Bayesiaanlik statistika

2.2 Suur ja väike maailm

Statistika on lahutamatu loodusteadusest. Järgnevalt seletan, miks. Kuna maailmas on kõik kõigega seotud, on seda raske otse uurida. Teadus töötab tänu sellele, et teadlased lõikavad reaalsuse väikesteks tükkideks, kasutades tordilabidana teaduslike hüpoteese, ning uurivad seda tükikaupa. Tüüpiline bioloogiline hüpotees pakub välja mittematemaatilise seletuse mõnele piiritletud loodusnähtusele. Näiteks darvinistlik evolutsiooniteooria püüab seletada evolutsiooni toimemehhanisme. Seda teooriat võib võrrelda empiiriliste andmetega.

Mis juhtub, kui teie hüpotees on andmetega kooskõlas? Kas see tähendab, et see hüpotees vastab tõele? Või, et see on tõenäoliselt tõene? Kahjuks on vastus mõlemale küsimusele eitav. Põhjuseks on asjaolu, et enamasti leiab iga nähtuse seletamiseks rohkem kui ühe alternatiivse teadusliku hüpoteesi (näit. lamarksistlik evolutsiooniteooria) ning rohkem kui üks üksteist välistav hüpotees võib olla olemasolevate andmetega võrdses kooskõlas. Asja teeb veel hullemaks, et teoreetiliselt on võimalik sõnastada lõpmata palju erinevaid teooriaid, mis kõik pakuvad alternatiivseid ja üksteist välistavaid seletusi samale nähtusele. Kuna hüpoteese on lõpmatu hulk, aga andmeid on alalti lõplik hulk, siis saab igas teaduslikus "faktis" kahelda.
Kunagi ei või kindel olla, et parimad teooriad ei ole täiesti tähelepanuta jäänud ning, et meie poolt kogutud vähesed andmed kajastavad hästi kõiki võimalikke andmeid.

2.2.1 Mudeli väike maailm

Ülalmainitud teadusliku meetodi puudused tingivad, et meie huvides on oma teaduslikke probleeme veel ühe taseme võrra lihtsustada, taandades need statistilisteks probleemideks. Selleks tuletame me tavakeelsest teaduslikust teooriast täpselt formuleeritud matemaatilise mudeli ning seejärel asume uurima oma mudelit lootuses, et mudeli kooskõla andmetega ütleb meile midagi teadusliku hüpoteesi kohta. Enamasti töötab selline lähenemine siis, kui mudeli ehitamisel arvestati võimaliku andmeid genereeriva mehhanismiga – ehk, kui mudeli matemaatiline struktuur koostati teaduslikku hüpoteesi silmas pidades. Mudelid, mis ehitatakse silmas pidades puhtalt matemaatilist sobivust andmetega, ei kipu omama teaduslikku seletusjõudu.

Mudeli maailm erineb päris maailmast selle poolest, et mudeli maailmas on kõik sündmused, mis põhimõtteliselt võivad juhtuda, juba ette teada ja üles loendatud (seda sündmuste kogu kutsutakse parameetriruumiks). Tehniliselt on mudeli maailmas üllatused võimatud. Mudeli eeliseks teooria ees on, et hästi konstrueeritud mudel on lihtsamini mõistetav — erinevalt vähegi keerulisemast teaduslikust hüpoteesist on mudeli eeldused ja ennustused läbinähtavad ja täpselt formuleeritavad. Mudeli puuduseks on aga, et erinevalt teooriast ei ole mingit võimalust, et mudel vastaks tegelikkusele. Seda sellepärast, et mudel on taotluslikult lihtsustav (erandiks on puhtalt ennustuslikud mudelid, mis on aga enamasti läbinähtamatu struktuuriga). Mudel on kas kasulik või kasutu; teooria on kas tõene või väär. Mudeli ja maailma vahel võib olla kaudne peegeldus, aga mitte kunagi otsene side. Seega, ükski number, mis arvutatakse mudeli raames, ei kandu sama numbrina üle teaduslikku ega päris maailma. Ja kogu statistika (ka mitteparameetriline) toimub mudeli väikses maailmas. Arvud, mida statistika teile pakub, elavad mudeli maailmas; samas kui teie teaduslik huvi on suunatud päris maailmale. Näiteks 95% usaldusintervall ei tähenda, et te peaksite olema 95% kindel, et tõde asub selles intervallis – sageli ei tohiks te seda nii julgelt tõlgendada isegi kitsas mudeli maailmas.

2.2.2. Näide: Aristoteles, Ptolemaios ja Kopernikus

Aristoteles lõi teooria maailma toimimise kohta, mis domineeris haritud eurooplase maailmapilti enam kui 1200 aasta vältel. Selle kohaselt asub universumi keskpunktis maakera ning kõik, mida siin leida võib, on tehtud neljast elemendist: maa, vesi, õhk ja tuli. Samas, kogu maailmaruum alates kuu sfäärist on tehtud viiendast elemendist (eeter), mida aga ei leidu maal (nagu nelja elementi ei leidu kuu peal ja sealt edasi). Taevakehad (kuu, päike, planeedid ja kinnistähed) tiirlevad ümber maa kontsentrilistes sfäärides, mille vahel pole vaba ruumi. Seega on kogu liikumine eetri sfäärides ühtlane ja ringikujuline ja see liikumine põhjustab

pika põhjus-tagajärg ahela kaudu kõiki liikumisi, mida maapeal kohtame. Kaasa arvatud meie sündimine, elukäik ja surm. Kõik, mis maapeal huvitavat, ehk kogu liikumine, on algselt põhjustatud esimese liikumise poolt, mille käivitab kõige välimises sfääris paiknev meie jaoks mõistetamatu intellektiga "olend".

Figure 1: Keskaegne aristotellik maailm.

Aristotelese suur teooria ühendab kogu maailmapildi alates kaasaegses mõistes keemiast ja kosmoloogiast kuni bioloogia, maateaduse ja isegi geograafiani. Sellised ühendteooriad on nagu 500-aastased sekvoiad; nad on erakordselt rasked langetada, aga kui mõni siiski kukub, kostab ragin kaugele. Ühte Aristotelese kosmoloogia olulist puudust nähti siiski kohe. Nimelt ei suuda Aristoteles seletada, miks osad planeedid teavavõlvil vahest suunda muudavad ja mõnda aega lausa vastupidises suunas liiguvad (retrogressioon). Kuna astronoomiat kasutasid põhiliselt astroloogid, siis põõrati planeetide liikumisele suurt tähelepanu. Lahenduseks ei olnud aga mitte suure teooria ümbertegemine või ümberlükkamine, uue teaduse nõudmine, mis "päästaks fenomenid". Siin tuli appi Ptolemaios, kes lõi matemaatilise mudeli, kus planeedid mitte lihtsalt ei liigu ringtrajektoori mõõda, vaid samal ajal teevad ka väiksemaid ringe ümber esimese suure ringjoone. Neid väiksemaid ringe kutsutakse epitsükliteks. See mudel suutis planeetide liikumist taevavõlvil piisavalt hästi ennustada, et astroloogide seltskond sellega rahule jäi.

Ptolemaiosel ja tema järgijatel oli tegelikult mitu erinevat mudelit. Osad neist ei sisaldanud epitsükleid ja maakera ei asunud tema mudelites universumi keskel, vaid oli sellest punktist eemale nihutatud — nii et päike ei teinud ringe ümber maakera vaid ümber tühja punkti. Kuna leidus epitsüklitega mudel ja ilma epitsükliteta mudel, mis andsid identseid ennustusi, on selge, et Aristotelese teooria ja fenomenide päästmise mudelid on põhimõtteliselt erinevad asjad. Samal ajal, kui Aritoteles **seletas** maailma põhiolemust põhjuslike seoste jadana (mitte matemaatiliselt), **kirjeldas/ennustas** Ptolemaios sellesama maailma käitumist matemaatiliste

(mitte põhjuslike) struktuuride abil.

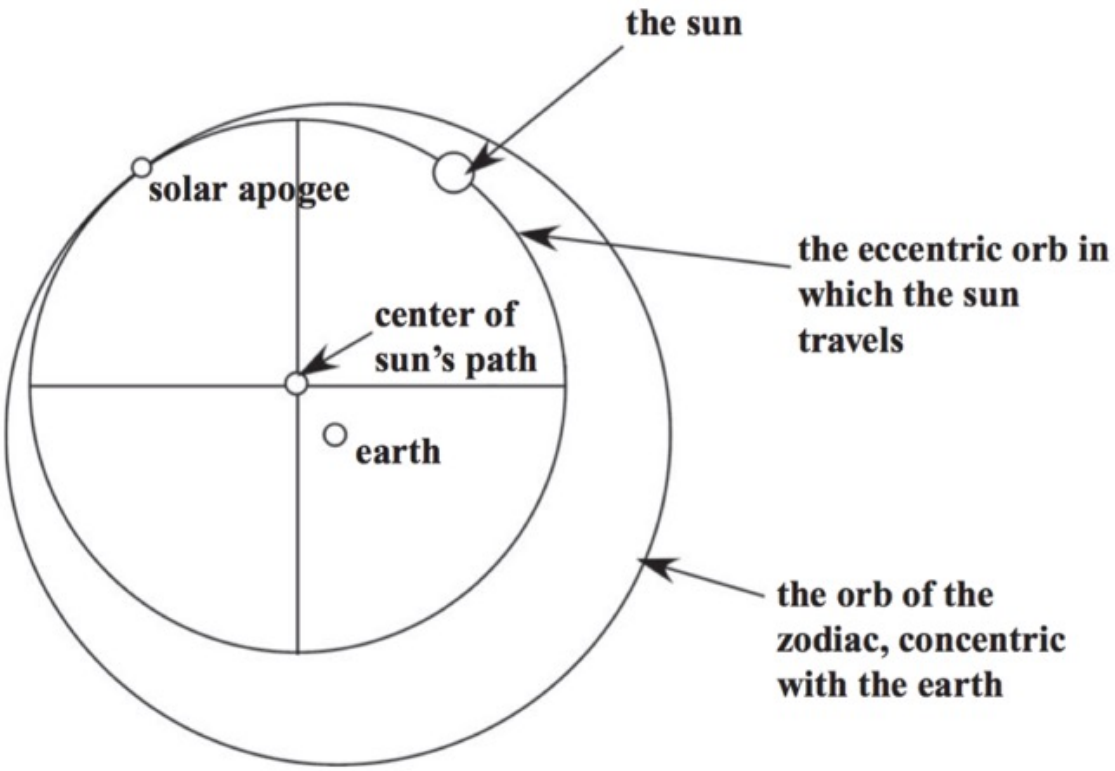


Figure 2: ilma epitsükliteta ptolemailine mudel.

Nii tekkis olukord, kus maailma mõistmiseks kasutati Aristotelese ühendteooriat, aga selle kirjeldamiseks ja tuleviku ennustamiseks hoopis ptolemailisi mudeleid, mida keegi päriselt tõeks ei pidanud ja mida hinnati selle järgi, kui hästi need "päästsid fenomene".

See toob meid Koperniku juurde, kes teadusajaloolaste arvates vallandas 17. sajandi teadusliku revolutsiooni avaldades raamatu, kus ta asetab päikese universumi keskele ja paneb maa selle ümber ringtrajektooril tiirlema. Kas Kopernikus tõrjus sellega kõrvale Aristotelese, Ptolemaiose või mõlemad? Kaasaegne seisukoht on, et Kopernikus soovis kolmandat, suutis esimest, ning et tema kaasaegsete lugejate arvates üritas ta teha teist — ehk välja pakkuda alternatiivi ptolemailistele mudelitele, mis selleks ajaks olid muutunud väga keerukaks (aga ka samavõrra ennustustäpseks). Kuna Kopernikuse raamat läks trükki ajal, mil selle autor oli juba oma surivoodil, kirjutas sellele eessõna üks tema vaimulikust sõber, kes püüdis oodatavat kiriklikku pahameelt leevendada vihjates, et päikese keskele viimine on vaid mudeldamise trikk, millest ei tasu järeldada, et maakera ka tegelikult ümber päikese tiirleb (piibel räägib, kuidas jumal peatas taevavõlvil päikese, mitte maa). Ja kuna eessõna oli anonüümne, eeldasid lugejad muidugi, et selle kirjutas autor. Lisaks, kuigi Kopernikus tõstis päikese keskele, jäi ta planeetide ringikujuliste trajektooride juurde, mis tähendas, et selleks, et tema teooria fenomenide päästmisel hätta ei jääks, oli ta sunnitud maad ja planeete liigutama ümber päikese mõõda epitsükleid. Kokkuvõttes oli Kopernikuse mudel pea-aegu sama keeruline kui Ptolemaiose standardmudel ja selle abil tehtud ennustused planeetide liikumise kohta olid väiksema täpsusega. Seega, ennustava mudelina ei olnud tal suuri eeliseid ptolemailike mudelite ees.

Koperniku mudel suutis siiski ennustada mõningaid nähtusi (planeetide näiv heledus jõuab

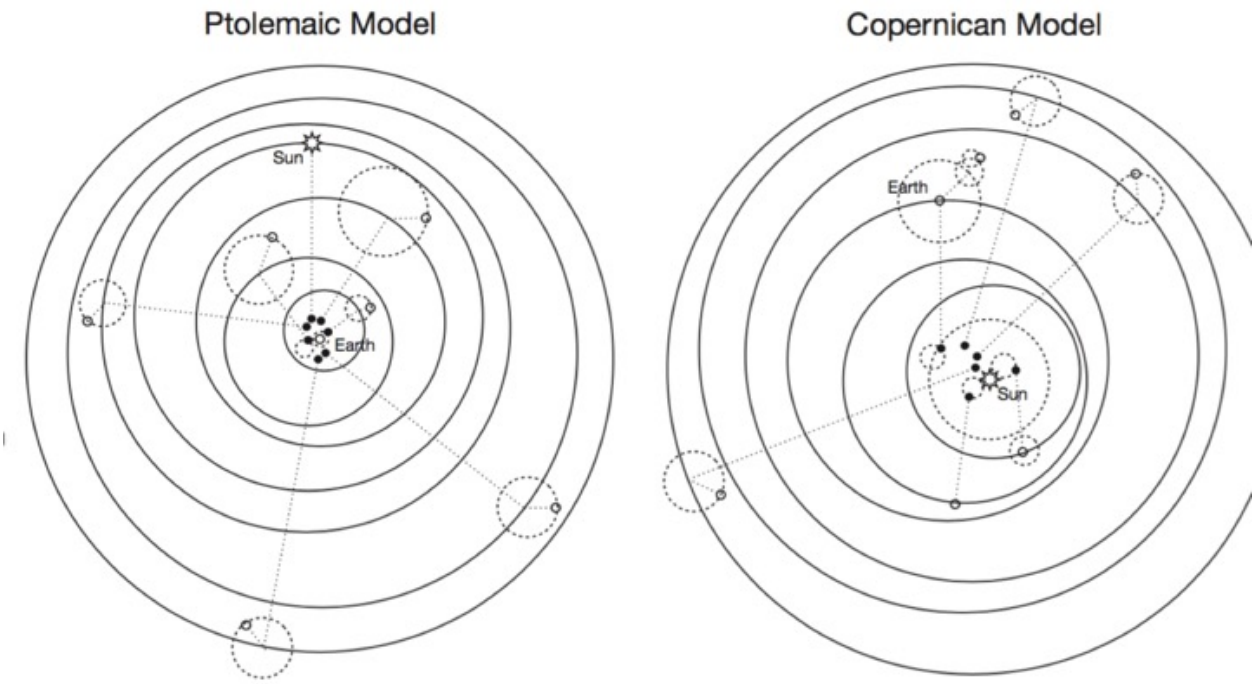


Figure 3: Ptolemaiose ja Kopernikuse mudelid on üllatavalt sarnased.

maksimumi nende lähimas asukohas maale), mida Ptolemaiose mudel ei ennustanud. See ei tähenda, et need fenomenid oleksid olnud vastuolus Ptolemaiose mudeliga. Lihtsalt, nende Ptolemaiose mudelisse sobitamiseks oli vaja osad mudeli parameetrid fikseerida nii-öelda suvalistele väärtustele. Seega Koperniku mudel töötas nii, nagu see oli, samas kui Ptolemaiose mudel vajas ad hoc tuunimimst.

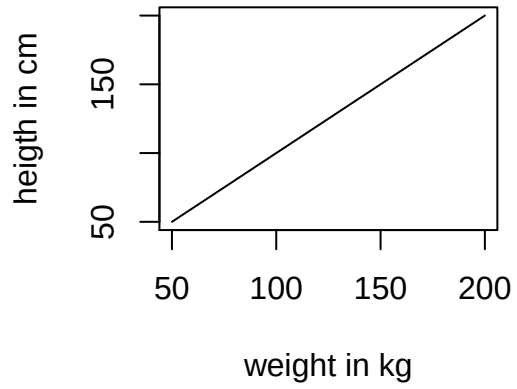
Kui vaadata Koperniku produkti teooriana, mitte mudelina, siis oli sellel küll selgeid eeliseid Aristotelese maailmateooria ees. Juba ammu oli nähtud komeete üle taevavõlvi lendamas (mis Aristotelese järgi asusid kinnistähtede muutumatus sfääris), nagu ka supernoova tekkimist ja kadu, ning enam ei olnud kaugel aeg, mil Galileo joonistas oma teleskoobist kraatreid kuu pinnal, näidates, et kuu ei saanud koosneda täiuslikust viiendast elemendist ja et sellel toimusid ilmselt sarnased füüsikalised protsessid kui maal. On usutav, et kui Kopernikus oleks jõudnud oma raamatule ise essõna kirjutada, oleks tema teooria vastuvõtt olnud palju kiirem (ja valulisem).

Koperniku teooriast tuleneb, et tähtedel esineb maalt vaadates parallaks. See tähendab, et kui maakera koos astronoomiga teeb poolringi ümber päikese, siis kinnistähe näiv asukoht taevavõlvil muutub, sest astronoom vaatleb teda teise nurga alt. Pange oma nimetissõrm näost u 10 cm kaugusele, sulgege parem silm, seejärel avage see ning sulgege vasak silm ja te näete oma sõrme parallaksi selle näiva asukoha muutusena. Tähtede parallaksi püüti mõõta juba Aleksandrias >1000 aastat enne Kopernikut, et leida kinnitust teooriale, mille kohaselt maakera tiirleb ümber päikese. Mõõtmised ei näidanud aga parallaksi olemasolu (sest maa trajektoori diameeter on palju lühem kui maa kaugus tähtedest). Parallaks mõõdeti edukalt alles 1838, siis kui juba ammu iga koolijüts uskus, et maakera tiirleb ümber päikese!

2.3. Millest koosneb mudel?

Oletame, et me mõõtsime N inimese pikkuse cm-s ja kaalu kg-s ning meid huvitab, kuidas inimeste pikkus sõltub nende kaalust. Lihtsaim mudel pikkuse sõltuvusest kaalust on pikkus = kaal (formaliseeritult: y = x) ja see mudel ennustab, et kui Johni kaal = 80 kg, siis John on 80 cm pikkune. siin on pikkus muutuja, mille väärtust ennustatakse ja kaal muutuja, mille väärtuste põhjal ennustatakse pikkusi. Selle mudeli saame graafiliselt kujutada nii:

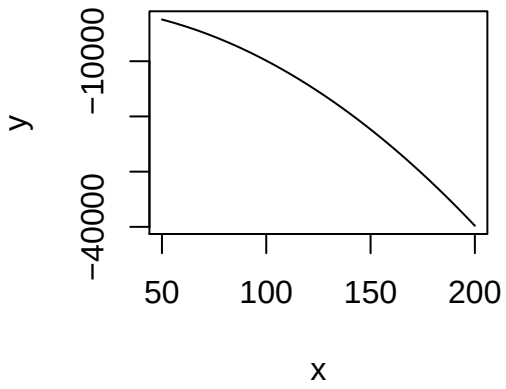
```
x <- 50:200 #y = kaal
y <- x # x = pikkus
plot(y~x,
     type="l",
     xlab="weight in kg",
     ylab="heigth in cm")
```



Nüüd painutame seda sirget. See joon on ikka veel täielikult fikseeritud, aga ta pole enam sirge (ehkki tehniliselt on meil ikka lineaarne seos x ja y vahel).

Mudeli keeles tähistame me seda, mida me ennustame (antud juhul pikkus) Y-ga ja seda, mille väärtuse põhjal me ennustame (antud juhul kaal) X-ga. Seega sirge mudeli matemaatiline formalism on Y = X.

```
x <- 50:200
y <- x - x**2
plot(y~x, type="l")
```



See on äärmiselt jäik mudel: sirge, mille asukoht on rangelt fikseeritud. Sirge lõikab y telge alati 0-s (mudeli keeles: sirge intercept ehk lõikepunkt Y teljel = 0) ja tema tõusunurk saab olla ainult 45 kraadi (mudeli keeles: mudeli slope ehk tõus = 1). Selle mudeli jäikus tuleneb sellest, et temas ei ole parameetreid, mille väärtusi me saaksime muuta ehk tuunida.

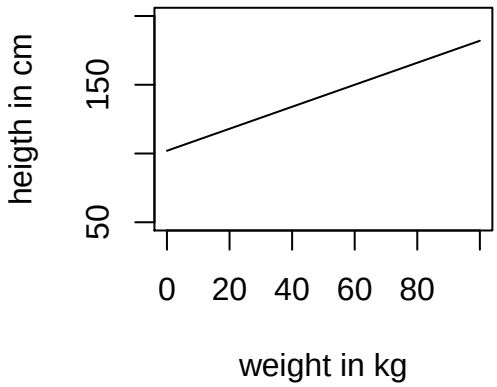
Kuidas aga kirjeldada sirget, mis võib paikneda 2-mõõtmelises ruumis ükskõik millises asendis? Selleks lisame mudelisse kaks parameetrit, intercept (a) ja tõus (b). Kui a = 0 ja b = 1, saame me eelpool kirjeldatud mudeli y = x. Kui a = 102, siis sirge lõikab y telge väärtusel 102. Kui b = 0.8, siis x-i tõustes 1 ühiku võrra tõuseb y-i väärtus 0.8 ühiku võrra. Kui a = 100 ja b = 0, siis saame sirge, mis on paraleelne x-teljega ja lõikab y telge väärtusel 100. Seega, Teades a ja b väärtusi ning omistades x-le suvalise meid huvitava väärtuse, saab ennustada y-i keskmist väärtust. Näiteks, olgu andmete vastu fititud mudel:

pikkus(cm) = 102 + 0.8 * kaal(kg) ehk

y = 102 + 0.8x.

Omistades nüüd kaalule väärtuse 80 kg, tuleb mudeli poolt ennustatud keskmine pikkus 102 + 0.8 * 80 = 166 cm. Iga kg lisakaalu ennustab mudeli kohaselt 0.8 cm võrra suuremat pikkust.

```
a <- 102
b <- 0.8
x <-  0:100
y <-  a + b * x
plot(y~x,
     type="l",
     xlab="weight in kg",
     ylab="heigth in cm",
     ylim=c(50, 200))
```



See mudel ennustab, et 0 kaalu juures on pikku 102 cm, mis on rumal, aga mudelite puhul tavaline, olukord. Me tuunime mudelit andmete peal, mis ei sisalda 0-kaalu. Meie valimiandmed ei peegelda täpselt inimpopulatsiooni. Sirge mudel ei peegelda täpselt pikkuse-kaalu suhteid vahemikus, kus meil on reaalseid kaaluandmeid; ja ta teeb seda veelgi vähem seal, kus meil mõõdetud kaalusid ei ole. Seega pole mõtet imestada, miks mudeli intercept meie üle irvitab.

Neli mõistet

Mudelis $y = a + bx$ on x ja y muutujad, ning a ja b on parameetrid. Muutujate väärtused fikseeritakse andmete poolt, parameetrid fititakse andmete põhjal. Fititud mudel ennustab igale x-i väärtusele vastava kõige tõenäolisema y väärtuse (y keskväärtuse sellel x-i väärtusel).

Y - mida me ennustame (dependent variable, predicted varable)

X - mille põhjal me ennustame (independent variable, predictor)

muutuja (variable) - iga asi, mida me valimis mõõdame (X ja Y on kaks muutujat). Muutujal on sama palju fikseeritud väärtusi kui meil on selle muutuja kohta mõõtmisandmeid.

parameeter (parameter) - mudeli koefitsient, millele võib omistada suvalisi väärtusi. Parameetreid tuunides fitime mudeli võimalikult hästi sobituma andmetega.

Mudel on matemaatilise formalism, mis püüab kirjeldada füüsikalist protsessi. Statistilise mudeli struktuuris on komponent, mis kirjeldab ideaalseid ennustusi (nn protsessi mudel) ja eraldi veakomponent (ehk veamudel), mis kirjeldab looduse varieeruvust nende ideaalsete ennustuste ümber. Mudeli koostisosad on (i) muutuja, mille väärtusi ennustatakse, (ii), muutuja(d), mille väärtuste põhjal ennustatakse, (iii) parameetrid, mille väärtused fititakse ii põhjal ja (iv) konstandid.

2.4. Mudeli fittimine

Mudelid sisaldavad (1) matemaatilisi struktuure, mis määravad mudeli tüübi ning (2) parameetreid, mida saab andmete põhjal tuunida, niiviisi täpsustades mudeli kuju.

Seda tuunimist nimetatakse mudeli fittimiseks. Mudelit fittides on eesmärk saavutada antud tüüpi mudeli maksimaalne sobivus andmetega. Näiteks võrrand $y = a + bx$ määrab mudeli, kus $y = x$ on on see struktuur, mis tagab, et mudeli tüüp on sirge, ning a ja b on parameetrid, mis määravad sirge asendi. Seevastu struktuur $y = x + x^2$ tagab, et mudeli $y = a + b1x + b2x^2$ tüüp on parabool, ning parameetrite a, $b1$ ja $b2$ väärtused määravad selle parabooli täpse kuju. Ja nii edasi.

lineraarse mudeli parima sobivuse andmetega saab tagada kahel erineval viisil: (i) vähimruutude meetod mõõdab y telje suunaliselt iga andmepunkti kauguse mudeli ennustusest, võtab selle kauguse ruutu, summeerib kauguste ruudud ning leiab sirge asendi, mille korral see summa on minimaalne; (ii) Bayesi teoreem annab väheinformatiivse priori korral praktiliselt sama fiti.

Hea mudel on

(1) võimalikult lihtsa struktuuriga, mille põhjal on veel võimalik teha järeldusi protsessi kohta, mis genereeris mudeli fittimiseks kasutatud andmeid;

(2) sobitub piisavalt hästi andmetega (eriti uute andmetega, mida ei kasutatud selle mudeli fittimiseks), et olla relevantne andmeid genereeriva protsessi kirjeldus;

(3) genereerib usutavaid simuleeritud andmeid.

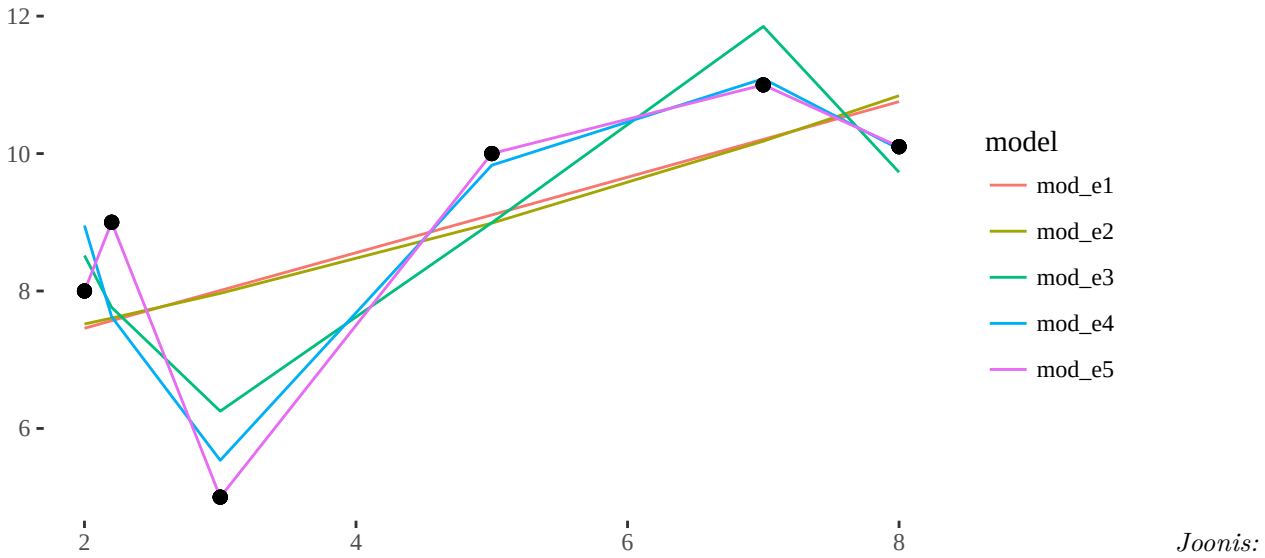
Sageli fititkse samade andmetega mitu erinevat tüüpi mudelit ja püütakse otsustada, milline neist vastab kõige paremini eeltoodud tingimustele. Näiteks, kui sirge suudab kaalu järgi pikkust ennustada paremini kui parabool, siis on sirge mudel paremas kooskõlas teadusliku hüpoteesiga, mis annaks mehhanismi protsessile, mille käigus kilode lisandumine viiks laias kaaluvahemikus inimeste pikkuse kasvule ilma, et pikkuse kasvu tempo kaalu tõustes langeks.

See, et teie andmed sobivad hästi mingi mudeliga, ei tähenda automaatselt, et see fakt oleks teaduslikult huvitav. Mudeli parameetrid on mõtekad mudeli matemaatilise kirjelduse kontekstis, aga mitte tingimata suure maailma põhjusliku seletamise kontekstis. Siiski, kui mudeli matemaatiline struktuur loodi andmeid genreeeriva loodusliku protsessi olemust silmas pidades, võib mudeli koefitsientide uurimisest selguda olulisi tõsiasju suure maailma kohta.

Ülе- ja alafittimine

Osad mudelite tüübid on vähem paindlikud kui teised (parameetreid tuunides on neil vähem liikumisruumi). Kuigi sellised mudelid sobituvad halvemini andmetega, võivad need ikkagi paremini kui mõni paindlikum mudel välja tuua andmete peidetud olemuse. Mudeldamine eeldab, et me usume, et meie andmetes leidub nii müra (mida mudel võiks ignoreerida), kui signaal (mida mudel püüab tabada). Kuna mudeli jaoks näeb müra samamoodi välja, kui signaal, on iga mudel kompromiss üle- ja alafittimise vahel. Me lihtsalt loodame, et meie mudel on piisavalt jäik, et mitte liiga palju müra modelleerida ja samas piisavalt paindlik, et piisaval määral signaali tabada.

Üks kõige jäigemaid mudeleid on sirge, mis tähendab, et sirge mudel on suure tõenäosusega alafittitud. Keera sirget kuipalju tahad, ikka ei sobitu ta enamiku andmekogudega. Ja need vähesed andmekogud, mis sirge mudeliga sobivad, on genereeritud teatud tüüpi lineaarsete protsesside poolt. Sirge on seega üks kõige paremini tõlgendatavaid mudeleid. Teises äärmuses on polünoomsed mudelid, mis on väga paindlikud, mida on väga raske tõlgendada ja mille puhul esineb suur mudeli ülefittimise oht. Ülefititud mudel järgib nii täpselt valimiandmeid, et sobitub hästi valimis leiduva juhusliku müraga ning seetõttu sobitub halvasti järgmise valimiga samast populatsioonist (igal valimil on oma juhuslik müra). Üldiselt, mida rohkem on mudelis tuunitavaid parameetreid, seda paindlikum on mudel, seda kergem on seda valimiandmetega sobitada ja seda raskem on seda tõlgendada. Veelgi enam, alati on võimalik konstrueerida mudel, mis sobitub täiuslikult kõikide andmepunktidega (selle mudeli parameetrite arv = N). Selline mudel on täpselt sama informatiivne kui andmed, mille põhjal see fitiți — ja täiesti kasutu.



Joonis: Kasvava paindlikusega polünoomsed mudelid. mod_e1 on sirge võrrand y = a + b1x (2 parameetrit: a ja b1), mod_e2 on lihtsaim võimalik polünoom: y= a + b1x + b2x^2 (3 parameetrit), . . . , mod_e5: y= a + b1x + b2x^2 + b3x^3 + b4x^4 + b5x^5 (6 parameetrit). mod_e5 vastab täpselt andmepunktidele (N = 6).

Vähemruutude meetodil fititud mudeleid saame võrrelda AIC-i näitaja järgi. AIC - Akaike Informatsiooni Kriteerium - vaatab mudeli sobivust andmetega ja mudeli parameetrite arvu. Väikseim AIC tähitab parimat fitti väikseima parameetrite arvu juures (kompromissi) ja väikseima AIC-ga mudel on eelistatuim mudel. Aga seda ainult võrreldud mudelite hulgas. AIC-i absoluutväärtus ei loe - see on suhteline näitaja.

```
AIC(mod_e1, mod_e2, mod_e3, mod_e4, mod_e5)
```

```
##        df      AIC
## mod_e1  3 27.77993
## mod_e2  4 29.76669
## mod_e3  5 26.21330
## mod_e4  6 25.11245
## mod_e5  7     -Inf
```

AIC näitab, et parim mudel on mod_e4. Aga kas see on ka kõige kasulikum mudel? Mis siis, kui 3-s andmepunkt on andmesisestaja näpuviga?

```
Ülefittimise vältimiseks kasutavad Bayesi mudelid informatiivseid prioreid,
mis välistavad ekstreemsed parameetriväärtused.
Vt http://elevanth.org/blog/2017/08/22/there-is-always-prior-information/
```

2.5. Veamudel

Eelpool kirjeldatud mudelid on deterministlikud — nad ei sisalda hinnangut andmete varieeruvusele ennustuse ümber. Neid kutsutakse ka **protsessi mudeliteks** sest nad modelleerivad protsessi täpselt. Ehk, kui mudel ennustab, et 80 kg inimene on 166 cm pikkune, siis protsessi mudel ei ütle, kui suurt kaalust sõltumatut pikkuste varieeruvust võime oodata 80 kg-ste inimeste hulgas. Selle hinnangu andmiseks tuleb mudelile lisada veel üks komponent, **veamudel** ehk veakomponent, mis sageli tuuakse sisse normaaljaotuse kujul. Veakomponent modelleerib üksikute inimeste pikkuste varieeruvust (mitte keskmise pikkuse varieeruvust) igal mõeldaval ja mittemõeldaval kaalul. Tänu sellele ei ole mudeli ennustused enam deterministlikud, vaid tõenäosuslikud.

> Bioloogid, erinevalt füüsikutest, usuvad, et valimisisene andmete varieeruvus on pigem tingitud bioloogilisest varieeruvusest, kui mõõtmisveast. Aga loomulikult on seal olemas ka mõõtmisviga.

> Lihtsuse ja ajaloolise järjepidevuse huvides räägime järgnevalt veamudelist, mitte "bioloogilise varieeruvuse ja veamudelist".

Kuidas veakomponent lineaarsesse mudelisse sisse tuua?

ilma veakomponendita mudel:

$y = a + bx$

Veakomponent tähendab, et y-i väärtus varieerub ümber mudeli poolt ennustatud keskväärtuse ja seda varieeruvust normaaljaotusega modelleerides saame

$y \sim dnorm(mu,\ sigma)$

kus mu on mudeli poolt ennustatud keskväärtus ja $sigma$ on mudeli poolt ennustatud standardhälve ehk varieeruvus andmepunktide tasemel. Tilde ~ tähistab seose tõenäosuslikkust.

Sirge mudelisse varieeruvuse sisse toomiseks defineerime mu ümber nõnda:

$mu = a + bx$,

mis tähendab, et

$y \sim dnorm(a + bx,\ sigma)$

See ongi sirge mudel koos veakomponendiga. Seega on sellel lineaarsel regressioonimudelil kolm parameetrit: intercept a, tõus b ja "veaparameeter" $sigma$. Sellist mudelit on mõistlikum fittida Bayesi teoreemi abil, kui vähimruutude meetodil. Bayesi meetodiga fititud mudel, mida kutsutakse posteerioriks, näitab, millised kombinatsioonid nendest kolmest parameetrist usutavalt koos esinevad (ja millised mitte). Seega on fititud 3 parameetriga bayesi mudel 3-dimensionaalne tõenäosusjaotus (3D posteerior). Muidugi saame ka ükshaaval välja plottida kolm 1D posteeriori, millest igaüks iseloomustab üht parameetrit ning on kollapseeritud üle kahe ülejäänud parameetri. 4. peatükis õpime selliste mudelitega töötama.

> Kõik statistilised mudelid on tõenäosusmudelid ning sisaldavad veakomponenti. Tõenäosusmudel on matemaatiline funktsioon, mis x-teljel loeb üles kõik võimalikud sündmustest ja y-teljel annab nende kõikide toimumise tõenäosused.

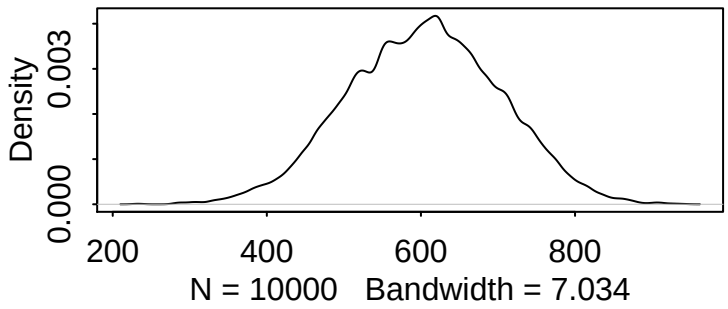
Muide, kõik veamudelid, millega me edaspidi töötame, modelleerivad igale x-i väärtusele (kaalule) sama suure y-i suunalise varieeruvuse (pikkuste sd). Suurem osa statistikast kasutab eeldusi, mida keegi päriselt tõe pähe ei võta, aga millega on arvutuslikus mõttes lihtsam elada.

2.5.1. Enimkasutatud veamudel on normaaljaotus.

Normaaljaotuse matemaatiline kirjeldus on suhteliselt keeruline, aga see on puhtalt tingitud vajadusest jaotuse aluse pindala normaliseerimisest ühele. Tegelikult võime demonstreerida normaaljaotuse kujulist jaotust väga lihtsate vahenditega. Järgnev näitab ka, millised looduslikud protsessid võiksid tekitada normaalseid andmed, ja millised mitte.

normaaljaotuse võib saada lihtsa liitmise teel. Oletame, et bakteri kasvukiirust mõjutavad 12 geeni, mille mõjud võivad olla väga erineva tugevusega, kuid nende mõjude suurused ei sõltu üksteisest. Seega nende 12 geeni mõjud kasvukiirusele liituvad. Järgnevas koodis me võtame 12 juhuvalimit arvudest 1 ja 100 vahel (kasutades runif() funktsiooni). Need 12 arvu näitavad 12 erineva geeni individuaalsete mõjude suurusi bakteritüve kasvukiirusele. Meil on seega kuni 100-kordsed erinevused erinevate geenide mõjude suuruste vahel. Seejärel liidame need 12 arvu. Nüüd võtame uue 12-se valimi ja kordame eelnevat. Me teeme seda 10 000 korda järjest ja plotime saadud 10 000 arvu (10 000 liitmistehte tulemust) tihedusfuntksioonina.

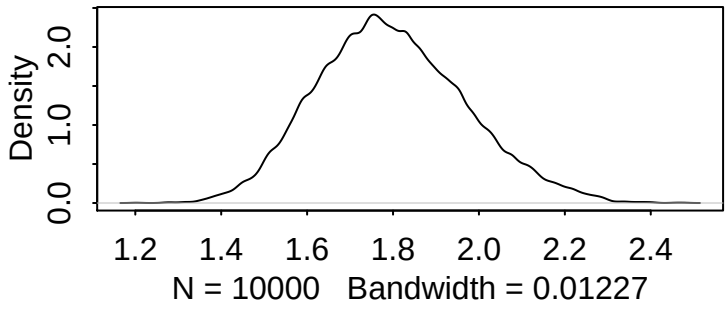
```
kasv <- replicate( 10000 , sum( runif( 12, 1, 100 ) ) )
dens( kasv )
```



Selles näites võrdub iga andmepunkt 10 000st ühe bakteritüve kasvukiiruse mõõtmisega. Seega, antud eelduste korral on bakteritüvede kasvukiirused normaaljaotusega.

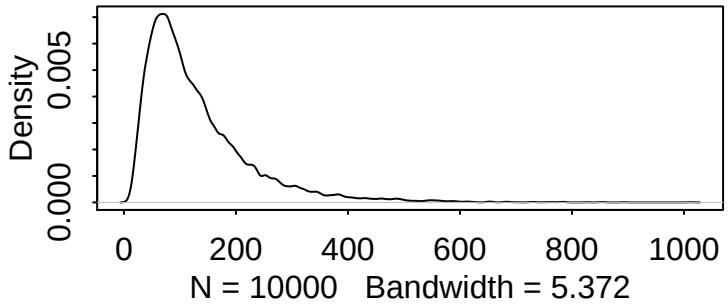
Nüüd vaatame, mis juhtub, kui 12 geeni mõjud ei ole üksteisest sõltumatud. Kui 12 geeni on omavahel vastasmõjudes, siis nende geenide mõjud korrutuvad, mitte ei liitu. Kõigepealt vaatleme juhtu, kus 12 geeni on kõik väikeste mõjudega ning seega mitte ühegi geeni mõju ei domineeri teiste üle. Seekord võtame oma 12 juhuvalimit arvudest 1 ja 1.1 vahel. 1 tähendab 0-kasvu ja 1.1 tähendab 10% kasvu. Seejärel korrutame need 12 arvu, misjärel kordame eelnevat 10 000 korda.

```
kasv <- replicate( 10000 , prod( runif( 12, 1, 1.1 ) ) )
dens( kasv )
```



Eelmises näites olid need üksikud interakteeruvad geenid ükshaaval väikeste mõjudega. Mitte ühegi geeni mõju ei domineeri teiste üle. Mis juhtub, kui mõnel geenil on kuni 2 korda suurem mõju kui teisel?

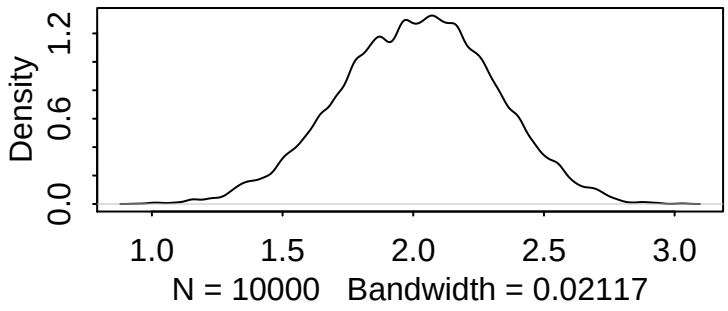
```
kasv <- replicate( 10000 , prod( runif(12,1,2) ) )
dens( kasv )
```



Nüüd on tulemuseks log-normaaljaotus. Mis teie arvate, kas bioloogias on enamasti tegu faktoritega, mis omavahel ei interakteeru või kui interakteeruvad, on kõik ühtlaselt väikeste efektidega? Või on tegu vastasmõjudes olevate faktoritega, millest osad on palju suuremate mõjudega uuritavale tunnusele, kui teised? Ühel juhul eelistate te normaaljaotuse mudeleid, teisel juhul peate õppima töötama ka lognormaaljaotusega.

Kui me vaatame samu andmeid logaritmilises skaalas, avastame, et need andmed on normaaljaotusega.

```
kasv <- replicate( 10000 , log10(prod( runif(12,1,2) ) ) )
dens( kasv )
```



Normaaljaotuse mudel väikestel valimitel

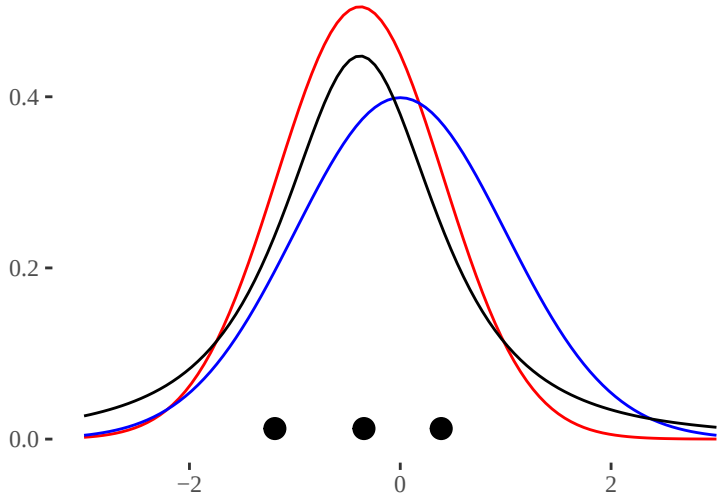
Oletame, et meil on kolm andmepunkti ning me usume, et need andmed on juhuslikult tõmmatud normaaljaotusest või sellele lähedasest jaotusest. Normaaljaotuse mudelit kasutades me sisuliselt deklareerime, et me usume, et kui me oleksime olnud vähem laisad ja 3 mõõtmise asemel sooritanuks 3000, siis need mõõtmised sobituksid piisavalt hästi meie 3 väärtuse peal fititud normaaljaotusega. Seega, me usume, et omades 3 andmepunkti me teame juba umbkaudu, millised tulemused me oleksime saanud korjates näiteks 3 miljonit andmepunkti. Oma mudelist võime simuleerida ükskõik kui palju andmepunkte.

Aga pidage meeles, et selle mudeli fittimiseks kasutame me ainult neid andmeid, mis meil päriselt on — ja kui meil on ainult 3 andmepunkti, on tõenäoline, et fititud mudel ei kajasta hästi tegelikkust.

> Halvad andmed ei anna kunagi head tulemust.

Eelnev ei kehti Bayesi mudelite kohta, mis toovad priorite kaudu sisse lisainfot, mis ei kajastu valimiandmetes ja võib analüüsi päästa.

Kuidas panna skeptik uskuma, et statistilised meetodid töötavad halvasti väikestel valimitel? Siin aitab simulatsioon, kus me tõmbame 3-se valimi etteantud populatsioonist ning üritame selle valimi põhjal ennustada selleasama populatsiooni struktuuri. Kuna tegemist on simulatsiooniga, teame täpselt, et populatsioon, kust me tõmbame oma kolmese valimi, on normaaljaotusega, et tema keskväärtus = 0 ja et tema sd = 1. Me fitime oma valimi andmetega 2 erinevat mudelit: normaaljaotuse ja Studenti t jaotuse.



Joonis: juhuvalim normaaljaotusest, mille keskmine=0 ja sd=1 (n=3; andmepunktid on näidatud mustade munadena). Sinine joon - popualtsioon, millest tõmmati valim; punane joon - normaaljaotuse mudel, mis on fititud valimi andmetel; must joon - Studenti t jaotuse mudel, mis on fititud samade andmetega.

Mõlemad mudelid on süstemaatiliselt nihutatud väiksemate väärtuste poole ja alahindavad varieeruvust. t jaotuse mudel on oodatult paksemate sabadega ja ennustab 0-st kaugele palju rohkem väärtusi kui normaaljaotuse mudel. Kuna me teame, et populatsioon on normaaljaotusega, pole väga üllatav, et t jaotus modeleerib seda halvemini kui normaaljaotus.

Igal juhul, mõni teine juhuvalim annaks meile hoopis teistsugused mudelid, mis rohkem või vähem erinevad algsest populatsioonist.

Mis juhtub kui me kasutame oma normaaljaotuse mudelit uute andmete simuleerimiseks? Kui lähedased on need simuleeritud andmed populatsiooni andmetega ja kui lähedased valimi andmetega, millega me normaaljaotuse mudeli fittisime?

```
set.seed(19) #muudab simulatsiooni korratavaks
#tõmbame 3 juhuslikku arvu normaalhaotusest, mille keskväärtus = 0 ja sd = 1.
df <- tibble(sample_data=rnorm(3))
#fitime normaaljaotuse mudeli valimi keskmise ja sd-ga
mean(df$sample_data); sd(df$sample_data)
```

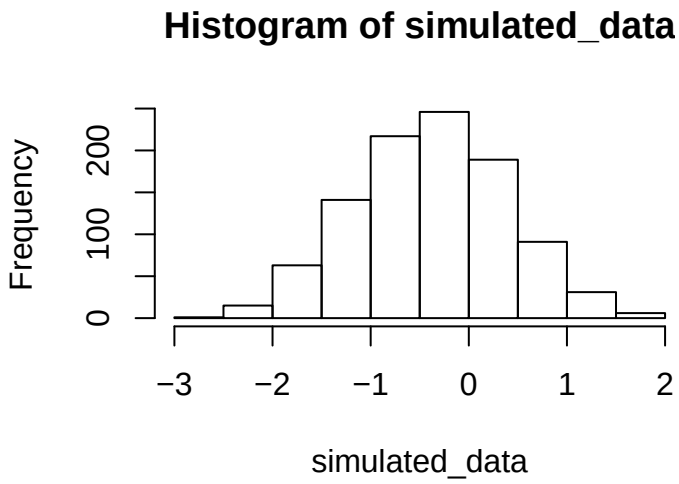
```
## [1] -0.3817353
```

```
## [1] 0.7896821
```

```
#simuleerime 1000 uut andmepunkti fititud mudelist
simulated_data <- rnorm(1000, mean(df$sample_data), sd(df$sample_data))
#arvutame simuleeritud andmete keskmise ja sd ning joonistame neist histogrammi
mean(simulated_data); sd(simulated_data); hist(simulated_data)
```

```
## [1] -0.3848133
```

```
## [1] 0.7749198
```



Nagu näha, on uute (simuleeritud) andmete keskväärtus ja SD väga sarnased algsete andmete omale, mida kasutasime mudeli fittimisel. Kahjuks ei ole need aga kaugeltki nii sarnased algsele jaotusele, mille kuju me püüame oma andmete ja mudeli pealt ennustada. Seega on meie mudel üle-fittitud, mis tähendab, et ta kajastab liigselt neid valimi aspekte, mis ei peegelda algse populatsiooni omadusi. Loomulikult ei vasta ükski mudel päriselt tegelikkusele. Küsimus on pigem selles, kas mõni meie mudelitest on piisavalt hea, et olla kasulik. Vastus sellele sõltub, milleks plaanime oma mudelit kasutada.

```
mean(simulated_data>0); mean(simulated_data>1)
```

```
## [1] 0.317
```

```
## [1] 0.037
```

Kui populatsooniväärtustest on 50% suuremad kui 0, siis mudeli järgi vaevalt 32%. Kui populatsooniväärtustest on 16% suuremad kui 1, siis mudeli järgi vaevalt 4%. See illustreerib hästi mudeli kvaliteeti.

```
library(brms)
sim_t <- rstudent_t(1000, 2, mean(df$sample_data), sd(df$sample_data))
mean(sim_t>0); mean(sim_t>1)
```

```
## [1] 0.338
```

```
## [1] 0.11
```

Samad ennustused t jaotusest on isegi paremad! Aga kumb on ikkagi parem mudel populatsioonile?

2.6. normaaljaotuse ja lognormaaljaotuse erilisus

Normaaljaotus ja lognormaaljaotus on erilised sest

(1) keskne piirteoreem ütleb, et olgu teie valim ükskõik millise jaotusega, paljudest valimitest arvutatud **aritmeetilised keskmised** on alati enam-vähem normaaljaotusega (kui n>30). Selle matemaatilise formalismi tuletus füüsikalisse maailma on nn "elementaarsete vigade hüpotees", mille kohaselt paljude väikeste üksteisest sõltumatute juhuslike efektide (vigade) summa annab tulemuseks normaaljaotuse. Paraku annavad enamus bioloogilisi mõõtmisi eranditult mitte-negatiivseid tulemusi. Sageli on selliste mõõtmiste tulemuste jaotused ebasümmeetrilised (v.a. siis, kui cv = sd/mean on väike) ja siis on meil sageli tegu lognormaaljaotusega, mis tekkib log-normaalsete muutujate korrutamisest (mitte liitmisest, nagu normaaljaotuse puhul). Keskne piirteoreem 2: suvalise jaotusega muutujate **geomeetrilised keskmised** on lognormaaljaotusega. Elementaarsete vigade hüpotees 2: Kui juhuslik varieeruvus tekib paljude juhuslike efektide korrutamisel, on tulemuseks lognormaaljaotus. Lognormaaljaotuse elementide (arvude) logaritmimisel saame normaaljaotuse.

(2) Mõlemad jaotused (normaal ja lognormaal) on maksimaalse entroopiaga jaotused. Entroopiat vaadeldakse siin informatsiooni/müra kaudu — maksimaalse entroopiaga süsteem sisaldab maksimaalselt müra ja minimaalselt informatsiooni (Shannoni informatsiooniteooria). See tähendab, et väljaspool oma parameetrite tuunitud väärtusi on need normaal- ja lognormaaljaotused minimaalselt informatiivsed. Näiteks normaaljaotusel on kaks parameetrit, mu ja sigma (ehk keskmine ja standardhälve). Seega, andes normaaljaotusele ette keskväärtuse ja standardhälbe fikseerime üheselt jaotuse ehk mudeli kuju ja samas lisame sinna minimaalselt muud (sooviamtut) informatsiooni. Teised maksimaalse entroopiaga jaotused on eksponentsiaalne jaotus, binoomjaotus ja poissoni jaotus. Maksimaalse entroopiaga jaotused sobivad hästi Bayesi prioriteks sest me suudame paremini kontrollida, millist informatsiooni me neisse surume.

2.7. Küsimused, mida statistika küsib

Statistika abil saab vastuseid järgmisetele küsimustele:

1) kuidas näevad välja teie andmed ehk milline on just teie andmete jaotus, keskväärtus, varieeruvus ja koos-varieeruvus? Näiteks, mõõdetud pikkuste ja kaalude koos-varieeruvust saab mõõta korrelatsioonikordaja abil.

2) mida me peaksime teie valimi andmete põhjal uskuma populatsiooni parameetri tegeliku väärtuse kohta? Näiteks, kui meie andmete põhjal arvutatud keskmine pikkus on 178 cm, siis kui palju on meil põhjust arvata, et tegelik populatsiooni keskmine pikkus > 185 cm?

3) mida ütleb statistilise mudeli struktuur teadusliku hüpoteesi kohta? Näiteks, kui meie poolt mõõdetud pikkuste ja kaalude koos-varieeruvust saab hästi kirjeldada kindlat tüüpi lineaarse regressioonimudeliga, siis on meil ehk tõendusmaterjali, et pikkus ja kaal on omavahel sellisel viisil seotud ja eelistatud peaks olema teaduslik teooria, mis just sellise seose tekkimisele bioloogilise mehhanismi annab.

4) mida ennustab mudel tuleviku kohta? Näiteks, meie lineaarne pikkuse-kaalu mudel suudab ennustada tulevikus kogutavaid pikkuse andmeid. Aga kui hästi?

   statistika ülesanne on lähtuvalt piiratud hulgast andmetest ja mudelitest kvantifitseerida parimal võimalikul viisil kõhedust, mida peaksime tundma vastates eeltoodud küsimustele.

Statistika ei vasta otse teaduslikele küsimustele ega küsimustele päris maailma kohta. Statistilised vastused jäävad alati kasutatud andmete ja mudelite piiridesse. Sellega seoses peaksime eelistama hästi kogutud rikkalikke andmeid ja paindlikke mudeleid. Siis on lootust, et hüpe mudeli koefitsientidest päris maailma kirjeldamisse tuleb üle kitsama kuristiku. Bayesil on siin eelis, sest osav statistik suudab koostöös teadlastega priori mudelisse küllalt palju kasulikku infot koguda. Samas, amatöör suudab bayesi abil samavõrra käkki keerata. Mida paindlikum on meetod, seda vähem automaatne on selle mõistlik kasutamine.

3. Kuidas näevad välja teie andmed?

3.1. summaarsed statistikud

Summaarne statistik = üks number.
Milliseid statistikuid arvutada ja milliseid vältida, sõltub statistilisest mudelist

summaarse statistika abil iseloomustame a) tüüpilist valimi liiget (keskmist), b) muutuja sisest varieeruvust, c) erinevate muutujate (pikkus, kaal vms) koos-varieeruvust

3.1.1. keskväärtused

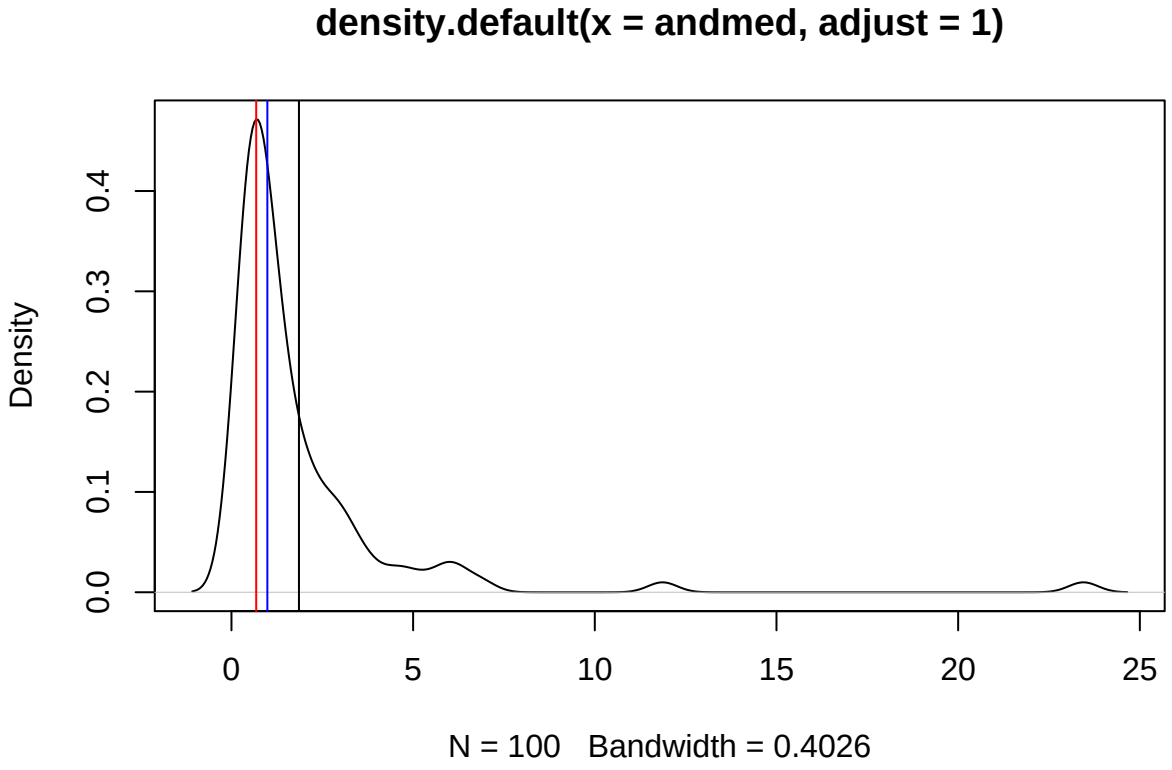
Keskväärtust saab mõõta paaril tosinal erineval viisil, millest järgnevalt kasutame kolme või nelja. Enne kui te arvutama kukute, mõelge järele, miks te soovite keskväärtust teada. Kas teid huvitab valimi tüüpiline liige? Kuidas te sooviksite seda tüüpilisust defineerida? Kas valimi keskmise liikmena või valimi kõige arvukama liikmena? või veel kuidagi? See, millist keskväärtust kasutada sõltub sageli andmejaotuse kujust. Sümmeetrilisi jaotusi on lihtsam iseloomustada ja mitmetipulised jaotused on selles osas kõige kehvemad.

Mina eelistan selliseid nõuandeid (mis on rangelt soovituslikud):

(1) Kui valim on normaaljaotusega (histogramm on sümmeetriline), hinda tüüpilist liiget läbi aritmeetilise keskmise (mean).

(2) Muidu kasuta mediaani (median). Kui valim on liiga väike, et jaotust hinnata (aga > 4), eelista mediaani. Mediaani saamiseks järjestatakse mõõdetud väärtused suuruse järgi ja võetakse selle rea keskmine liige. Mediaan on vähem tundlik ekstreemsete väärtuste (outlierite) suhtes kui mean.

(3) Valimi kõige levinumat esindajat iseloomustab mood ehk jaotuse tipp. Seda on aga raskem täpselt määrata ja mitmetipulisel jaotusel on mitu moodi. Töötamisel posterioorsete jaotustega on mood sageli parim lahendus.



Joonis: Simuleeritud lognormaaljaotusega andmed. Punane joon - mood; sinine joon - mediaan; must joon - aritmeetiline keskmine (mean). Milline neist vastab parimini teie intuitsiooniga nende andmete "keskväärtusest"? Miks?

3.1.2. muutuja sisene varieeruvus

Mean-iga käib kokku standardhälve (SD).

SD on sama ühikuga, mis andmed (ja andmete keskväärtus). Statistikute hulgas eelistatud formaat on mean (SD), mitte mean (+/- SD). 1 SD katab 68% normaaljaotusest, 2 SD – 96% ja 3 SD – 99%. Normaaljaotus langeb servades kiiresti, mis tähendab, et tal on peenikesed sabad ja näiteks 5 SD kaugusel keskmisest paikneb vaid üks punkt miljonist.

Näiteks: inimeste IQ on normaaljaotusega, mean=100, sd=15. See tähendab, et kui sinu IQ=115 (ülikooli astujate keskmine IQ), siis on tõenäosus, et juhuslikult kohatud inimene on sinust nutikam, 18% ((100% - 68%)/2 = 18%).

Kui aga "tegelikul" andmejaotusel on "paks saba" või esinevad outlierid, siis normaaljaotust eeldav mudel tagab ülehinnatud SD ja seega ülehinnatud varieeruvuse. Kui andmed saavad olla ainult positiivsed, siis SD > mean/2 viitab, et andmed ei sobi normaaljaotuse mudeliga (sest mudel ennustab negatiivsete andmete esinemist küllalt suure sagedusega).

> Standardhälve on defineeritud ka mõnede teiste jaotuste jaoks peale normaaljaotuse (Poissioni jaotus, binoomjaotus). Funktsioon sd() ja selle taga olev valem on loodud normaaljaotuse tarbeks ja neid alternatiivseid standardhälbeid ei arvuta. Igale jaotusele, mida me oskame integreerida, saab ka integraali abil standardhälbe arvutada, mis on täpselt õige katvusega. Seega tasub meeles pidada, et tavapärane viis sd arvutamiseks kehtib normaaljaotuse mudeli piirides ja ei kusagil mujal!

Kui andmed ei sobi normaaljaotusesse, võib pakkuda kahte alternatiivset lahendust:

(1) logaritmi andmed.

Kui kõik andmeväärtused on positiivsed ja andmed on lognormaaljaotusega, siis logaritmimine muudab andmed normaalseks. Logaritmitud andmetest tuleks arvutada aritmeetiline keskmine ja SD ning seejärel mõlemad anti-logaritmida (näiteks kui log2(10) = 3.32, siis antilogaritm sellest on 2**3.32 = 10). Sellisel juhul avaldatakse lõpuks geomeetriline keskmine ja multiplikatiivne SD algses lineaarses skaalas (multiplikatiivne SD = geom mean x SD; geom mean/SD). Geomeetriline keskmine on alati väiksem kui aritmeetiline keskmine. Lisaks on SD intervall nüüd asümmeetriline ja SD on alati > 0. See protseduur tagab, et 68% lognormaalsetest andmetest jääb 1 SD vahemikku ning 96% andmetest jääb 2 SD vahemikku.

Kui lognormaalsetele andmetele arvutada tavaline sd lineaarses skaalas kasutades sd() funktsiooni, mille algoritm on välja töötatud spetsiifiliselt normaalsete andemete jaoks, siis tuleb SD sageli palju laiem kui peaks ja hõlmab ka negatiivseid väärtusi (pea meeles, et SD definitsiooni järgi jääb 96% populatsioonist 2 SD vahemikku).
Sageli on aga negatiivsed muutuja väärtused võimatud (näiteks nädalas suitsetatud sigarettide arv). See on näide halvast mudelist! Kui te rakendate tavapärast sd() funktsiooni teadmata jaotusega andmetele, võite siiski kindel olla, et 2 SD hõlmab mitte vähem kui 75% populatsiooni andmetest.

Kirjutame logaritmimise kaudu avaldatud multiplikatsiivse SD arvutamiseks funktsiooni mulitplicative_sd():

```
multiplicative_sd <- function(x) {
  x <- na.omit(x)
  log_data <- log10(x)
  log_mean <- mean(log_data)
  log_sd <- sd(log_data)
  geom_mean <- 10**log_mean
  mult_sd <- 10**log_sd
  lower1 <- geom_mean/mult_sd
  upper1 <- geom_mean * mult_sd
  lower2 <- geom_mean/(mult_sd**2)
  upper2 <- geom_mean * (mult_sd**2)
  Mean <- mean(x)
  lower3 <- mean(x) - sd(x)
  upper3 <- mean(x) + sd(x)
  lower4 <- mean(x) - sd(x)*2
  upper4 <- mean(x) + sd(x)*2
  results <- tibble(SD=c("multiplicative_SD",
                         "multiplicative_2_SD",
                         "additive_SD",
                         "additive_2_SD"),
                    MEAN=c(geom_mean,
                           geom_mean,
                           Mean,
                           Mean),
                    lower=c(lower1,
                            lower2,
                            lower3,
                            lower4),
                    upper=c(upper1,
                            upper2,
                            upper3,
                            upper4) )
  results
}

multiplicative_sd(andmed)
```

```
## # A tibble: 4 x 4
##                     SD     MEAN      lower    upper
##                  <chr>    <dbl>      <dbl>    <dbl>
## 1   multiplicative_SD 1.084891  0.4010893 2.934481
## 2 multiplicative_2_SD 1.084891  0.1482845 7.937367
## 3         additive_SD 1.857924 -0.9636351 4.679482
## 4       additive_2_SD 1.857924 -3.7851938 7.501041
```

Tavalise aritmeetitilise keskmise asemel on meil nüüd geomeetriline keskmine. Võrdluseks on antud ka tavaline (aritmeetiline) keskmine ja (aditiivne) SD. Additiivne SD on selle jaotuse kirjeldamiseks selgelt ebaadekvaatne (vt jaotuse pilti ülalpool ja võrdle mulitplikatiivse SD-ga).

Kuidas aga töötab multiplikatiivne standardhälve normaaljaotusest pärit andmetega? Kui multiplikatiivse sd rakendamine normaalsete andmete peal viib katastroofini, siis pole sel statistikul suurt kasutusruumi.

```
set.seed(5363)
norm_andmed <- rnorm(3, 100, 20)
multiplicative_sd(norm_andmed)
```

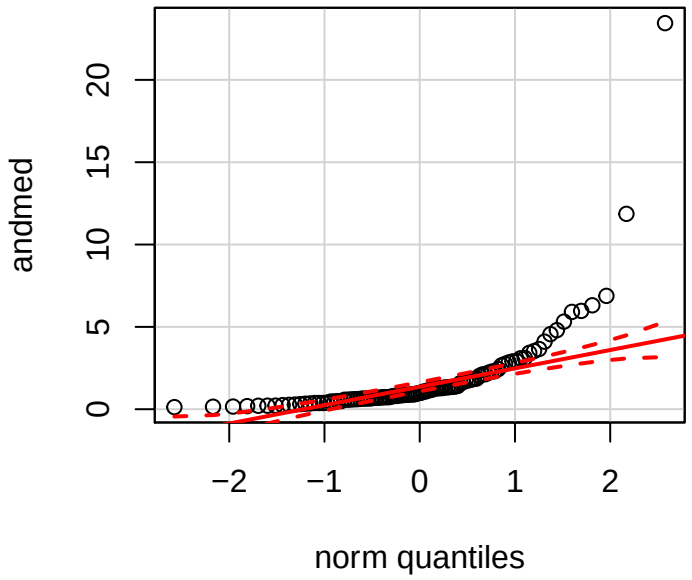
```
## # A tibble: 4 x 4
##                     SD     MEAN    lower    upper
##                  <chr>    <dbl>    <dbl>    <dbl>
## 1   multiplicative_SD 108.1088 92.80205 125.9403
## 2 multiplicative_2_SD 108.1088 79.66252 146.7128
## 3         additive_SD 108.9603 92.08395 125.8367
## 4       additive_2_SD 108.9603 75.20756 142.7131
```

Nagu näha, on multiplikatiivse sd kasutamine normaalsete andmetega pigem ohutu (kui andmed on positiivsed). Arvestades, et additiivne SD on lognormaalsete andmete korral kõike muud kui ohutu ning et lognormaaljaotus on bioloogias üsna tavaline (eriti ensüümreaktsioonide ja kasvuprotsesside juures), on mõistlik alati kasutada multiplicative_sd() funktsiooni. Kui mõlema SD väärtused on sarnased, siis võib loota, et andmed on normaalsed ning saab refereede rõõmuks avaldada tavapärase additiivse SD.

> kui n < 10, siis mõlemad SD-d alahindavad tehnilistel põhjustel tegelikku sd-d. Ettevaatust väikeste valimitega!

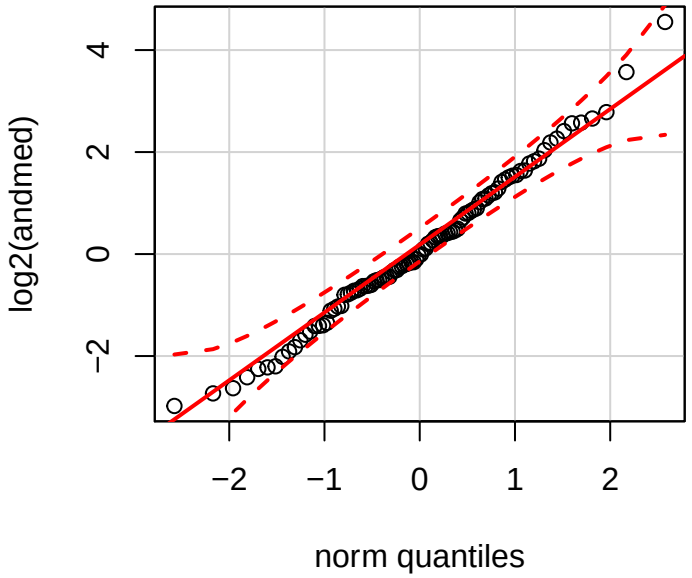
Vahest tekkib teil vajadus empiiriliselt määrata, kas teie andmed on normaaljaotusega. Enne kui seda tegema asute, peaksite mõistma, et see, et teie valim ei ole normaalne, ei tähenda automaatselt, et populatsioon, millest see valim tõmmati, ei oleks normaaljaotusega. Igal juhul, valimiandmete normaalsuse määramiseks on kõige mõistlikum kasutada qq-plotti. QQ-plot (kvantiil-kvantiil plot) võrdleb andmete jaotust ideaalse normaaljaotusega andmepunkti haaval. Kui empiiriline jaotus kattub referentsjaotusega, siis on tulemuseks sirgel paiknevad punktid. Järgneval qq plotil on näha, mis juhtub, kui plottida lognormaalseid andmeid normaaljaotuse vastu:

```
library(car)
qqPlot(andmed)
```



Nüüd joonistame qq-ploti logaritmitud andmetele.

```
qqPlot(log2(andmed))
```



Pole kahtlust, andmed on logaritmitud kujul normaaljaotusega.

qqPlot() võimaldab võrrelda teie andmeid ükskõik millise R-is leiduva jaotusega (?car::qqPlot).

Normaaljaotuse kindlakstegemiseks on loodud ka peotäis sageduslikke teste, mis annavad väljundina p väärtuse. Nende kasutamisest soovitame siiski hoiduda, sest tulemused on sageli ebakindlad, eriti väikestel ja suurtel valimitel. Mõistlikum on vaadata kõikide andmepunktide plotti normaaljaotuse vastu, kui jõllitada ühte numbrit (p), mille väärtus, muuseas, monotooniliselt langeb koos valimi suuruse kasvuga.

(2) iseloomusta andmeid algses skaalas: mediaan (MAD).

MAD —- median absolute deviation — on vähem tundlik outlierite suhtes ja ei eelda normaaljaotust. Puuduseks on, et MAD ei oma tõlgendust, mille kohaselt ta hõlmaks kindlat protsenti populatsiooni või

valimi andmejaotusest. Seevastu sd puhul võime olla kindlad, et isegi kõige hullema jaotuse korral jäävad vähemalt 75% andmetest 2 SD piiridesse.

```
mad(andmed, constant = 1)
```

```
## [1] 0.5950562
```

> Ära kunagi avalda andmeid vormis: mean (MAD) või median (SD). Korrektne vorm on mean (SD) või median (MAD).

3.1.3. muutujate koos-varieeruvus

Andmete koos-varieeruvust mõõdetakse korrelatsiooni abil. Tulemuseks on üks number - korrelatsioonikordaja r, mis varieerub -1 ja 1 vahel.

> r = 0 – kahte tüüpi mõõtmised (x=pikkus, y=kaal) samadest mõõteobjektidest varieeruvad üksteisest sõltumatult. r = 1: kui ühe muutuja väärtus kasvab, kasvab ka teise muutuja väärtus alati täpselt samas proportsioonis. r = -1: kui ühe muutuja väärtus kasvab, kahaneb teise muutuja väärtus alati täpselt samas proportsioonis.

Kui r on -1 või 1, saame me x väärtust teades täpselt ennustada y väärtuse (ja vastupidi, teades y väärrust saame täpselt ennustada x väärtuse).
Kuidas tõlgendame aga tulemust r = 0.9? Mitte kuidagi. Selle asemel tõlgendame r2 = 0.9**2 = 0.81 – mis tähendab, et x-i varieeruvus suudab seletada 81% y varieeruvusest ja vastupidi, et Y-i varieeruvus suudab seletada 81% X-i varieeruvusest.

Korrelatsiooni saab mõõta mitmel viisil (?cor.test, method=). Kõige levinum on Pearsoni korrelatsioonikoefitsient, mis eeldab, *(i)* et me mõõdame pidevaid muutujaid, *(ii)* et valim on esinduslik populatsiooni suhtes, *(iii)* et populatsiooniandmed on normaaljaotusega ja *(iv)* et igal mõõteobjektil on mõõdetud 2 omadust (pikkus ja kaal, näiteks). Tuntuim alternatiiv on mitteparameetriline Spearmani korrelatsioon, mis ei eelda andmete normaaljaotust ega seda, et mõõdetakse pidevaid suurusi (ordinaalsed andmed käivad kah). Kui kõik Pearsoni korrelatsiooni eeldused on täidetud ja te kasutate siiski Spearmani korrelatsiooni, siis on teie arvutus ca 10% vähemefektiivne.

```
#correlation<-cor.test(iris$Sepal.Length,
# iris$Sepal.Width, na.rm=T, method = "pearson")
#names(correlation)
#str(correlation)
#correlation$conf.int
cor(iris$Sepal.Length, iris$Sepal.Width, use="complete.obs")
```

```
## [1] -0.1175698
```

```
#complete.obs uses only such observations where neither x or y value is NA
```

Korrelatsioonikordaja väärtus sõltub mitte ainult andmete koos-varieeruvusest vaid ka andmete ulatusest. Suurema ulatusega andmed X ja/või Y teljel annavad keskeltläbi 0-st kaugemal oleva korrelatsioonikordaja. Selle pärast sobib korrelatsioon halvasti näiteks korduskatsete kooskõla mõõtmiseks.

Lisaks, korrelatsioonikordaja mõõdab vaid andmete *lineaarset* koos-varieeruvust: kui andmed koos-varieeruvad mitte-lineaarselt, siis võivad ka väga tugevad koos-varieeruvused jääda märkamatuks.

Moraal seisneb selles, et enne korrelatsioonikordaja arvutamist tasub alati plottida andmed, et veenduda võimaliku seose lineaarsuses. Lineaarsuse puudumine andmete koosvarieeruvuse mustris tähendab, et korrelatsioonikordaja tuleb kindlasti eksitav. Kordamisküsimus: miks on paneelil a) r ligikaudu 0?

Korrelatsioonikordaja mõõdab pelgalt määra, mil üks muutuja muutub siis, kui teine muutuja muutub. Seega ei ole suurt mõtet arvutada korrelatsioonikordajat juhul kui me teame ette seose olemasolust kahe muutuja

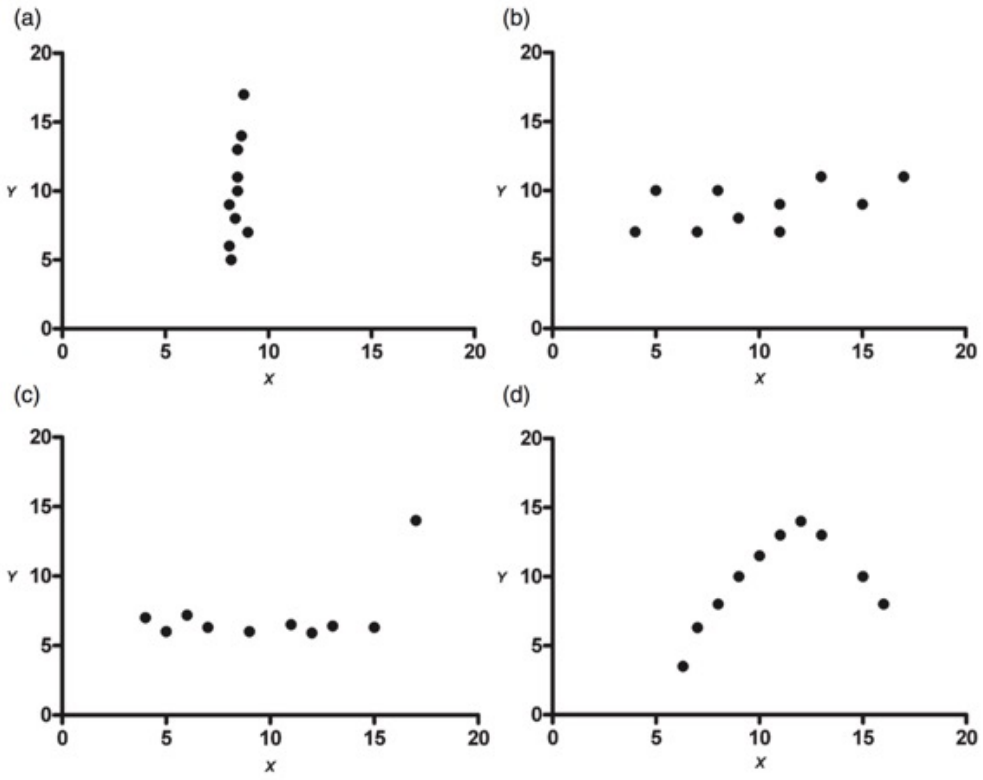


Figure 4: Anscombe'i kvartett illustreerib korrelatsioonikordaja lineaarset olemust: 4 andmestikku annavad identse nullilähedase korrelatsioonikordaja, ehkki tegelikud seosed andmete vahel on täiesti erinevad.

vahel. Näiteks, kui sama entiteeti mõõdetakse kahel erineval viisil, või kahes korduses, või kui esimene muutuja arvutatakse teise muutuja kaudu.

> Kõik summaarsed statistikud kaotavad enamuse teie andmetes leiduvast infost – see kaotus on õigustatud ainult siis, kui teie poolt valitud statistik iseloomustab hästi andmete sügavamat olemust (näiteks tüüpilist mõõtmistulemust või andmete varieeruvust).

```
#Kuidas arvutada correlatsioonimaatriksit koos adjusteeritud p väärtustega
#numeric columns only!
print(psych::corr.test(iris[-5], use="complete"), short = FALSE)
```

3.2 EDA — eksploratoorne andmeanalüüs

Kui ühenumbriline andmete summeerimine täidab eelkõige kokkuvõtliku kommunikatsiooni eesmärki, siis EDA on suunatud teadlasele endale. EDA eesmärk on andmeid eelkõige graafiliselt vaadata, et saada aimu 1) andmete kvaliteedist ja 2) lasta andmetel kõneleda "sellisena nagu nad on" ja sugereerida uudseid teaduslikke hüpoteese. Neid hüpoteese peaks siis testima formaalse statistilise analüüsi abil (ptk järeldav statistika). Näiteid erinevate graafiliste lahenduste kohta vt graafika peatükist.

> EDA: mida rohkem graafikuid, seda rohkem võimalusi uute mõtete tekkeks!

EDA on rohkem kunst kui teadus selles mõttes, et teil on suur vabadus küsida selle abil erinevaid küsimusi oma andmete kohta. Ja seda nii tehnilisest aspektist lähtuvalt (milline on minu andmete kvaliteet?), kui teaduslikke küsimusi küsides (kas muutuja A võiks põhjustada muutusi muutujas B?).

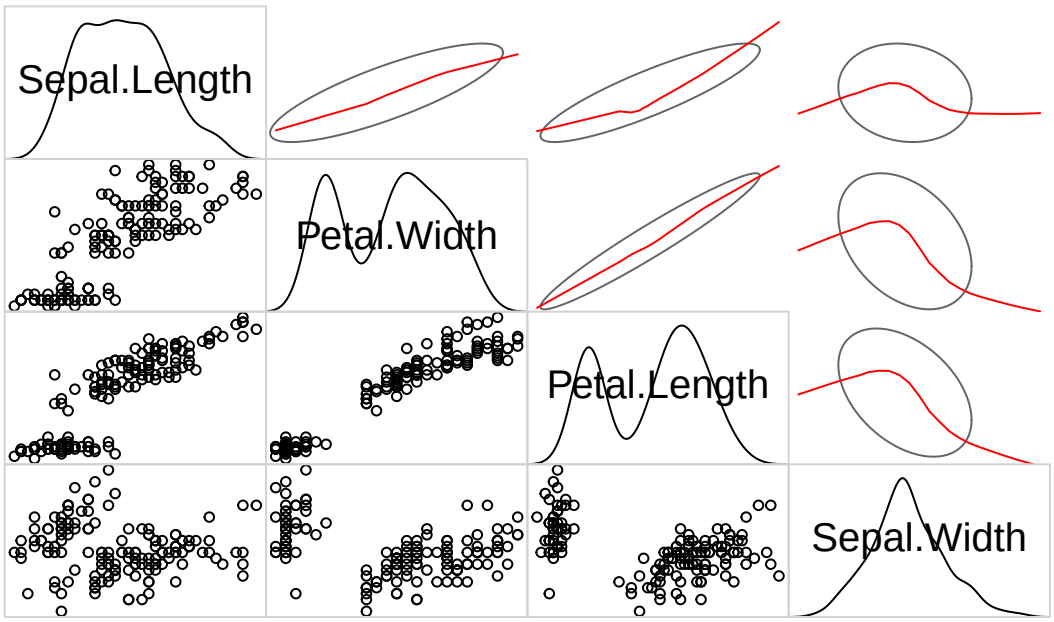
Mõned üldised soovitused võib siiski anda.

1. alusta analüüsi tasemest, kus andmed on kõige inforikkamad — toorandmete plottimisest punktidena. Kui andmehulk ei ole väga massiivne, näitab see hästi nii andmete kvaliteeti, kui ka võimalikke sõltuvussuhteid erinevate muutujate vahel.

Millised korrelatsioonid võiksid andmetes esineda?

```
library(corrgram) #PCA for ordering

corrgram(iris, order=TRUE,
         lower.panel = panel.pts,
         upper.panel = panel.ellipse,
         diag.panel = panel.density,
         main="Correlogram of Iris dataset")
```



2. vaata andmeid numbrilise kokkuvõttena.

```
psych::describe(iris)
```

```
##              vars   n mean   sd median trimmed  mad min max range  skew
## Sepal.Length    1 150 5.84 0.83   5.80    5.81 1.04 4.3 7.9   3.6  0.31
## Sepal.Width     2 150 3.06 0.44   3.00    3.04 0.44 2.0 4.4   2.4  0.31
## Petal.Length    3 150 3.76 1.77   4.35    3.76 1.85 1.0 6.9   5.9 -0.27
## Petal.Width     4 150 1.20 0.76   1.30    1.18 1.04 0.1 2.5   2.4 -0.10
## Species*        5 150 2.00 0.82   2.00    2.00 1.48 1.0 3.0   2.0  0.00
##              kurtosis   se
## Sepal.Length    -0.61 0.07
## Sepal.Width      0.14 0.04
## Petal.Length    -1.42 0.14
## Petal.Width     -1.36 0.06
## Species*        -1.52 0.07
```

Siin pööra kindlasti tähelepanu tulpadele min ja max, mis annavad kiire võimalusi outliereid ära tunda. Kontrolli, kas andmete keskmised (mediaan, mean ja trimmed mean) on üksteisele piisavalt lähedal — kui ei ole, siis on andmete jaotus pika õlaga, ja kindlasti mitte normaalne. Kontrolli, kas erinevate muutujate keskväärtused ja hälbed on teaduslikus mõttes usutavas vahemikus. Ära unusta, et ka väga väike standardhälve võib tähendada, et teie valim ei peegelda bioloogilist varieeruvust populatsioonis, mis teile teaduslikku huvi pakub. NB! selles psych::describe() väljundis on mad läbi korrutatud konstandiga 1.4826, mis toob selle väärtuse lähemale sd-le. Seega on mad siin sd robustne analoog — kui mad on palju väiksem sd-st, siis on karta, et muutujas on outliereid.

3. kontrolli NA-de esinemist oma andmetes VIM paketi abil või käsitsi (vt esimene ptk). Kontrolli, et NA-d ei oleks tähistatud mingil muul viisil (näiteks 0-i või mõne muu numbriga). Kui vaja, rekodeeri NAd. Mõtle selle peale, millised protsessid looduses võiksid genreerida puuduvaid andmeid. Kui NA-d ei jaotu andmetes juhuslikult, võib olla hea mõte andmeid imputeerida (vt hilisemaid ptk, bayesiaanlik imputeerimine). Näiteks, kui ravimiuuringust kukuvad eeskätt välja patsiendid, kellel ravim ei tööta, on ilmselt halb mõte nende patsientide andmed lihtsalt uuringust välja vistata (muidugi, kui te ei esinda

kasumit taotleva ettevõtte huve). Kui NA-d jaotuvad juhuslikult, mõtle sellele, kas sa tahad NA-dega read tabelist välja visata, või hoopis osad muutujad, mis sisaldavad liiga palju NA-sid, või mitte midagi välja vistata. NB! NA-dega andmed ei sobi hästi regresiooniks.

4. Kui andmeid on nii palju, et üksikute andmepunktide vaatlemine paneb pea valutama, siis järgmine informatiivsuse tase on histogramm.

5. kui tahame kõrvuti vaadata paljude erinevate muutujate varieeruvust ja keskväärtusi, siis on head valikud joyplot, violin plot, ja vähem hea valik (sest ta kaotab andmetest rohkem infot) on boxplot. Kui meil on vaid 2-4 jaotust, mida võrrelda, siis saab mängida histogramme facetisse või üksteise otsa pannes (vt ptk graphics).

6. Tulpdiagramm on hea valik siis, kui tahate kõrvuti näidata proportsioonide erinevust. Näiteks, kui meil on 3 liiki kalu, millest igas on erinevas proporstioonis parasiidid, võime joonistada 3 tulpa, millest igas on näidatud ühe kalaliigi parasiitide omavaheline proportsioon.

7. Tulpdiagramm on hädaga pooleks kasutuskõlblik, kui iga muutuja kohta on vaid üks number, mida plottida. Kuigi, siin on meil parem võimalus — clevelend plot. Me ei õpeta tulpade joonistamist olukorras, kus te tahate plottida valimi keskväärtust ja usalduspiire või varieeruvusnäitajat (sd, mad), sest selle jaoks on olemas paremad meetodid. Samas, ehki tulpdiagrammide kasutamine teaduskirjanduses on pikas langustrendis, kasutatakse neid ikkagi liiga palju just eelpoolmainitud viisil.

8. Ära piirdu muutuja tasemel varieeruvuse plottimisega. Teaduslikult on sageli huvitavam mimte muutuja koosvarieerumine. Järgmistes peatükkides modelleerime seda formaalselt regresioonanalüüsis aga alati tasub alustada lihtsatest plottidest. Scatterplot on lihtne viis kovarieeruvuse vaatamiseks.

9. Kui erinevad muutujad on mõõdetud erinevates skaalades (ühikutes), siis võib nende koosvarieeruvust olla kergem võrrelda, kui nad eelnevalt normaliseerida (kõigi muutujate keskväärtus = 0, aga varieeruvus jääb algsesse skaalasse), või standardiseerida (kõik keskväärtused = 0-ga ja sd-d = 1-ga). Standardiseerida tohib ainult normaaljaotusega muutujaid (seega võib olla vajalik muutuja kõigepealt logaritmida). normaliseerimine — igale valimi väärtusele arvuta *mean(x) - x*; standardiseerimine — *(mean(x) - x)/sd(x)*.

10. Visualiseeringu valik sõltub valimi suurusest. Väikse valimi korral (N<10) boxploti, histogrammi vms kasutamine on selge idiootsus. Ära mängi lolli ploti parem punkti kaupa.

- N < 20 - ploti iga andmepunkt eraldi (stripchart(), plot()) ja keskmine või mediaan.
- 20 > N > 100: geom_dotplot() histogrammi vaates
- N > 100: geom_histogram(), geom_density() — nende abil saab ka 2 kuni 6 jaotust võrrelda
- Mitme jaotuse kõrvuti vaatamiseks kui N > 15: geom_boxplot() or, when N > 50, geom_violin(), geom_joy()

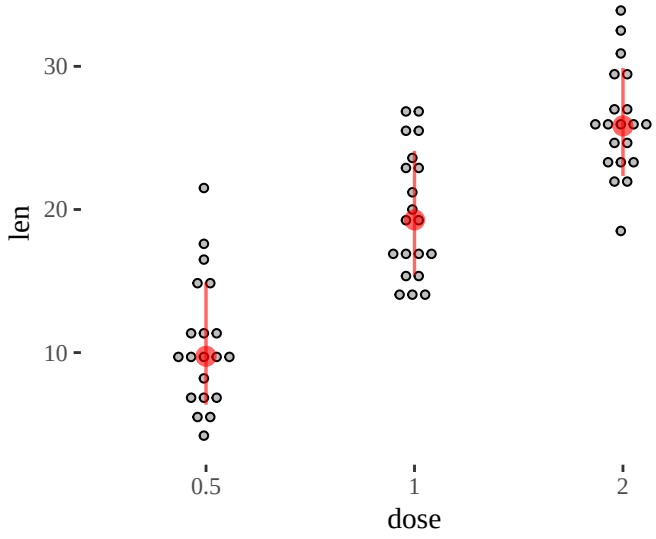
11. Nii saab plottida multiplikatiivse sd:

```
# Function to produce summary statistics (geometric mean and multipülicative sd)
multi_sd <- function(x) {
  x <- na.omit(x)
  a <- log10(x)
  b <- mean(a)
  c <- sd(a)
  g_mean <- 10**b
  msd <- 10**c
  ymin <- g_mean/msd
  ymax <- g_mean * msd
 return(c(y = g_mean, ymin = ymin, ymax = ymax))
}
```

```
ToothGrowth <- ToothGrowth
ToothGrowth$dose <- as.factor(ToothGrowth$dose)

ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len)) +
  geom_dotplot(binaxis='y', stackdir='center',
               stackratio=1.5, dotsize=0.6, fill="grey") +
  stat_summary(fun.data=multi_sd, color="red", size=0.6, alpha=0.6) +
  theme_tufte()
```

```
## `stat_bindot()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```



3.3. Kokkuvõte:

a. Andmepunktide plottimine säilitab maksimaalselt andmetes olevat infot (nii kasulikku infot kui müra). Aitab leida outliereid (valesti sisestatud andmeid, valesti mõõdetud proove jms). Kui valim on väiksem kui 20, piisab täiesti üksikute andmepunktide plotist koos mediaaniga. Dot-plot ruulib.

b. Histogramm – kõigepealt mõõtskaala ja seejärel andmed jagatakse võrdse laiusega binnidesse ja plotitakse binnide kõrgused. Bin, kuhu läks 20 andmepunkti on 2X kõrgem kui bin, kuhu läks 10 andmepunkti. Samas, bini laius/ulatus mõõteskaalal pole teile ette antud – ja sellest võib sõltuda histogrammi kuju. Seega on soovitav proovida erinevaid bini laiusi ja võrrelda saadud histogramme. Histogramm sisaldab vähem infot kui dot plot, aga võimaldab paremini tabada seaduspärasid & andmejaotust & outliereid suurte andmekoguste korral.

c. Density plot. Silutud versioon histogrammist, mis kaotab infot aga toob vahest välja signaali müra arvel. Density plotte on hea kõrvuti vaadelda joy ploti abil.

d. Box-plot – sisaldab vähem infot kui histogramm, kuid neid on lihtsam kõrvuti võrrelda. Levinuim variant (kuid kahjuks mitte ainus) on Tukey box-plot – mediaan (joon), 50% IQR (box) ja 1,5x IQR (vuntsid), pluss outlierid eraldi punktidena.

e. Violin plot – informatiivsuselt box-ploti ja histogrammi vahepeal – sobib paljude jaotuste kõrvuti võrdlemiseks

f. Line plot – kasuta ainult siis kui nii X kui Y teljele on kantud pidev väärtus (pikkus, kaal, kontsentratsioon, aeg jms). Ära kasuta, kui teljele kantud punktide vahel ei ole looduses mõtet omavaid pidevaid väärtusi (näiteks X teljel on katse ja kontroll või erinevad valgumutatsioonid, mille aktiivsust on mõõdetud)

g. Suhete võrdlemine (pie vs bar)

h. Cleveland plot on hea countide jaoks. Kasuta Barplotti ainult siis, kui Cleveland plot vm plot mingil põhjusel ei sobi.

i. Pie chart on proportsioonide vaatamiseks enam-vähem kõlblik ainult siis, kui teil pole vaja võrrelda proportsioone erinevates objektides. Kõik graafikud, kus lugeja peab võrdlema pindalasid, on inimmõistusele petlikud — lugeja alahindab süstemaatiliselt erinevuste suurusi! Selle pärast on proportsioonide võrdlemiseks palju parem tulpdiagramm, kus võrreldavad tulbad on ühekõrgused, et proportsioonide erinevused iga tulba sees paremini tulpade vahel võrreldavad oleks.

Informatsiooni hulk kahanevalt: iga andmepunkt plotitud —> histogramm —> density plot & violin plot —> box plot —> tulpdiagramm standardhälvetega —> cleveland plot (ilma veapiirideta)

Jäta meelde:

1. Statistika jagatakse kolme ossa: kirjeldav (summary), uuriv (exploratory) ja järeldav (inferential).
2. Kirjeldav statistika kirjeldab teie andmeid summaarsete statistikute abil.
3. uuriv statistika püstitab valimi põhjal uusi teaduslikke hüpoteese, kasutades selleks põhiliselt graafilisi meetodeid
4. Järeldav statistika kasutab formaalseid mudeleid, et kontrollida uuriva statistika abil püsitatud hüpoteese. Järeldav statistika teeb valimi põhjal järeldusi statistilise populatsiooni kohta, millest see valim pärineb.
5. Need järeldused on alati ebakindlad; ka siis kui need esitatakse punkthinnanguna parameetriväärtusele. Nii punkthinnangud kui intervall-hinnangud on lihtsustused: tegelik ebakindluse määr on n-dimensionaalne tõenäosuspilv, kus n on mudeli parameetrite arv.
6. Statistika põhiline ülesanne on kvantifitseerida ebakindlust, mis ümbritseb järeldava statistika abil saadud hinnanguid. Selle ebakindluse numbriline mõõt on tõenäosus, mis jääb 0 ja 1 vahele.
7. tõenäosus omistab numbrilise väärtuse sellele, kui palju me usuksime hüpoteesi x kehtimisse, juhul kui me usuksime, et selle tõenäosuse arvutamiseks kasutatud statistilised mudelid vastavad tegelikkusele.
8. ükski statistiline mudel ei vasta tegelikkusele.

3.4. Sõnastik

- Statistiline populatsioon (statistical population) – objektide kogum, millele soovime teha statistilist üldistust. Näiteks hinnata keskmist ravimi mõju patsiendipopulatsioonis. Või alkoholi dehüdrogenaasi keskmist Kcat-i.
- Valim (sample) – need objektid (patsiendid, ensüümiprepid), mida me reaalselt mõõdame.
- Juhuvalim (random sample) – valim, mille liikmed on populatsioonist valitud juhuslikult ja iseseisvalt. See tähendab, et kõigil populatsiooni liikmetel (kõikidel patsientidel või kõikidel võimalikel ensüümipreparatsioonidel) on võrdne võimalus sattuda valimisse JA, et valimisse juba sattunud liikme(te) põhjal ei ole võimalik ennustada järgmisena valimisse sattuvat liiget. Juhuvalim muudab lihtsamaks normaaljaotuse mudeli kasutamise bayesiaanlikes arvutustes, aga ta ei ole seal selleks absoluutselt vajalik. Seevastu pea kogu sageduslik statistika põhineb juhuvalimitel.
- Esinduslik valim (representative sample) – Valim on esinduslik, kui ta peegeldab hästi statistilist populatsiooni. Ka juhuvalim ei pruugi olla esinduslik (juhuslikult).
- valimiviga (sampling error, sampling effect) - määr, millega juhuvalimi põhjal arvutatud statistiku väärtus (näit keskväärtus) erineb populatsiooni parameetri väärtusest. valimiviga kutsutakse sageli ka juhuslikuks müraks.

- kallutatus e süstemaatiline viga (bias) - see osa statistiku väärtuse erinevusest katsetingimuse ja kontrolltingimuse vahel, mis on põhjustatud millegi muu poolt, kui deklareeritud katse-interventsioon.
- Statistik (statistic) – midagi, mis on täpselt arvutatud valimi põhjal (näiteks pikkuste keskmine)
- Parameeter (parameter) – teadmata suurus populatsiooni tasemel, mille täpset väärtust me saame umbkaudu ennustada, aga mitte kunagi täpselt teada. Näiteks mudeli intercept, populatsiooni keskmine pikkus.
- Efekti suurus (effect size) - siin võrdub katsegrupi keskmine – kontrollgrupi keskmine. Leidub ka teistsuguseid es mõõte, millest levinuim on coheni d.
- standardhälve
- mad
- variatsiooni koefitsient
- Statistiline mudel (statistical model) – matemaatiline formaliseering, mis koosneb 2st osast: deterministlik protsessi-mudel pluss juhuslik vea/varieeruvuse-mudel. Protsessi-mudeli näiteks kujutle, et mõõdad mitme inimese pikkust (x muutuja) ja kaalu (y muutuja). Sirge võrrandiga y = a + bx (kaal = a + b * pikkus) saab anda determinismliku lineaarse ennustuse kaalu kohta: kui x (pikkus) muutub ühe ühiku (cm) võrra, siis muutub y (kaal) väärtus keskmiselt b ühiku (kg) võrra. Seevastu varieeruvuse-mudel on tõenäosusjaotus (näit normaaljaotus). Selle abil modelleeritakse y-suunalist andmete varieeruvust igal x väärtusel (näiteks, milline on 182 cm pikkuste inimeste oodatav kaalujaotus). Mudel on seega tõenäosuslik: me saame näiteks küsida: millise tõenäosusega kaalub 182 cm pikkune inimene üle 100 kilo. Mida laiem on varieeruvuse mudeli y-i suunaline jaotus igal x-i väärtusel, seda kehvemini ennustab mudel, millist y väärtust võime konkreetselt oodata mingi x-i väärtuse korral. Lineaarsete mudelite eesmärk ei ole siiski mitte niivõrd uute andmete ennustamine (seda teevad paremini keerulised mudelid), vaid mudeli struktuurist lähtuvalt põhjuslike hüpoteeside püstitamine/kontrollimine (kas inimese pikkus võiks otseselt reguleerida/kontrollida tema kaalu?). Kuna selline viis teadust teha töötab üksnes lihtsate mudelite korral, on enamkasutatud statistilised mudelid taotluslikult lihtsustavad ja ei pretendeeri tõelähedusele.
- tõepära (likelihood)
- prior e eeljaotus
- posteerior e järeljaotus (posterior)
- Tehniline replikatsioon (technical replication) – sama proovi (patsienti, ensüümipreparatsiooni, hiire pesakonna liiget) mõõdetakse mitu korda. Mõõdab tehnilist varieeruvust ehk mõõtmisviga. Seda püüame kontrollida parandades mõõtmisaparatuuri või protokolle.
- Bioloogiline replikatsioon (biological replication) – erinevaid patsiente, ensüümipreppe, erinevate hiirepesakondade liikmeid mõõdetakse, igaüht üks kord. Eesmärk on mõõta bioloogilist varieeruvust, mis tuleneb mõõteobjektide reaalsetest erinevustest: iga patsient ja iga ensüümimolekul on erinev kõigist teistest omasugustest. Bioloogiline varieeruvus on teaduslikult huvitav ja seda saab visualiseerida algandmete tasemel (mitte keskväärtuse tasemel) näiteks histogrammina. Teaduslikke järeldusi tehakse bioloogiliste replikaatide põhjal. Tehnilised replikaadid seevastu kalibreerivad mõõtesüsteemi täpsust. Kui te uurite soolekepikest E. coli, ei saa te teha formaalset järeldust kõigi bakterite kohta. Samamoodi, kui te uurite vaid ühe hiirepesakonna/puuri liikmeid, ei saa te teha järeldusi kõikide hiirte kohta. Kui teie katseskeem sisaldab nii tehnilisi kui bioloogilisi replikaate on lihtsaim viis neid andmeid analüüsida kõigepealt keskmistada üle tehniliste replikaatide ning seejärel kasutada saadud keskmisi edasistes arvutustes üle bioloogiliste replikaatide (näiteks arvutada nende pealt uue keskmise, standardhälve ja/või usaldusintervalli). Selline kahe-etapiline arvutuskäik ei ole siiski optimaalne. Optimaalne, kuid keerukam, on panna mõlemat tüüpi andmed ühte hierarhilisse mudelisse.

Tõenäosuse (P) reeglid on ühised kogu statistikale:

- P jääb 0 ja 1 vahele; P(A) = 1 tähendab, et sündmus A toimub kindlasti.
- kui sündmused A ja B on üksteist välistavad, siis tõenäosus, et toimub sündmus A või sündmus B on nende kahe sündmuse tõenäosuste summa — P(A v B) = P(A) + P(B).
- Kui A ja B ei ole üksteist välistavad, siis P(A v B) = P(A) + P(B) – P(A & B).
- kui A ja B on üksteisest sõltumatud (A toimumise järgi ei saa ennustada B toimumist ja vastupidi) siis tõenäosus, et toimuvad mõlemad sündmused on nende sündmuste tõenäosuste korrutis —- P(A & B) = P(A) x P(B).
- Kui B on loogiliselt A alamosa, siis P(B) < P(A)
- P(A | B) —- tinglik tõenäosus. Sündmuse A tõenäosus, juhul kui peaks toimuma sündmus B. P(vihm | pilves ilm) ei ole sama, mis P(pilves ilm | vihm).
- Juhul kui P(B)>0, siis P(A | B) = P(A & B)/P(B) ehk
- P(A | B) = P(A) x P(B | A)/P(B) —- Bayesi teoreem.

Kuigi kõik statistikud lähtuvad tõenäosustega töötamisel täpselt samadest matemaatilistest reeglitest, tõlgendavad erinevad koolkonnad saadud numbreid erinevalt. Kaks põhilist koolkonda on sageduslikud statistikud ja Bayesiaanid.

- Tõenäosus, Bayesi tõlgendus (Bayesian probability) – usu määr mingisse hüpoteesi. Näiteks 62% tõenäosus (et populatsiooni keskmine pikkus < 180 cm) tähendab, et sa oled ratsionaalse olendina nõus kulutama mitte rohkem kui 62 senti kihlveo peale, mis võidu korral toob sulle sisse 1 EUR (ja 38 senti kasumit). Bayesi tõenäosus omistatakse statistilisele hüpoteesile (näiteks, et ravimiefekti suurus jääb vahemikku a kuni b), tingimusel, et sul on täpselt need andmed, mis sul on; ehk P(hüpotees | andmed).
- Tõenäosus, sageduslik tõlgendus (Frequentist probability) – pikaajaline sündmuste suhteline sagedus. Näiteks 6-te sagedus paljudel täringuvisetel. Sageduslik tõenäosus on teatud tüüpi andmete sagedus, tingimusel et nullhüpotees (H0) kehtib; ehk P(andmed | H0). Nullhüpotees ütleb enamasti, et uuritava parameetri (näiteks ravimiefekti suurus) väärtus on null. Seega, kui P on väike, ei ole seda tüüpi andmed kooskõlas arvamusega, et parameetri väärtus on null (mis aga ei tähenda automaatselt, et sa peaksid uskuma, et parameetri väärtus ei ole null).