch `<.001` angezeigt. In base R hingegen wird bis  $2e-16$ , also  $2 \times 10^{-16}$  (`0.00000000000000002`) differenziert. Mit dem `broom` Package gibt es keine Untergrenze.

### 4.1.3 Kolgomorov-Smirnov Test

Die zu überprüfende Spalte wird genau wie beim Shapiro Wilks Test übergeben. Zusätzlich muss noch `rnorm` in Anführungszeichen zum Testen auf Normalverteilung übergeben werden.

```
ks.test(big_five$Extraversion, "rnorm")
```

```
##  
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test  
##  
## data:  big_five$Extraversion  
## D = 3.2754, p-value < 2.2e-16  
## alternative hypothesis: two-sided
```

## 4.2 Varianzhomogenität

Auch beim Testen der Varianzhomogenität gibt es drei bekannte Verfahren. Ab hier werden wir versuchen, ein konsistentes Schema zum Testen zu entwickeln.

### 4.2.1 F-Test

Zuerst rufen wir den F-Test mit `var.test()` auf. Angenommen wir möchten Extraversion zwischen den Geschlechtern auf Varianzhomogenität prüfen. Getrennt werden die Variablen durch eine sogenannte Tilde (`~`). Diese Schreibweise ist zwingend notwendig, wenn man als zweite Spalte eine kategorisierende Spalte wie `Geschlecht` (zwei Ausprägungsgrade) der Funktion übergibt. Um schön formatierte Ergebnisse zu erhalten, rufen wir zuletzt `tidy()`

auf, welches eine Funktion aus dem bereits erwähnten `broom` Package ist, auf das wir ständig zurückgreifen werden. Zuerst müssen wir also das Package laden. Da wir wieder die Pipe verwenden, müssen wir selbstverständlich auch das `tidyverse` wieder laden.

```
library(broom)
library(tidyverse)
```

Nun können wir den F-Test rechnen.

```
var.test(Extraversion ~ Geschlecht, data = big_five) %>%
  tidy()
```

```
## Multiple parameters; naming those columns num.df, denom.df
## # A tibble: 1 x 9
##   estimate `num df` `denom df` statistic p.value conf.low conf.high method
##   <dbl>    <int>    <int>    <dbl>  <dbl>    <dbl>    <dbl> <chr>
## 1     1.19     117      81     1.19  0.413    0.787    1.76 F tes~
## # ... with 1 more variable: alternative <chr>
```

Die Spalte `statistic` enthält die jeweilige Teststatistik – in dem Fall den F-Wert. Man kann den F-Test mit `alternative` für einseitig oder zweiseitige Tests und mit `conf.level` das  $\alpha$  Niveau anpassen. Nun wollen wir die Varianzhomogenität zwischen `Extraversion` und `Neurotizismus` überprüfen. Exemplarisch seien hier die veränderbaren zusätzlichen Argumente mit aufgelistet. Dies ist allerdings für Dich nur notwendig, wenn Du die Argumente verändern möchtest. Weil die zweite Variable keine kategorisierende ist, müssen wir wieder auf die Dollar-Syntax zurückgreifen (`datename$spaltenname`)

```
var.test(big_five$Extraversion, big_five$Neurotizismus,
         alternative = "two.sided",
         conf.level = 0.95) %>%
  tidy()
```

```
## Multiple parameters; naming those columns num.df, denom.df
## # A tibble: 1 x 9
##   estimate `num df` `denom df` statistic p.value conf.low conf.high
##   <dbl>    <int>    <int>    <dbl>  <dbl>    <dbl>    <dbl>
## 1     0.258     199     199     0.258 3.55e-20  0.196    0.342
## # ... with 2 more variables: method <chr>, alternative <chr>
```

#### 4.2.2 Bartlett's Test

Der Bartlett's Test funktioniert wie der F-Test. Nur können hier keine zusätzlichen Argumente übergeben werden.

```
bartlett.test(big_five$Extraversion ~ big_five$Geschlecht) %>%
  tidy()
```

```
## # A tibble: 1 x 4
##   statistic p.value parameter method
##   <dbl> <dbl> <dbl> <chr>
## 1 0.690 0.406 1 Bartlett test of homogeneity of variances
```

### 4.2.3 Levene Test

Für den Levene Test benötigen wir mit `car` ein externes Packages.

```
library(car)
```

Die Funktion ist leider nicht konsistent benannt, da der Funktionsname von keinem Punkt getrennt und zusätzlich das zweite Wort (Test) groß geschrieben wird. Also Achtung vor Tippfehlern! Ansonsten funktioniert hier alles wie gewohnt.

```
leveneTest(big_five$Extraversion, big_five$Geschlecht) %>%
  tidy()
```

```
## Warning in leveneTest.default(big_five$Extraversion, big_five$Geschlecht):
## big_five$Geschlecht coerced to factor.
```

```
## # A tibble: 2 x 4
##   term      df  statistic p.value
##   <chr> <int> <dbl> <dbl>
## 1 group     1 0.0000925 0.992
## 2 ""      198 NA      NA
```

## 5 Testen

Sind alle Voraussetzungen geprüft, geht es ans Testen.

### 5.1 Mittelwertsvergleich

Zwischen abhängigen und unabhängigen t-Tests sowie zwischen t-Test und Welch-Test besteht in R kaum ein syntaktischer Unterschied.

#### 5.1.1 t-Test

Schauen wir uns zuerst die grundlegende Funktion `t.test()` an. Dabei ändert sich nichts im Vergleich zu den vorherigen Tests auf Varianzhomogenität. Auch hier haben wir die Unterteilung durch die Tilde (`~`), wenn die zweite Spalte kategorisierend ist und die Dollar-Syntax bei zwei intervallskalierten Variablen.

```
t.test(Extraversion ~ Geschlecht, data = big_five,
       paired = FALSE,
       var.equal = TRUE) %>%
tidy()
```

```
## # A tibble: 1 x 9
##   estimate1 estimate2 statistic p.value parameter conf.low conf.high
##   <dbl>     <dbl>     <dbl> <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1     3.05     3.11     -1.27  0.204     198     -0.162     0.0347
## # ... with 2 more variables: method <chr>, alternative <chr>
```

Die Argumente `alternative` und `conf.level` können auch hier geändert werden. Entscheidend für einen abhängigen oder unabhängigen t-Test ist jedoch das `paired` Argument. Setze es auf `TRUE` für abhängige und auf `FALSE` für unabhängige Stichproben. Das Argument `var.equal` besagt, dass wir von Varianzhomogenität ausgehen (also einen t-test machen).

```
t.test(big_five$Extraversion, big_five$Neurotizismus,
       alternative = "two.sided",
       conf.level = 0.95,
       paired = FALSE,
       var.equal = TRUE) %>%
tidy()
```

```
## # A tibble: 1 x 9
##   estimate1 estimate2 statistic p.value parameter conf.low conf.high
##   <dbl>     <dbl>     <dbl> <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1     3.08     3.13     -1.05  0.292     398     -0.163     0.0493
## # ... with 2 more variables: method <chr>, alternative <chr>
```

### 5.1.2 Welch-Test

Bei heterogenen Varianzen muss man zum Verwenden des nicht-parametrischen Welch-Tests lediglich das `var.equal` Argument auf `FALSE` setzen.

```
t.test(big_five$Extraversion, big_five$Neurotizismus,
       alternative = "two.sided",
       conf.level = 0.95,
       paired = FALSE,
       var.equal = FALSE) %>%
tidy()
```

```
## # A tibble: 1 x 10
##   estimate estimate1 estimate2 statistic p.value parameter conf.low
##   <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl> <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1 -0.0570     3.08     3.13     -1.05  0.293     295.     -0.163
## # ... with 3 more variables: conf.high <dbl>, method <chr>,
```

```
## # alternative <chr>
```

In der method Spalte im Output steht nun auch Welch.

### 5.1.3 Cohens'd

Für die Effektstärke nach Cohen laden wir das Package `effsize`.

```
library(effsize)
```

Auch hier kommt die Dollar-Syntax zum Einsatz.

```
cohen.d(big_five$Extraversion, big_five$Neurotizismus)
```

```
##
## Cohen's d
##
## d estimate: -0.1054057 (negligible)
## 95 percent confidence interval:
##      inf      sup
## -0.30213641  0.09132499
```

In Klammern hinter der Effekstärke steht sogar direkt eine Einordnung über die Größe.

## 5.2 Regressionsanalysen

Auch bei Regressionsanalysen ändert sich nicht viel. Wichtig ist ab jetzt nur, dass die abhängige Variable auf der linken Seite der Tilde (~) steht und die unabhängigen Variablen auf der rechten Seite. Der Befehl heißt `lm()`, was für linear model steht.

### 5.2.1 Einfache Lineare Regression

Eine einfache lineare Regression erhalten wir noch nach genau dem selben Schema wie zuvor.

```
lm(Extraversion ~ Neurotizismus, data = big_five) %>%
  tidy()
```

```
## # A tibble: 2 x 5
##   term          estimate std.error statistic  p.value
##   <chr>         <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>
## 1 (Intercept)    2.96     0.116    25.7    7.01e-65
## 2 Neurotizismus  0.0354   0.0360    0.984   3.27e- 1
```

## 5.2.2 Multiple Lineare Regression

Möchten wir jetzt mehrere unabhängige Variablen auf Einfluss prüfen, müssen wir diese nur mit einem Pluszeichen hinzufügen.

```
lm(Extraversion ~ Neurotizismus + Geschlecht, data = big_five) %>%  
  tidy()
```

```
## # A tibble: 3 x 5  
##   term          estimate std.error statistic  p.value  
##   <chr>          <dbl>    <dbl>    <dbl>  <dbl>  
## 1 (Intercept)    2.90     0.123     23.5  5.95e-59  
## 2 Neurotizismus  0.0469   0.0367     1.28  2.03e- 1  
## 3 Geschlechtm    0.0768   0.0508     1.51  1.32e- 1
```

Wenn wir eine Interaktion zwischen Neurotizismus und Geschlecht erwarten würden, müsste man nur das Pluszeichen durch ein Multiplikationszeichen ersetzen.

```
lm(Extraversion ~ Neurotizismus * Geschlecht, data = big_five) %>%  
  tidy()
```

```
## # A tibble: 4 x 5  
##   term          estimate std.error statistic  p.value  
##   <chr>          <dbl>    <dbl>    <dbl>  <dbl>  
## 1 (Intercept)    3.04     0.167     18.2  5.39e-44  
## 2 Neurotizismus  0.00374  0.0504     0.0741 9.41e- 1  
## 3 Geschlechtm   -0.207    0.233    -0.889 3.75e- 1  
## 4 Neurotizismus:Geschlechtm 0.0917   0.0735     1.25  2.14e- 1
```

Denke daran, dass  $e - 1$  für  $\times 10^{-1}$  steht. Der p-Wert zur Interaktion wäre also 0.214.

## 5.2.3 Informationskriterien und $R^2$

Natürlich interessiert uns nicht nur der p-Wert, sondern auch die Effektstärke  $R^2$  und die Informationskriterien (AIC, BIC). Anstelle von `tidy()` schreiben wir dafür einfach `glance()`.

```
lm(Extraversion ~ Neurotizismus * Geschlecht, data = big_five) %>%  
  glance()
```

```
## # A tibble: 1 x 11  
##   r.squared adj.r.squared sigma statistic p.value  df logLik  AIC  BIC  
## *   <dbl>         <dbl> <dbl>    <dbl>  <dbl> <int> <dbl> <dbl> <dbl>  
## 1   0.0240         0.00911 0.345     1.61  0.188    4  -68.9  148.  164.  
## # ... with 2 more variables: deviance <dbl>, df.residual <int>
```

## 5.2.4 Logistische Regression

Für eine logistische Regression ändert sich der Befehl zu `glm()` (für Generalized linear model). Der Rest bleibt gleich. Zum exemplarischen Rechnen, müssen wir erst das Geschlecht numerisch kodieren.

```
big_five_new <- big_five %>%  
  mutate(Geschlecht = if_else(Geschlecht == "m", 1, 0))
```

Nun können wir wie gewohnt das Modell aufstellen.

```
glm(Geschlecht ~ Neurotizismus, data = big_five_new) %>%  
  tidy()
```

```
## # A tibble: 2 x 5  
##   term          estimate std.error statistic    p.value  
##   <chr>          <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>  
## 1 (Intercept)    0.878    0.161     5.44 0.000000154  
## 2 Neurotizismus -0.149    0.0503    -2.97 0.00337
```

## 5.2.5 Hierarchische Regression

Eine hierarchische Regression ist nichts anderes als das Vergleichen verschiedener linearer Modelle unter Hinzufügen von Variablen. Wir werden für eine größere Übersichtlichkeit die Modelle diesmal in Variablen speichern. Beachte, dass wir hier kein `tidy()` aufrufen, da wir die Informationskriterien der linearen Modelle später mit `glance()` vergleichen wollen.

```
model1 <- lm(Extraversion ~ Neurotizismus, data = big_five)  
model2 <- lm(Extraversion ~ Neurotizismus + Geschlecht, data = big_five)  
model3 <- lm(Extraversion ~ Neurotizismus + Geschlecht + Offenheit, data = big_five)
```

Um die Modelle nun zu vergleichen, rufen wir drei mal `glance()` auf. Die Ergebnisse binden wir zeilenweise zusammen. Wie genau `rbind()` funktioniert, wird im Kapitel Extras erklärt.

```
rbind(  
  glance(model1),  
  glance(model2),  
  glance(model3)  
)
```

```
## # A tibble: 3 x 11  
##   r.squared adj.r.squared sigma statistic p.value    df logLik   AIC   BIC  
## *   <dbl>         <dbl> <dbl>    <dbl>  <dbl> <int> <dbl> <dbl> <dbl>  
## 1  0.00486     -0.000164 0.347    0.967  0.327     2  -70.9  148.  158.  
## 2  0.0163       0.00630 0.345    1.63   0.198     3  -69.7  147.  161.  
## 3  0.0364       0.0216  0.343    2.47   0.0634    4  -67.7  145.  162.  
## # ... with 2 more variables: deviance <dbl>, df.residual <int>
```

## 5.3 p-Wert Korrektur

Für eine p-Wert Korrektur können wir schlichtweg eine neue Spalte an den Ergebnisoutput mit `mutate()` hängen. Die korrigierten p-Werte erhalten wir dabei durch `p.adjust()`. Die verschiedenen Korrekturverfahren sind beispielsweise Holm, Benjamini-Hochberg oder Bonferroni. Exemplarisch gehen wir von Interaktionen von allen unabhängigen Variablen aus, um mehr p-Werte zum Vergleichen zu erhalten.

```
lm(Extraversion ~ Neurotizismus * Geschlecht * Offenheit, data = big_five) %>%
  tidy() %>%
  mutate(p_adjusted = p.adjust(p.value, method = "BH"))
```

```
## # A tibble: 8 x 6
##   term                estimate std.error statistic p.value p_adjusted
##   <chr>                <dbl>    <dbl>    <dbl>  <dbl>    <dbl>
## 1 (Intercept)          5.48      1.56     3.50  5.72e-4  0.00457
## 2 Neurotizismus      -0.495    0.454    -1.09  2.77e-1  0.554
## 3 Geschlechtm       -0.882    2.31     -0.381 7.03e-1  0.970
## 4 Offenheit         -0.744    0.466    -1.60  1.12e-1  0.448
## 5 Neurotizismus:Geschlech~ 0.0272   0.719    0.0378 9.70e-1  0.970
## 6 Neurotizismus:Offenheit  0.153    0.135    1.14  2.56e-1  0.554
## 7 Geschlechtm:Offenheit  0.215    0.689    0.312  7.55e-1  0.970
## 8 Neurotizismus:Geschlech~ 0.0149   0.213    0.0696 9.45e-1  0.970
```

## 5.4 Exkurs: Faktoren

Für Varianzanalysen müssen wir einen bisher nicht erwähnten neuen Datentyp einführen - den Faktor. Faktoren sind Characters mit festgelegten Ausprägungsgraden. Wir schauen uns an dieser Stelle nur an, wie man Faktoren erstellen kann. Dabei greifen wir auf Funktionen aus dem Kapitel der Datenvorbereitung zu. Der Datensatz für die Varianzanalysen hat die Variablen `iq`, `kreativitaet`, `zeitpunkt`, `gruppe` und `person_id`.

```
## # A tibble: 90 x 5
##   iq kreativitaet zeitpunkt gruppe person_id
##   <dbl>        <dbl> <fct>    <fct>    <dbl>
## 1  96.6         76.2 t1        A          1
## 2 104.         57.0 t1        B          2
## 3 117.         63.5 t1        C          3
## 4  91.9         18.6 t1        D          4
## 5 110.         73.6 t1        E          5
## 6 124.         55.5 t1        F          6
## 7  97.2         51.4 t1        A          7
## 8 104.         71.8 t1        B          8
## 9 119.         53.8 t1        C          9
## 10 92.9         42.3 t1        D         10
```

```
## # ... with 80 more rows
```

Möchten wir nun aus der Gruppenspalte einen Faktor machen, geht dies mit `as.factor()`.

```
repeated %>%  
  mutate(gruppe = as.factor(gruppe))
```

Angenommen Du möchtest alle Spalten mit Charactern in Faktoren umformatieren, geht das mit `mutate_if()`.

```
repeated %>%  
  mutate_if(is.character, as.factor)
```

Für mehrere Spalten verwendet man wie gewohnt `mutate_at()`.

```
repeated %>%  
  mutate_at(vars(zeitpunkt, gruppe), as.factor)
```

Mehr müssen wir auch gar nicht über Faktoren wissen. Ohne Faktoren können wir jedoch weder Kontraste einstellen noch den Tukey Post-Hoc Test berechnen; also am besten immer die unabhängigen Variablen bei Varianzanalysen in Faktoren umwandeln.

## 5.5 Varianzanalysen

Vor jeder Varianzanalyse ohne Messwiederholung laden wir die drei Packages `car`, `sjstats` und `broom`.

```
library(car)  
library(sjstats)  
library(broom)
```

Außerdem müssen wir die Kontraste diagonal einstellen, da wir ansonsten verzerrte Ergebnisse erhalten können. Dafür einfach den folgenden Befehl kopieren und in der Form ausführen.

```
options(contrasts = c("contr.sum", "poly.sum"))
```

### 5.5.1 ANOVA

Die erste Zeile verändert sich syntaktisch nicht im Vergleich zu Regressionmodellen. Nur der Befehl ändert sich zu `aov()`. In der zweiten Zeile rufen wir aus dem `car` Package die `Anova()` Funktion auf (beachte das großgeschriebene A), wodurch wir den Typ der Quadratsummen kontrollieren können. SPSS gibt zum Beispiel standardmäßig Typ 3 aus, R hingegen normalerweise Typ 1. Als letztes rufen wir aus dem `sjstats` Package die Funktion `anova_stats()` auf, um unter anderem direkt zusätzlich die Varianzerklärungen  $\eta^2$  zu erhalten.

```
aov(iq ~ zeitpunkt + gruppe, data = repeated) %>%
  Anova(type = 3) %>%
  anova_stats()
```

```
## # A tibble: 4 x 12
##   term      sumsq meansq    df statistic p.value  etasq partial.etasq omegasq
##   <chr> <dbl> <dbl> <dbl>    <dbl> <dbl> <dbl>      <dbl>    <dbl>
## 1 (Int~ 9.22e5 9.22e5     1  4742.      0     0.98      0.983    0.98
## 2 zeit~ 4.01e2 2.00e2     2    1.03   0.361    0      0.025     0
## 3 grup~ 2.09e3 4.19e2     5    2.16   0.067  0.002    0.116    0.001
## 4 Resi~ 1.59e4 1.94e2    82     NA     NA     NA      NA      NA
## # ... with 3 more variables: partial.omegasq <dbl>, cohens.f <dbl>,
## #   power <dbl>
```

### 5.5.1.1 Kontraste einstellen

Schauen wir zuerst, wie die Kontraste für die Gruppenspalte aussehen. Innerhalb von `contrasts()` übergeben wir die gewünschte Spalte mit gewohnter Dollar-Syntax.

```
contrasts(repeated$gruppe)
```

```
##   [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## A    1    0    0    0    0
## B    0    1    0    0    0
## C    0    0    1    0    0
## D    0    0    0    1    0
## E    0    0    0    0    1
## F   -1   -1   -1   -1   -1
```

Möchtest Du nun die Kontraste anpassen, kannst Du dies manuell machen. Hierfür verwenden wir erneut `rbind()`. Dabei wird zeilenweise unsere Matrix erstellt.

```
contrasts(repeated$gruppe) <- rbind(c(-1, -1, -1, -1, -1),
                                     c(0, 0, 0, 0, 1),
                                     c(0, 0, 0, 1, 0),
                                     c(0, 0, 1, 0, 0),
                                     c(0, 1, 0, 0, 0),
                                     c(1, 0, 0, 0, 0))
```

### 5.5.1.2 Messwiederholung

Zur ANOVA mit Messwiederholung laden wir das Package `lmerTest`.

```
library(lmerTest)
```

Der Befehl zum Erstellen des Modells ändert sich zu `lmer()`. Ansonsten ist der einzige

Unterschied das Kontrollieren der zufälligen Effekte – hier die zufällig schwankenden IQ-Ausprägungen zwischen den Personen. Wir kontrollieren dies mit `(1|person_id)`. Der Rest bleibt gleich.

```
lmer(iq ~ zeitpunkt + gruppe + (1|person_id), data = repeated) %>%
  Anova(type = 3) %>%
  tidy()
```

```
## # A tibble: 3 x 4
##   term          statistic    df p.value
##   <chr>          <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 (Intercept)    3899.     1  0
## 2 zeitpunkt      2.88     2  0.237
## 3 gruppe         9.47     5  0.0918
```

Für die Effektstärke greifen wir erneut auf das `sjstats` Package zurück. Diesmal rufen wir die Funktion `r2()` auf.

```
lmer(iq ~ zeitpunkt + gruppe + (1|person_id), data = repeated) %>%
  r2()
```

```
##   Marginal R2: 0.130
##   Conditional R2: 0.320
```

## 5.5.2 MANOVA

Zum Rechnen multivariater Varianzanalysen wählen wir zuerst die abhängigen Variablen aus und konvertieren sie zu einer Matrix. Was es genau mit Matrizen auf sich hat, wird im Kapitel Extras erklärt.

```
AV <- repeated %>%
  select(iq, kreativitaet) %>%
  as.matrix()
```

Für MANOVAs benötigen wir wieder die `lm()` Funktion. Das hängt damit zusammen, dass unter jeder ANOVA eine Regression steckt und `aov()` nur eine spezielle Art ist, den `lm()` Befehl auszuführen. MANOVAs funktionieren nicht mit `aov()`! Außerdem ändert sich `Anova()` zu `Manova()` und wir können den Output nicht mit `tidy()` aufräumen.

```
lm(AV ~ gruppe + zeitpunkt, data = repeated) %>%
  Manova(type = 3)
```

```
##
## Type III MANOVA Tests: Pillai test statistic
##           Df test stat approx F num Df den Df Pr(>F)
## (Intercept) 1  0.98595  2841.28     2    81 <2e-16 ***
## gruppe      5  0.15931    1.42    10   164  0.1757
## zeitpunkt   2  0.03310    0.69     4   164  0.5999
```

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

Dabei steht  $\Pr(>F)$  für den p-Wert. Für Vergleiche innerhalb der jeweiligen abhängigen Variable, benutze `summary.aov()`.

```
lm(AV ~ gruppe + zeitpunkt, data = repeated) %>%
  summary.aov()
```

```
## Response iq :
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## gruppe      5  2095.0   419.00  2.1559 0.06693 .
## zeitpunkt   2   400.9   200.46  1.0314 0.36108
## Residuals  82 15936.9   194.35
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Response kreativitaet :
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## gruppe      5  1167.0   233.40  0.7401 0.5956
## zeitpunkt   2   184.7    92.33  0.2928 0.7470
## Residuals  82 25860.2   315.37
```

### 5.5.3 Kruskal-Wallis Test

Beim nicht-parametrischen Kruskal-Wallis Test verändert sich syntaktisch nichts im Vergleich zu Regressionsmodellen und Varianzanalysen.

```
kruskal.test(iq ~ gruppe, data = repeated) %>%
  tidy()
```

```
## # A tibble: 1 x 4
##   statistic p.value parameter method
##   <dbl> <dbl> <int> <chr>
## 1     9.67 0.0853         5 Kruskal-Wallis rank sum test
```

## 5.6 Post-Hoc Tests

Im folgenden seien zwei mögliche Post-Hoc Vergleiche vorgestellt.

### 5.6.1 TukeyHSD

Für den Test von Tukey auf Honest Significant Differences (HSD) ändert sich nicht viel im Vergleich zur ANOVA. Nur wird nach der ANOVA die Funktion `TukeyHSD()` aufgerufen und

dann der Output ins aufgeräumte Format gebracht.

```
aoi(iq ~ zeitpunkt * gruppe, data = repeated) %>%  
  TukeyHSD() %>%  
  tidy()
```

```
## # A tibble: 171 x 6  
##   term      comparison estimate conf.low conf.high adj.p.value  
##   <chr>    <chr>          <dbl>   <dbl>   <dbl>     <dbl>  
## 1 zeitpunkt t2-t1          -5.15   -13.8    3.47      0.331  
## 2 zeitpunkt t3-t1          -2.23   -10.9    6.39      0.810  
## 3 zeitpunkt t3-t2           2.92    -5.70   11.5      0.697  
## 4 gruppe    B-A            7.45    -7.47   22.4      0.689  
## 5 gruppe    C-A            3.34   -11.6    18.3      0.986  
## 6 gruppe    D-A           -2.54   -17.5    12.4      0.996  
## 7 gruppe    E-A           11.4    -3.51   26.3      0.233  
## 8 gruppe    F-A           -0.124  -15.0    14.8      1.000  
## 9 gruppe    C-B           -4.11   -19.0    10.8      0.966  
## 10 gruppe   D-B           -9.99   -24.9    4.93      0.375  
## # ... with 161 more rows
```

## 5.6.2 Post-Hoc-t-Tests

Hier müssen wir erneut auf den Dollar Operator zurückgreifen. Als zusätzliches Argument kann man mit `p.adjust.method()` die Korrekturmethode festlegen.

```
pairwise.t.test(repeated$iq, repeated$gruppe,  
                p.adjust.method = "none")
```

```
##  
## Pairwise comparisons using t tests with pooled SD  
##  
## data:  repeated$iq and repeated$gruppe  
##  
##   A      B      C      D      E  
## B 0.1472 -      -      -      -  
## C 0.5132 0.4224 -      -      -  
## D 0.6192 0.0531 0.2512 -      -  
## E 0.0277 0.4392 0.1171 0.0075 -  
## F 0.9807 0.1407 0.4978 0.6363 0.0261  
##  
## P value adjustment method: none
```

## 5.7 Korrelationskoeffizienten

Es gibt einen Unterschied, ob man die Korrelation zwischen zwei Variablen berechnen (mit p-Wert) oder eine Korrelationstabelle mit allen Korrelation erhalten möchte.

### 5.7.1 Produkt-Moment Korrelation nach Pearson

Die Standardeinstellung für `cor.test` ist die Produkt-Moment Korrelation nach Pearson. Die Argumente `method`, `alternative` und `conf.level` sind also optional.

```
cor.test(big_five$Extraversion, big_five$Neurotizismus,
         method = "pearson",
         alternative = "two.sided",
         conf.level = .95) %>%
  tidy()

## # A tibble: 1 x 8
##   estimate statistic p.value parameter conf.low conf.high method
##   <dbl>     <dbl> <dbl>     <int>   <dbl>   <dbl> <chr>
## 1  0.0697     0.984  0.327     198  -0.0697  0.206 Pearson's produ~
## # ... with 1 more variable: alternative <chr>
```

### 5.7.2 Rangkorrelation nach Spearman

Für die Rangkorrelation nach Spearman muss man lediglich das `method` Argument entsprechend anpassen (natürlich müssen die Variablen eigentlich ordinal sein).

```
cor.test(big_five$Extraversion, big_five$Neurotizismus,
         method = "spearman",
         alternative = "two.sided",
         conf.level = .95) %>%
  tidy()

## Warning in cor.test.default(big_five$Extraversion,
## big_five$Neurotizismus, : Cannot compute exact p-value with ties

## # A tibble: 1 x 5
##   estimate statistic p.value method alternative
##   <dbl>     <dbl> <dbl> <chr>         <chr>
## 1  0.0487 1268305.  0.493 Spearman's rank correlation rho two.sided
```

### 5.7.3 Korrelationstabellen

Nun kann es schon mal vorkommen, dass man mehr als zwei Variablen miteinander in einer Korrelationstabelle untersuchen möchte. Zuerst wählen wir im `repeated` Datensatz alle

numerischen Spalten aus.

```
repeated_num <- repeated %>%  
  select_if(is.numeric)
```

Dann verwenden wir die Funktion `cor()`.

```
cor(repeated_num)
```

```
##                iq kreativitaet  person_id  
## iq                1.00000000  0.01162833 -0.15539732  
## kreativitaet    0.01162833  1.00000000  0.03990274  
## person_id      -0.15539732  0.03990274  1.00000000
```

## 5.8 Kontingenztafeln

Eine Kontingenztafel erstellt man einfach mit `table()`. Möchten wir zum Beispiel wissen, welches der Geschlechter häufiger eine starke Ausprägung von Extraversion mit über 3.5 haben, schreiben wir einfach

```
table(big_five$Geschlecht, big_five$Extraversion > 3.5)
```

```
##  
##   FALSE TRUE  
## f   108   10  
## m    76    6
```

Schauen wir uns nun an, wie man Kontingenztafeln analysiert. Angenommen wir haben vorherige Kontingenztafel als `tbl` gespeichert.

### 5.8.1 Fisher-exact Test

Für den Fisher-Exact Test für  $2 \times 2$  Kontingenztafeln, müssen wir nun lediglich unsere Kontingenztafel `tbl` der Funktion `fisher.test()` übergeben. Auch hier bereinigen wir den Output mit `tidy()`.

```
fisher.test(tbl) %>%  
  tidy()
```

```
## # A tibble: 1 x 6  
##   estimate p.value conf.low conf.high method alternative  
##   <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <chr> <chr>  
## 1 0.853 1.000 0.244 2.72 Fisher's Exact Test for~ two.sided
```

Die Spalte `estimate` im Output ist in dem Fall die Odds ratio.

## 5.8.2 McNemars $\chi^2$ Test

Das gleiche gilt für den Mcenamr Test. Hier sparen wir uns `tidy()`, weil der Output ohnehin bereits schön aufgeräumt aussieht.

```
mcnemar.test(tbl)

##
## McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  tbl
## McNemar's chi-squared = 49.128, df = 1, p-value = 2.398e-12
```

## 5.8.3 Pearsons $\chi^2$ Test

Und auch beim asymptotischen  $\chi^2$ -Test nach Pearson läuft es nach dem selben Schema ab.

```
chisq.test(tbl)

##
## Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction
##
## data:  tbl
## X-squared = 0.001011, df = 1, p-value = 0.9746
```

# 6 Explorative Faktorenanalyse

Kommen wir nun zum letzten Thema – der explorativen Faktorenanalyse. Dabei betrachten wir zwei Verfahren: die Principal Component Analysis (PCA) und die Maximum Likelihood Faktorenanalyse (EFA). Zuerst wählen wir alle numerischen Spalten aus dem `big_five` Datensatz aus (alle anderen sind unbrauchbar).

```
num_data <- big_five %>%
  select_if(is.numeric)
```

## 6.1 Naive Hauptkomponentenanalyse

Für die naive Hauptkomponentenanalyse (PCA) muss man keine Annahmen über die Faktorenanzahl treffen. Das einzige Argument, was man der Funktion `princomp()` übergeben muss, ist der Datensatz.

```
fit <- princomp(num_data)
```

Die Ladungen der Faktoren auf die Komponenten erhalten wir mit `loadings()`.

```
loadings(fit)
```

```
##
## Loadings:
##           Comp.1 Comp.2 Comp.3 Comp.4 Comp.5 Comp.6
## Alter           1.000
## Extraversion           -0.609  0.300           0.726
## Neurotizismus           0.980  0.150  0.127
## Vertraeglichkeit           -0.673           -0.502 -0.535
## Gewissenhaftigkeit           0.153 -0.391 -0.509  0.719 -0.218
## Offenheit           -0.794 -0.472  0.373
##
##           Comp.1 Comp.2 Comp.3 Comp.4 Comp.5 Comp.6
## SS loadings   1.000  1.000  1.000  1.000  1.000  1.000
## Proportion Var 0.167  0.167  0.167  0.167  0.167  0.167
## Cumulative Var 0.167  0.333  0.500  0.667  0.833  1.000
```

## 6.2 Maximum Likelihood Faktorenanalyse

Bei einer EFA muss man die Faktorenanzahl und die Rotationsart festlegen. Bei 5 erwarteten Faktoren und einer orthogonalen Rotation erhält man die Faktorenanalyse mit `factanal()` wie folgt

```
fac <- factanal(num_data, factors = 2, rotation = "varimax")
```

Möchte man im Output übersichtlich nur Werte mit 2 Nachkommastellen in absteigender Form mit Werten größer 0.3, benutzt man `print()`.

```
fac %>%
  print(digits = 2, cutoff = 0.3, sort = TRUE)
```

```
##
## Call:
## factanal(x = num_data, factors = 2, rotation = "varimax")
##
## Uniquenesses:
##           Alter           Extraversion           Neurotizismus
##           0.96           0.00           0.91
##   Vertraeglichkeit Gewissenhaftigkeit           Offenheit
##           0.77           0.76           0.76
##
## Loadings:
##           Factor1 Factor2
## Extraversion   0.97
## Alter
```

```
## Neurotizismus
## Vertraeglichkeit    0.46
## Gewissenhaftigkeit  0.30    0.39
## Offenheit           0.49
##
##                Factor1 Factor2
## SS loadings        1.26    0.58
## Proportion Var     0.21    0.10
## Cumulative Var     0.21    0.31
##
## Test of the hypothesis that 2 factors are sufficient.
## The chi square statistic is 5.13 on 4 degrees of freedom.
## The p-value is 0.274
```

Möchte man mit den Ergebnissen weiterrechnen, kann man auch hier wieder `tidy()` verwenden.

```
fac %>%
  tidy()
```

```
## # A tibble: 6 x 4
##   variable      uniqueness    f11    f12
## * <chr>          <dbl>  <dbl> <dbl>
## 1 Alter           0.960 -0.0281 0.199
## 2 Extraversion    0.005  0.970 -0.234
## 3 Neurotizismus  0.912  0.136  0.264
## 4 Vertraeglichkeit 0.766  0.457  0.157
## 5 Gewissenhaftigkeit 0.755  0.300  0.393
## 6 Offenheit       0.763 -0.0217 0.486
```

Das Kaiser-Maier-Olkin Kriterium erhält man mit der `KMO()` Funktion aus dem `psych` Package.

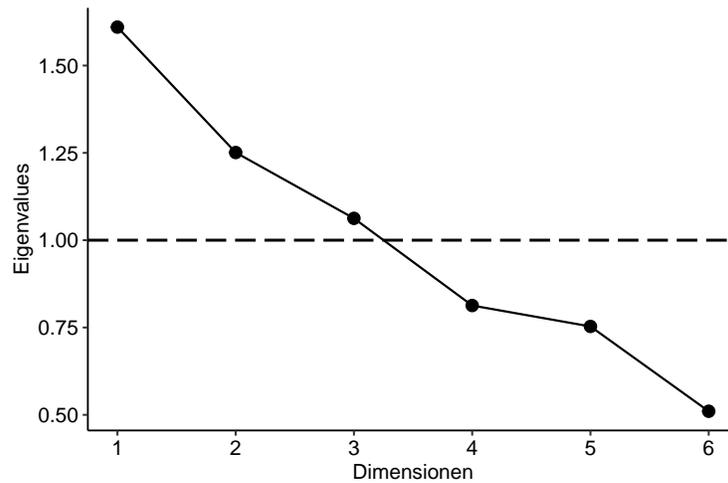
```
KMO(num_data)
```

```
## Kaiser-Meyer-Olkin factor adequacy
## Call: KMO(r = num_data)
## Overall MSA = 0.51
## MSA for each item =
##           Alter      Extraversion      Neurotizismus
##           0.43           0.48           0.61
## Vertraeglichkeit Gewissenhaftigkeit      Offenheit
##           0.52           0.60           0.45
```

## 6.3 Scree Plot

Den Scree Plot erhalten wir nach Laden von `rBasics` mit `scree_plot()`. Dabei gibt die Funktion einen `ggplot` zurück.

```
scree_plot(num_data)
```



Wir erinnern uns, alle Graphen aus dem Package `ggpubr` (siehe Kapitel Visualisierungen) basieren auf `ggplot2`. Das heißt, wir können den Graphen ganz normal mit `ggpar()` anpassen. Angenommen wir hätten den Graphen als `plot` gespeichert, könnten wir die Parameter einfach anpassen mit

```
ggpar(plot,  
  font.x = 14,  
  font.y = 14,  
  font.tickslab = 14,  
  ylim = c(0.4, 1.6))
```

