

Mehr als Optimal Matching: Überblick über den aktuellen Stand der Sequenzanalyse

Workshop für WiMis des Fachbereichs Sozialökonomie und Interessierte

Matthias Pohlig (matthias.pohlig@wiso.uni-hamburg.de)

Termin: Mittwoch, 14.09.2016, 14-17 Uhr

Raum: 2.16 (Welckerstr. 8)

Die Sequenzanalyse hat sich in der Lebenslaufforschung als explorative insb. typenbildende Methode etabliert und wird auch zunehmend in anderen Forschungsfeldern verwendet. In den letzten Jahren hat sie sich schnell entwickelt: Eine Vielzahl von Algorithmen wurde vorgeschlagen, die für sozialwissenschaftliche Fragestellungen besser angepasst sind. Mit der Diskrepanzanalyse wurde eine Möglichkeit vorgestellt, den Einfluss von unabhängigen Variablen auf die Unterschiede zwischen Sequenzen zu prüfen. Die angewandte Forschung verwendet meist noch einen „klassischen“ Optimal Matching Algorithmus. Der Workshop gibt daher einen Überblick über den aktuellen Stand und die Möglichkeiten der Sequenzanalyse anhand von einem Anwendungsbeispiel mit EU-SILC Längsschnittdaten und dem R-Paket TraMineR. Nach einer Einführung in die Sequenzanalyse wird das „klassische“ Optimal Matching (OM) und ausgewählte Erweiterungen und Alternativen vorgestellt. Anschließend wird die sog. Diskrepanzanalyse erläutert, die eine Art ANOVA für Sequenzdistanzen ist. Im angewandten Teil des Workshops werden Sequenzdaten beschrieben und visualisiert. Mittels der vorgestellten Distanz-Algorithmen wird eine Typologie von Sequenzen erstellt und der Einfluss einer unabhängigen Variable auf die Sequenzdistanzen getestet. Am Ende des Workshops besteht die Möglichkeit, Fragen zur Sequenzanalyse zu stellen und im Workshop zu diskutieren. Anmeldungen bitte per Mail an matthias.pohlig@wiso.uni-hamburg.de. Fragen auch gerne vorab per Mail.

Inhalt

1. Einführung: Was ist Sequenzanalyse? Wie lassen sich Sequenzdaten beschreiben und visualisieren?

Aisenbrey, S. and Fasang, A.E. (2010) 'New Life for Old Ideas: The "Second Wave" of Sequence Analysis Bringing the "Course" Back Into the Life Course', *Sociological Methods & Research* 38(3): 420–462.

Fasang, A.E. and Liao, T.F. (2014) 'Visualizing Sequences in the Social Sciences: Relative Frequency Sequence Plots', *Sociological Methods & Research* 43(4): 643–676.

Gabadinho, A., Ritschard, G., Studer, M. and Müller, N.S. (2011) *Mining sequence data in R with the TraMineR package: A user's guide*. Genf.

2. Wie werden Sequenzen anhand des „klassischen“ Optimal Matching verglichen?

Abbott, A. and Tsay, A. (2000) 'Sequence Analysis and Optimal Matching Methods in Sociology: Review and Prospect', *Sociological Methods & Research* 29(1): 3–33.

MacIndoe, H. and Abbott, A. (2004) 'Sequence Analysis and Optimal Matching Techniques for Social Science Data', in M. Hardy and A. Bryman (eds.) *Handbook of Data Analysis*, London: Sage, pp. 387–406.

3. Welche Erweiterungen und Alternativen von OM gibt es?

Gauthier, J.-A., Widmer, E.D., Bucher, P. and Notredame, C. (2010) 'Multichannel Sequence Analysis Applied to Social Science Data', *Sociological Methodology* 40(1): 1–38.

Robette, N. and Bry, X. (2012) 'Harpoon or Bait? A Comparison of Various Metrics in Fishing for Sequence Patterns', *Bulletin of Sociological Methodology/Bulletin de Méthodologie Sociologique* 116(1): 5–24.

Studer, M. and Ritschard, G. (2015) 'What matters in differences between life trajectories: a comparative review of sequence dissimilarity measures', *Journal of the Royal Statistical Society: Series A (Statistics in Society)*: OnlineFirst.

4. Welchen Einfluss haben unabhängige Variablen auf Unterschiede zwischen Sequenzen?

Studer, M., Ritschard, G., Gabadinho, A. and Müller, N.S. (2011) 'Discrepancy Analysis of State Sequences', *Sociological Methods & Research* 40(3): 471–510.