

Gondolatok a járvány elleni védekezés értékeléséről, és a járvány hatásának vizsgálatáról

Ferenci Tamás

Tartalomjegyzék

Egy gondolkodási keret, és a confounding minden átható problémája	2
Egy előkészítő pont: kimenet megválasztása	4
Az elméleti megalapozás: kauzális diagram egy járvány hatására	5
Technikai részletek	6
Az empirikus vizsgálat lehetőségei és nehézségei: a confounding problémája	9
A regresszió eszköze	14
A mintavételi ingadozás fogalma	15
A függvényforma kérdése	18
A kihagyott változós torzítás	20
A modellezés stratégiája	22
A multikollinearitás problémája	23
A túlleszkeszés problémája	24
A torzítás-variancia dilemma	26
A változószelekció kérdésköré	28
A kényelmetlen tudomány	31
Záró gondolatok	32
Ajánlott olvasmányok	32

“Ne fogjon senki könnyelműen

A húrok pengetésihez!

Nagy munkát vállal az magára,

Ki most kezébe lantot vesz.”

(Petőfi Sándor: A XIX. század költői)

(A dolgozat letölthető PDF és EPUB formátumokban is.)

E pillanatban Európa a koronavírus-járványt lényegileg lezártnak tekinti. Noha a doleg véglegességében azért van még kérdőjel, az alkalom tökéletesen megfelelő arra, hogy feltegyünk két olyan kérdést, melyek legjobban visszatekintve válaszolhatóak meg, egy járvány végén relevánsak – de akkor viszont nagyon is. (Ebben a dolgozatban az „a járvány” kitétel alatt a COVID-19 járványt értem, de az elmondottak lényegében teljesen általánosak, és más esetre is alkalmazhatóak.) Jelesül:

- Hogyan értékeljük egy ország járványügyi intézkedéseit? Megfelelő lépéseket hoztak és a kellő időben? Jó volt a járványügyi rendszer, a tesztelés, a korlátozó intézkedések, a tájékoztatás vagy lehetett volna jobban is eljárni?
- Mi hat arra, hogy a járvány egy adott országban mekkora pusztítást végez? Miért van az, hogy valahol ez nagyobb, máshol viszont kisebb, adott esetben akár jóval kisebb? Mik a közreható tényezők, és melyiknek mekkora a szerepe?

Mostani írásom egyik első állítása az lesz, hogy a két kérdés(csoport) valójában szorosan összefügg, sőt, lényegében ugyanarról a problémakörről szónak.

A kérdéskör rendkívüli fontosságát az adja, hogy nem csak „tudományos szempontból“ releváns, hanem a hétköznapi beszédben, politikai vitákban, közleleti diskurzusban is lépten-nyomon, és nagy súllyal kerül elő: Magyarországon sikeres volt a járvány elleni védekezés! Magyarországon sikertelen volt a járvány elleni védekezés! A kormány megfelelő intézkedéseket hozott! A kormány megkésettén és nem elégsges intézkedéseket hozott! Magyarországon sokan haltak meg a járvány miatt! Magyarországon nem haltak meg sokan a járvány miatt! Magyarországon sokan haltak meg a járvány miatt, de ez nem a kormány hibája, hanem a lakosság egészségi állapotán múlt!

E kérdések megválaszolását számos irányból kísérelhetjük meg: használhatunk járványügyi megfontolásokat, biológiai modelleket, epidemiológiai elméleteket és így tovább, én azonban most egyetlen módszerrel fogok foglalkozni: az *empirikus* vizsgálattal, vagyis amikor a begyűjtött tényadatok alapján próbáljuk megválaszolni ezeket a kérdéseket. Gyakori vita tárgya ennek pontos szerepe, ám e kérdésben – mind tudományosan, mind a közvélemény előtt – a legmegbízhatóbb módszerként tünik fel az empirikus kutatás.

Előre mondom, hogy az írásomnak nem az a célja, hogy „végeredményt hirdessen“. Én most a módszerekre akarok fókusztálni, helyesekre és hibásakra egyaránt, bemutatva a megfelelő eljásárokat, és – különös hangsúllyal – a tipikus csapdákat és buktatókat is. Remélem, hogy ezzel hozzá tudok járulni a már most is zajló, és – az előbb említett megbízhatóság miatt – várhatóan a jövőben sem elhalkuló viták színvonalának emeléséhez. Aggodalomra ugyanis lehet okunk e téren: a téma jellegéből adódóan lényegében óhatatlan a politikai szempontok szerinti értelmezése az adatoknak (ami soha nem tesz jót), de hiszek benne, hogy a tudományos szempontok hozzáérhető összefoglalása segít a diskurzus javításában.

A keretes szerkezet kedvéért elmondom az egyik utolsó állításomat is: a kérdést rendkívül nehéz megválaszolni empirikusan, tehát a különböző országok tényadatai alapján következtetve. Bár megpróbálok helyes vizsgálati módszereket bemutatni, és lehetőségeket a nehézségek enyhítésére, a kérdésre nem lehet egyszerű és perdöntő választ adni. Mégis, azt gondolom, hogy ennek ellenére nem haszontalan végiggondolni a problémát, sőt – részint mert segít elkerülni a tipikus csapdákat, buktatókat, téves következtetéseket, részint pedig a probléma jó megértése, átlátása néha még értékesebb is, mint egy egyszerű eredményközlés.

Egy gondolkodási keret, és a confounding mindent átható problémája

Az első állításom tehát az, hogy a két kérdéscsoport lényegében ugyanazon probléma megoldását teszi szükséges. Ennek megértéséhez kezdjük az első kérdéssel. A probléma ennek kapcsán nyilvánvaló: annak eldöntéséhez, hogy „jó“ volt-e a járvány kezelése, muszáj valahogy definiálni, hogy mit értünk „jó“ alatt. Ezt legtermészetesebben úgy lehet megtenni, amit angolul counterfactual, magyarul a – kissé furcsán ható – tényellentétes szóval szoktak jellemzni: megnézzük, hogy a járvány ideális kezelése esetében mi lett volna a kimenet, és ehhez hasonlítjuk a tényleges kimenetet. (Ez is mutatja, hogy a kérdés nem triviális: lehet olyan helyzet, hogy 10 halott nagyon rossz kezelést jelent és az 1000 jót – ha az ideális esetben az első helyzetben 1 lett volna, a másodikban pedig 999.) Igen ám, de mi az, hogy „ideális kezelés“? Amennyiben van időgéünk, akkor ez semmiféle problémát nem jelent: visszamegyünk időben, próbálkozunk más döntésekkel, és megkeressük, hogy melyik a legjobb. Időgép híján azonban gondban vagyunk. Mihez viszonyítsunk? Az egyetlen épkezél, empirikusan vizsgálható viszonyítási pontot az jelenti, hogy *más országokban* mi a helyzet (feltéve, hogy nem mindenki pontosan ugyanúgy kezelte a járványt), csakhogy ez elég problémás viszonyítási pont: más országok ezernyi, milliónyi egyéb tényezőben is eltér(het)nek tölünk azon túl, hogy máshogy kezelték a járványt, mint mi – ha találunk is különbséget a végeredményben, a járvány okozta pusztítás méretében, honnan tudjuk, hogy ez mennyiben tudható be az eltérő kezelésnek, és mennyiben az egyéb különbségeknek? Ha valahol kevesebb halott van, az azt jelenti, hogy ott jobban kezelték a járványt? (És így nézzük azt, hogy mit csináltak másképp?) Mi van, ha ugyanolyan jól kezelték a járványt, csak fiatalabb a korfájuk, és ezért lett kevesebb halálozásuk? Mondok még jobbat: mi van, ha rosszabbuk kezelték a járványt, csak annyival fiatalabb az ottani lakosság, hogy ez többet javított, mint amennyit a rosszabb kezelésük rontott...?

Itt térhetünk át a második kérdésre, illetve arra, hogy miért ugyanaz lényegében a kettő. A fenti okfejtés ugyanis egy speciális esete egy általános kérdésnek: annak, hogy milyen tényezők befolyásolták, és milyen

mértékben a járvány hatását egy adott országban. Azért speciális eset, mert leszűkítettük a kérdést egy tényezőre, a járvány kezelésének jóságára. De nem muszáj ezt a leszűkítést megtennünk, nyugodtan vizsgálhatjuk általában (sőt, mint majd látni fogjuk, vizsgálnunk is *kell*, a speciális kérdés jó megválaszolásához *is*), hogy milyen tényezők alakították ki, hogy hány halálozás volt, és melyik tényezőnek mekkora a szerepe. És ebből, mintegy mellesleg, majd azt is kiolvashatjuk, hogy mi a helyzet a járvány kezelésének a jósága kapcsán. Ezért mondtam, hogy elég erről a kérdésről beszélni, és ez mindenkor megválaszolja.

A probléma, hogy itt *pontosan ugyanabba* a helyzetbe futunk bele, mint az előbb. Amennyiben tudnánk egyetlen és csakis egyetlen tényezőt változtatni, majd megnézni úgy a járvány áldozatainak a számát, akkor meg tudnánk mondani, hogy az a tényező hat-e rá, és ha igen, milyen mértékben. De a probléma ugyanaz: ezt csak időgéppel lehet megtenni, ha vissza tudnánk menni az időben, és pontosan egy dolgot megváltoztatni. (Azért mondok időgépet, hogy látszódjon: az egyetlen dolgon kívül *minden más* változatlanul marad.) Jelen tudásunk szerint e megoldás kivitelezése technikai nehézségekbe ütközik, így visszajutunk ugyanahhoz a gondolathoz: nézzünk e helyett különböző országokat, amik a vizsgált tényezőben eltérnek. Mondjuk, ha az érdekel minket, hogy a 100 ezer lakosra jutó nővérek száma hogyan hat a halálozásra, akkor vegyük országokat, ahol ez a szám – az egyszerűség kedvéért kerekken mondva – 2000, és vegyük olyanokat, ahol csak 1000, majd hasonlítsuk össze a járvány-halálozást. De a probléma ugyanaz: mi van, ha a 2000-es, tehát jobb nővér-ellátottságú országokban egyúttal mondjuk az elhízottak aránya is alacsonyabb? Azért hoztam épp ezt a példát, mert ez is a kisebb halálozás irányába hat. Innen kezdve, ha azt is találjuk, hogy a 2000-es országokban kisebb a halálozás, honnan tudhatjuk, hogy az tényleg a több nővér miatt van? Mi van, ha valójában a nővéreknek a világon semmi szerepe, csak ezekben az országokban kevesebb az elhízott, és ez a valódi oka annak, hogy ott kisebb a halálozás?

Ezt a problémát szokták úgy hívni angol szóval, hogy confounding. (Angolul nagyon találó kifejezés: szó szerint „egybemosódást” jelent, és valóban arról van szó, hogy a különböző tényezők hatása egybemosódik, a több nővér egybemosódik a kevesebb elhízottal. Magyarra leginkább „zavaró változós hatásként” szoktak fordítani, csak sajnos ez jóval nyakatekertebben, mint az angol kifejezés.) Ez egy általános probléma, ami akkor jelentkezik, ha adott tényező szerint eltérő csoportokat hasonlítunk össze, de azok a csoportok más tényezőkben is el fognak térní – innen kezdve, ha találunk is különbséget a kimenetben, nem lehet tudni, hogy az mi miatt van: az általunk vizsgált eltérés miatt, a vele együtt járó egyéb eltérés(ek) miatt, vagy ezek valamilyen keveréke miatt. A fenti példából is látható módon leginkább úgy ragadható meg a probléma, hogy van egy – vagy több – háttérben lévő változó, a példában mondjuk a gazdasági fejettség, ami *egyszerre* függ össze a vizsgált tényezővel (fejlettebb országokban több a nővér) és hat a kimenetre (fejlettebb országokban kevesebb az elhízott, ami szintén csökkenti a halálozást).

A probléma általánosságából adódóan számos más területen fellép, orvostudománytól a közgazdaságig (videó-előadás, írott jegyzet).

Érdemes megjegyezni, hogy *elvileg* van mód a probléma megoldására időgép nélkül is: az, ha tudunk randomizálni. Ez azt jelenti, hogy fogjuk a vizsgálat tárgyat képező alanyokat, és pénzfeldobással két csoportba sorsoljuk őket, az egyik a vizsgált tényező egyik értékét kapja, a másik a másikat, majd ezeket hasonlítjuk egymáshoz. Ez könnyen elképzelhető – és meg is valósítható – egy gyógyszer kipróbálásánál: az „egyik érték”, hogy kap gyógyszert, a másik, hogy nem. Ezt valóban kioszthatjuk pénzfeldobással. És ez csakugyan fontos is: ha nem ezt tennénk, hanem mondjuk az orvosokra bízzuk, hogy belátásuk szerint adjanak bizonyos betegeknek gyógyszert, másoknak pedig nem, akkor azonnal jönne ugyanaz a probléma – mi van, ha inkább a súlyosabb állapotúknak adják a készítményt, vagy pont, hogy az enyhébb eseteknek? A randomizálás megoldja ezt a problémát: ha pénzfeldobással soroltuk őket csoportokba, akkor *biztosan* nem lehet *semmilyen* tulajdonságukban szisztematikus különbség. (Különösen fontos, hogy ez azt is jelenti, hogy azokban a tulajdonságokban sem, amikről nincs információink, sőt, azokban sem, amikről eszünkbe sem jutott, hogy confounding-ot okozhatnak!) Ehhez azonban arra van szükség, hogy mi tudjuk irányítani, meghatározni, hogy ki milyen tényezőnek van kitéve; az ilyen vizsgálatokat szokás kísérletes kutatásnak nevezni.

A mostani esetünkben ez nyilván szóba sem jön: nem lehet pénzfeldobással kisorsolni, hogy melyik országban legyen 1000 nővér és melyikben 2000. Marad az, hogy nézzük a tényadatokat – csak épp ott, szemben a kísérlet példájával, a nővérek száma már összefüggel más jellemzőkkel is. Az ilyen vizsgálatokat szokás megfigyeléses vizsgálatnak nevezni. Az ilyen típusú vizsgálatoknál, általában is, nem csak ennél a példánál, a

confounding egy minden átható probléma, olyan értelemben, hogy folyamatosan, minden elemzési lépésnél gondolnunk kell rá, mert Damoklész kardjaként lebeg mindenkor a fejünk felett.

Egy előkészítő pont: kimenet megválasztása

A fenti leírásban impliciten feltételeztem, hogy a járvány hatását a halálozásban mérjük. A mostani dolgozat fő kérdése nem ez lesz, de azért pár gondolat erejéig érdemes erről a választásról is beszélni.

Először is, az önmagában választás kérdése, hogy egyáltalán a halálozást használjuk mérőszámkként, kimenetként. Ez nem egyértelmű: a „járvány terhe“, a „járvány okozta pusztítás“ egy sokdimenziós fogalom, azaz sok szempont szerint mérhető. Terhe a járványnak természetesen és mindenek előtt, hogy emberek halnak meg miatta, de az is teher, hogy szenvednek tőle (még ha túl is elík), teljesen más szempontból de az is teher, hogy kiesnek a munkából, az is teher, hogy ha maradványtűnetekkel gyógyulnak, az is teher, hogy az egészségügyi ellátórendszer kapacitásait igénybe veszik stb. stb. Ezek ráadásul nem is feltétlenül egy irányba mutatnak, elképzelhető, hogy egyik ország egyik dimenzió szerint jobb, de a másikban rosszabb, egy másik ország még épp fordítva.

Mégis, a halálozási szám használata a járvány terhének mérésére elég univerzális, és sok szempontból indokolható. Egyszer a legnagyobb súlyú és legdrámaibb vétület, másrészt általában azért jól korrelált a többi szempont is vele (még ha nem is tökéletesen, ahogy az előbbi megjegyzés is mondta), harmadrészt az egyik legbiztosabban mérhető mutató (gondoljuk meg mennyivel nehezebb lenne azt megmondani, hogy hány munkaóra esett ki a járvány miatt, de igazából még azt is, hogy hány fertőzött volt – ne feledjük, hogy azok száma rettenetesen függ a tesztelési intenzitástól). Valójában persze a halálozási mutató is elrejt szempontokat, például azt, hogy milyen életkorban történik a halálozás, vagy milyen egészségi állapotú alanyban, egyszóval az elvesztett életévek számának problémáját, de most ezt is utaljuk egy másik vizsgálódás témakörébe.

A második kérdéskör, hogy a halálozást hogyan mérjük. Nagyon kézenfekvőnek látszik a jelentett halálozás használata (hát az épp az, hogy hány halálozás volt, nem?), de sajnos ez sem ilyen egyszerű: a jelentett halálozási számokat is befolyásolja a tesztelési aktivitás (még ha kevésbé is, mint a jelentett fertőzött-számot) és a haláloki besorolásra alkalmazott definíciók. Ezek megnehezíthetik az országok összehasonlítását, de adott esetben akár egy országon belül is változhatnak időben. E kérdések önmagukban is nagyon érdekesek, itt most csak utaltam a problémára, de egy másik írásom részletesen bemutatja a problémát.

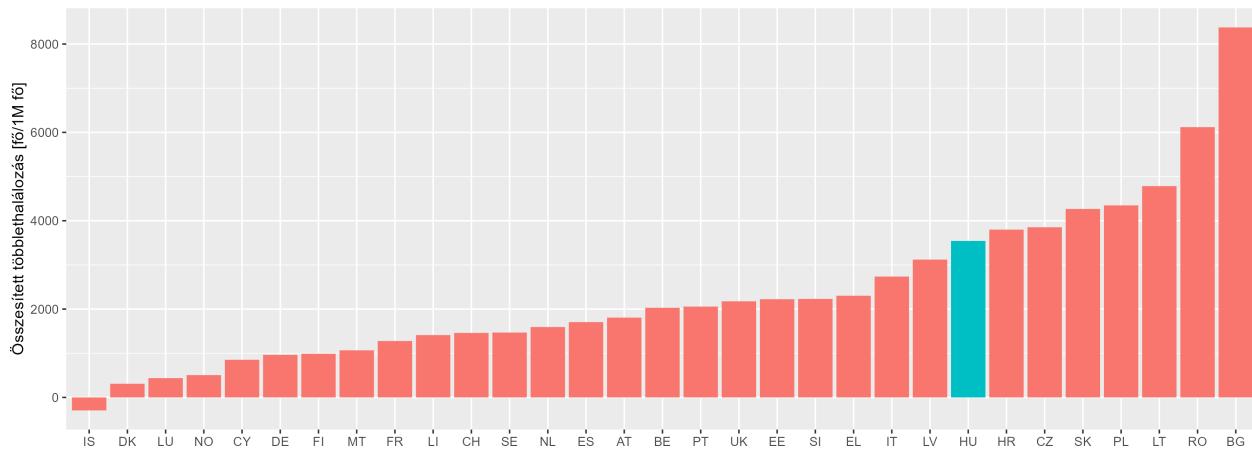
Ez a gond vezet el egy másik mutatóhoz: az úgynevezett többlethalálozáshoz. Itt a járvány előtti adatokat használva statisztikai úton készítünk egy előrejelzést a halálozások számára, ezt tekintjük úgy – mivel a járvány hatása nélküli adatokból készült – mint az a halálozás ami akkor lett volna, ha nincs járvány. Kivonva ezt az értéket a tényleges halálozási adatból, kapjuk a többlethalálozást. E mutató hatalmas előnye, hogy biztosan semmennye nem függ a tesztelési aktivitástól és biztosan semmennye nem függ a haláloki besorolástól. Hátránya azonban – azon túl, hogy a leglassabban ismertté váló mutató – egyszerű, hogy függ az előrejelzés jóságától, de még inkább az, hogy egy bruttó jellegű mutató: egybeméri a járvány direkt hatásaival (belehalnak emberek) annak indirekt hatásait is, amik ráadásul egyaránt lehetnek pozitívak és negatívak. Pozitív indirekt hatás, hogy az intézkedések mondjuk az influenza ellen is jót tesznek, de kicsit elengedve a fantáziánkat, az is pozitív indirekt hatás lehet, hogy kevesebb autóbaleset történik. Negatív indirekt hatás, hogy más betegség ellátása nehezedik meg vagy lehetetlenül el, de itt is lehet távlatibb kérdésekre gondolni, például mi van, ha megnő az öngyilkosságok száma a szociális elszigetelődés miatt. A többlethalálozás nem teszi lehetővé ezek biztos elkülönítését. Itt is igaz, hogy e problémakör önmagában több oldalnyi tárgyalást igényelne, ami az említett írásomban megtalálható, itt megint csak a címszavakban összefoglalásra szorítkoztam. Egyetlen megállapítást emelnék ki: Európán belül öt országtól (Bulgária, Románia, Litvánia, Lengyelország és félig-meddig Szlovákia) eltekintve a két mutató értékei nagyon hasonlóak egymáshoz.

Ez azért is fontos, mert azt mondja, hogy – szerencsére – a két mutató közti választás nem várható, hogy nagy hatást gyakoroljon a végeredményre. Így különösebben sokat nem kell gondolozni azon, hogy melyiket választjuk, én most a többlethalálozást fogom használni a teher végső mutatójaként, azért, mert az empirikus elemzés különböző országok adatait fogja egybevetni, így fontos, hogy országok között robusztusan összehasonlítható mutatót használjunk.

Ennek az értékei így néznek ki a 2021. 52. heti állapot szerint (ezt az indikátort nagy késleltetéssel közlik, így sokat visszamegyünk, hogy a lehető legtöbb országra legyen adatunk, és a reprodukálhatóság kedvéért ezt a dátumot most lerögzítjük):

```
RawData <- fread(
  "https://github.com/tamas-ferenci/ExcessMortEUR/raw/main/ExcessMortEUR_data.csv",
  dec = ",") [time=="2021W52" & nuts_level==0 & age=="TOTAL"]
RawData$cumexcessperpop <- RawData$cumexcess/RawData$meanpopulation*1e6
ggplot(RawData[order(cumexcessperpop)],
       aes(x = factor(geo, levels = geo), y = cumexcessperpop, fill = geo=="HU")) +
  geom_col() + guides(fill = "none") +
  labs(x = "", y = "Összesített többlethalálozás [fő/1M fő]")

```



Az rögtön látszik, hogy Magyarország az *utolsó harmad elején* található; az persze ebből még nem derül ki, hogy ennek mi az oka – pontosan ezt próbáljuk most felderíteni.

Az elméleti megalapozás: kauzális diagram egy járvány hatására

Az ember ezen a ponton késztetést érezhet arra, hogy rögtön el is kezdje nézni az empirikus adatokat: melyik országban mekkora volt a teher (azaz a többlethalálozás)? Összefügg ez a nővérek számával? A gazdasági fejlettséggel? Az intézkedések szigorúságával? Az elhízottak arányával? A korfával?

Mielőtt azonban ebbe belevágunk, némi óvatosságot javasolok. Az ilyen „mindent mindenkel“ típusú, elméleti megalapozás nélküli „összevíssa“ nézegetésekben alapuló adatbázis-masszírozások általában nem sok jóra vezetnek. Ennek a későbbiekben egy sor konkrét okát bemutatom, de most fontosabb egy általános, mondhatni filozofikus gondolat: az ilyen típusú empirikus vizsgálatoknak mindig a háttérben lévő elméleti *jó* megértésén kell alapulnia. Nem egyszerűen azért, mert azt alaposan végiggondolva kap jó rálátást az ember a problémára, hanem azért is, mert – pont emiatt – ez teszi lehetővé jobb empirikus modellek készítését is.

Egyelőre tehát – és én azt gondolom, hogy általában is ez a jó hozzállás – ne nyúljunk hozzá semmilyen adathoz. Ehelyett próbáljuk meg először a fejünkben összeszedni, végiggondolni, és strukturálni a kérdést: milyen tényezők alakítják, hogy hányan halnak meg egy országban a járvány alatt?

Legfelső szinten függ attól, hogy (A) hányan fertőződnek meg és (B) a megfertőzőttek milyen arányban halnak meg. Világos, hogy annál több halálozás lesz, minél több a fertőzött, illetve ha a fertőzöttek minél nagyobb arányban halnak meg. (Vagy, természetesen, mindenki egyszerre.) Legfelső szinten így dekomponálhatjuk a problémát.

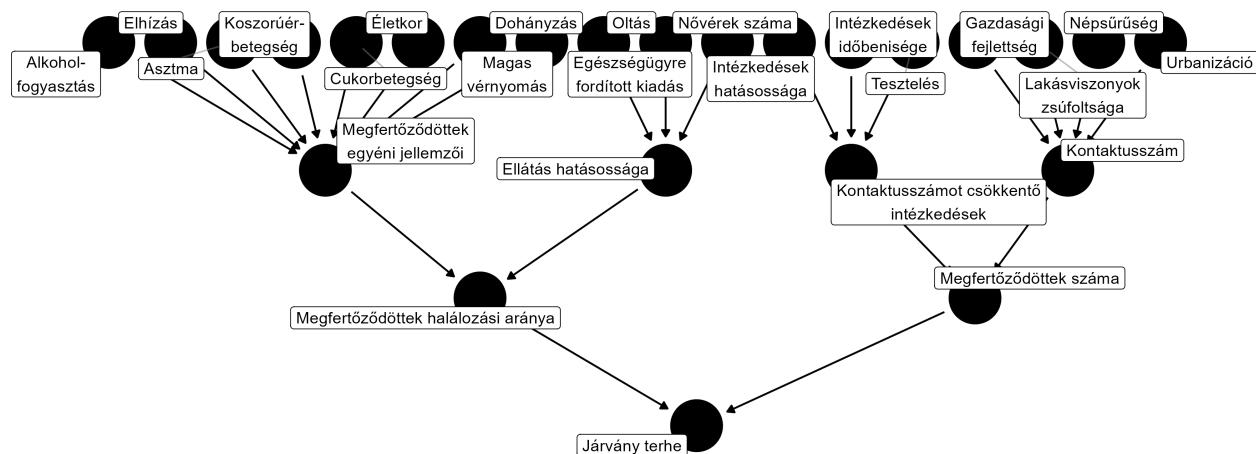
Menjünk tovább. Eggyel lejjebb haladva az ‘A’ megint két tényezőtől függ: hogy milyen a kontaktusszám az országban és milyenek az ezt csökkentő intézkedések. Ezek aztán megint tovább bonthatóak. Az előbbi függ a népsűrűségtől, a lakásviszonyok zsúfoltságától, az érintkezésre vonatkozó szociális szokásoktól és hagyományuktól, a különböző generációk együttélési mintázataitól, a szabadidős tevékenységek jellegétől, a

városi lakosság arányától, a munkavégzés jellegzetességeitől stb. stb. Számíthat még az ország bekötöttsége a nemzetközi turizmusba, kereskedelembe, a népmozgás intenzitása. Az utóbbi függ az intézkedések szigorúságától, időbeniségétől, betartásuk fegyelmétől, a tesztelési, kontaktuskutatási, karanténozási stratégiától, a járványügy szervezettségétől, hitelességektől stb. stb.

A ‘B’ tényező megint csak két részre bontható: függ az alanyok olyan jellemzőitől, amik befolyásolják a prognózist egyrészt, másrészt az ellátásuk hatékonysságától. Az előbbi megint rengeteg tényezőre bontható tovább: mindenekelőtt számít az életkor összetétel, tehát a korfa, de ott van az elhízás, a dohányzás prevalenciája, az alkoholfogyasztás mennyisége, a releváns társbetegségek – ez önmagában több tucat – prevalenciája, ami szintén eltérhet országok között. A medikális beavatkozás megint kettévallik: egyik oldalról számít az oltási program (az oltóanyag portfólió összetétele és az átoltottság), másik oldalról a kezelési oldal. A gyógyszerek elérhetősége, felhasználása, orvosok, nővérek, szakdolgozók tudása, de – mindenekelőtt – a túlterhelődésük. Az, hogy az ellátás mennyire zajlik egységes irányelvek mentén, milyen a minőségbiztosítás és a teljesítménymérés (régi vesszőparipám). Stb. stb. stb. És akkor még nem említtettem, hogy számíthat az összes felsorolt tényező országon belüli egyenlőtlensége, ami szintén nem biztos, hogy ugyanaz minden országban.

Láthatjuk, hogy a cél az ilyen végiggondolásnál nem is feltétlenül az, hogy minden egyes tényezőt számba vagyunk az utolsó szálig, hanem sokkal inkább, hogy a probléma struktúráját megértsük.

Amit a fentiekben verbálisan igyekeztem körülírni, az lényegében egy egyszerűsített változata annak, amit kauzális diagramnak szoktak nevezni:



A valóságban a kauzális diagramok ennél jóval összetettebbek, itt ez nemileg idézőjelben értendő, és inkább csak egyfajta grafikus megjelenítése a fenti leírásnak. Ha csak annyit teszünk, hogy egy ilyet felvázolunk, sokszor már az is segíti a strukturálást és így a jobb megértést.

Technikai részletek

A következő pontban az empirikus számításoknál az azokat megvalósító konkrét kódokat is közölni fogom. Ennek célja az, hogy az után érdeklődők azt is lássák, hogy mi történik a háttérben, milyen kódokkal lehet kivitelezni ténylegesen ezeket a vizsgálatokat. Több esetben elő fog fordulni, hogy módszertani részleteket nem írok le, hogy az ez iránt nem érdeklődő olvasót ne terheljem ilyenekkel, de azok a kódok könnyedén kiolvashatóak lesznek.

Az ebből való tanuláson túl az ilyen kódok közlését elvileg is fontosnak tartom, a reprodukálhatóság és a nyílt tudomány jegyében, hogy az esetleges hibáim könnyebben kiderüljenek, és elősegítsem továbbfejlesztési lehetőségek megfogalmazását. Ha valakit ez a része nem érdekel a kérdésnek, bátran ugorja át a szürke háttérű kódokat és e fejezet hátralevő részét.

A számítások R statisztikai programnyelven készültek, 4.2.0-es verziót használva. Felhasználtam a `data.table` (1.14.2-es verzió) és `ggplot2` (3.3.6-es verzió) csomagokat.

A kimeneti adat, azaz a többlethalálozási számok forrása a ‘Többlethalálozási adatok európai összefektetésben’ című anyagom. Ebben minden további technikai kérdés részletesen le van írva, de egy mondatban összefoglalva: Acosta és Irizarry módszerét használtam a többlethalálozás becsléséhez.

A potenciális magyarázó adatok forrása az egységeség és az egyszerűség kedvéért mindenhol az Eurostat volt. A következő adatokat gyűjtöttem le (nem feltétlenül fogom kivétel nélkül mindegyiket használni a későbbiekben, de az adatbázisban rendelkezésre áll, ha valaki szeretne tovább kísérletezni a témaiban); így keztem mindenhol a legkésőbbi, a járvány időpontjához legközelebbi adatokat használni:

Változó	Eurostat azonosító	Év	Mértékegység
Népsűrűség	tps00003	2019	fő/km2
Túlzsúfolt lakások aránya	tessi170	2019	%
Városi lakosság aránya	ilc_lvho01	2019	%
Egy főre jutó bruttó hazai termék	nama_10_pc	2019	Folyó áron, PPS
65 év felettiek aránya	demo_pjan	2019	%
Elhízás prevalenciája	sdg_02_10	2019	%
Dohányzás prevalenciája	hlth_ehis_sk1i	2019	%
Naponta alkoholt fogyasztók aránya	hlth_ehis_alli	2019	%
Cukorbetegség prevalenciája	hlth_ehis_cd1e	2019	%
Magas vérnyomás prevalenciája	hlth_ehis_cd1e	2019	%
Asztma prevalenciája	hlth_ehis_cd1e	2019	%
Koszorúér-betegség prevalenciája	hlth_ehis_cd1e	2019	%
Egy főre jutó egészségügyi kiadás	hlth_sha11_hf	2019	euró/fő
Ezer főre jutó nővérek száma	hlth_rs_prsns	2017	fő/ezer fő

Elsőként letöltyük ezeket az adatforrást, majd egy táblában egyesítjük az összeset a későbbi felhasználás céljából. A táblát könnyen kezelhető csv formátumban is mentük ki, hogy megkönnyítsük az adatainkat esetlegesen felhasználók dolgát:

```
RawData <- Reduce(function(...) merge(..., by = "geo"), list(
  RawData,
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("tps00003"))[
    unit=="PER_KM2"&time=="2019-01-01",.(geo, popdensity = values)],
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("tessi170"))[
    sex=="T"&time=="2019-01-01",.(geo, overcrowding = values)],
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("ilc_lvho01"))[
    incgrp=="TOTAL"&building=="TOTAL"&deg_urb=="DEG1"&time=="2019-01-01",
    .(geo, urbanization = values)],
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("nama_10_pc"))[
    unit=="CP_PPS_EU27_2020_HAB"&na_item=="B1GQ"&time=="2019-01-01",
    .(geo, gdp = values)],
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("demo_pjan"))[
    sex=="T"&time=="2019-01-01",
    .(popold = sum(values[age%in%c(paste0("Y", 65:99),
      "Y_OPEN"))])/values[age=="TOTAL"]*100), .(geo)],
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("sdg_02_10"))[
    bmi=="BMI_GE30"&time=="2019-01-01", .(geo, obese = values)],
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("hlth_ehis_sk1i"))[
    smoking=="NSM"&quant_inc=="TOTAL"&sex=="T"&age=="TOTAL"&time=="2019-01-01",
    .(geo, smoke = 100-values)],
  as.data.table(eurostat::get_eurostat("hlth_ehis_alli"))[
    frequenc=="DAY"&quant_inc=="TOTAL"&sex=="T"&age=="TOTAL"&time=="2019-01-01",
    .(geo, alcohol = values)],
```

```

dcast(as.data.table(eurostat::get_eurostat("hlth_ehis_cd1e"))[
  unit=="PC"&isced11=="TOTAL"&time=="2019-01-01"&sex=="T"&age=="TOTAL"&
  hlth_pb%in%c("ASTHMA", "HBLPR", "DIAB", "CHRT_ANPPEC"), .(geo, hlth_pb, values)],
  geo ~ hlth_pb, value.var = "values"),
as.data.table(eurostat::get_eurostat("hlth_sha11_hf"))[
  unit=="EUR_HAB"&icha11_hf=="TOT_HF"&time=="2019-01-01",
  .(geo, healthexpenditure = values)],
as.data.table(eurostat::get_eurostat("hlth_rs_prsns"))[
  unit=="P_HTHAB"&wstatus=="PRACT"&time=="2017-01-01"&isco08=="OC2221_3221",
  .(geo, nurses = values)])
names(RawData) <- tolower(names(RawData))

write.csv2(RawData, "RawData.csv", row.names = FALSE)

```

A változók sora – mint a fenti leírás is mutatta – végeláthatatlanul bővíthető, ez pusztán egy illusztrációs kiindulópont.

A vizsgált országok körét meghatározza az a tény, hogy mely országokra van információink; végeredményben 22 ország lesz az adatbázisunkban; angol nevükkel ezek a következők: Austria, Belgium, Bulgaria, Cyprus, Czechia, Germany, Denmark, Estonia, Greece, Spain, Croatia, Hungary, Italy, Lithuania, Luxembourg, Latvia, Netherlands, Norway, Poland, Romania, Sweden, Slovenia.

A begyűjtött adataink:

```
knitr::kable(RawData[, c(1, 20, 21:35)], digits = 1)
```

		nuts_	geo-	cum-	ex-	pop-	overc-	urba-		al-		healt-	hex-				
geo	vel	name	le-	geo-	cess-	per-	den-	niza-	gdp	pop-	obe-	co-	asth-	chrt_	ang-	pendi-	
AT	0	Aust-	ria	1806.7	107.6	15.1	31.0	39519	18.8	17.1	26.2	5.7	4.3	3.2	6.0	21.8	4671.6
BE	0	Bel-	gi-	2028.8	377.3	5.7	29.5	36925	18.9	16.3	19.4	9.7	5.8	1.5	5.8	17.4	4418.1
BG	0	Bul-	ga-	8376.3	63.4	41.1	44.8	16665	21.3	13.6	36.2	10.2	2.2	7.0	6.9	29.7	625.6
CY	0	Cyprus		852.0	95.7	2.2	51.8	28803	16.1	15.2	25.5	4.0	4.0	2.1	7.0	18.9	1771.2
CZ	0	Cz-	echia	3852.2	138.2	15.4	30.0	29155	19.6	19.8	26.4	7.8	4.6	2.8	8.8	26.3	1644.1
DE	0	Ger-	many	964.2	235.2	7.8	36.3	37860	21.5	19.0	28.3	7.5	8.0	4.4	8.7	26.2	4855.3
DK	0	Den-	mark	309.1	138.5	10.0	37.6	39916	19.6	16.5	20.0	9.6	7.2	1.4	5.3	18.9	5355.1
EE	0	Es-	to-	2223.3	30.5	13.9	61.0	25789	19.8	21.8	24.8	1.3	4.1	4.7	6.0	23.3	1426.0
EL	0	Gree-	ce	2302.1	82.4	28.7	36.9	20651	22.0	16.7	28.6	5.9	3.3	2.9	8.0	19.6	1340.8
ES	0	Spa-	in	1705.1	93.8	5.9	49.6	28382	19.4	16.0	22.1	13.0	4.1	0.7	7.5	19.3	2411.7
HR	0	Cro-	atia	3798.8	72.8	38.5	29.6	20768	20.6	23.0	25.7	10.2	4.8	8.9	12.1	37.3	930.6

		nuts_geo	legeo- vel	name	cum- ex- cess- per- pop	pop- den- sity	overc- row- ding	urba- niza- tion	gdp	pop- old	obe- se	co- smokhol	al- ma	asth- pec	chrt_anti- ab	healt- hblpr	hex- pendi- ture
HU	0	Hun- gary		3542.7	107.1	20.3	32.8	22800.19.3	24.5	27.2	6.3	5.0	3.6	8.9	31.5	949.4	
IT	0	Italy		2736.1	201.5	28.3	35.3	30189.22.9	11.7	22.4	12.1	4.6	2.1	6.5	20.4	2599.2	
LT	0	Lit- hua- nia		4783.8	44.6	22.9	43.2	26219.19.8	18.9	23.7	0.8	2.8	6.0	5.3	29.9	1223.8	
LU	0	Lu- xem- bourg		436.1	239.8	7.1	19.6	79634.84.4	16.5	18.2	8.9	6.0	1.7	4.6	15.5	5502.1	
LV	0	Lat- via		3120.4	30.2	42.2	43.8	21697.20.3	23.0	26.8	1.2	3.8	5.8	5.7	31.7	1045.6	
NL	0	Net- her- lands		1593.3	507.3	4.8	56.2	40140.19.2	14.7	21.1	8.3	6.4	2.6	5.8	16.1	4748.7	
NO	0	Nor- way		504.9	17.3	6.1	28.9	45442.87.2	14.1	18.1	1.4	7.9	1.4	4.5	15.1	7126.7	
PL	0	Pol- land		4347.4	123.6	37.6	35.0	22740.87.7	19.0	22.6	1.6	4.1	7.5	8.1	26.5	906.1	
RO	0	Rom- ania		6119.1	82.7	45.8	28.8	21674.88.5	10.9	27.3	2.9	1.5	1.5	5.0	15.7	661.3	
SE	0	Swe- den		1468.5	25.2	15.6	40.3	37143.89.9	15.3	12.6	1.8	7.5	1.3	6.3	18.2	5041.8	
SI	0	Slo- ve- nia		2229.9	103.7	11.6	19.5	27659.19.8	19.9	23.2	6.6	4.8	3.2	7.8	25.4	1975.2	

Érzékelhetőek a hatalmas különbségek: a többlethalálozás az egymillió lakosonként 500 alattitől (Dánia) a 8000 felettiig (Bulgária) terjednek, és több magyarázó jellegű változóban is vannak drámai eltérések, nagyságrendi különbségek vannak a népsűrűségben, az alkoholfogyasztásban, de még az egészségügyre fordított kiadásokban is.

Az empirikus vizsgálat lehetőségei és nehézségei: a confounding problémája

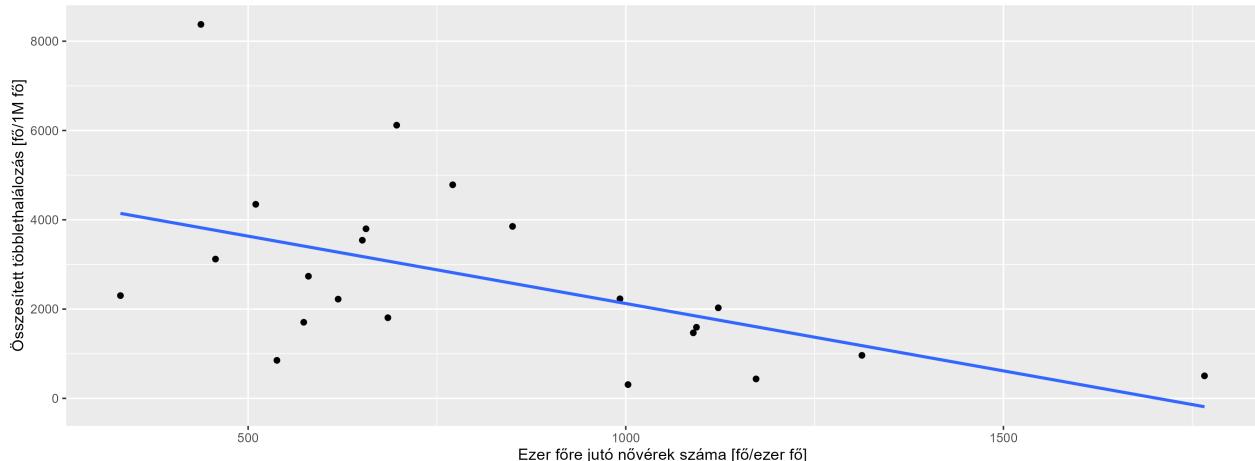
Miután nagyon alaposan végiggondoltuk a háttérben lévő elméleti modellt, elkezdhetünk foglalkozni azzal a kérdésből, hogy ebből mit és hogyan tudunk empirikus adatok alapján megbecsülni (illetve mit nem).

Először, hogy benyomást kapunk az elemzési lehetőségekről, és azok problémáiról, kezdjünk néhány egyszerű vizsgálattal.

Sokan mondják, hogy a kimenet összefügg a nővérek számával: ahol több van, ott kedvezőbben alakult a járvány-halálozás. Nézzük is meg a kérdést empirikusan! Ezt látjuk az európai országok körében:

```
ggplot(RawData, aes(x = nurses, y = cumexcessperpop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm", formula = y ~ x, se = FALSE) +
  labs(x = "Ezer főre jutó nővérek száma [fő/ezer fő]",  

       y = "Összesített többlethalálozás [fő/1M fő]")
```

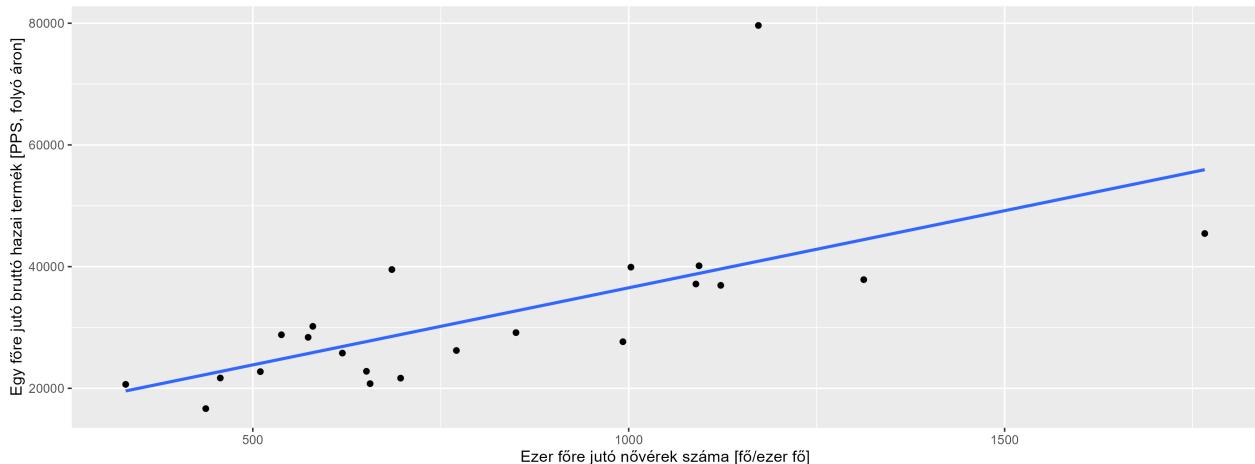


Első ránézésre teljes mértékben megerősítették a felvetést: a több ápoló valóban alacsonyabb halálozás jár együtt. A behúzott vonal a pontokra legjobban illeszkedő egyenes; később ennek majd nagyobb jelentősége lesz, egyelőre fogjuk fel úgy, hogy azért van ott, hogy vezesse a szemet.

Ha figyelmen kívül hagyjuk a felvezetésben mondottakat, azaz megfelelően kezünk a confounding lehetőségéről, akkor akár le is vonhatnánk a következtetést, hogy a nővérek száma *csökkenti* a halálozást. (Figyeljünk a szóhasználatra! A „csökkenti” már egy *kauzális* szó, azt mondja, hogy okozati összefüggés van, szemben a „jár együtt” megfogalmazással.) Csakhogy eszünkbe jut a confounding problémája: mi van, ha a nővérek száma összefügg valamilyen más változóval, ami a *valódi* oka a kedvezőbb adatoknak...?

Például eszünkbe jut, hogy a jobb gazdasági állapotú országokban több az ezer főre jutó nővér. (Mert megengedhetik maguknak? Mert más az ottani felfogás a nővérek szerepére vonatkozóan? – ez most, ilyen szempontból, mindegy is.) Ellenőrizzük is ezt gyorsan le, a gazdasági fejlettség mérésére a GDP-t használva:

```
ggplot(RawData, aes(x = nurses, y = gdp)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm", formula = y ~ x, se = FALSE) +
  labs(x = "Ezer főre jutó nővérek száma [fő/ezer fő]",
       y = "Egy főre jutó bruttó hazai termék [PPS, folyó áron]")
```



Ez bejött! De akkor viszont... lehet, hogy baj van? Lehet, hogy az ápolók száma nem is fontos, csak a fejlettségé...? Nézzük meg:

```
ggplot(RawData, aes(x = gdp, y = cumexcessperpop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm", formula = y ~ x, se = FALSE) +
  labs(x = "Egy főre jutó bruttó hazai termék [PPS, folyó áron]",
       y = "Összesített többlethalálozás [fő/1M fő]")
```

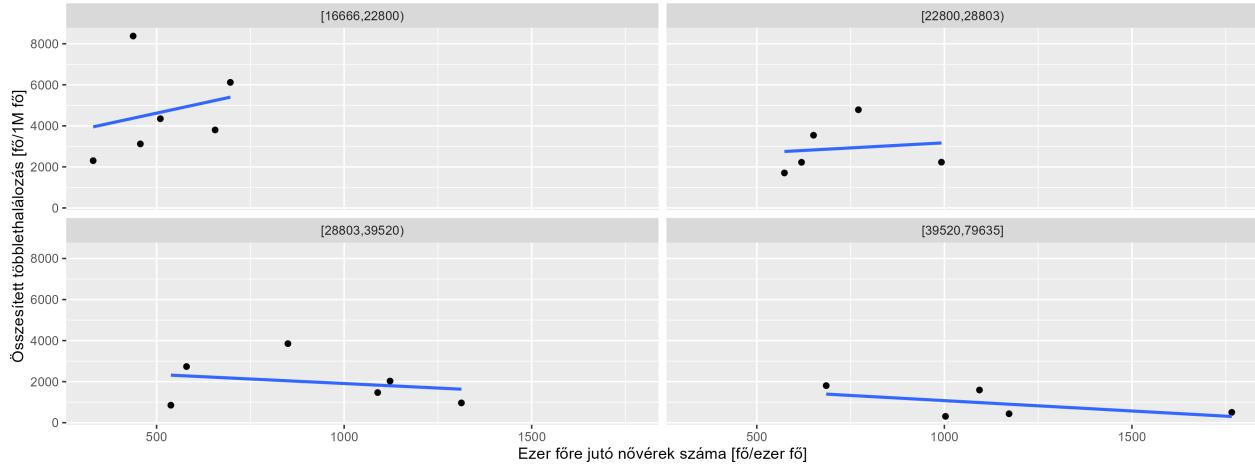


És akkor most tényleg bajban vagyunk.

Persze vigyázat: nem arról van szó, hogy bebizonyítottuk, hogy a nővérek számának nincs hatása – ettől még éppenséggel lehet! Csak azt bizonyítottuk be, hogy erre vonatkozólag az első ábra, bármennyire is szuggerálná ezt a konklúziót, valójában nem bizonyító erejű.

Hogy lehet ennek a kérdésnek utánajárni? Próbálkozzunk egy trükkös ábrázolással. Ismét a nővérek száma és a kimenet közti kapcsolatot ábrázoljuk, ugyanúgy mint a legelső ábrán, de úgy, hogy megbontjuk a GDP értékei szerint:

```
ggplot(RawData, aes(x = nurses, y = cumexcessperpop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm", formula = y ~ x, se = FALSE) +
  facet_wrap(~Hmisc::cut2(gdp, g = 4)) +
  labs(x = "Ezer főre jutó nővérek száma [fő/ezer fő]",
       y = "Összesített többlethalálozás [fő/1M fő]")
```



Bár az eleve sem túl nagy mintanagyság további sztosztódása miatt ez kicsit nehezebben értelmezhető, az azért így is látszik, hogy valami nagyon érdekes történt: míg összességében nézve egyértelmű és negatív kapcsolat volt (több nővér – kevesebb halálozás), addig most ez a kapcsolat teljesen megszűnt! Néhol egy kicsit negatív kapcsolat van, néhol egy kicsit pozitív, ilyen mintaméretek mellett egyiknek sincs jelentősége, nem látunk érdemi kapcsolatot sehol sem.

Ahhoz, hogy megértsük, hogy itt mi történik, gondoljuk végig, hogy az első ábra esetében mit jelent a confounding problémája. Mi ott a probléma? Az, hogy ha megyünk jobbra (több ápoló), akkor *együttal* a gazdasági fejlettség is javul, nem csak az ápolók száma nő. Azaz, amit látunk (csökkenő halálozás), valójában nem pusztán a több ápoló, hanem a több ápoló és magasabb GDP *együttet* hatása (és nem tudjuk, hogy

milyen arányban). A probléma tehát, hogy egy változót akartunk vizsgálni (ápolók száma), de ahogy az változik az ábrán, vele együtt valami más is odébbmászik.

...ez a mostani ábrázolás azonban pont ezt oldja meg! Hiszen az egyes kis részábrákban a GDP adott értékű (közelítőleg), azaz, amikor a kis részábrákat nézzük, akkor a fenti hatást kikapcsoltuk! Ilyen értelemben ez az ábrázolás az ápolók számának valódi hatását igyekszik megragadni, tisztítva a fejlettség miatti confounding-tól. (Ezt a módszert szokás egyébként rétegzésnek nevezni.)

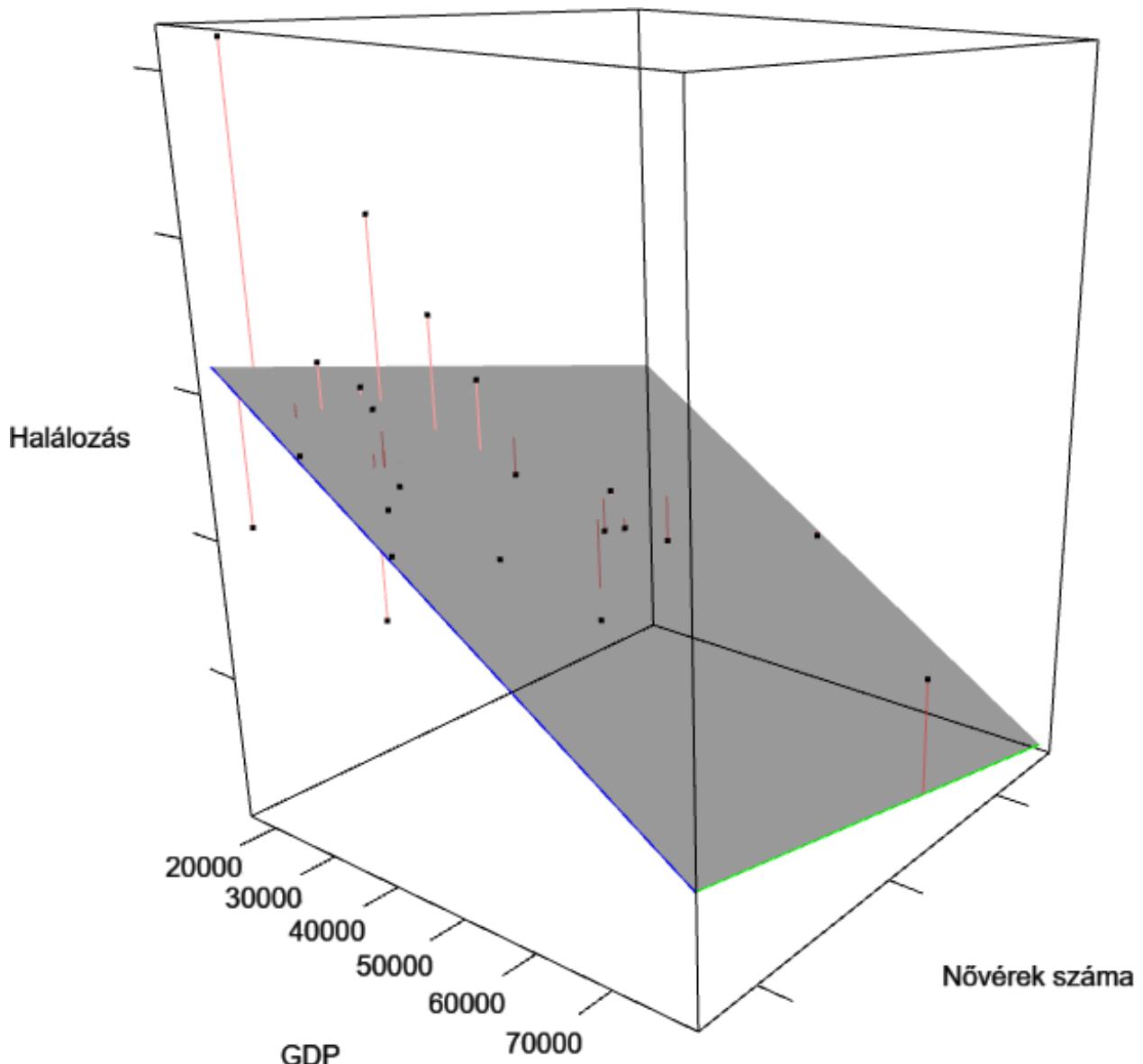
Ez itt egy nagyon fontos általános gondolat: hogy egy változó hatását úgy kapjuk meg, ha *csak* a kérdéses tényezőt változtatjuk. És most értünk körbe, hiszen honnan indultunk? Abból, hogy az a probléma, hogy nem tudunk „egyetlen és csakis egyetlen tényezőt” változtatni – ezt látjuk a fenti ábrákban megjelenői. Csakhogy most már, ezzel az utolsó ábrával, az e probléma elleni küzdelem eszköze is kezd a kezünkbe kerülni.

Egy pillanatra még érdemes elidőzni az ábrázolásoknál. Ez keményebb dió lesz az eddigieknel, de kiegészítő pontként nem felesleges: egy utolsó vizualizációt mutatok, ami az előbbieknél jobb térlátást igényel, de megéri, ha az ember becsukja a szemét, és igyekszik meglátni maga előtt a helyzetet, mert segíti, hogy mélyebben megérte a confounding mibenlétét. Készítünk egy három dimenziós ábrát! Itt természetesen nem egyenest, hanem egy síkot illesztünk a pontjainkra (a függőleges piros vonalak csak a síktól vett eltérést mutatják):

```
fit <- lm(cumexcessperpop ~ gdp + nurses, data = RawData)

gdpgrid <- seq(min(RawData$gdp), max(RawData$gdp), length = 10)
nursegrid <- seq(min(RawData$nurses), max(RawData$nurses), length = 10)
predgrid <- predict(fit, expand.grid(gdp = gdpgrid, nurses = nursegrid))

rgl::plot3d(RawData$gdp, RawData$nurses, RawData$cumexcessperpop,
            xlab = "GDP", ylab = "Nővérek száma", zlab = "Halálozás")
# xlab = "Egy főre jutó bruttó hazai termék [PPS, folyó áron]",
# ylab = "Ezer főre jutó nővérek száma [fő/ezer fő]",
# zlab = "Összesített többlethalálozás [fő/1M fő]"
rgl::view3d(userMatrix = matrix(c(0.74, -0.18, 0.44, 0, 0.67, 0.23, -0.70, 0, -0.02, 0.95,
                                 0.30, 0, 0, 0, 0, 1), nc = 4))
rgl::segments3d(rbind(RawData$gdp, RawData$gdp),
                rbind(RawData$nurses, RawData$nurses),
                rbind(RawData$cumexcessperpop, predict(fit)),
                alpha = 0.4, col = "red")
rgl::surface3d(gdpgrid, nursegrid, predgrid, alpha = 0.4, front = "lines")
rgl::lines3d(c(gdpgrid[1], gdpgrid[10]), rep(nursegrid[1], 2),
             c(predgrid[1], predgrid[10]), col = "blue")
rgl::lines3d(rep(gdpgrid[10], 2), c(nursegrid[1], nursegrid[10]),
             c(predgrid[10], predgrid[100]), col = "green")
```



Amit látunk, hogy a GDP–halálozás vetületben ferde a sík (nézzük a kék élet) – ez fejezi ki azt, hogy a GDP növekedtével csökken a halálozás. Viszont a nővér–halálozás vetületben (zöld él) szinte vízszintes – a GDP-t is figyelembe véve már nincs hatása a nővérek számának! Ez egy fontos megállapítás, vagy jobban mondva újabb elmondása a korábbi megállapításnak: *ha lerögzítjük a GDP-t, akkor a nővérek változtatása már nem számít.* Ha rögzítjük a GDP értékét, azaz kiválasztunk egy pontot a kék él mentén, majd *adott, rögzített GDP mellett* elkezdjük változtatni a nővérek számát, azaz a kiválasztott ponttól elindulunk a sík mentén a nővér él növekvő irányába, akkor szinte vízszintesen haladunk – nem változik a halálozás.

Ez egyúttal azt is jelenti, hogy a sík valami nagyon fontos dolgot tud: annak ellenére, hogy a valódi adatokban (lévén, hogy nem kísérletről van szó) együttesen változik a két tényező, mi *mégis*, pusztán *matematikai úton* megmondjuk, hogy mi lenne, ha csak az egyik változna. Úgy tudunk erre válaszolni, hogy pusztán megfigyeléses adataink vannak! Erre a gondolatra mindenki visszatér.

Az ábra azt is szemlélteti, hogy miért lép fel a confounding. Hiszen, kérdezhetnénk a fentiek alapján valaki, akkor miért láttuk a legelső ábránkon azt, hogy az ápolók száma és a halálozás között van összefüggés? Egy egyértelműen negatív meredekségű egyenest tudtunk behúzni. Most meg azt mondjuk, hogy „vízszintes“ abban az irányban a sík, és „nem számít“ az ápolók száma...?! Akkor most vízszintes, vagy negatív meredekségű?

Számít a nővérek száma vagy sem? Az ellentmondás csak látszólagos. Nézzük meg jobban az ábrát! A pontok nem akárhogy helyezkednek el a síkon: alapvetően a jobb alsó sarok – bal felső sarok átló mentén szóródnak. (Ez fejezi ki azt, hogy a GDP és a nővérek száma *egymással is összefügg!*) Azaz amikor mi csak a nővéreket vizsgáltuk, akkor nem *pusztán* balról jobbra haladtunk a nővér tengely mentén, hanem *egyúttal* jöttünk fentről is le! És itt van a magyarázat: ezért láttuk úgy, hogy van összefüggés, és negatív a kapcsolat, hiszen ez utóbbi, a fentről lefelé jövés okozta a csökkenő halálozást.

Tudom, hogy minden elég agysibbasztó, és valószínűleg kell rá aludni egyet (többet), ha valaki először látja, de e kép megértése sokat segít a confounding átlátásában és a megoldás megtalálásában is.

A regresszió eszköze

Az előző fejezetben látott háromdimenziós ábrával már nagyon közel kerültünk a confounding problémájának egy lehetséges kezeléséhez. (A „megoldásához“ szó használata talán túlzás lenne, hiszen megfigyeléses adatból igazán bombabiztosan soha nem tudunk okozati hatásra következtetni. De az ezzel kapcsolatos problémákat enyhíthetjük.) Hiszen, ha egyszer megvan ez a síkunk, akkor leolvashatjuk belőle, hogy hogyan változna a halálozás, ha *csak* a nővérek számát változtatnánk, miközben a GDP értéke rögzített, állandó. Egyszerűen azt kell nézni, hogy ha egyetlen nagyobb nővér-számra lépünk át, de úgy, hogy közben a GDP értéke állandó marad (a fenti perspektívában: jobbra-felfelé teszünk egy egységnyi lépést), akkor mennyivel megy lejjebb a sík. Ez lesz *önmagában* a nővér-szám változásának a hatása. Az *adatok* nyersen nem tesznek lehetővé ilyen vizsgálatot, mert ott az egyetlen több nővér egyúttal nagyobb GDP-t is jelent, de a *sík* igen! És ezzel egy iszonyatosan fontos eszközt kaptunk a kezünkbe, amit regressziónak fogunk majd hívn.

Az egész kulcsa a „miközben a GDP értéke rögzített“ kitétel: a confounding problémája épp az volt, hogy a nővérek számának növelésével a GDP is változik közben, de most mit látunk? Hogy a fenti módon leírt érték, szép szóval a sík meredeksége, azt jelenti, hogy mennyi a hatás *akkor* ha a GDP *nem* változik! Ilyen értelemben meg tudtuk azt tenni, hogy bár az adataink megfigyelésesek voltak, confounding-gal terhelve, mi mégis, *pusztán matematikai úton* kiszedtük belőle a confounding-tól tisztított értéket! Úgy szokták mondani: kímutattuk a nővérek hatását úgy, hogy *kontrolláltunk* a GDP-re. Természetesen a dolog fordítva is működik: ha leolvassuk a sík meredekségét a másik irányban (állandó nővér-szám mellett a GDP-t növeljük, balra-felfelé lépünk egy egységnnyit), akkor megkapjuk, hogy *önmagában* – azaz kontrollálva a nővér-számra – a GDP hogyan hat a halálozásra.

Vegyük észre, hogy ilyen szempontból annak, hogy épp síkot (és nem más alakú felületet) illesztettünk az adatokra, van egy nagyon kellemes tulajdonsága: az, hogy a nővér-szám szerinti meredekség nem függ sem attól, hogy mi a választott GDP-szint, amit rögzítetten tartunk, sem attól, hogy milyen nővér-számról indulva növeljük a nővérek számát egy egységgel! Akármilyen érteken is rögzítjük a GDP-t, azaz akárhhol is vagyunk a bal oldali tengelyen, és akárhonnan indulva növeljük a nővér-számot, azaz akárhonnan vagyunk a jobb oldalon, ahonnan egyet jobbra-felfelé lépünk, a sík *mindenképp* ugyanannyit megy lejjebb. Azaz ezt a meredekséget használhatjuk, egyetlen számként, a nővérek hatásának leírására. Ezt a tulajdonságot fogjuk később úgy híjni, hogy linearitás.

Ez lesz a sík behúzásának igazi értelme: nem a görbeillesztés a lényeg, hanem, hogy feltételezünk egy modellt (ami a sík matematikai leírása lesz), és annak a paramétereit, ezeket a bizonyos meredekségeket becsüljük meg a begyűjtött tényadatok alapján. Ezt hívjuk regresszióknak. A regresszió kérdésköre egy hatalmas, de érdekes, és nagyon sok területen – így a biostatisztikában kiemelten – fontos téma. Most szinte csak utalásszerűen tudom megemlíteni pár fontos kérdését, de a részletek előadásaimban és jegyzeteim között elérhetőek; néhány adott téma vágót a szövegben is belinkelek a megfelelő helyen.

(Észrevehető, hogy ez a módszer lényegében a rétegzés továbbfejlesztése: ott is arra törekedtünk, hogy a nővérek számának hatását úgy mutassuk ki, hogy a GDP nem változik vele együtt, azt állandóan tartjuk, de most ezt ügyesebben tesszük meg: például nem kell kategóriákra osztani a GDP-t, amik ha túl szélesek, akkor nagyon különböző dolgokat mosnak egybe, ha túl szűkek, akkor kevés pont jut egy kategóriába, közvetlenül számszerű választ kapunk, jobban kiterjeszthető lesz majd az eredmény több változóra is stb.)

Mindezek eredményét mutatja a következő táblázat, a ‘Becsült hatás’ oszlop adja meg a meredekségeket, azaz fenti értelemben vett hatást:

```
knitr::kable(data.frame(`Becsült hatás` = signif(coef(fit)[-1], 3),
                        `95% CI` = apply(signif(confint(fit)[-1,], 3), 1, paste,
                                         collapse = " -- "),
                        p = Hmisc::format.pval(summary(fit)$coefficients[-1,4],
                                              digits = 3, eps = 0.001),
                        check.names = FALSE, row.names = names(coef(fit))[-1]))
```

	Becsült hatás	95% CI	p
gdp	-0.0752	-0.147 – -0.00328	0.041
nurses	-1.1100	-3.88 – 1.66	0.411

Tehát azt mondhatjuk, hogy ha a GDP-t egy egységgel növeljük, de úgy, hogy a nővérek száma közben nem változik, akkor 0,0742-vel megy lejebb a halálozás. Ha a nővérek számát növeljük eggyel miközben a GDP-t változatlanul tartjuk, akkor 1,14-gyel csökken a halálozás. Elérünk a célunkat, ezek a confounding-tól tisztított értékek: az 1,14 a nővér-szám tisztított hatása, amiben megszabadultunk a GDP miatti confounding-tól! Noha csak megfigyeléses adataink voltak, mégis meg tudtuk határozni a nővérek számának *valódi* hatását a halálozásra.

Annak, hogy a nővérek hatásának számértéke nagyobb mint a GDP-é, nincsen jelentősége, hiszen ez az érték függ a mértékegységtől (egy *egységgel* növelteük, ahol az egység az, amiben a kérdéses változót mérjük), márpedig a nővérek számának és a GDP-nek teljesen más a mértékegysége. Az viszont mindenkiéppen meglepő lehet, hogy akkor most mégis van hatása a nővér-számnak? Hiszen korábban még azt állapítottuk meg, hogy nincsen...!

A helyzet az, hogy tényleg nincsen, és ennek nem mond ellent a fenti -1,14, de ennek megértéséhez meg kell egy új kérdéskörrel ismerkednünk.

A mintavételi ingadozás fogalma

A probléma az, hogy ezek a számok becsült értékek. Nem kőbe véssett számok, hanem függenek a véletlen szeszélyétől is, azáltal, hogy épp minden adatbázisból (mintából) becsültük őket: ha pontosan ugyanabból a valódi összefüggésből pontosan ugyanúgy véletlen mintát veszünk, akkor sem mindig ugyanazt kapjuk becsült értékként. A kapott becslés mintáról-mintára ingadozik, amiből persze egyúttal az is következik, hogy nem kaphatjuk meg minden a valódi értéket. Nagyon fontos tehát, hogy most nem arról beszélek, hogy a mintát bármilyen értelemben is „hibásan“ vettük: a legtökéletesebben véletlen mintavétel esetén is lesz a becsült értékekben ingadozás, pont úgy, ahogy a kihúzott lottószámok átlaga sem pont 45,5 minden héten. Pedig az összes számnak (1-től 90-ig) ennyi az átlaga, a mintavétel – remélhetőleg – itt aztán tökéletesen véletlen, és mégis, a mintának, tehát a kihúzott 5 számnak az átlaga néha kicsit kisebb mint 45,5, néha kicsit nagyobb. Ezt hívjuk mintavételi ingadozásnak.

Nézzük meg ezt egy konkrét példán! Sajnos az adatbázisunk erre a célra nem használható, hiszen az csak egyetlen minta, és mi magunk sem tudhatjuk, hogy mi a háttérben lévő valóság. Ezért egy más eszközökhöz nyúlnunk: *szimulálni* fogunk, azaz fogunk egy valódi összefüggést, abból veszünk egy véletlen mintát, és az alapján becsüljük a regressziót. Ilyen módon egyrészt mi is tudjuk mi a valóság, másrészt a mintavételt akárhányszor meg tudjuk számítógépen ismételni, és megvizsgálhatjuk a kapott eredményeket. Nézzünk is egy egyszerű példát, ahol a változó hatása – a fentiekben bemutatott értelemben – 2; a fekete pontok jelentik az újabb és újabb szimulációkat, a kék görbék az egyes szimulált esetekből becsült regressziót, a piros a valódi összefüggés:

```
n <- 20
nSim <- 20
SimData <- data.table(sim = rep(1:nSim, each = n), x = runif(n*nSim))
SimData$y <- 1 + 2*SimData$x + rnorm(n*nSim, 0, 0.5)
fits <- lapply(1:nSim, function(i) lm(y ~ x, data = SimData[sim==i]))
```

```

for(i in 1:nSim)
  print(ggplot(SimData[sim<=i], aes(x = x, y = y, alpha = 1 - 0.5*(sim < i) ) +
    geom_point(color = "blue") +
    coord_cartesian(xlim = c(-0.1, 1.1), ylim = c(0, 4)) +
    geom_abline(intercept = coef(fits[[i]])["(Intercept)"],
                slope = coef(fits[[i]])["x"], color = "blue") +
    labs(title = paste0("Valódi hatás: 2, mintából becsült hatás: ",
                        round(coef(fits[[i]])["x"], 1), " (", i, ". szimuláció)")) +
    guides(alpha = "none") +
    {if(i>1) lapply(1:(i-1), function(j)
      geom_abline(intercept = coef(fits[[j]])["(Intercept)"],
                  slope = coef(fits[[j]])["x"], color = "blue", alpha = 0.2)}) +
    geom_segment(aes(x = x, xend = xend, y = y, yend = yend),
                 data.frame(x = -0.2, xend = 1.2, y = 1 + 2*(-0.2),
                             yend = 1 + 2*(1.2)), inherit.aes = FALSE, color = "red",
                 size = 1.2))

```

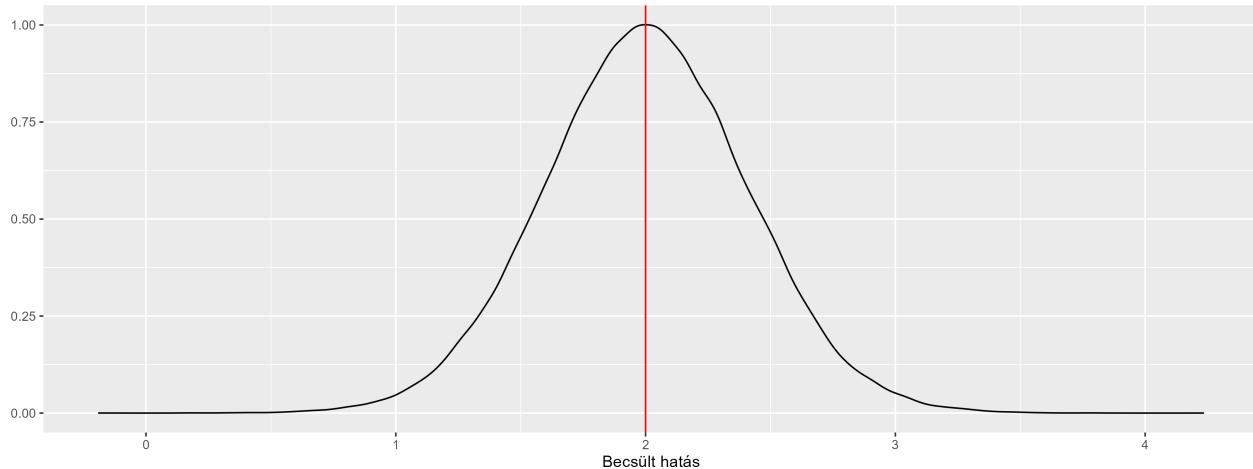
Ezekből az ábrákból egy dolog látható és egy dolog sejthető. Ami látható, az a mintavételi ingadozás: ahogy megbeszéltük, hiába adott, állandó, rögzített értékű a valódi összefüggés (piros vonal), hiába teljesen véletlen a mintavétel, a mintából becsült hatás ingadozik mintáról-mintára, pusztán a mintavétel szeszélye miatt tehát. Hiába 2 a piros görbe meredeksége, hiába vettünk minden alkalommal tökéletesen véletlen mintát (és ez most biztos), a kék görbe meredeksége néha kicsit nagyobb, néha kicsit kisebb. Ez elkerülhetetlen. De az ábrák sugallanak is valamit: hogy van ugyan ingadozás, de azt remélhetjük, hogy ennek kellemes tulajdonságai lesznek, például az ábrákból eléggyé az látszik, mintha a becsült érték ingadozna ugyan, de átlagosan jó lenne, mert a jó érték körül ingadozik. Vajon igaz ez?

Futassuk most ne 20-szor a szimulációt, hanem 10 ezerszer, jegyezzük fel minden egyes futtatásnál a becsült hatást, majd nézzük meg ezek eloszlását:

```

simbeta <- as.data.table(replicate(1e5, {
  x <- runif(20)
  lm.fit(cbind(1, x), 1 + 2*x + rnorm(20, 0, 0.5))$coefficients[2]
}))
ggplot(simbeta, aes(x = V1)) + geom_density() +
  geom_vline(xintercept = 2, color = "red") + labs(x = "Becsült hatás", y = "")

```



A piros jelzi a valódi értéket, a fekete pedig a mintából kapott becslések eloszlását. Csakugyan beigazolódott a sejtésünk, és valami megnyugtató dolgot látunk: ingadozik ugyan a becslés (amint láttuk, ez elkerülhetetlen), de átlagosan jó az értéke! A statisztikában ezt a tulajdonságot hívjuk torzítatlanságnak. Ha nem teljesül, tehát a becsléseknek az átlaga sem egyezik a valódi értékkel, akkor azt mondjuk, hogy torzított a becslés (és a torzítás az átlag és a valódi érték eltérése). A fentiből úgy tűnik tehát (nem akarom azt mondani, hogy „bizonyítottuk“, hiszen ez csak egy szimuláció), hogy a változó hatásának értékére kapott becslés torzítatlan. Megfelelő matematikai eszközökkel bizonyítani is lehetne, hogy valóban torzítatlan az így kapott becslés.

A fentiek a mintavételi ingadozást úgy fogalmazták meg, hogy ha tudom, hogy a valódi érték mondjuk 10, akkor a mintából becsült lehet 9 vagy épp 11 is. A dolognak azonban van egy ezzel egyenértékű, de a mi szempontunkból fontosabb megfogalmazása: ha a mintában 20-at kaptam, attól még a valódi lehet 19 vagy 21 – egyenértékű, hiszen az előbbi megfogalmazás azt mondja, hogy a 19 vagy a 21 is beingadozhat a 20-ba, pusztán a véletlen szeszélye folytán. Azért mondtam, hogy a mi szempontunkból ez utóbbi megfogalmazás a fontosabb, mert mi az utóbbi helyzetben vagyunk ténylegesen, a gyakorlatban (azaz ha épp nem szimulációs vizsgálatot csinálunk): ekkor ugyanis mi sem tudhatjuk, hogy mi a valóság, csak azt látjuk, hogy 20-at kaptunk a mintából becslésként. Ez a megfogalmazás tehát egy nagyon fontos üzenettel bír számunkra: vigyázat, ettől még nem biztos, hogy 20 a valódi érték! És most nem a confoundingról vagy hasonló gikszerről beszélek, ha minden ilyet elkerültünk, és minden tökéletesen csináltunk, ez *akkor is* igaz lesz, pusztán a véletlen ingadozás miatt. Nem biztos, hogy 20 a valódi érték, ebben bizonytalanság van, lehet éppenséggel 19 vagy 21 is. De lehet 18 vagy 22 is? 15 vagy 25 is? Lehet 0 is...? Ez utóbbi pláne fontos, mert az azt jelentené, hogy a változónak igazából nincs is hatása!

A kérdésre biztos válasz nincs, de valószínűségi választ adhatunk. Ezt teszi meg a korábbi táblázat harmadik oszlopában feltüntetett úgynevezett konfidenciaintervallum (CI). Ez tartalmazza azokat az értékeket, amikre igaz, hogy ha az lenne a valódi, akkor könnyen beingadozhatnának abba, amit ténylegesen kaptunk is: a GDP esetében -0,146 és a -0,00251 közti valódi értékek ből könnyen kaphatnánk, pusztán a véletlen ingadozás miatt, -0,0742-t. (A fejlécben feltüntetett 95% szabályozza azt, hogy mit értünk „könnyen“ alatt.) Úgy is szokták mondani, hogy ilyen valódi értékek esetén a tényleges érték attól való eltérése betudható a véletlen ingadozásnak, szép szóval: nem *szignifikáns* az eltérés. Ha a konfidenciaintervallum tartalmazza a nullát (ami ugye, ahogy az előbb is mondtuk, azt jelenti, hogy a kérdéses változónak valójában nincs hatása az eredményre!), az magyarára lefordítva azt jelenti, hogy nincs okunk feltételezni, hogy a változónak van hatása, mert ha nem lenne, *akkor is* kényelmesen kijöhetett volna pusztán a véletlen ingadozás miatt az, ami ki is jött. Ilyenkor mondjuk azt, hogy a változó hatása nem szignifikáns.

És most nézzük meg a nővér-szám konfidenciaintervallumát: azt látjuk, hogy -3,9-től megy 1,62-ig. Azaz: benne van a 0! A nővérek számának hatása a halálozásra tehát nem szignifikáns! Ami számértéket kaptunk (-1,14) kényelmesen kijöhetett úgy, hogy a valódi érték 0, és ezt a -1,14-et csak a véletlen miatti ingadozás dobta ki – nincs okunk azt feltételezni, hogy valódi hatás van, mert ezek az adatok nem mondannak ellent annak, hogy igazából nincs a nővér-számnak hatása.

A függvényforma kérdése

A regresszió bevezetésénél azt mondtuk, hogy a modellünk lineáris, tehát, hogy a nővér-szám hatása nem függ sem attól, hogy mi a választott GDP-szint, amit rögzítetten tartunk, sem attól, hogy milyen nővér-számról indulva növeljük a nővérek számát egy egységgel. Még meg is jegyeztük, hogy ennek több előnye is van, kezdve azzal, hogy kényelmes az eredmények értelmezése. Később úgy fogjuk mondani, hogy a linearitás egy modellfeltevés. Érdemes erről egy picit bővebben is beszélni, azért is, mert egyúttal jó általános illusztráció az ilyen modellfeltevések szerepére, ellenőrzésére és feloldására is.

De mi van, ha a hatás nem lineáris? Mi van ha például eleinte, amíg még kevés van belőlük, nagyon számítanak a plusz nővérek, de később már egyre kevésbé? Mi van, ha a nővérek hatása függ a másik magyarázó változótól, a gazdasági fejlettségtől, például alacsony fejlettségnél jobban számít plusz egy nővér, de magasnál már kevésbé? (Ez utóbbi esetben automatikusan igaz lesz az is, hogy a gazdasági fejlettség halálozásra gyakorolt hatása is függ a nővérek számától; ilyenkor szokták azt mondani, hogy interakcióban van a két változó.)

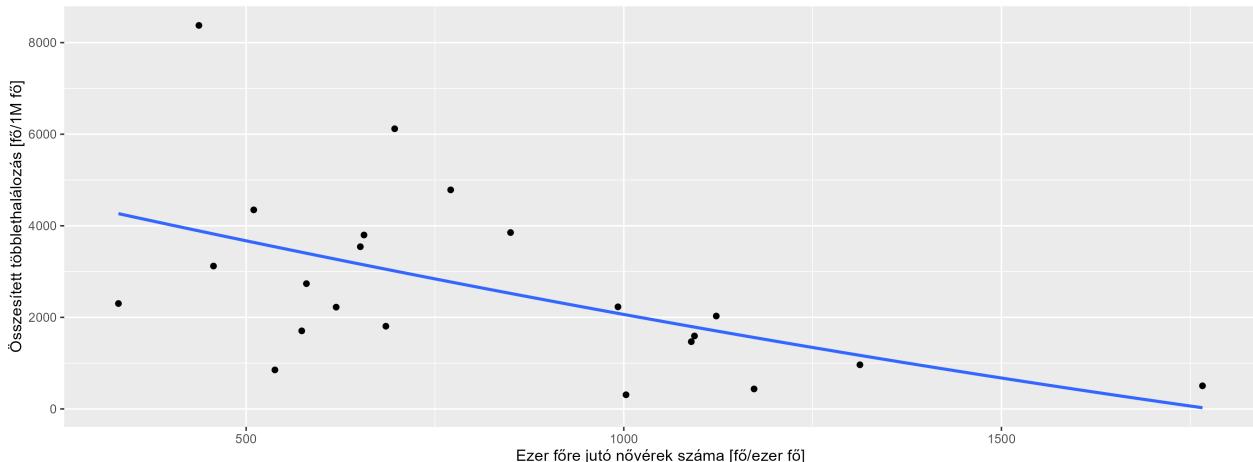
Kezdjük ott, hogy igen, csakugyan, a valóság működése általában pont hogy nem lineáris. Mégis, jó okaink vannak ennek ellenére is a linearitás használatára, legalábbis első közelítésként. Az egyik, hogy a lineáris modellek kényelmesek: a kapott eredmények nagyon jól interpretálhatóak, egy változó hatása egyetlen szám, azzal a nagyon egyszerű értelmezéssel, hogy +1 egység növekedés minden mást változatlanul tartva hogyan hat a kimenetre. Az, hogy egyetlen számot kell becsülni, ráadásul statisztikailag is nagyon előnyös, kis mintánkon is ez működik a legjobban. Mindemellett a lineáris modellek jól használhatóak extrapolációra, azaz, ha a rendelkezésre álló adatok tartományán kívül eső területről kell nyilatkoznunk, akkor egyszerűen meghosszabbíthatjuk az egyenest minden matematikai nehézség nélkül.

Persze a kényelem nem sokat ér, ha a valóság nem így működik! De itt jön a második előnyös vonás: az, hogy valóságban nem lineáris összefüggések is elég jól közelíthetők lineárissal, ha kellően szűk tartományon dolgozunk. Vizuálisan ez úgy képzelhető el, hogy ha veszünk is egy akármilyen hepe-hupás függvényt, ha kellően jól ránagyítunk, akkor egy kis tartományban elég jól közelíthető lesz egyeneskel. (Ez az ilyen, kissé ráolvasás jellegű érvelésen túl azért ez matematikailag is alátámasztható.)

Összességében véve arról van szó, hogy ha nincs kellő adatunk a mintából, akkor ezt az információhiányt valamilyen feltevéssel kell kipótolnunk, és erre a fenti okok miatt nagyon csábító a linearitás. Természetesen vannak alternatívái, de ezek között választani csak akkor fogunk tudni, ha van kellő információink. Azt, hogy milyen függvényt használunk, szokták a függvényforma megválasztásának nevezni.

Az egyik ilyen alternatíva a függvényformára, ha a magyarázó változó mellett annak négyzetet is felhasználjuk; ezzel egy egyenes helyett egy parabolát illesztünk:

```
ggplot(RawData, aes(x = nurses, y = cumexcessperpop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm", formula = y ~ poly(x, 2), se = FALSE) +
  labs(x = "Ezer főre jutó nővérek száma [fő/ezer fő]",
       y = "Összesített többlethalozás [fő/1M fő]")
```



Ha például kilaposodó hatást feltételezünk, akkor ennek leírására ez alkalmas lehet. Ez ráadásul az érvényességi tartományok kérdésére is jó példa: a parabola ugyan kilaposodik, de egy ponton túl vissza is fordul, tehát fontos kérdés, hogy mely tartományban kell használnunk a modellt. De ugyanez a lineárisra is igaz: ahogy az előző megjegyzés is mutatta, lehet, hogy egy tartományban még jó közelítés, de máshol már nem (ezért kell az extrapolációval óvatosnak lenni!).

A fenti függvény a potenciálisan jobb illeszkedésért cserében már nem ad olyan kézenfekvő és egyszerű értelmezést mint a lineáris modell (de továbbra is könnyen extrapolálható). Még egy dolog fontos: ez már két paraméter becslését igényli, így statisztikailag nehezebb dió, illusztrálva azt a korábbi megjegyzést, hogy ahhoz, hogy ilyen kérdéseket, tehát a nemlineáritás ügyét értelmesen vizsgálni tudjuk, nagyobb mintára lesz szükség.

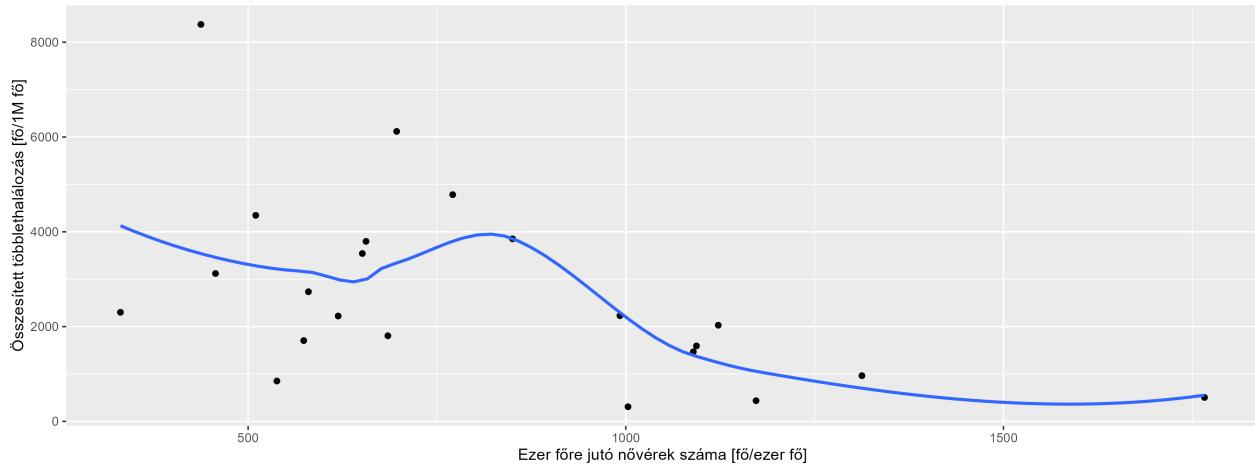
A fenti ábra nagyon egyértelműen mutatja, hogy túl nagy kilaposodó hatás ebben a halálozás–nővér összefüggésben nincsen: a görbe szemmel alig láthatóan tér el az egyenestől. Ennek vizsgálatára statisztikai tesztet is lehetne konstruálni. Ez egy példa a *modelldiagnosztikának* nevezett nagyon fontos lépéstre: ennek során vizsgáljuk, hogy a modellünk feltevései vajon teljesülnek-e abban a konkrét esetben, amit elemzünk.

Ezzel pedig már kezd látszani egy lehetséges munkamódszer: próbálkozzunk különböző lehetséges függvényformákkal, és válasszuk ki, hogy melyik a legjobb a mi konkrét mintánkra! Ez első hallásra nagyon csábítóan hangzik, csak egy gond van: a függvényformák próbálgatása, pláne ha végiggondolatlanul történik, a túlilleszkedés nevű jelenséghoz fog vezetni, amiről hamarosan sokat fogunk beszélni. Annyi megelőlegezhető, hogy csak néhány, nem túl nagy számú, előre előtöltött függvényforma kipróbálásának van értelme, annak is inkább csak akkor, ha van kellően nagy mintánk.

Ha interakciót is feltételezni akarunk, akkor hatványozottan jelentkezik ez a probléma, hiszen abból aztán nagyon sok potenciális van: bármelyik változó lehet interakcióban bármelyikkkel. A gyakorlatban az mondható, hogy – ha csak nincs extrém nagy méretű mintánk – legfeljebb nagyon kis számú, előzetesen, tehát nem az adatok által sugallt módon, hanem tárgyterületi ismeret alapján feltételezett interakció modellbe rakásának van értelme.

Zárásként megjegyzem, hogy az összes fent tárgyalt modell az úgynévezett paraméteres modellek körébe tartozik. Ezek lényege, hogy a függvény formáját (egyenes, parabola stb.) mi határozzuk meg, előre, azt úgymond rákényszerítjük az adatokra. Az adatokból magukból pusztán néhány számot (az egyenes meredekségét, a parabola két együtthatóját stb.) becsüljük, de nem a függvény alakját. Épp innen jön a „paraméteres“ elnevezés: ekkor csak egy vagy több számszerű paramétert becslünk az adatokból. Ezek a modellek általában jól becsülhetők statisztikailag, kisebb mintán is, valamilyen szintű tárgyterületi interpretációt kis szerencsével lehet adni a paramétereknek, és lehetővé teszik az extrapolációt. Csak épp ott van az a hátrányuk, hogy a függvényformát nem az adatok mondták meg, hanem mi – de mi van, ha rosszat választunk? Elvégire egy hullámszerűen fel-le ingadozó pontfelőre is rá lehet húzni egy egyenest... (csak sok értelme nem lesz). A modelldiagnosztika enyhít ezen a problémán, hiszen kimutathatóvá teszi, hogy valamit rosszul csináltunk, és segíthet egy jobb megoldás megtalálásában is, azaz valamilyen értelemben mégis csak alakítja az adatok alapján a függvényformát, de mint volt róla szó, ennek is megvannak a hátrányai. Létezik azonban egy radikálisan más megközelítés, a nemparaméteres modellek: ezeknél egyáltalán nem kell semmilyen függvényformát feltételeznünk! Ami persze jó hír, mert ha nem kell függvényformát feltételeznünk, akkor nem fenyeget, hogy rosszat feltételezünk... Meglepő lehet, hogy ilyen létezik, és lehet regressziót csinálni így is, de a probléma megoldható. Lényegében arról van szó, hogy egyszerűen követjük az adatokat:

```
ggplot(RawData, aes(x = nurses, y = cumexcessperpop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = stats::loess, formula = y ~ x, se = FALSE) +
  labs(x = "Ezer főre jutó nővérek száma [fő/ezer fő]",
       y = "Összesített többlethalózás [fő/1M fő]")
```



Ebben a kontextusban ezt szokás simításnak is nevezni, ennek is van irodalma. E modellekknél tehát a rossz függvényforma miatt nem kell aggódnunk, ami hatalmas fegyvertény, de cserében rosszabbul becsülhetőek, olyan értelemben, hogy nagyobb mintát igényelnek, paraméter híján nincs egyszerű szám, amihez jó esetben még tárgyterületi értelem is tartozik (maximum kirajzolhatjuk a görbét), és extrapolálni sem lehet, vagy csak trükkökkel. A továbbiakban ilyen modellekkel nem foglalkozunk most.

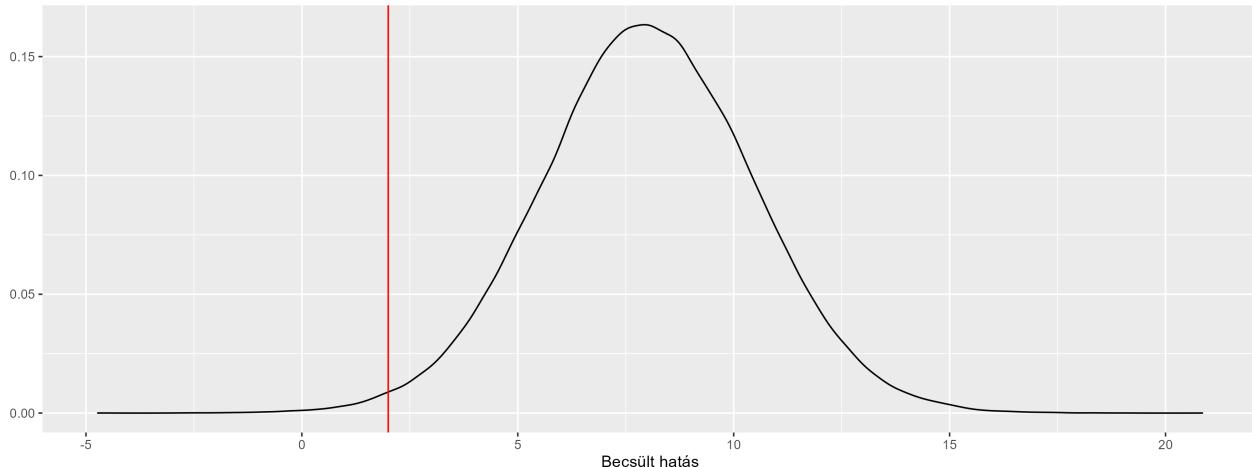
A kihagyott változós torzítás

Természetesen annak, hogy a modell által becsült paraméterek tényleg jó választ adjanak, bizonyos feltételeknek meg kell felelniük. A linearitást már láttuk, de a talán legkézenfekvőbb: nem fordulhat elő például, hogy van még egy változó, amiről még mindig megfeledkeztünk. Hiszen honnan tudjuk, hogy csak a nővérek és a GDP számít? Mi van, ha valamit így is kihagyunk? Ami, ha hat a halálozásra és összefügg a GDP-vel vagy a nővér-számmal, megint *pont* a confounding problémáját hozza be...! Itt jutunk vissza ahhoz a téTELmondathoz, amit már az elején is láttunk: megfigyeléses adatoknál minden a fejünk felett lebeg, hogy mi van, ha egy confounding-ot okozó változóról megfeledkezünk. Pontosan ez tükröződik itt is vissza: ha egy lényeges változót kihagyunk, akkor baj lesz, mégpedig ugyanaz a baj, amivel eddig is küzdöttünk.

Hogy jobban megértsük a problémát, ne füssünk ennyire előre, és nézzük meg a kétváltozós helyzetet, mint amilyen a GDP és a nővér-szám példája volt. Valaki mondhatja, hogy de hát ezt már megtárgyaltuk, láttuk mi lesz a probléma és miért – igen, „filozofikusan elmesélve“ megtárgyaltuk, de most nézzük meg számszerűen is!

E célból készítsünk megint egy szimulációt: a valóságban most a kimenetre két – összefüggő – változó hat, csak épp az egyiket kihagyjuk a regresszióból. Mint amikor a GDP és a nővérek száma hat a halálozásra, de mi mégis csak a nővérek hatását vizsgáljuk. Mi történik ilyenkor a regresszióban bent maradt változó kimutatott hatásával, példánkban a nővérekre kimutatott hatással? A piros vonal továbbra is a valódi (általunk a szimulációban beállított) értéket jelöli, a fekete görbe pedig ugyanúgy a mintákból kapott becslések eloszlása:

```
simbeta <- as.data.table(replicate(1e5, {
  x1 <- runif(20)
  x2 <- 1 + 2*x1 + rnorm(20)
  lm.fit(cbind(1, x1), 1 + 2*x1 + 3*x2 + rnorm(20, 0, 0.5))$coefficients[2]
}))
ggplot(simbeta, aes(x = V1)) + geom_density() +
  geom_vline(xintercept = 2, color = "red") + labs(x = "Becsült hatás", y = "")
```



Baj van! A becslések továbbra is ingadoznak, van mintavételi ingadozás (ez eddig nem meglepő, láttuk, hogy ez elkerülhetetlen) – csak épp most már *egy rossz érték körül* ingadoznak! Átlagosan sem jó az értékük, szép szóval élve: torzított a becslésünk. Ezt hívjuk kihagyott változó okozta torzításnak.

Fontos rögzíteni, hogy ennek a problémakörnek semmi köze a véletlen ingadozáshoz, a konfidenciaintervallum használata semmiféle védelmet nem ad ellene.

Valaki megkérdezheti, hogy ez hogyan lehet, hiszen az előbb még azt mondtam, hogy „matematikai eszközökkel bebizonyítható“, hogy a kapott becslések torzítatlanok. A válasz az, hogy igen, bebizonyítható – *ha* bizonyos feltételek teljesülnek. Rögtön el is árulhatom tehát, hogy a confounding, a lényeges változó kihagyása épp e feltételek egyikét fogja megsérteni. Ezért nem fog ebben az esetben működni ez a bizonyítás, és ezért lesz ilyenkor torzított a kapott eredmény.

Valamit nagyon fontos megérteni részleteiben is a confounding problémája kapcsán: ha kihagyunk a regresszióból egy lényeges változót, tehát olyat, aminek *valójában* van hatása a kimenetre, akkor annak a hatását a bentmaradt változók veszik át. (Attól a gyakorlatban nem túl izgalmas esettől eltekintve, ha egyik vizsgált változóval sem függ össze a kihagyott változó.)

Igazából ez, mint kihagyott változós torzítás tükrözött vissza a fenti példában is: ha kihagyjuk a GDP-t, akkor a nővér változó valójában már nem *csak* a nővérek hatását fogja mutatni, hanem a nővérek *és* a GDP együttes hatását. A nővér változó, legalábbis részben, *átvette* a GDP szerepét is! Általánosan megfogalmazva: a vizsgált változóinkra kimutatott hatások – sajnos – a nem vizsgált változók hatásait (*is*) tartalmazzák, ha nem vizsgáltunk olyat, ami valójában lényeges.

Bár tényleg csak átfogalmazásról van szó, azért fontos külön is említeni, mert egy gyakori tévedés, ha egy nem vizsgált változóról automatikusan kijelentjük, hogy nincs hatása. Ez nem csak hogy nem igaz, de a helyzet rosszabb: ezt a hatást, ha van neki, sajnos a vizsgált változókra szétszótvá fogjuk kimutatni...! Ha a társadalmi távolságértartásra vonatkozó szokásokra nincs adatunk (hogy mondjak egy csakugyan nehezen mérhető változót), akkor nem mondhatjuk, hogy annak nincs hatása, de ez még hagyján, az igazi baj, hogy a hatását, ha van neki, a többi változóban fogjuk elszámolni, mert azok *átveszik* a kimaradt változó hatását. Ha például a déli országokban szorosabbak a szociális kontaktusok mint az északiakban, és a déliek és az északiak között GDP-ben is van eltérés, akkor a szociális távolság hatását vidáman ki fogjuk mutatni GDP címszó alatt!

Ugyanennek egy másik tipikus megjelenési formája: belerakjuk a modellbe a cukorbetegség gyakoriságát, találunk hatását, és kijelentjük, hogy tehát a cukorbetegség elterjedtsége így meg így hat a halálozásra. A probléma itt is ugyanaz: a cukorbetegség jól összefügg egy sor másik krónikus betegséggel (azaz, amelyik országban több a cukorbeteg, ott általában több magas vérnyomásos, a perifériás érbeteg stb.), ezért a „cukorbetegség“ változónkkal azok hatását *is* mérjük! Könnyen lehet, hogy valójában sokkal inkább egy „krónikus betegségek“ hatást mutattunk ki, és nem *konkrétan* a cukorbetegség hatását. Érdemes végigondolni az extrém példát: ha a cukorbetegség és a magas vérnyomás tökéletesen egybeesik (azaz valaki vagy mindenkorban szenved vagy egyikben sem), akkor nyugodtan előfordulhat, hogy a cukorbetegségnek semmi

hatása nincs, de mi cukorbetegség címén kimutatjuk a magas vérnyomás hatását. Sőt, ennél jóval több is igaz: ebben az esetben *elvileg lehetetlen* a két hatás elkülönítése. (Tökéletesen „össze vannak confound-olódva“.) Látni fogjuk, hogy valójában akkor sem biztos, hogy könnyű dolgunk van, ha nem tökéletesen esnek egybe, de azért elég jól. Felvethető a kérdés, hogy akkor miért nem rakjuk bele a modellbe a cukorbetegséget és a magas vérnyomást? Miért nem rakunk bele tízféle krónikus betegséget, hogy biztosra menjünk? Hiszen a regresszió nagy előnye éppen az, hogy elkülöníti a hatásokat...! Ez csakugyan így van, nem is fogom cáfolni, de más szempontból jelenthet ez gondot.

A problémát szemlélniük még tágabb perspektívából. Mondhatjuk, hogy a kihagyott változó okozta torzítás legegyszerűbb kezelési megoldása elég kézenfekvő: ne hagyunk ki lényeges változót... A dolog azonban nem ilyen egyszerű, két okból sem. Az egyik, kézenfekvő probléma, hogy mi van, ha nincs információink a lényeges változóról? Akár azért, mert nem tudtuk begyűjteni az információt, de akár azért is, mert nem is gondoltunk rá, hogy be kellene gyűjteni! (Ugye ez a kísérletes vizsgálatok nagy előnye!) A másik probléma az, amire az előbb utaltam: még ha ismerjük is a lényeges változókat, baj származhat abból, ha nagyon sok van belőlük (a minta nagyságához képest). Ezt átvezet minket a modellezési stratégia kérdéséhez: ha nagyon sok potenciális magyarázó változónk van, akkor hogyan alakítsuk ki a felhasznált modellt?

A modellezés stratégiája

A valódi feladatokban szinte minden esetben több – potenciális – magyarázó változónk van, adott esetben sok. (A potenciális szót azért használom, mert a valóságban persze mi magunk sem tudhatjuk, hogy mely változó lényeges!) Nem kivétel ez alól a mostani problémánk sem; én 14 változót gyűjtöttem ki – miközben minden összes 22 országunk van! És a 14 is nagyon kényelmesen bővíthető... Mi ilyenkor a teendő? Mely változókat használjuk fel a modellünkben? Az előző fejezetünk vége azt sugallja, hogy ezen nincs mit gondolkozni, egyszerűen minden használjuk fel az összes potenciális változót és kész. Hiszen amiről nincs információink, azzal persze nincs mit tenni, de a többinél nehogy megkockázatassuk, hogy véletlenül lényeges lenne, és mi meg kihagyjuk, úgyhogy inkább vonjunk be a modellbe minden változót. De biztos, hogy ez a legjobb, amit tehetünk...?

Először is kezdjük azzal, hogy „technikai“ problémát nem jelent az, hogy egy regressziós modellbe nem kettő, hanem több magyarázó változót pakolunk. Több változó esetén ugyan már nem tudunk olyen ábrát rajzolni, mint a síkok tartalmazó a két magyarázó változós esetben, de azt megtehetjük, hogy megtartjuk a linearitást, csak kiterjesztve több változóra. Ennek akadálya nincsen, sőt, nem is különösebben nehéz, az ennek megfelelő matematikai modell ugyanis könnyen felírható bármennyi változóval. Regressziót ekkor is végrehajthatunk: felrajzolni ugyan ekkor már nem tudjuk, de a fenti értelmű meredekségeket, tehát, hogy a vizsgált kimenet hogyan változik, ha egy magyarázó tényezőt változtatunk úgy, hogy közben az összes többi változatlan – ezáltal kiszűrjük a rajtuk keresztül fellépő confounding-ot – minden további nélkül megkapjuk. Ez a lineáris modell; a korábban említett lehetőségek a nemlineáris kapcsolatok vizsgálatára szintén átvihetőek többváltozós esetre, de ezzel most nem fogunk foglalkozni, nem jelent újdonságot: a korábban látott módszerek alkalmazhatóak minden egyes változóra, illetve szintén vizsgálhatunk interakciókat.

Hogy megvizsgáljuk a helyzetet, kezdjük azzal a megoldással, ami az előbb felvetődött: egyszerűen pakoljuk be az összes változót egy nagy modellbe! És abból kiolvassuk az eredményt, azt is, hogy mi az ami befolyásolta a halálozást (és mennyire), és azt is, hogy mi az, ami nem:

```
fit2 <- lm(cumexcessperpop ~ popdensity + overcrowding + urbanization + gdp + popold +
            obese + smoke + alcohol + asthma + chrt_angpec + diag + hblpr +
            healthexpenditure + nurses, data = RawData)

knitr::kable(data.frame(`Becsült hatás` = signif(coef(fit2), 3),
                        `95% CI` = apply(signif(confint(fit2), 3), 1, paste,
                                         collapse = " -- "),
                        p = Hmisc::format.pval(summary(fit2)$coefficients[,4], digits = 3,
                                               eps = 0.001),
                        check.names = FALSE, row.names = c("Tengelymetszet",
                                                         names(coef(fit2))[-1])))
```

	Becsült hatás	95% CI	p
Tengelymetszet	3700.000	-11900 – 19300	0.592
popdensity	1.610	-5.76 – 8.99	0.621
overcrowding	55.000	-48.2 – 158	0.248
urbanization	13.400	-85.5 – 112	0.757
gdp	-0.021	-0.139 – 0.0972	0.687
popold	-97.000	-636 – 442	0.683
obese	-199.000	-600 – 203	0.280
smoke	26.200	-174 – 227	0.766
alcohol	48.900	-258 – 356	0.717
asthma	-481.000	-1830 – 871	0.428
chrt_angpec	-24.800	-808 – 759	0.942
diab	-110.000	-928 – 708	0.760
hblpr	169.000	-209 – 546	0.326
healthexpenditure	-0.291	-1.59 – 1	0.611
nurses	2.950	-1.6 – 7.49	0.169

Akkor most végeztünk? Sajnos a helyzet nem ilyen egyszerű.

A multikollinearitás problémája

Az első probléma abból fakad, hogy ezek a magyarázó változók – ahogy azt a GDP és a nővér-szám példáján láttuk is – egymással is összefüggnek. Szintén beszélünk róla, hogy ez még inkább igaz a cukorbetegség és a magas vérnyomás változókra. Ez probléma? Ha empirikusan szeretnénk meghatározni az egyes változók szerepét, akkor igen: ahogy arról volt szó, a regresszió azt próbálja megbecsülni, hogy mi a helyzet akkor, ha az egyik változó értéke rögzített, és csak a másik változik. Igen ám, de ha a magyarázó változók összefüggnek egymással, az épp azt jelenti, hogy ha az egyiket lerögzítjük, az elég jól meghatározza a másikat is, azaz kicsi lesz abban a szóródás. Márpedig kicsi szóródásból nehéz lesz megbecsülni a hatást: mikor mondanánk meg szívesebben empirikus alapon, hogy +1 fok hőmérséklet hogyan hat a gázfogyasztásra, ha ezer darab -10 és +30 fok közötti napról van információink, vagy ha ezer darab 20 és 21 fok közötti napról? Ezt hívjuk a multikollinearitás problémájának. Mint ebből is látható, ez a jelenség egyetlen változóra vonatkozatva is ugyanúgy értelmezhető: amiben kicsi a szóródás, annak nehezebb megbecsülni a hatását. Extrém esetben, ha egy változónak ugyanaz az értéke az egész mintában, akkor annak a hatását nem tudjuk megbecsülni – hiszen egyáltalán nem lesz benne szóródás. (Például ezen adatbázis alapján mondjuk meg, hogy az északi féltekén történő elhelyezkedés hogyan hat a járvány terhére – érthető, hogy ezt nem fogjuk tudni megmondani!) De nem kell ilyen erőltetett példát hozni: ha mindenki pontosan ugyanúgy hozott egy intézkedést, akkor ennek hatása empirikusan nem vizsgálható. A regresszió tehát mindenkorral csak valamilyen szóródásból tud becsülni, ezt sokszor fontos végigondolni, hogy milyen szóródás áll rendelkezésre egy adott paraméter becsléséhez.

Térjünk vissza a két, összefüggő változó kérdésére. Hangsúlyozom, hogy ilyen esetben a két változó hatása *együtt* továbbra is jól megbecsülhető, csak *külön-külön* nem, magyarázni: nehéz *elkülöníteni* a hatásukat. De ez talán intuitíve is érezhető: nehéz megmondani, hogy *külön* mi a hatása a demenciának és a 60 év feletti életkornak, hiszen kevés alanyunk lesz akinek 60 év alatt demenciája van, így amikor a nem demens helyett demens alanyokat nézünk, akkor *szinte* automatikusan 60 év felettiek is lesznek.

Ez nem egy „kijavítható“ probléma abban az értelemben, hogy nem az általunk megalkotott modell, hanem a felhasznált adatok jellemzője – az meg olyan, amilyen, az nem egy általunk befolyásolható kérdés, hogy a GDP és a nővérek száma összefügg.

Minél több egymással összefüggő változót rakunk bele a modellbe, annál jobban fogja az egyes változókat a többi magyarázni, így annál rosszabb lesz ilyen szempontból a helyzet. Ami biztosan segít, az a nagyobb mintanagyság: ettől ugyan továbbra is nehezebben lesznek szétválaszthatóak a hatások, azaz bizonytalannabbak lesznek a becslések aholhoz képest, mintha a változók nem függenének össze, de a nagyobb mintanagyság ezt ellensúlyozza, azáltal, hogy *általában* csökkeneti a becslések bizonytalanságát.

Így már jobban érhető, hogy miért lett inszignifikáns az összes változónk!

Valójában azonban ennél rosszabb a helyzet. Ha valami véletlen folytán lett volna szignifikáns változó, akkor sem biztos, hogy túlságosan hihető lenne az eredmény a jelen esetben. Ennek okát fogjuk megnézni a következő pontban.

A túlilleszkedés problémája

A másik gond, ami akkor jelentkezik, ha a mintamérethez képest túl sok a változónk, a túlilleszkedés. Amikor mi egy regressziós modellt megbecslünk, azt mindig egy minta alapján végezzük, és az a célunk, hogy a mintát a lehető leg pontosabban leírjuk. (Ha megnéztük volna a becslés konkrét módszerét, akkor láttuk volna, hogy ez szó szerint is igaz: a legnépszerűbb becslési eljárás *épp* azt adja vissza becsült értékként, ami mellett a modellünk a legjobban leírja a mintát). Igen ám, de közben persze valójában nem magát a mintát akarjuk jól leírni (ha ennyi lenne a célunk, akkor nincs is szükség regresszióra, ott a minta, az teljesen pontosan leírja a mintát, és kész), hanem következtetni a minta alapján a háttérben lévő valóságra, statisztikus nyelven úgy szokták mondani: a sokaságra. Ehhez természetesen fel kell használnunk a mintabeli információt, és ha olyan modellt alkalmazunk, ami nem tud elég információt felhasználni – nevezük ezt alulilleszkedésnek – akkor természetesen nem várható, hogy a sokaságról helyesen tudunk nyilatkozni. Ez eddig elég logikus, de itt jön a csavar, mert az előbbiből úgy tűnhet, hogy minél több információt felhasználni képes, azaz minél komplexebb modellt vetünk be, annál jobb lesz a helyzet. Csakhogy meglepő módon ennek egy ponton túl ennek az ellenkezője lesz az igaz: egyre komplexebb modelleket használva nem egyszerűen nem javul a sokaság leírása, hanem elkezd kifejezetten romlani! Ezt a jelenséget hívjuk túlilleszkedésnek.

A probléma úgy fogalmazható meg, hogy a túl komplex, azaz túl sok információt felhasználni képes modell egy ponton túl már az adatbázisban lévő véletlen zajokat is képes lesz leírni, márpédig ha képes lesz rá, akkor meg is fogja tenni, hiszen a becslési módszernek ugyebár az a célja, hogy a mintát minél jobban leírja – azt pedig a véletlen zajok leírása is javítja. Csakhogy a sokaság leírását ez nem hogy nem javítja, de kimondottan lerontja, hiszen abban nincsenek benne ezek a véletlen zajok.

Ezt szemléletesen mutatja az alábbi animáció, ahol egy magyarázó válto zónk van, a piros görbe mutatja a valódi összefüggését az eredményváltozóval. Ismét a szimuláció eszközével élünk: ebből az összefüggésből generáljuk a 20 darab fekete pontot úgy, hogy azok véletlenszerűen szóródjanak a valódi görbe körül, majd a pontokra egyre komplexebb és komplexebb, a mintából egyre több információt felhasználni képes regressziós modelleket illesztünk; ezeket a kék görbék mutatják:

```
set.seed(1)
SimData <- data.frame(x = runif(20, 0, 10))
SimData$y <- 1 + 2*sin(SimData$x) + 0.05*SimData$x^2 + rnorm(20, 0, 1)
for(p in 0:18)
  print(ggplot(SimData, aes(x = x, y = y)) + geom_point() +
    geom_function(fun = ~ 1 + 2*sin(.x) + 0.05*x^2, color = "red") +
    geom_smooth(method = "lm", formula = if(p==0) y ~ 1 else y ~ poly(x, p),
                se = FALSE, n = 500) +
    labs(title = if(p<=3) paste0("Alulilleszkedés (p = ", p, ")") else
         if(p<=8) paste0("Nagyjából jó illeszkedés (p = ", p, ")") else
         paste0("Túlilleszkedés (p = ", p, ")")) +
    coord_cartesian(ylim = c(-0.5, 8)))
```

(Érdemes megnézni, hogy több modellre is a „nagyjából jó“ kifejezést használtam: bár a sokaság ismeretében meg lehetne mondani, hogy közülük konkrétan melyik a jó, de az ilyen kis mintanagyság nem teszi lehetővé, hogy ezeket a minta alapján elkülönítsük.)

Azt hiszem a fenti illusztráció nem sok kommentárt igényel a tekintetben, hogy mit jelent a túlilleszkedés, az, hogy a túl komplex modell már a zajokat is megragadja, így bár a mintát egyre jobban leírja, a sokaságot meg egyre kevésbé.

A jelenséget úgy is meg szokták fogalmazni, hogy az *általánosítóképesség* romlik: ez a kifejezés jelenti azt, hogy a modellnek a mintában látott konkrét dolgokból általánosítania kell a sokaság általános viselkedésére. Ha azonban már az adott konkrét minta zajait is elkezdi leírni, akkor épp ez sérül.

A túlilleszkedés abban jelenik (jelenne) meg, hogy bár a modell az *adott, konkrét* mintát jól leírja, ha vennénk egy másik, új mintát, amit a modell korábban nem látott (értsd: amit a megbecsüléséhez nem használtunk fel), akkor azon már rosszul teljesítene. El lehet képzelni, hogy ha kisorsoltunk volna, szintén teljesen véletlenszerűen, *másik* 20 pontot a piros görbe körül, akkor a nagyjából jól illeszkedő modellek azokat is szépen leírták volna, de a túlilleszkedőek teljesen rosszul – hiába is írták le a fenti 20 pontot jobban, és hiába is ugyanazon görbe körül sorsoltuk. Ez persze ilyen formában csak gondolatkísérlet, hiszen a valóságban csak egyetlen mintánk van, de ezen a nyomon el lehet indulni úgy, hogy nagyon hasznos eredményekhez jussunk, de erről picit később.

Bár a fenti animáció nem a magyarázó változók számának változtatásával oldotta meg a modell komplexitásának változtatását (hiszen az fixen 1 volt), de a helyzet az, hogy a több magyarázó változó is pontosan ugyanezt jelenti! A több magyarázó változó ugyanis több megbecsülendő paramétert jelent (ahogy a fenti táblázat is mutatja, mindegyiknek van egy saját hatása), a több szabad paraméter pedig komplexebb modellt jelent. Ha túl sok magyarázó változót pakolunk bele egy regressziós modellbe, akkor azt fogjuk *hinni*, hogy gyönyörű szép az illeszkedése (és ezt fogják a különböző számszerű jellemzők is, látszólag teljesen objektíven, mutatni), de valójában az történik, amit a fenti animációt látunk.

Ugyanígy túlilleszkedéshez vezet bármi más is, ami a becsülendő paraméterek számát növeli, hiszen minden ilyen komplexebbé, plasztikusabbá, több információt felhasználni képessé teszi a modellt. Tehát például a több paramétert használó függvényforma is! Hiszen a parabola is két paramétert igényel, míg a lineáris csak egyet. Ha valaki harmadfokú függvényt akarna illeszteni, az – bár még jobban tudná követni az adatokat – természetesen még érzékenyebb lenne a túlilleszkedésre is, hiszen az már három paramétert igényel. Most már elárulhatom így utólag, hogy igazából pont ez van az animáción: a pontokra egyre magasabb fokú függvényeket illesztünk. Összességében tehát nem az az igazán fontos, hogy azért van két paraméterünk, mert két változót használunk lineárisan, vagy azért mert egyet, de azt másodfokúként modellbe helyezve, hanem a mintából becsülendő szabad paraméterek száma. Szokták néha a modell komplexitása helyett azt a kifejezést is használni, hogy a modell kapacitása, ami ugyanúgy a fentieket fejezi ki: mennyi információt tud magába fogadni, leírni a modell, jelen esetben, hogy mennyi szabad paramétere van, amit mintából becsülünk meg.

A torzítás-variancia dilemma

Tegyünk egy rövid, de tanulságos kitérőt ezen a ponton. Ennek kiindulópontja legyen egy első látásra talán meglepő állítás: a fenti túlilleszkedéses példában, bár az utolsó görbék már nagyon-nagyon csúnyán néznek ki, de – bármilyen meghökkentő is – *torzítás* nem lép fel! (Torzítás abban az értelemben, ahogy korábban pontosan is definiáltuk.) Tehát ingadoznak ugyan a becsült értékek, de átlagosan jók.

De akkor mégis mi történt, hogy ilyen csúnya lett az eredmény? Az, hogy bár *átlagosan* jók vagyunk, de elköpesztően nagy lett a mintavételi ingadozás! Így egy konkrét eredmény sajnos nagyon messze is tud lenni a valóságtól.

Egy rövid megjegyzés: a mintavételi ingadozás háttérében igazából egyszerűen a multikollinearitás van, semmi egyéb varázslat nem történik. Hipotetikusan, ha nem multikollinearis változókból (tehát olyanokból, amik egyáltalán nem függnek össze a többi változóval) rakhánk be újabbakat és újabbakat, akkor nem nőne a mintavételi ingadozás. A fenti példa egyébként azért is lett ilyen drámai, mert olyan magyarázó változókat használtunk, amelyek nagyon multikollinearisak.

Sok változó hozzáadása jót tesz torzítás szempontjából (kevésbé valószínű, hogy kihagyunk lényeges változót), hasonlóképp a sok paraméterű függvényforma is jót tesz torzítás szempontjából (kevésbé valószínű, hogy a valóságot nem tudja leírni a függvényformánk), viszont a jelek szerint minden rosszat tesz a mintavételi ingadozás szempontjából. Fordítva megfogalmazva, ha csökkentjük a változók számát, ha egyszerűsítjük a függvényformát, akkor javítjuk a mintavételi ingadozást, de torzítást okozhatunk.

És az izgalmas az, hogy ez nem véletlenül volt így, csak pont ebben az esetben, hanem egy *általában is* fennálló jelenség: e két tulajdonság csak egymás rovására javítható. A mintanagyság növelése az egyetlen, ami a torzítás befolyásolása nélkül csökkenti a mintavételi ingadozást, de rögzített mintanagyság mellett csak abban dönthetünk, hogy melyik ujjunkba harapjunk: ha javítjuk az egyik szempontot, akkor *automatikusan* rontjuk a másikat. E szomorú, de másrészt rendkívül érdekes jelenség neve: torzítás-variancia dilemma (angolosabban torzítás-variancia trade-off, azaz átváltás, utalva arra, hogy egyiket csak lecserélhetjük a másikra). A variancia szó itt azt jelenti, hogy mekkora a mintavételi ingadozás mértéke, mérve azzal, hogy a kapott becslések mennyire ingadoznak a saját átlaguk körül (ami vagy egybeesik a valódi értékkel vagy nem – ugye ez a torzítatlanság kérdése).

Nézzük meg mindezeket egy szimulált példán! Az előbbi példát folytatjuk, ahol egyre magasabb fokú függvényeket illesztünk. Csak épp most nem egyszer tesszük meg, hanem nagyon sokszor, és így ki tudjuk számolni a torzítást és a varianciát is, minden komplexitás mellett. Ezt kapjuk:

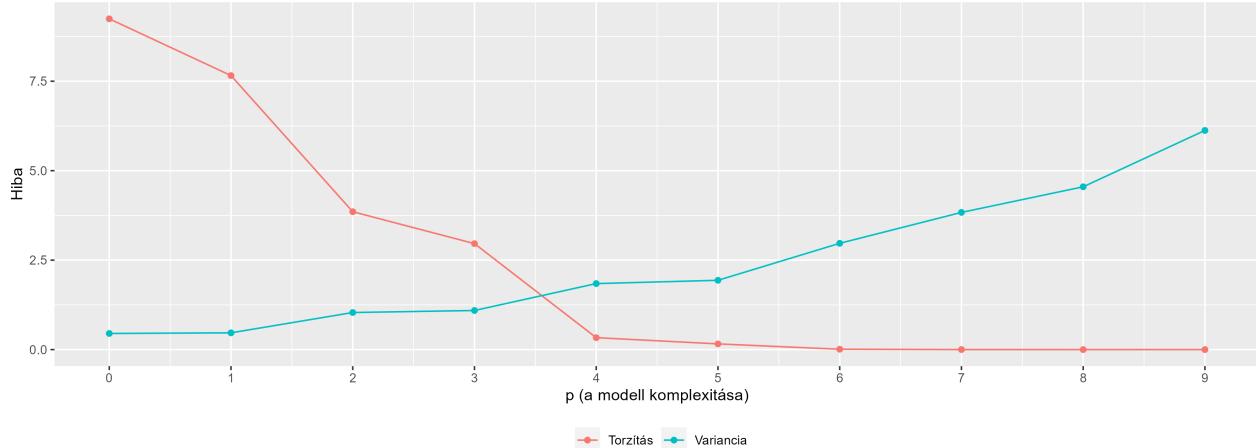
```
if(!file.exists("BiasVarianceSimRes.rds")) {  
  set.seed(1)  
  cl <- parallel::makeCluster(parallel::detectCores()-1)  
  
  x <- runif(20, 0, 10)  
  parallel::clusterExport(cl, "x")  
  
  SimRes <- parallel::parSapply(cl, 0:9, function(p) replicate(1e6, {  
    y <- 1 + 2*sin(x) + 0.05*x^2 + rnorm(20, 0, 3)  
    if(p==0) mean(y) else lm.fit(cbind(1, poly(x, p, raw = TRUE)),  
                                 y)$coefficients%*%c(1, poly(5, p, raw = TRUE))  
  }))  
  
  parallel::stopCluster(cl)  
  
  SimRes <- data.table(p = 0:9,  
                        `Torzítás` = apply(SimRes, 2,  
                                         function(x) (mean(x)-(1 + 2*sin(5) + 0.05*5^2))^2),  
                        `Variancia` = apply(SimRes, 2, function(x) mean((x-mean(x))^2)))
```

```

  saveRDS(SimRes, "BiasVarianceSimRes.rds")
} else SimRes <- readRDS("BiasVarianceSimRes.rds")

ggplot(melt(SimRes, id.vars = "p"),
       aes(x = p, y = value, group = variable, color = variable)) + geom_point() +
  geom_line() + scale_x_continuous(breaks = 0:9) +
  labs(x = "p (a modell komplexitása)", y = "Hiba", color = "") +
  theme(legend.position = "bottom")

```



Szépen látszik, hogy valóban trade-off áll fenn: ahogy az egyik hiba javul, a másik romlik. Ennél ráadásul nemileg több is leolvasható: a dolog a komplexitáson múlik, a nagyobb komplexitás a torzítást csökkenti, de a varianciát növeli, kisebb komplexitás mellett a variancia kisebb, de a torzítás nagyobb.

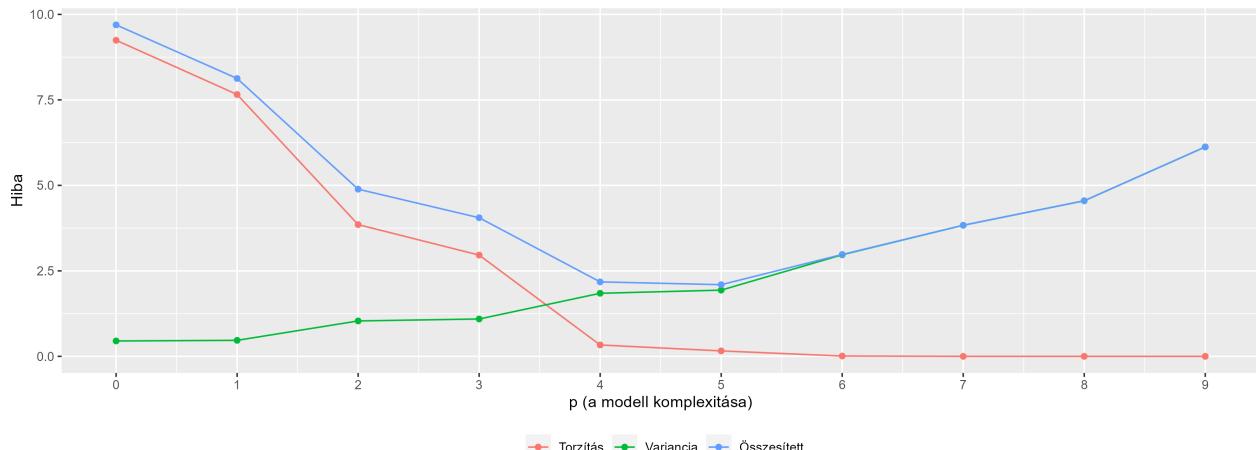
Egy lépéssel tovább is mehetünk: definiáljuk *általában* azt, hogy mit értünk hiba alatt! Tehát ne egy-egy szempontról beszélünk, hanem összességében, a teljes hibáról. Egy elég kézenfekvő választás: hiba az, hogy a becsült érték milyen messze van a valódítól. Az érdekes az, hogy ez visszavezethető a fenti két tényezőre, ami végülis azért annyira nem meglepő, ha arra gondolunk, hogy a variancia az, hogy a becsült milyen messze van az átlagától, a torzítás meg az, hogy ez az átlag milyen messze van a valódi értéktől. A pontos számítás ennyire azért nem nyilvánvaló, nem lehet egyszerűen összeadni a két tényezőt, de aránylag könnyen elvégezhető, csak a „milyen messze van” mérésére kell elfogadnunk egy – kézenfekvő, és máshol is alkalmazott – konvenciót. Ezt használva a következőt kapjuk:

```

SimRes$`Összesített` <- SimRes$`Torzítás` + SimRes$`Variancia`

ggplot(melt(SimRes, id.vars = "p"),
       aes(x = p, y = value, group = variable, color = variable)) + geom_point() +
  geom_line() + scale_x_continuous(breaks = 0:9) +
  labs(x = "p (a modell komplexitása)", y = "Hiba", color = "") +
  theme(legend.position = "bottom")

```



Így már határozottan érdekes a dolog! Úgy tűnik, hogy az egyik hibaforrás úgy romlik miközben a másik javul, hogy a kettő között van egy optimum! Ebben a példában olyan 4-5 körüli p -nél. Természetesen itt sem nulla a hiba, valamennyi része a hibának megszüntethetetlen, de ez a legjobb választás, amivel élhetünk.

De hogy találjuk meg ezt az optimumot? Ugyanis vigyázat: a fenti ábra egy *szimuláció*, amit úgy kaptunk, hogy *ismertük* a sokaságot! Ezzel csak szemléltetni lehetett a jelenséget, de a valódi helyzetben csak egyetlen mintánk van, nem tudjuk mi a sokaság, így mi magunk sem tudhatjuk, hogy egy adott modell hol van a fenti skálán. (A dolog ott jelent meg, hogy amikor a fenti ábrákhöz számoltam a hibák értékeit, akkor ahhoz a számításhoz *felhasználtam*, hogy mi a *valódi* összefüggés – amit persze a valóságban nem fogunk ismerni.) El kell kezdenünk tehát boncolgatni kérdést, hogy ilyen körülmények között, a valódi helyzetben hogyan tudjuk megválasztani helyesen a modell-komplexitást.

A változószelekció kérdésköre

Általánosságban véve a torzítás a nehezebben kézben tartható hibaforrás, és a variancia írható le jobban: bár ez is függ a multikollinearitástól (azaz a változók egymás közötti összefüggéseitől), a szóródásoktól, de azért összességében jól jellemzi egyszerűen a felhasznált magyarázó változók számára. (Pontosabban szólva, ha nem csak egyszerű függvényformákat használnánk: a becsült paraméterek száma.) Azt is láttuk, hogy a torzítás-variancia dilemmában egyedül a mintanagyság növelése jelent univerzális javítást. E két tényt összerakva nem meglepő, hogy a gondolkodás merre indult el: mivel a varianciát jól jellemzi a magyarázó változók száma, ezért azt, mint jobban leírható hibaforrást limitáljuk – azaz korlátozzuk a magyarázó változók számát. De az előbbiek miatt nem akárhogy: a mintanagyság függvényében! Ha nagyobb a mintánk több változót (becsült paramétert) is merhetünk használni, ha kisebb, akkor sajnos csak kevesebb vizsgálható értelmesen. Az irodalom a mintanagyság és a modellezhető változók számának összefüggéséről nagyon sok eredményre jutott, egészen számszerű formában is; egy gyakori mondás például, hogy olyan regresszióknál, mint amit most mi is használunk, legyen a felhasznált változók száma legfeljebb a mintaméret osztva 15-tel. Avagy, fordítva megfogalmazva, legyen legalább 15-ször annyi megfigyelésünk a mintában, mint ahány változót a modellbe akarunk rakni! A pontos szám sok mindenről függ, a multikollinearitás fokától, attól, hogy a valóságban mennyire szoros a kapcsolat a kimenet és a magyarázó változók között, a magyarázó változók eloszlásától, így a helyzet akár ennél rosszabb is lehet, de nagyjából irányiszámunknak most tökéletesen megteszí ez a 15.

A fenti szabály azért fontos, mert azonnal ordítóvá teszi, hogy milyen drámai helyzetben vagyunk. Nekünk a legjobb esetben is 25-30 európai országunk van, és mivel ezzel nem tudunk mit kezdeni, így ez lényegében azt jelenti, hogy 2 változót tudunk mindenkorral vizsgálni!

Ez egy egészen drasztikus probléma – emlékezzünk vissza a felrajzolt diagramra a megvizsgálandó tényezőkről! (És persze még az sem volt teljes, milliónyi további ötletünk lehet!) És mi 2 változót tudunk vizsgálni? Hogy fogunk így egyáltalán *bármit* mondani?! Azonnal elkezd járni az ember agya azon, hogy mit tehetünk a megoldás érdekében. Az első ötlet nagyon kézenfekvő: valahogy válogassuk ki a változók egy részét, és csak azokat rakjuk be a modellbe. Ez nagyon csábító lehetőség, hiszen így csökkentjük a köztük lévő, lehetséges

összefüggéseket, így javítjuk a multikollinearitást, és egyidejűleg a túlilleszkedés ellen is védekezünk. Ez nem egyszerűen „csábító“, de egy ilyen helyzetben szinte megkerülhetetlennek is tűnik: valahogy be kell a „mintanagyság osztva 15-tel“ küszöb alá pofozni a magyarázó változók számát.

A gond az, hogy ez az egész terület egy hatalmas aknamező, ahol nagyon könnyű hibás megoldást választani (és sok közülük sajnos még a szakirodalomban is újra meg újra felbukkan).

A téTELmondat nagyon egyszerű: csak olyan módszert használhatunk a változók kiválogatására, ami nem használja fel a kimenet értékeit.

Tehát néhány jó módszer:

- Pusztán a magyarázó változók struktúráját, azaz egymás közti kapcsolataikat vizsgálva elhagyni olyanokat, amik redundánsak (azaz a bennük lévő információk más magyarázó változókban is járászt megvannak).
- Pusztán a magyarázó változók struktúráját, azaz egymás közti kapcsolataikat vizsgálva új magyarázó változókat képezni összevonással (erre vannak statisztikai módszerek).
- Nem statisztikai, hanem szakmai alapon képezve összevonásokat. Egy tipikus példa, hogy az „alan cukorbeteg“, az „alanynak magas vérnyomása van“, az „alanynak perifériás érbetegsége van“ változók helyett berakunk egy darab az „alanynak krónikus betegsége van“ változót. Igen, jobb lenne megmondani, hogy *külön-külön* mi a hatása a cukorbetegségnek, a magas vérnyomásnak és a perifériás érbetegségnek, de ha egyszerűen nincs elég nagy mintánk, akkor el kell fogadni, hogy erre nem leszünk képesek.

A végére hagytam a legjobb jó módszert: szakmai alapon, tárgyterületi ismereteket használva megpróbálni szűrni a felhasznált változók körét. Igen, ez nem empirikus – miközben pont ez lenne a célunk! – de néha nem tudunk jobbat tenni. (A „néha nem tudunk jobbat tenni“ gondolatra még visszatérök később.)

Nézzünk most néhány rossz módszert:

- Megnézni, hogy melyik potenciális magyarázó függ össze *önmagában* (kétváltozósan) az eredményváltozóval, és csak azokat belerakni a többváltozós modellbe. Ez a módszer teljesen hibás. Az még csak hagyján, hogy az előzetes szűrés is egy statisztikai teszttel történik, ami nem tökéletes (a valóságban az eredményváltozóval nem összefüggőre is mondhatja, hogy összefüggő, vagy, ami a mi mostani szempontunkból még nagyobb probléma, pont fordítva), de az igazi gond, hogy nem veszi figyelembe a többváltozós struktúrát: mi van, ha egy változó csak az *után* válik lényegessé, ha más változók már bent vannak a modellben?
- Megcsinálni a többváltozós modellt, majd elhagyni az inszignifikáns változókat. Ez a módszer szintén hibás. A helyzet ugyanaz pepitában: egyszerű az, hogy „inszignifikáns“, nem ugyanaz, mint hogy biztosan nulla a hatása: az inszignifikanciát is egy statisztikai teszttel ítéljük meg. Ha ez téved, márpedig ez előfordulhat, és lényeges változót hagyunk el, akkor épp a kihagyott változó okozta torzítást fogjuk előhozni! Épp emiatt a dolog ráadásul filozófiaileg is érthetetlen, hiszen attól még, mert egy változó inszignifikáns, nagyon is segíthet a többi paraméterét helyes értékre beállítani.
- Pláne horrorisztikusak azok a módszerek, amelyek oda-vissza veszik be és dobálják ki a változókat, keresve a valamilyen mutató szerinti legjobbat („stepwise regresszió“). Ez lényegében felturbózza az előbbi módszerek hibáit: szinte garantáltan túlilleszkedett modellre vezet, aminek praktikusan minden létező paramétere torzított/hibás lesz.
- Amire kevesebben gondolnak, pedig ugyanaz a helyzet, amikor a kutató az előbbi „kézzel“ hozza létre: össze-vissza keresgél, kidobva és bevonva változókat, próbálkozva különböző modellekkel, hogy mi a legjobb.

Ha valaki nem hiszi el a fentieket nekem (nagyon jól teszi!), akkor statisztikai programmyelven maga is leszsimulálhatja, és saját kezűleg kipróbálhatja; ilyen módon, tehát szimulációval a fenti jellegű állítások könnyen leellenőrizhetőek.

Érdemes kiemelni és mélyebben végiggondolni azt a megjegyzést, hogy az utóbbi módszerek túlilleszkedéshez vezetnek. Ez egyfelől végülis nem olyan meglepő: e módszerek mind a konkrét adatbázishoz „csiszolják“ az eredményt, innen nézve érthető, hogy ahhoz vezethetnek, hogy a modell túl jól fog illeszkedni ahhoz. Mindegyik ilyen változó kihagyás vagy hozzávétel a komplexitást növeli, hiszen megtehetünk volna, hogy nem hagyjuk el

vagy vesszük hozzá a változót, vagy más változóval tesszük azt, így már a változó modellben szerepelésének a ténye is egy adatokon alapuló, konkrét mintához adaptálódó döntés. Azaz a végső modellünkben *benne lesz* az is, hogy milyen döntést hoztunk, a valóságban ez is növelni fogja a komplexitását, noha pusztán a modellt nézve ez nem fog látszódni. De másrészt mégis csak valami nagyon paradox helyzetre jutottunk, hiszen miért is kezdtünk egyáltalán bele ebben az egész változó válogatás dologba? Azért, mert hallottunk róla, hogy a túl sok változó túlilleszkedéshez vezethet, és tenni akartunk ez ellen valamit. Magyarán: nekiálltunk lépni a túlilleszkedés ellen, majd kiderül, hogy amit teszünk, az pont a túlilleszkedést rontja!

Ez egy nagyon nagy csapdája és nehézsége ennek az egész témaöröknek: azt szoktuk mondani, hogy a regressziós modellépítés egy „iteratív folyamat” (azaz a modellt ellenőrizni kell, ha nem jó, akkor visszamenni, módosítani, újra ellenőrizni, és így tovább), ami persze igaz is, csak közben a *túl sok* iteráció ugyanúgy hiba forrása lehet! A dolognak még mélyebb megértését nyerhetjük, ha a torzítás-variancia dilemmára gondolunk: a modellépítés iterációi lényegében a modell komplexitását növelik (és most a valós komplexitásról beszélek, amiben a modellhez vezető út is benne van!), ami nem feltétlenül baj, sőt, nem csak, hogy nem baj, de egy pontig szükséges is: az sem jó, ha túl kicsi a modell komplexitása. Ebben igazi feladat megtalálni az egyensúlyt.

Még egy, de nagyon fontos kommentárt fűznék a fentiekhez. Gyakran hallani hivatkozást arra, hogy a modelleknek „egyszerűeknek”, „takarékosnak” kell lenniük (néha erre mondják azt, hogy a parszimónia elve). Ami persze igaz is, ha a túlilleszkedés szempontjára gondolunk. De he ezzel indokolják az inszignifikáns változók elhagyását, vagy a stepwise módszerek alkalmazását, az a parszimónia elvének totális félreértséiről tanúskodik: a parszimónia nem egyszerűen az, hogy hány darab változó van benne a végső modellben! A takarékkosság fogalmába ugyanúgy beletartozik az is, hogy hogyan jutottunk el ahoz a modellhez. Ha a végső modellben csak három magyarázó változó van, de háromszáz lépésen keresztül barkácsoltuk, mire kijött, az a legkevésbé sem „takarékos” – csak ez nem látszik a végeredményből! A probléma *pont* az, hogy a közbenső barkácsoló lépések mind-mind a modell (valódi) komplexitását növelik, teszik azt nem „egyszerűvé” és nem „takarékkossá”, csak épp ezzel sehol nem számolunk el, ha a végső modellt úgy prezentáljuk, mintha előből azt becsültük volna meg. Azaz a parszimónia elve teljesen rendben van, csak épp annak az állításnak, hogy e módszerek ezt segítik elő, épp az ellenkezője az igaz: ezek megsértik ezt az elvet, csak ezt megsértést *elduggják* az útban, amíg eljutunk a végső modellig – ami persze még annál is rosszabb, mintha legalább látnánk, hogy mi a valódi helyzet.

Kitérőként megjegyzem, hogy igazából ugyanez a helyzet a függvényforma megválasztásával is, nem csak a változószelekcióval: az, ha valaki a modellbe rak egyöt paraméteres függvényformát, nem tér el lényegesen attól, mintha egy egyparamétereset használna, csak épp előtte öt különböző lehetségeset próbált végig, és pusztán az adatok alapján választotta ki, hogy melyik a legjobb. Pedig az utolsó esetben könnyen lehet, hogy arra fog hivatkozni, hogy milyen szép takarékos a modell, a parszimónia elvének megfelelően...!

A fentiek abba az irányba mutatnak, hogy lehetőleg egyetlen modellt találunk ki, előre, azt becsüljük meg az adatokon, és bármi is jön ki, ne módosítsuk. (Különben túl fogunk illeszkedni.) Ahogy az iterációra vonatkozó megjegyzésemben is utaltam rá, ez azért túl radikális álláspont: ugyanúgy, ahogy egy *kicsit* a modell komplexitását is növeltejük túlilleszkedés nélkül, mondjuk néhány változó hozzáadásával, sőt, az még jót is tehet, *kicsit* azért pozsgathatjuk is. (Amint láttuk, ez a kettő igazából ugyanaz: mindenkitő a modell valódi komplexitását növeli.) Újfent utalnék a torzítás-variancia dilemmára, illetve az ott látott grafikonra: a pozsgatás jobbra tolja a modellt, ami nem feltétlenül baj, sőt, direkt jó is, ha még a grafikon bal szélén vagyunk, de nagyon óvatosnak kell lenni, hogy ne füssünk túl az optimum pontján.

Pár próbálkozást tehát tehetünk változó kihagyására vagy hozzávételére, összehasonlíthatjuk az eredeti modellünkkel ezeket, és kiválaszthatjuk, hogy melyik a legjobb. Két dolog fontos, hogy *néhány* próbálkozást tegyük, ne rengeteget, és hogy ezek *prespecifikáltak* legyenek! (Tehát még az adatokkal való bármilyen munka előtt, előre döntsük el, szakmai megfontolások, tárgyterületi ismeretek alapján hogy melyik lesz az a néhány modellünk, amik közül adat-alapon majd választunk.) A túlilleszkedés szempontjából ugyanis az a legrosszabb, ha adatok által sugallt felvetéseket vizsgálunk meg. Ha pedig rengeteg lehetőséget nézünk végig, akkor hiába is prespecifikáltuk őket, ugyanúgy jönni fog a túlilleszkedés problémája.

A kényelmetlen tudomány

A fenti okfejtés összességében véve egy nagyon nyugtalanító képet sugall: úgy tűnik, hogy ha kevés adatunk van, akkor egyszerűen nem tudunk mit tenni. Nem akarok zsákbamacskát árulni, ez valamelyen értelemben tényleg így van. Olyannyira, hogy a helyzetet a neves statisztikus John Wilder Tukey találóan úgy hívta: ez az „uncomfortable science“, a kényelmetlen tudomány.

A talán leghíresebb példa erre a Titius–Bode-szabály. Ez azt állítja, hogy a Naprendszerben a sorrendben n -edik bolygó távolsága a naptól $0,4 + 0,3 \cdot 2^n$ (egy csillagászati egységnek nevezett mértékegységben mérve). Ezt a 18. században vetették fel, és az akkor ismert bolygókra prímán működött. De itt vajon tényleg valamelyen matematikai összefüggés van? Ez borzasztó fontos, mert ha igen, akkor valamilyen csillagászati, mechanikai okot kell keresni amögött, hogy ez így alakult. Vagy egyszerűen csak véletlen egybeesésről van szó? Azaz: lehet szó túlilleszkedésről? Hogyne, simán, elvégre ki tudja, hogy Titius és Bode vajon hány formulát próbált ki, mire ez működött...! De akkor mit tegyünk, hogyan ellenőrizzük ezt le? És itt jön a kényelmetlen tudomány: aligha tudunk venni még egy bolygót mintának, hogy kipróbáljuk azon is működik-e a szabály...!

De mennyire „kényelmetlen tudomány“ helyzet a mi mostani kérdésünk?

Egyrészt megpróbálhatjuk növelni a mintanagyságot. Ennek két csapásirányra lehetséges, az egyik, hogy még több országot vonunk be. Elvégre a világban azért van több ország, mint a most vizsgált 22...! Igen ám, de itt jön az adatminőség kérdése: szinte biztos, hogy az afrikai, dél-amerikai, ázsiai országok nagy részére nem érhető el olyan pontosságú, megbízhatóságú adat, mint az európaiakra, még csak közelítőleg sem, sőt, jó eséllyel egyáltalán nem érhetőek el azok az adatok, amikre itt szükségünk lenne az elemzéshez. (Azt se felejtsük el, hogy egy adott ország teljeskörű elemezhetőségehez az kell, hogy *minden* változója meglegyen!) De még ha ettől el is tekintünk, akkor is ott van az a probléma, hogy az európai mivolt, noha itt is vannak hatalmas különbségek, mondjuk Bulgária és Norvégia között, de azért mégis jelent egy erős homogenitást, amit nem biztos, hogy érdemes feladni. Egyrészt a confounding miatt, hiszen a homogenitás azt is jelenti, hogy sokféle, potenciálisan a kimenetet, a halálozást is befolyásoló eltérés nem jelenik meg, másrészt mert az extrém eltérő országok esetében, Ruandától Svájcig, már az sem biztos, hogy a halálozás oksági magyarázatai, mechanizmusa is azonos. A másik csapásirány, hogy maradunk az európai országoknál, de finomítjuk a térbeli felbontást: lejebb tudunk menni megyei szintre? Esetleg járásira? Ez csábító lehetőség, de két nehézség lesz. Az egyik itt is az adatokhoz kapcsolódik: van adatunk arra, hogy *megyei* szinten hány nővér jut egy betegre? Egyáltalán, értelmezhető ez a mutató megyei szinten? (Pláne járásin!) A másik gond, hogy sok változó van, amiben az országon *belüli* adatokban nem lesz nagy szóródás (például a bevezetett intézkedések akár teljesen egységesek is lehetnek), ami nehezíti a becslésüket, ahogy a multikollinearitásnál láttuk is.

Kísérletezhetünk azzal is, hogy idődimenziót is adunk a vizsgálatnak, tehát nem egyben vizsgáljuk az egész járványt, hanem időszakonként. Ez egyébként önmagában, a mostani problémától teljesen függetlenül is egy fontos felvetés. Hiszen egészen idáig „összeöntöttük“ a járvány adatait, és bár valóban van sok minden, ami teljesen állandó, vagy lényegében állandó (mondjuk az ország korfája), sok minden nem: oltást bevezettek, időben felfutott az oltottak aránya, intézkedéseket meghoztak, vagy épp kivezettek stb. Ez nagyon is eltérhet országok között, és nagyon is lehet, hogy jelentősége van a végeredmény alakításában. Szép szóval élve a *dinamika* is fontos lehet, így egy finomabb vizsgálat – sajnos azonban, legyünk őszinték, komoly módszertani kihívások és adatszerzsre vonatkozó nehézségek árán – megpróbálkozhat ezt is figyelembe venni.

Tehetünk okosan a változók számának csökkentése érdekében is. Már az ottani pont végén is említettem ennek egy lehetőségét, a néhány, prespecifikált modell összehasonlítását. A korszerű statisztika további eszközökkel is szolgál: vannak módszerek a túlilleszkedés fokának megbecslésére, hogy lássuk, bajban vagyunk-e (validáció, például bootstrap), vannak módszerek amelyek úgy becsülnek regressziót, hogy igyekeznek tenni a túlilleszkedés ellen (regularizáció, vagy más szóval penalizáció), vannak más még jobban eltérő elven felépülő becslések (pl. a LASSO), sőt, elárulom, hogy ha ésszel csináljuk, akkor akár még a stepwise szelekciós módszereknek is lehet szerepük (nagy mintán, megfelelő paraméterekkel, elszámolva az előzetes szelekció tényével).

Záró gondolatok

Talán ezek az utolsó gondolatok érzékelgették legjobban, hogy írásom célja nem egy „lezárt válasz” közvetítése volt. Sőt, egyáltalán semmilyen választ nem adtam a kérdésre, és szándékosan: én most a módszertanra szerettem volna fókusználni, ezen belül is különösen arra, hogy felhívjam a figyelmet a veszélyes (mert csábító) csapdákra.

A tárgyalásunk lezárásához érve talán érdemes egy lépést tenni hátrafelé. Valójában ugyanis minden amiről beszéltünk, csak a szakpolitikai intézkedések értékelésének egyik lehetséges útját jelentik, amit eredményszempontú értékelésnek szoktak hívni. Van egy másik lehetséges megközelítés, az eljárás helyességén alapuló értékelés. (Egészségügyi területen erre hozható egy analógia: a Donabedian-modell, a jól ismert „struktúrafolyamat–eredmény” hívószavaival.) Mint a fentiekből is kiderült, az eredmény-alapú értékelésnek komoly nehézségei vannak jelen esetben, és a kapott válasz műlhet az alkalmazott feltevéseken. Azonban látni kell, hogy ettől a jellegzetességtől az eljárás-helyesség értékelése sem mentes, legfeljebb ott ez máshol jelenik meg: az egy értékválasztás folyománya lesz, hogy milyen procedúrát tekintünk helyesnek, olyat, ahol a döntéseket transzparens módon, szakmai integritással rendelkező szervetek véleményének figyelembevételével, nyilvánosan hozzáférhető adatokra alapozva hozzák meg, vagy olyat, ahol az adatok titokban tartása mellett politikai vezetők belátásán, nem transzparenlesen dolgozó szervezetek véleményén, a választópolgárok rövid távú kívánságainak való megfelelésen alapulnak a szakpolitikai döntések. A kettő közötti preferencia jellemzően nem pusztán egy-egy vezető személyén múlik, hanem történelmi és társadalmi hatások alapján jön létre, adott országban és adott időpontban.

A területtel foglalkozó kutatók attól tartok nem lesznek egyszerű helyzetben hazánkban. Ezt sajnos nem csak statisztikai okokból mondjam: a kérdéskör átpolitizáltsága véleményem szerint rendkívül romboló a valódi tudományos kutatásokra nézve. Félreértés ne essék, a „politika” szót nem egy szükségképp negatív töltetű értelemben használom, sőt, ez pont egy olyan téma, ahol fontos és hasznos is a politikával való kölcsönhatás, hiszen az ilyen vizsgálatokból levonhatóak következtetések, amelyek az (egészség)politikát is vezethetik a magyar ellátórendszer, a prevenciós rendszer, a népegészségügyi programok javításának irányában. A gond ott kezdődik, amikor megjelenik a prekonceptiózus szemlélet, amikor minden intézkedésnek vagy teljesen, alapjában és menthetetlenül rossznak, vagy teljesen, tökéletesen és aggálytalanul jónak *kell* lennie. (Pláne, ha vannak olyan szereplők, akik rá is tudják ezt kényszeríteni másokra, például mert elhallgattathatnak nekik nem tetsző véleményeket...) A probléma az, hogy az ilyen kutatások sajnos ennek nagyon kitettek, hiszen nehéz elkerülni, hogy a magyarázó változókat az ember összekösse a kormány tevékenységével: mi az, amire nincs érdemi ráhatása a releváns időhorizonton (pl. a korfa), mi az, amire van, de azért nem túl direkt és azonnali módon (pl. elhízottak aránya), és mi az, amire direkt és azonnali módon van (pl. tesztelési stratégia). Minden oldali szereplőnek meg kellene értenie, hogy az ország érdekét csak az szolgálja, ha e kérdéseket olyan légkörben lehet megbeszélni, ami nem a pillanatnyi politikai haszon kinyerésének lehetőségét nézi az eredményekből.

A fentiekből minden bizonnal kiderült, hogy miért gondolom, hogy nehéz ezt a lantot kézbe venni. Ezzel azonban senkit nem elriasztani szeretnék, épp ellenkezőleg, remélem azt is meg tudtam mutatni, hogy a nehézségei egyúttal a terület szépségét is jelentik, valamint, hogy ha valaki kellő óvatossággal, alapossággal és persze elszántsággal vág bele, akkor az egész ország számára értékes eredményekre lehet jutni ebben a témaban. Remélem írásom, ha csak gondolatébresztés erejéig is, de segítséget jelent ebben.

Ajánlott olvasmányok

A következő könyvek érdekesek és tanulságosak lehetnek szerintem a téma iránt mélyebben érdeklődőknek:

- Frank E. Harrell. Regression modeling strategies: with applications to linear models, logistic and ordinal regression, and survival analysis. Springer, 2015. Link. Az alapmű. Hangsúlyozni kell azonban, hogy ez nem első bevezetés a regresszióba, azoknak szól, akik a regresszió alapjait már ismerik. Számukra azonban fantasztikusan hasznos, szemet felnyitó, a bevezető irodalmakban sokszor nem tárgyalt – de a gyakorlatban nagyon fontos – kérdéseket bemutató könyv, ami megismerteti a modellezés stratégiáját, nem pusztán a regresszió technikai használatát. A könyvhöz egy nagyon jól használható R csomag, az **rms** tartozik, illetve számos kiegészítés elérhető a szerző honlapján.

- Judea Pearl. *Causality – Models, reasoning and inference*. Cambridge University Press, 2009. Link. Az egyik legismertebb könyv, ami általában tárgyalja az okozatiság kérdését, a filozofikus kérdéseket is érintve. Kitér az olyan kapcsolódó kérdésekre, mint a confounding, és hangsúlyosan alkalmazza a kauzális diagramok eszközét.
- Trevor Hastie, Jerome Friedman, Robert Tibshirani. *The Elements of Statistical Learning – Data Mining, Inference, and Prediction*. Springer, 2009. Link. Az egyik legalaposabb könyv ami a statisztikai nézőpontból tárgyalja a tipikusan kevésbé statisztika, inkább „adatbányászat“, „gépi tanulás“ címkék alá besorolt témaikat.
- Ewout W. Steyerberg. *Clinical Prediction Models – A Practical Approach to Development, Validation, and Updating*. Springer, 2009. Link. Mint címe is mutatja, ez a könyv elsősorban a klinikai predikciós modellekkel foglalkozik, de sok hasznos tanulság is leszűrhető belőle általában a regressziós modellezésre nézve.

A szerző klinikai biostatisztikus, orvosbiológiai mérnök. A fent leírtak teljes egészében a magánvéleményét képviselik.