

Bevezetés a biostatisztikába

Ferenci Tamás

2019-01-20

Tartalomjegyzék

1. Előszó	5
2. A statisztika alapjai	7
2.1. A statisztika alapfogalmai és ágai	7
2.2. Változók és mérési skálák	8
2.3. A biostatisztika kapcsolódó tudományai és elhatárolása	9
2.4. A biostatisztika számítástechnikai háttere	10
2.5. Futó példa	11
3. Deskriptív statisztika	13
3.1. A deskriptív statisztikáról általában	13
3.2. A deskriptív statisztika módszereinek csoportosításáról	14
3.3. Minőségi változó egyváltozós elemzése	16
3.4. Mennyiségi változó egyváltozós elemzése	17
3.5. Minőségi változók kétváltozós elemzése	26
3.6. Mennyiségi változók kétváltozós elemzése	30
3.7. További többváltozós elemzések	34
4. Induktív statisztika	35
4.1. A mintavételi helyzet és következményei	35
4.2. Becslésmélet	36
4.3. Hipotézisvizsgálat	41

1. fejezet

Előszó

Előszó.

2. fejezet

A statisztika alapjai

Alapfogalmak.

2.1. A statisztika alapfogalmai és ágai

Azt a halmazt, melyre a statisztikai eszközökkel megvizsgálandó kérdésünk vonatkozik (cél)populációnak, vagy *sokaságnak* szokás nevezni. A sokaság elemeit szokás *megfigyelési egységnek* is nevezni. Ha azt kérdezzük, hogy „Mennyi egy adott kurzus hallgatóinak átlagos testtömege?“, akkor a sokaság az adott kurzus hallgatóiból álló halmaz; a megfigyelési egységek az egyes hallgatók.

Azt a szempontot, amely szerint a sokaság elemeit vizsgálat alá vonjuk, *ismérvnek*, vagy más szóval *változónak* hívjuk. Az előbbi példa esetében a változó a testtömeg; más esetekben persze több változót is használunk. Azt a lépést, amikor adott változó értékét meghatározzák egy adott sokasági elemre, általában *megfigyelésnek* nevezik a statisztikában.

Nagyon sokszor nem tudunk a sokaság valamennyi egyedéről információt szerezni (azaz: nem tudjuk mind-egyet megfigyelni). Ilyenkor a sokaság azon részhalmazát, amelyet meg tudunk figyelni (tehát amelyről információnk van), *mintának* nevezzük, és ezt a helyzetet magát *mintavételi helyzetnek* hívjuk. Ennek egyrészt technikai okai lehetnek: sok esetben a sokaság valamennyi egységéről való adatgyűjtés (az ún. teljes körű megfigyelés) technikai okok miatt nehézkes vagy egyenesen lehetetlen (túl költséges, túl bonyolult a megszervezése, túl időigényes stb.) A biostatistikában azonban ennél is fontosabb egy másik ok: az, hogy sok kérdés nem egy kézzelfogható, véges nagyságú sokaságra (mint egy adott kurzus hallgatói), hanem egy ún. fiktív sokaságra vonatkoznak. A kurzus hallgatóit fel lehet sorolni, felírhatjuk a neveiket egymás alá egy lapra. Egy ország lakosainál ugyan ez nehezebb a gyakorlatban, de elvileg minden további nélkül megtehető. De vessük ezt össze azzal a kérdéssel, hogy egy új vérnyomáscsökkentő gyógyszer-jelölt valóban csökkenti-e a vérnyomást – mi itt a sokaság? Itt valami alapvető különbség van: ennek a sokaságnak az elemeit nem tudjuk felsorolni egy lapra! Soha nem mondhatjuk azt, hogy itt a névsor, *konkrétan őket* kell gyógyítani a gyógyszernek. E kérdés nem emberek egy konkrét, összeszedhető csoportjára vonatkozik, hanem egy képzeletbeli, megfoghatóan nem létező, absztrakt csoportra („aki megfelel a gyógyszer alkalmazási feltételeinek”). Ez nem egy konkrét sokaság, hanem egy fiktív csoport; sokszor hasznos ha úgy gondolunk rá, mintha ebben végtelen sok elem lenne. Ebből az is következik, hogy akármennyi embert is vizsgálunk meg ebből a sokaságból, az szükségképp csak része lesz annak, azaz szükségképp csak mintát fog jelenteni a sokaságból. Ilyenkor tehát *mindenképp* mintavételi helyzettel lesz dolgunk. Mivel ez a helyzet tipikus a biostatistikában, így máris érthető, hogy miért mondtuk, hogy a mintavételi helyzetnek – illetve kezelésének – kiemelt jelentősége van a biostatistikában.

A statisztika azon ágát, mely sokaságról szerzett adatokkal foglalkozik, vagy mintabeliakkal de úgy, hogy elhanyagolja, hogy csak mintáról van szó (mintha a minta lenne a sokaság) *deskriptív (vagy leíró) statisztikának* nevezik; erről később bővebben lesz szó (3. fejezet). Ide tartoznak olyan kérdések, mint az információtomóritás, lényegkiemelés, adatvizualizáció. A statisztika azon ága, mely figyelembe veszi a mintavételi helyzetet,

azaz mintabeli adatokkal foglalkozik, de úgy, hogy szem előtt tartja, hogy a kérdések valójában a sokaságra irányulnak, *induktív (vagy következtető) statisztikának* nevezik, szintén részletesen lesz róla szó később (4. fejezet).

2.2. Változók és mérési skálák

Az előbbi pontban kissé nagyvonalúan csak annyit írtunk, hogy a változó (vagy ismerv) az a szempont, ami alapján a megfigyelési egységeket vizsgálat alá vonjuk. (Természetesen több ilyen is szerepelhet egy vizsgálatban.) Ez meglehetősen kézenfekvő akkor, ha mondjuk az emberek testtömege a vizsgálati szempont – ekkor mondhatjuk egyszerűen, hogy lemérjük őket alkalmas módszerrel, és az e tulajdonságot leíró „testtömeg” változó legyen a leírt tömeg mondjuk kilogrammban kifejezett értéke. Más esetekben azonban közel nem ilyen egyértelmű a változók megválasztásának a kérdése.

A statisztika alapvetően számszerű információk feldolgozásával foglalkozó tudomány, így ahhoz, hogy egy szempontot statisztikai úton tudjunk vizsgálni, előbb *számszerűen mérhetővé* kell tenni. Ez természetesen olyan információkkal is végrehajtható, melyek eredetileg nem számszerűek. Ezt nevezzük *operacionalizálásnak*. Néha ez valóban szinte triviális feladat (a testtömeget mérjük az adott módon leírt és kilogrammban kifejezett testtömeggel), máskor viszont egyáltalán nem az. Gondoljunk arra, hogy hogyan lehet számszerűen mérhetővé tenni egy olyan jellemzőt, mint hogy milyen súlyos egy alany depressziója – szinte külön tudományág, hogy ehhez milyen kérdőívek, egyéb vizsgálatok kellenek, mellyel „lemérhető” ez.

A változók kapcsán a másik probléma, hogy egy sor tulajdonság nem mérhető közvetlenül – akár technikai akadályok miatt, akár az operacionalizálás nehézségei miatt. Ez esetben gyakran kényszerülünk arra, hogy az eredetileg megcélzott változó helyett más, immár mérhető, és az eredetivel – lehetőleg minél szorosabb – kapcsolatban lévő változót vagy változókat mérjünk le. Az ilyen célból használt változót nevezzük *proxy változónak*. Például komoly gondban lennénk, ha az alany szocioökonomiai státuszát kéne lemérnünk egyetlen változóval – ezt ilyen formában aligha tehetjük meg, így a gyakorlatban proxykat próbálnánk hozzá keresni, például iskolai végzettséget mérnénk, jövedelmet, munkahelyi beosztást stb.

A következő kérdéskör, amiről a változók kapcsán beszélni kell, az a *mérési skála* fogalma. Mivel a statisztika végeredményben számszerű információkat dolgoz fel, így a változóinkat is tipikusan számokkal fogjuk leírni. Észre kell azonban venni, hogy vannak jellemzői a változóknak, amik *önmagukban* e számokból nem olvashatók ki. Példának okáért tekintsük azt az adatot, hogy mi az alany szemszíne, és azt, hogy mennyi a CRP-je (ez egy laboreredmény). Tételezzük most fel, hogy a szemszínt úgy számszerűsítettük, hogy a barnához 1-et, a feketéhez 2-t, az egyébhez 3-at rendelünk; a CRP-nél pedig a koncentrációja számértékét adjuk meg mg/l-ben. Mármint ekkor mindkét adat (a szemszín és a CRP) is lehet történetesen 1, 2 és 3 értékű – ám ettől még hatalmas különbség van köztük: a CRP-nél van értelme átlagról beszélni, „átlagos szemszínről” nyilván nincs. E mögött az húzódik meg, hogy a CRP-k számértékeit van értelme összeadni egymással, a szemszínnek számértékeit nem. Tehát: az, hogy milyen műveletek végezhetőek el az adott változóval, nem olvasható ki a változó által felvett értékekből. Ezeket a különbségeket a mérési skála fogalma ragadja meg, mely azt írja le, hogy hogyan viselkednek, viselkedhetnek az adataink. A leghíresebb Stanley Smith Stevens mérési skála modellje, mely négy lépcsőfokot különböztet meg. (Azért is beszélünk lépcsőfokokról, mert ez egy egymásra épülő, folyamatosan bővülő felosztás: a későbbi, magasabb skálák bírnak az összes többi korábbi, alacsonyabb skála tulajdonságaival, és még persze valamilyen többlettel is.) Stevens skálái a következők:

1. *Névleges (nominális) skála* Ilyen skálán mért adatok esetén az adat számértékének valójában nincs semmi jelentősége, kizárólag az számít, hogy a számérték ugyanaz-e két alanynál vagy sem: ha ugyanaz, akkor a változójuk is ugyanolyan értékű, ha nem akkor nem – de ennél többet nem mondhatunk! Erre jó példa a beteg lakóhelye megye szerint; 1-től 20-ig kódolva. Ha az egyik betegnél ez 3, a másiknál 6, akkor kizárólag annyit mondhatunk, hogy különböző megyében laknak, semmi többet. Olyan kijelentéseknek, hogy a második „hárommal nagyobb megyében”, „kétszer akkora megyében”, vagy akár csak annak, hogy „nagyobb megyében lakik” nyilvánvalóan nincs értelmük. További tipikus példa nominális ismervre a beteg neme, rassza, szemszíne stb.
2. *Sorrendi (ordinális) skála* Ilyen skála esetében már valamennyi jelentősége van a számértékeknek: számít ugyanis, hogy melyik *nagyobb* – ám ezen kívül semmi más. Ezzel tehát a lehetséges kimeneteket

sorba rendeztük (innen a skála neve), ám egyebet nem mondhatunk. Tipikusan ide tartozik a különféle betegségek staging adata. Ha ez egyik beteg I, a másik II stádiumban van, akkor mondhatjuk azt, hogy ez utóbbi állapota súlyosabb (figyelem, ha ez nominális skálán mért ismerv lenne, akkor már ennyit sem mondhatnánk, csak annyit, hogy *nem ugyanaz* a súlyosság!), ám olyan kijelentéseknek, hogy „eggyel súlyosabb”, vagy „kétszer olyan súlyos” állapotban van, nincs értelme. Vegyük észre, hogy ez valóban tartalmazza a nominális skála jellemzőit (hiszen ha a kimenetek sorbarendeazhetők, akkor természetesen meg is különböztethetők), azaz tényleg kibővítése annak.

3. *Valódi skálán mért ismérvek* Ide tartoznak azok az ismérvek, amelyek kimeneteivel már egyéb műveletek (nem csak az összehasonlítás és a sorbarendeazés) is értelmezettek. Például ha egy beteg CRP-je 1 mg/l, egy másiké 2 mg/l, akkor mondhatjuk, hogy a kettő különbözik (nominális tulajdonság), mondhatjuk, hogy az utóbbi nagyobb (ordinális tulajdonság), *de* nyugodtan tehetünk olyan kijelentést is, hogy az utóbbi „eggyel nagyobb”, vagy hogy „kétszer akkora” mint az előbbi! Ezek a skálán mért ismérvek, ide tartozik például a legtöbb laboreredmény. A statisztikai irodalomban ezen a kategórián belül két további csoportot szokás megkülönböztetni: a különbségi – vagy intervallum – skálán mért ismérveket, és az arányskálán mért ismérveket. Az eltérés a kettő között, hogy az előzőben csak az összeadás, míg az utóbbiban az összeadás és a szorzás is értelmezett. Például a CRP arányskálán mért, hiszen két érték vonatkozásában beszélhetünk arról, hogy az egyik mennyivel több, illetve hányszorosa a másiknak. A beteg testhőmérsékleténél, ha azt Celsius-fokban mérjük, már nem ez a helyzet! Annak van értelme, hogy az egyik beteg maghőmérséklete 5 °C-kal több, de olyat nem mondhatunk, hogy 10%-kal magasabb¹.

Megjegyezzük, hogy az első két skálán mért változót nagyon gyakran *minőségi* (vagy kvalitatív) változónak nevezik közös néven, míg a valódi skálán mért változókat sokszor *mennyiségi* (vagy kvantitatív) változónak hívják.

Itt érdemes megemlíteni, hogy a változókat csoportosíthatjuk aszerint is, hogy hány lehetséges kimenetet vehetnek fel. Ha véges sokat vagy legfeljebb megszámlálhatóan végtelen sokat, akkor *diszkrét* változóról beszélünk, különben *folytonosról*. Folytonos változóra tipikus példa az olyan változó, melynek értékei a valós számok közül, vagy a valós számok valamilyen intervallumából (pl. pozitív valós számok) kerülnek ki. Természetesen a gyakorlatban a korlátos mérési pontosság miatt elvileg minden változó diszkrét, de ha nagyon nagy a lehetséges kimenetek száma, és ezek egymáshoz sűrűn helyezkednek el, akkor általában nyugodtan alkalmazható a folytonos közelítés.

Nagyon sokszor a diszkrét változó fogalmat azonosítják a minőségi, a folytonosat pedig a mennyiségi változóval. Tisztán elméleti szempontból ez nem helyes (hiszen két különböző szempontról van szó), bár tény, hogy a legtöbb esetben valóban fennállnak ezek a megfeleltetések. Egy nevezetes kivétel ez alól a különféle darabszámokat, események számát stb. tartalmazó adatok, melyek a 0, 1, 2, 3 stb. értékeket vehetik fel (tehát diszkrét), mégis skálán mérték, sőt, azon belül is arányskálán (tehát pont hogy a legmagasabb mérési skálán), hiszen általában van értelme nem csak különbségükről, de akár a hányadosukról is beszélni.

2.3. A biostatisztika kapcsolódó tudományai és elhatárolása

A biostatisztika az alkalmazott statisztika egyik ága, hasonlóan a pszichometriához, agrometriához stb. Látni kell, hogy a statisztika többé-kevésbé egységes tudomány, így végső soron hasonló módszereket alkalmaz az összes felsorolt ág, különbség inkább a részletekben (partikuláris problémákhoz testreszabott vagy kifejlesztett módszerek) és a az eljárások prezentációjában van.

Mint minden alkalmazott ágnak, a biostatistikának is a statisztika, matematikai statisztika adja az alapját. Az e fejezetben bemutatott módszerek jó részéhez ugyan nincs szükség mélyebb matematikai statisztikai ismeretekre, de a manapság kifejlesztett új módszerek egyre komolyabb matematikai eszköztárat használnak.

A matematikai statisztika a matematika több ágára is épít, de ezek közül természetesen a valószínűségszámítás a kiemelkedően legfontosabb. (Ezt több más terület is kiegészíti természetesen, például a lineáris algebra.)

¹Gondoljunk csak bele, 1 °C és 2 °C között nyilván ugyanannyi a különbség mint 2 °C és 3 °C között, mégis, az első esetben 100%-kal, a másodikban csak 50%-kal nagyobb a másodikként megadott hőmérséklet. Ez nyilván abból adódik, hogy a hőmérsékletnek nincsen rögzített nulla pontja – az teljesen esetleges, hogy a Celsius-skála hova rakta azt.

Nem túlzás azt mondani, hogy a valószínűségszámítás a statisztika mögötti „alaptudomány”, melynek alapos ismerete elengedhetetlen a matematikai statisztika magas szintű műveléséhez. Mostani jegyzetünkben azonban egyedül az induktív statisztikai rész fog valószínűségszámítási alapismereteket feltételezni, a többi rész minden speciális matematikai ismeret nélkül is követhető lesz.

A valószínűségszámításon, matematikai statisztikán kívül természetesen orvosi ismeretekre is szükség van a biostatisztika műveléséhez. Ha nem is feltétlenül létkérdés, de a biostatistikus munkáját megkönnyíti, ha legalább érti az orvosok szóhasználatát, valamint tisztában van az emberi test működésének élettani és a betegségek kórélettani alapjaival.

Ezt a szakaszt azzal zárjuk, hogy kísérletet teszünk a biostatisztika elhatárolására két olyan területtől, amellyel gyakran keveredik a fogalma. Az egyik a *bioinformatika*: ez a manapság rendkívül népszerű terület azonban inkább számítástechnikai, algoritmikus kérdésekkel foglalkozik (melyekkel nagy orvosi biológiai adatbázisokon is hatékonyan végezhetőek bizonyos műveletek, megválaszolhatóvá válnak bizonyos orvosi-lag releváns kérdések). A másik a *biomatematika*, ez alatt azonban inkább olyan területet értünk, mely jellemzően nem statisztikai, hanem más matematikai (elsősorban analízisbeli) eszközöket, például differenciálegyenleteket használ, és a modellek adatokból történő becslése csak másodlagos kérdés.

2.4. A biostatisztika számítástechnikai háttere

Modern biostatisztika szinte elképzelhetetlen számítógépek, számítástechnikai támogatás nélkül. Ennek legalább három konkrét aspektusa van.

Először is, a leginkább „mechanikus” támogatás, amit a gépek adhatnak, hogy a szokásos számítási műveleteket (például egy átlag meghatározása vagy egy statisztikai próba kiszámítása) végrehajtják helyettünk. Bár sok statisztika kurzuson még ma is megtanítják a hallgatókat a kézi számításra (elsősorban azért, hogy jobban rögzüljenek a számítások részletei is), valójában már minden gyakorlati alkalmazásban számítógépek végzik a mechanikus kalkulációkat, érthető okokból kifolyólag.

A számítógépek ennél kicsit általánosabb módon is tudják támogatni a statisztikus munkáját. Azáltal, hogy segítik a nagy adatbázisok kezelését (szűrés, rendezés, keresés stb.), az adattranszformációkat (változók átkódolása, függvény szerint transzformálása stb.), lehetővé teszik, hogy könnyen kiszámoljunk mutatókat, vizualizáljunk adatokat és így tovább, a hatékonyabb, kreatívabb munkavégzést is segítik. (Részint azáltal, hogy csökkentik vagy szinte megszüntetik a rutinfeladatok időigényét, és így segítik, hogy a statisztikus a lényegre tudjon koncentrálni, részint azáltal, hogy számítógépek nélkül nem, vagy csak nagyon nehezen kivitelezhető segítségeket – pl. háromdimenziós ábrák – is tudnak adni a helyzet jobb megértéséhez.)

Végül pedig, vannak bizonyos módszerek, melyek nem csak nehézkesek lennének, de egyenesen elképzelhetetlenek számítástechnikai támogatás nélkül. Ezek az ún. *számításintenzív módszerek* (például az újramintavételezésen alapuló eljárások, a különféle algoritmikus modellek) mind rendkívüli számításigénnyel bírnak, így lényegében a számítógépekkel egyidősek, hiszen a nélkül kifejlesztésük, és különösen az érdemi használatuk nem volt elképzelhető.

Zárásként nagyon rövid ismertetőkkel megemlítjük a talán legfontosabb programokat, melyeket a (bio)statisztikusok használnak: * *SAS* A SAS egy igen komplex, nagyméretű és drága programcsomag. Legfőbb előnye, hogy jól standardizált, bejáratott, és a gyógyszeriparban – épp emiatt – előszeretettel alkalmazzák. * *SPSS* Az SPSS egy általános célú statisztikai programcsomag (eredetileg szociológusoknak fejlesztették ki), funkcionálitása számos – egyenként megvásárolható – modullal állítható be a kívánt szintre. Grafikus kezelőfelülete rendkívül egyszerű és kényelmes (ráadásul nagyon sokan eleve ezt szokták meg), mellyel a beépített funkciók néhány kattintással végrehajthatóak. Cserében a bonyolultabb statisztikai problémák megoldása – noha van saját szkript-nyelve – nagyon nehézkes lehet. Összességében véve az alap dolgokat könnyű megcsinálni – a komplexebbeket viszont nagyon nehéz. Didaktikai hibái, gyatra adatvizualizációs lehetőségei, korlátozott bővíthetősége miatt nem ajánlható a használata. * *R* Az R a klasszikus „akadémiai” programcsomag. Alapváltozatában még csak érdemi grafikus felület sincs hozzá, minden utasítást parancsként kell beírunk; cserébe hihetetlen mennyiségű kiegészítő érhető el hozzá a legkülönbözőbb alkalmazásokhoz, a legkönnyebből a legbonyolultabbig, továbbá egy sor szakterülethez

célirányosan is. (2018 elején több mint 13 ezer csomag érhető el, nem ritka, hogy napi 5-10 új jelenik meg!) Egy sor újonnan kifejlesztett statisztikai módszert elsőként R alatt implementálnak. Összességében elmondható, hogy itt az alap dolgokat sem könnyű megcsinálni – a komplexebbeket cserébe viszont lehet. Az R ingyenes és nyílt forráskódú, a <http://www.r-project.org/> címről indulva tölthető le. Használatahoz feltétlenül ajánlott az RStudio (szintén ingyenes és nyílt forráskódú) integrált fejlesztőkörnyezet (<http://www.rstudio.com/>) alkalmazása. E kiegészítő csomagokkal az R ereje hatalmas: rendkívül komplex feladat is végre hajthatóak egysoros hívásokkal (néha szó szerint).

2.5. Futó példa

A jegyzet hátralevő részében szereplő példák didaktikai okokból mind ugyanarra az adatbázisra vonatkoznak; ebben a szakaszban ezt mutatjuk be.

Az adatbázis egy klasszikus demonstrációs adatbázis, általánosan használt neve Low Infant Birth Weight (LOWBWT vagy BIRTHWT); a Baystate Medical Center (Springfield, Massachusetts, Egyesült Államok) kórházban végrehajtott kutatásból (1986) származik. A kutatás célja annak vizsgálata volt, hogy milyen tényezők befolyásolják, hogy egy világra jövő újszülött kis születési tömegű² lesz-e.

Szemléltetésként az adatbázis első néhány megfigyelési egysége (az adatbázis megtalálható az R statisztikai környezet MASS nevű könyvtárában `birthwt` néven):

```
data(birthwt, package = "MASS")
head(birthwt, 10)
```

```
##      low age lwt race smoke ptl ht ui ftv  bwt
## 85    0  19 182    2     0  0  0  1  0 2523
## 86    0  33 155    3     0  0  0  0  3 2551
## 87    0  20 105    1     1  0  0  0  1 2557
## 88    0  21 108    1     1  0  0  1  2 2594
## 89    0  18 107    1     1  0  0  1  0 2600
## 91    0  21 124    3     0  0  0  0  0 2622
## 92    0  22 118    1     0  0  0  0  1 2637
## 93    0  17 103    3     0  0  0  0  1 2637
## 94    0  29 123    1     1  0  0  0  1 2663
## 95    0  26 113    1     1  0  0  0  0 2665
```

²Kis születési tömegről akkor beszélünk, ha az újszülött testtömege kisebb mint 2 500 gramm, akármennyi is a gesztációs kora.

3. fejezet

Deskriptív statisztika

Ebben az fejezetben a statisztika *deskriptív* ágával fogunk foglalkozni. Már utaltunk rá, hogy deskriptív statisztikáról akkor beszélünk, amikor kizárólag a mintában lévő információt igyekszünk valamilyen módon megragadni (és nem törődünk azzal, hogy a minta maga is csak a valóság egy „szelete”, szebben megfogalmazva: figyelmen kívül hagyjuk a mintavételi helyzetet).

Először ezt a gondolatot fogjuk pontosítani, közelebbről körüljárni; majd pedig megismerkedünk a leíró statisztika legalapvetőbb módszereivel. Látni fogunk grafikus és analitikus módszereket, foglalkozunk egy- és (röviden) többváltozós helyzetekkel; az ismertetést pedig a vizsgált változók mérési skálája (@ref{alapokvaltozok}. alfejezet) szerint végezzük. (Azzal, hogy a nominális és az ordinális, illetve az intervallum- és arányskálán mért változókat nem választjuk szét, hanem minőségi és mennyiségi változókról fogunk beszélni.) Ezek után az olvasó számára ismerős lesz a mai orvostudományi cikkekben alkalmazott deskriptív eszköztár túlnyomó része; az elemi eszközöknek pedig szinte egésze.

Ebben a fejezetben a már említett módon a Low Infant Birth Weight adatbázist fogjuk futó példaként használni a módszertani mondanivaló illusztrálására. Az ábrák és a számítások R statisztikai környezet alatt készültek.

3.1. A deskriptív statisztikáról általában

Amint már többször említettük, a deskriptív statisztika definíciós jellemzője, hogy kizárólag a mintában lévő információval törődik, számára az az „univerzum”, és teljes mértékben figyelmen kívül hagyja azt a kérdéskört, hogy a mintában lévő információ hogyan viszonyul a sokaságban lévő információhoz. Innen ered a módszer neve is: a deskripció leírást jelent, azaz a deskriptív módszerek *pusztán* a minta – valamilyen szempontból „jó” – leírását célozzák meg (nem pedig következtetést a sokaságra). Nem véletlen, hogy ebben a kontextusban nagyon sokszor minta helyett *adatbázist* mondunk (tükrözve, hogy itt igazából nincs is jelentősége annak, hogy az adataink csak – a szó statisztikai értelmében – egy mintát jelentenek).

A „jó leírás” alatt legtöbbször azt értjük, hogy a mintában lévő információt úgy próbáljuk *tömöríteni*, hogy közben – valamilyen elemzési célra tekintettel – *kiemeljük a lényegét*. Erre azért van szükség, mert a legtöbb esetben a mintában lévő információ (még ha csak néhány változóra, és néhány tucat megfigyelési egységre is gondolunk) feldolgozhatatlan „ránézésre”. A számok tengeréből még a legalapvetőbb kérdésekre sem tudnánk válaszolni. Szükség van tehát olyan módszerekre, melyek „emészthetővé teszik” ezt a számtengert: csökkentik a bonyolultságát, hogy tudjuk értelmezni azt, fel tudjuk használni kérdések megválaszolásához, illetve új megállapítások eléréséhez.

Nyilvánvaló, hogy a bonyolultság csökkentése csak úgy lehetséges, ha információt hagyunk el. Az egész művel kritikusan pontja épp ez: annak megválasztása, hogy mennyi információt hanyagoljunk el (és persze hogyan). A „hogyan” szerepe triviális: ha egy adott, mennyiségi változóra vonatkozó 100 elemű mintából elhagyjuk az első 99 elemet, akkor ugyan egyetlen számmá, azaz teljesen áttekinthetővé alakítjuk az információt – csak

épp nyilván semmit nem érünk el vele. Ha viszont kiszámoljuk az átlagot, akkor ugyanúgy egyetlen számot kapunk, de immár úgy, hogy annak van értelme, azaz felhasználhatjuk kérdések megválaszolásához, illetve új megállapítások eléréséhez.

A meghatározó kulskérdés az elhanyagolásban (az információtömörítésben) tehát a „mennyit”. Látható, hogy trade-off áll fenn az *áttekinthetőség*, és a *reprodukciós hűség* között: minél többet hanyagolunk el, annál inkább segítjük az áttekinthetőséget, de annál többet veszünk az eredeti információ hűséges reprodukciójából. A deskriptív statisztika igazi sava-borsa (végeredményben a legtöbb módszer, így vagy úgy, de ebben foglal el egy álláspontot) a jó kompromisszum megkötése a kettő között. Példának okáért, adatbázisunkban a születési tömeg változó megfigyelései így néznek ki:

```
birthwt$bwt
```

```
## [1] 2523 2551 2557 2594 2600 2622 2637 2637 2663 2665 2722 2733 2751 2750
## [15] 2769 2769 2778 2782 2807 2821 2835 2835 2836 2863 2877 2877 2906 2920
## [29] 2920 2920 2920 2948 2948 2977 2977 2977 2977 2922 3005 3033 3042 3062
## [43] 3062 3062 3062 3062 3080 3090 3090 3090 3100 3104 3132 3147 3175 3175
## [57] 3203 3203 3203 3225 3225 3232 3232 3234 3260 3274 3274 3303 3317 3317
## [71] 3317 3321 3331 3374 3374 3402 3416 3430 3444 3459 3460 3473 3544 3487
## [85] 3544 3572 3572 3586 3600 3614 3614 3629 3629 3637 3643 3651 3651 3651
## [99] 3651 3699 3728 3756 3770 3770 3770 3790 3799 3827 3856 3860 3860 3884
## [113] 3884 3912 3940 3941 3941 3969 3983 3997 3997 4054 4054 4111 4153 4167
## [127] 4174 4238 4593 4990 709 1021 1135 1330 1474 1588 1588 1701 1729 1790
## [141] 1818 1885 1893 1899 1928 1928 1928 1936 1970 2055 2055 2082 2084 2084
## [155] 2100 2125 2126 2187 2187 2211 2225 2240 2240 2282 2296 2296 2301 2325
## [169] 2353 2353 2367 2381 2381 2381 2410 2410 2410 2414 2424 2438 2442 2450
## [183] 2466 2466 2466 2495 2495 2495 2495
```

Ezt a megadást nevezhetnénk az egyik végpontnak ebben a kompromisszumban: 100% reprodukciós hűség, de – szinte – 0% áttekinthetőség. Ez a legalapvetőbb kérdések megválaszolását, a legalapvetőbb észrevételek elérését is lehetetlenné teszi.

Másik végpontnak vehetjük azt, amikor a fenti adatoknak csak az átlagát adjuk meg 2944,6.

Ez 0%-hoz közeli reprodukciós hűséget jelent (189 számból 1-et „gyártottunk”, szinte semmit nem tudunk reprodukálni az eredeti adatbázisból), viszont remek az áttekinthetősége (például azonnal látható, hogy milyen érték körül csoportosulnak az adatok).

Az igazán érdekes az, hogy – természetszerűleg – a két végpont között számos egyéb kompromisszumot köthetünk. Megadhatjuk például (az utóbbi végponttól az előbbi felé haladva) az adatok átlagát és szórását: $2944,6 \pm 729,2$, az adatok átlagát, mediánját, szórását és interkvartilis terjedelmét¹: $2944,6 (2977) \pm 729,2 (1073)$, vagy épp az adatok átlagát, mediánját, szórását, interkvartilis terjedelmét, illetve minimumát és maximumát: $2944,6 (2977) \pm 729,2 (1073) [709-4990]$.

Látszik, hogy minden ilyen megadás egyfajta kompromisszum: egyre több információt őrzünk meg (egyre kevesebb az adatvesztés, hűségesebb a reprodukció), viszont közben romlik a megadás áttekinthetősége.

Összefoglalva tehát megállapíthatjuk, hogy bár az információtömörítés ugyan szükségképp adatvesztést jelent, ez azonban nem feltétlenül baj, épp ellenkezőleg: ez teszi lehetővé, hogy a fontosat észrevegyük. A kulcs a kettő közötti egyensúlyozás.

3.2. A deskriptív statisztika módszereinek csoportosításáról

Azért, hogy az igen nagy számú leíró statisztikai módszert áttekinthetően tudjuk tárgyalni, érdemes megismernedni pár szemponttal, melyek mentén e módszerek jellegzetes, és gyakorlati szempontból fontos csoportokba sorolhatóak.

¹Most még nem fontos, hogy ezek a mutatók pontosan mit jelentenek (a későbbiekből úgyis ki fog derülni), csak annyi számít, hogy a minta különböző leírói.

3.2.1. Grafikus és analitikus módszerek

A fent mutatott példák (átlagtól szórásig) mind ún. *analitikus* eszközök voltak, azaz a (számszerű) információból számszerű, csak épp tömörebb, lényegyet kiemelő információt gyártottak. Az analitikus módszerek tipikus példái a mutatószámok, mint amilyen az átlag vagy a szórás, bár léteznek ennél komplexebb (nem egyetlen számból álló) eredményt szolgáltató analitikus eszközök is – az azonban közös pont, hogy mindegyik számszerű kimenetet ad.

Ezzel állnak szemben a *grafikus* módszerek, melyek a bemenő (számszerű) információból valamilyen képi megjelenítést konstruálnak. Szokás ezért az ilyet *adatvizualizációnak* is nevezni, bár ezt a megnevezést gyakran csak a komplexebb módszerekre alkalmazzák.

A grafikus módszerek általában kevésbé tömörek és kevésbé objektívizálhatóak (ami gond lehet, ha például összehasonlításra van szükség), de cserébe nagyon sokszor jobban értelmezhető benyomást tudnak adni a vizsgált adatbázisról. Ennek hátterében az van, hogy az emberi agy különösen alkalmas struktúrák azonosítására, vizsgálatára grafikus információkban; így ha ügyesen tudjuk vizualizálni adatbázisunk tartalmát, azzal nagyban megkönnyíthetjük az elemzését. Nem véletlen, hogy John Wilder Tukey egyszer azt mondta: „There is no excuse for failing to plot and look!” („Nincs melegség arra, ha nem ábrázoljuk az adatokat és nézünk egyszerűen rá!”).

3.2.2. Egy- és többváltozós módszerek

Szemben azzal, amit sokan elsőre gondolnának, hogy ti. az egyváltozós módszerekkel egyetlen változót vizsgálunk (míg a többváltozósakkal többet), valójában **egyváltozós** módszerekkel is vizsgálhatunk akárhány változót. A különbség tehát nem ez, hanem az, hogy az egyváltozós módszerekkel *egy időben* egyetlen változót vizsgálunk csak, míg a **többváltozós** módszerek egyidejűleg is több változót tekintenek. (Ha megadjuk, hogy pontosan hányat, akkor ezt az elnevezésben is szerepeltethetjük, pl. kétváltozós vizsgálat, háromváltozós vizsgálat stb.)

Hogy mit értünk az alatt, hogy „egy időben”? Képzeljünk el egy adatbázist, melyben emberek testmagasságát és testtömegét mértük le. Okkal várjuk azt, hogy a nagyobb testmagasság tendenciájában nagyobb testtömeggel jár együtt, tehát azoknak, akiknek nagyobb a testmagasságuk, várhatóan² nagyobb a testtömegük is. Igen ám, de ha *önmagában csak* a testmagasságot vizsgáljuk, vagy *csak* a testtömeget, akkor ezt soha nem vennénk észre! Vegyük észre, hogy bármilyen alapos elemzést is végeznénk (beleértve akár az összes megfigyelés tömörítés nélküli felsorolását), soha nem jövünk rá erre a kapcsolatra – hiszen a külön-külön végzett vizsgálatokban nem tudjuk összerendelni az ugyanazon emberhez tartozó testmagasságot és testtömeget (épp ez a definíciója a külön-külön végzésnek). Amit tehát elvesztünk, az a változók közötti *kapcsolatok* kérdésköre. Éppen ezért mondhatjuk azt, hogy egy többváltozós vizsgálat több, mint több egyváltozós vizsgálat – hiszen itt már megjelenik a változók közötti kapcsolatok kérdése is.

Végezetül megjegyezzük, hogy a többváltozós kategóriát néha szétbontják, arra tekintettel, hogy a többváltozós elemzés klasszikus arzenálja csak egy-két tucat változóig alkalmazható hatásosan (sőt, igazán hatásosan inkább csak 10-nél is kevesebb változóra). Az e fölötti tartományban néha megkülönböztetésül **sokváltozós** adatelemzésről beszélnek.

3.2.3. A vizsgált változó(k) mérési skálája

A leíró statisztika módszerei jellegzetesen eltérnek aszerint is, hogy milyen mérési skálán mért változó elemzéséről van szó. Amint már említettük is, az ordinális és nominális változókat nem fogjuk megkülönböztetni, és egységesen minőségi változókról fogunk beszélni, hasonlóképp az intervallum- és arányskálán mért változók esetében is egységesen mennyiségi változókról lesz szó. (A különbségekre csak utalni fogunk.)

²E jelenséget később pontosabban is meg fogjuk ragadni, de most bőven elég lesz ez a kissé pontatlan megfogalmazás is.

3.3. Minőségi változó egyváltozós elemzése

Minőségi változóra jó példa adatbázisunk rassz (**race**) változója, mely az alany rassz szerinti hovatartozását adja meg és ilyen módon nominális.

3.3.1. Analitikus eszközök

Ilyen változó elemzésének tipikus analitikus eszköze az ún. **gyakorisági sor**. A gyakorisági sor a változó lehetséges kimeneteit (kategóriáit) tartalmazza, együtt azzal, hogy az adott kimenetből hány fordult elő az adatbázisban. Az ilyen „darabszámot” a statisztikában általában is **gyakoriságnak** nevezik, és f -fel jelölik. (Illetve, ha utalni akarunk arra, hogy az i -edik kategória gyakoriságáról van szó, akkor f_i -vel.) Általában n -nel szokás jelölni a mintanagyságot, így nyilván $\sum_{i=1}^n f_i = n$.

Szokás még beszélni **relatív gyakoriságról** is, ami nem más, mint az előbbi (abszolút) gyakoriság osztva a mintanagysággal (azaz n -nel). A relatív gyakoriság tehát azt mutatja meg, hogy egy kategóriába a megfigyelési egységek mekkora hányada esik. Nyilván $\sum_{i=1}^n g_i = 1$.

Példának okáért, a rassz változó gyakorisági sora:

```
birthwt$race <- factor(birthwt$race, levels = 1:3, labels = c("Kaukázusi", "Afroamerikai",
  "Egyéb"))
table(birthwt$race)
```

```
##
##      Kaukázusi Afroamerikai      Egyéb
##           96           26           67
```

```
prop.table(table(birthwt$race))
```

```
##
##      Kaukázusi Afroamerikai      Egyéb
##           0,5           0,1           0,4
```

```
cbind(table(birthwt$race), prop.table(table(birthwt$race)))
```

```
##           [,1] [,2]
## Kaukázusi    96 0,5
## Afroamerikai  26 0,1
## Egyéb        67 0,4
```

Megjegyezzük, hogy a teljes relatív gyakorisági sort a statisztikusok nagyon gyakran a változó **megoszlásának** hívják³.

Vegyük észre, hogy ebben a speciális esetben az információtömörítés igazából semmilyen információvesztéssel nem járt: ez a három szám *pontosan ugyanúgy* hordoz *minden* információt erről a változóról mint az eredeti 189 szám! Ez azonban egy abszolút speciális eset, ami kizárólag a változó minőségi mivoltának volt köszönhető.

A gyakorisági soron kívül egy mutatószámunk van még értelme ennél a mérési skálánál: a **módusznak**. A módusz (jele: Mo) nem más, mint a leggyakoribb⁴ kimenet (tehát az a kimenet, melyhez tartozó gyakoriság a legnagyobb az adatbázisban). Nagyon formalizálva ezt írhatnánk:

$$\text{Mo} = \arg \max_i f_i.$$

A példánkban tehát a rassz módusza a kaukázusi.

³Valószínűségszámításban jártasak számára nem meglepő az elnevezés: ez az eloszlás mintabeli analógja.

⁴Vö. mode (angol), die Mode (német) a.m. divat; a szó egyébként a hasonló értelmű francia kifejezésből jön.

Már most megjegyezzük, hogy a módusz ún. **középérték**, ezen belül is helyzeti középérték; de e fogalmaknak majd a mennyiségi változóknál lesz szemléletesebb tartalma.

Érdemes megfigyelni, hogy itt viszont *már érvényesül* a kompromisszum a hűség és az áttekinthetőség között! Nyilván még áttekinthetőbb, ha a fenti 3 szám megadása helyett annyit mondunk, hogy „a módusz a kaukázusi”, de ebben már nagyon is lesz információvesztés: nem tudhatjuk, hogy a 189-ből 189 kaukázusi vagy 64 (vagy épp 96), és semmit nem tudunk a többi kategória gyakoriságáról.

Végezetül megjegyezzük, hogy az ordinalitás csak annyit módosít a fentiekben, hogy a gyakorisági sorban a kategóriák felsorolási sorrendje kötött⁵ lesz (nominális esetben, mint amilyen a mostani példánk is volt, nyilván érdektelen, hogy milyen sorrendben adjuk meg a kategóriákat, tetszőlegesen felcserélhettük volna a sorokat anélkül, hogy az érdemi változást okozott volna).

Ami a mutatószámokat illeti, ordinális esetben elvileg már definiálható lenne a medián fogalma is, de mivel használata itt nem tipikus, a bevezetését meghagyjuk későbbre.

3.3.2. Grafikus eszközök

A minőségi változók grafikus elemzése lényegében a gyakorisági sor vizualizálását jelenti. Ennek két, gyakorlatban legtipikusabb eszköze az **oszlopdiaagram** és a **kördiaagram**. Az előbbi oszlopok magasságával, az utóbbi körcikkek területével szemlélteti a gyakoriságokat. (Bár ez utóbbi, jellegéből adódóan, igazából csak relatív gyakoriságokat tud szemléltetni. Oszlopdiaagrammal gyakoriság és relatív gyakoriság is szemléltethető; sőt, a kettő lényegében ekvivalens, csak a függőleges tengely skálázása lesz más.)

Oszlopdiaagramot használtunk a 3.1. ábrán.

```
barplot(table(birthwt$race), xlab = "Rassz", ylab = "Gyakoriság [fő]")
```

Az oszlop- és kördiaagramok használata kapcsán megjegyzendő, hogy tudományos munkákban általában az oszlopdiaagram a preferált, pszichológiai vizsgálatok szerint ugyanis az emberi szem jobban tud lineáris mértékeket kezelni és értelmezni, mint területet. Az egyetlen megfontolás, ami mégis az oszlopdiaagram ellen szólhat néha, hogy az oszlopok kirajzolási sorrendje már implikál egyfajta sorrendezést (a természetes balról-jobbra olvasás miatt), ami adott esetben nem következik az változó tartalmából.

Az ordinalitás e téren nem sok változást okoz: az oszlopok sorrendje kötött lesz, illetve ábrázolhatóvá válik a kumulált gyakoriság is (természetesen csak oszlopdiaagrammal).

3.4. Mennyiségi változó egyváltozós elemzése

Mennyiségi változóra jó példa adatbázisunk születési tömeg (**bwt**) változója, mely az alany születési tömegét adja meg (és így arányskálán mért, egész pontosan).

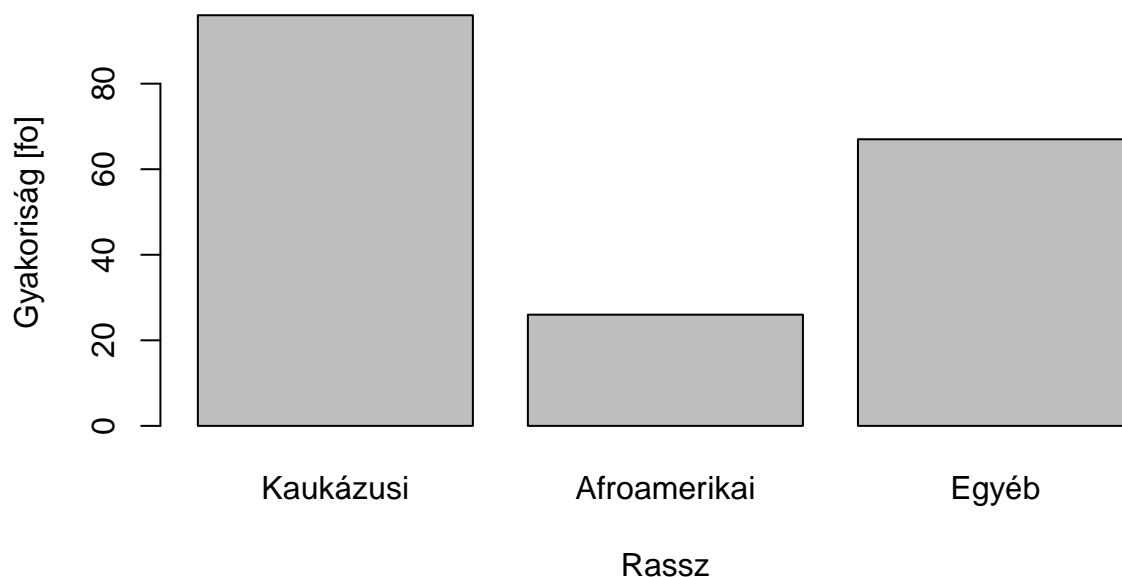
3.4.1. Analitikus eszközök

Az analitikus eszközök közül először most is a gyakorisági sort, majd a különböző mutatószámokat tárgyaljuk meg.

3.4.1.1. Gyakorisági sor

Gyakorisági sor természetesen mennyiségi változóra is készíthető, de csak módosításokkal. Annak ugyanis, hogy megszámoljuk, hogy az egyes előforduló kimenetekből mennyi van, nincs sok értelme (hogy egy példával

⁵Ebből a kötöttségből még egy dolog következik: lesz értelme beszélni arról is, hogy mennyi a gyakoriság egy adott kategóriáig. (Nem csak adott kategóriában.) Ez nyilván értelmetlen fogalom mindaddig, amíg a kategóriák között nem értelmeztünk sorrendet. Éppen ezért ekkor bevezethető a **„kumulált gyakoriság”** fogalma (jele f'), mely adott kategóriára nem más, mint a gyakoriságok összege az adott kategóriáig. (A szokásos definíció szerint: azt is beleértve.) Tehát formálisan: $f'_i = \sum_{j: C_j \leq C_i} f_j$. Hasonlóképp beszélhetünk **kumulált relatív gyakoriságról** (jele g'), mint a relatív gyakoriságok összege adott kategóriáig (azt is beleértve), tehát formálisan $g'_i = \sum_{j: C_j \leq C_i} g_j$. Nyilván $f'_{\max_j C_j} = n$ és $g'_{\max_j C_j} = 1$.



3.1. ábra. Példa egy minőségi változó ábrázolására oszlopdiagrammal.

illusztráljuk: az itt tipikus folytonos változóknál könnyen lehet, hogy minden egyes előforduló kimenetből csak egyetlen egy lesz). A problémát nyilván a folytonosság jelenti, ami ellen úgy védekezhünk, hogy nem adott értéket felvett megfigyelési egységek számát adjuk meg, hanem *adott intervallumba esők* számát. Így kapjuk az **osztályközös gyakorisági sort**. (Az elnevezés arra utal, hogy osztályközöket hozunk létre – így fogjuk hívni az előbb említett intervallumokat.) A gyakoriság, relatív gyakoriság, kumulált gyakoriság és kumulált relatív gyakoriság⁶ értelmezése változatlan. A születési tömeg változó osztályközös gyakorisági sora (precízebben szólva: egy lehetséges osztályközös gyakorisági sora; hiszen ez már függeni fog az osztályközök megválasztásától is), a következő:

```
tab <- table(cut(birthwt$bwt, seq(500, 5000, 500)))
cbind(Ci0 = seq(500, 4500, 500), Ci1 = seq(1000, 5000, 500), fi = tab, gi = prop.table(tab))
```

```
##           Ci0  Ci1 fi    gi
## (500,1e+03]   500 1000  1 0,005
## (1e+03,1,5e+03] 1000 1500  4 0,021
## (1,5e+03,2e+03] 1500 2000 14 0,074
## (2e+03,2,5e+03] 2000 2500 40 0,212
## (2,5e+03,3e+03] 2500 3000 38 0,201
## (3e+03,3,5e+03] 3000 3500 45 0,238
## (3,5e+03,4e+03] 3500 4000 38 0,201
## (4e+03,4,5e+03] 4000 4500  7 0,037
## (4,5e+03,5e+03] 4500 5000  2 0,011
```

Itt C_{i0} és C_{i1} az i -edik osztályköz alsó és felső határát jelöli, rendre. (Az megállapodás kérdése, hogy a határon lévő megfigyelési egységeket, például egy pont 2000 grammos újszülöttet hová sorolunk, ennek

⁶Emlékezzünk vissza, hogy a magasabb mérési skála minden alacsonyabb tulajdonságával bír, így természetesen az összes, alacsonyabb mérési skálán értelmezett módszer a magasabb mérési skálák esetében is alkalmazható.

természetesen csak a kerekítésből adódó diszkréttség miatt van egyáltalán jelentősége.)

Vegyük észre, hogy ez a megoldás lényegében azt jelenti, hogy a mennyiségi változónkat első lépésben „lefo-kozzuk” minőségi változóvá, és utána alkalmazzuk – mint teljesen közönséges minőségi változóra – a korábban megismert módszert.

Elöljáróban jegyezzük meg, hogy itt már a gyakorisági sor – szemben a minőségi esettel – igenis információ-vesztéssel jár: lehet 14 újszülött 1501 grammos, és lehet mind a 14 1999 grammos, mindkét esetben ugyanúgy a fenti osztályközös gyakorisági sort kapjuk. Az információvesztés mértékét nyilván az osztályközök hossza (a felosztás „finomsága”) fogja meghatározni.

A sor előtti zárójeles megjegyzésünk már utal arra, hogy mi az osztályközös gyakorisági sorok használatának legnagyobb kihívása: az osztályközök helyes megválasztása. Az információvesztés minimalizálása szempontjából nyilván a minél szűkebb osztályközök a jobbak, viszont túlzásba ezt sem lehet vinni, különben értelmét veszti az egész eszköz, azáltal, hogy megszűnik a lényegkiemelő jelleg. (Ha egyre jobban és jobban szűkítjük az osztályközöket, akkor egy idő után visszajutunk oda, hogy az intervallumok túlnyomó részében 0 lesz a gyakoriság, a többiben pedig 1-1 – azaz lényegében visszakapjuk a minta „felsorolását”). Az egyetlen dolog, ami univerzálisan segít ezen, az a mintanagyság növelése (hiszen lehetővé teszi az osztályközök szűkítését úgy, hogy közben várhatóan nem csökken az egy osztályközbe eső megfigyelési egységek száma).

Ráadásul az osztópontok megválasztása nem csak az információvesztés szempontjából fontos. Az, hogy a gyakorisági sor milyen képet sugall számunkra a vizsgált változóról – sajnos – nagyban változhat akár az osztópontok nem túl lényeges áthelyezésének hatására is, különösen kis mintanagyságnál. Éppen ezért jelent a gyakorlatban komoly kihívást az osztályközök határainak jó megválasztása.

Hogy ezt hogyan tegyük meg, arra alapvetően két lehetőségünk van. Az egyik út az, hogy tárgyterületi információkat használunk fel, azaz megpróbálunk – az adott változó jelentését is figyelembe véve – szakmailag értelmes, tartalommal bíró osztópontokat találni. (A fenti gyakorisági sor példa erre, hiszen kerek, emberi szem számára kényelmesen értelmezhető osztópontokat vettünk fel.) A másik lehetőség, hogy tisztán statisztikai alapon (tehát a változó tárgyterületi jelentésének felhasználása nélkül) döntünk – vannak módszerek, melyek pusztán a megfigyelések statisztikai jellemzői (nagyság, szóródás stb.) alapján igyekeznek „kitalálni”, hogy hová érdemes rakni az osztópontokat ahhoz, hogy a lehető leginformatívabb gyakorisági sort kapjuk. Példának okáért, az egyik ilyen ismert analitikus szabály a Sturges-szabály, ami azt javasolja, hogy $\lceil \log_2 n + 1 \rceil$ darab azonos szélességű osztályközt vegyünk fel a mintaminimum és -maximum között.

3.4.1.2. Mutatószámok

A mutatószámok a megfigyelések valamilyen jellemzőjét próbálják meg egy-egy számba tömörítve megragadni. A következőkben aszerint csoportosítva mutatjuk be őket, hogy mi ez a megragadott jellemző.

3.4.1.2.1. Középértékek (centrális tendencia)

Centrális tendencia alatt azt értjük, hogy mi az az érték, ami körül csoportosulnak a megfigyelések. Függően a konkrét mutatótól, olyanokra gondolhatunk ez alatt, mint „közepes”, „tipikus” vagy „átlagos” érték. A legtöbb statisztikai alkalmazás szempontjából ez a legfontosabb jellemzője a változónak, ezért ha csak egyetlen számmal jellemezhetjük a változót, az tipikusan a centrális tendencia valamilyen leírója lesz. Ezeket a mutatószámokat általában **középértéknek** vagy **helyzetmutatónak** nevezzük.

A centrális tendencia legismertebb mutatója a **(számtani) átlag**, jele \bar{x} . Definíciószerűen nem más, mint az az szám, amivel helyettesítve minden megfigyelési egység értékét, az ún. értékösszeg (a változó megfigyeléseinek összege) változatlan maradna:

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}.$$

Azonnal látható, hogy ennek akkor van értelme, ha a különböző megfigyelések számtani összege valamilyen értelmes tartalommal bír. (Van például értelme beszélni egy osztály átlagos testtömegéről, hiszen a testtömegek összege értelmes kifejezés, megadja például, hogy mennyit mutatna egy mérleg, ha mindenki ráállná.) Ha azonban a változó olyan, hogy nem az megfigyelések összegének van értelme, akkor a számtani átlag

használata félrevezető lehet, és mással kell helyettesíteni – például, ha a megfigyelések összege helyett azok szorzata a tárgyterületileg értelmes, akkor az ún. mértani átlaggal. (Tipikus példa erre az, ha a változó valamilyen növekedési ütemet jelent időben. Ha egy alany testtömege egy évben 1,2-szeresére nőtt, rákövetkező évben pedig 1,3-szeresére, akkor az össznövekedés nyilván nem a növekedések összege ($1,2 + 1,2 = 2,4$), hanem azok szorzata ($1,2 \cdot 1,2 = 1,44$) lesz.)

A születési tömegek átlaga 2944,6 gramm, ami azt jelenti, hogy az adatbázisban szereplő újszülöttek össztömege akkor maradna változatlan, ha mindegyikük 2944,6 gramm lenne.

Az átlag ún. számított középérték, mivel valamilyen számszerű összefüggésben van a megfigyelések értékeivel.

Az átlag előnye, hogy rendkívül közismert, mindenki számára kényelmesen kezelhető, szokásos gondolkodásmunkához közel álló mutató. (Ez olyannyira erős tényező, hogy nagyon sok orvosi publikáció még akkor is erőlteti az átlag használatát, amikor az – a mindjárt részletezendő okokból – nem célszerű.)

Az átlag legnagyobb hátránya, hogy nem **robosztus**. Egy statisztikai mutatószám robusztussága azt méri, hogy mennyire érzékeny arra, ha a mintában a többi értéktől, a csoportosulás alaptendenciájától jelentősen eltérő érték vagy értékek vannak. Az ilyen megfigyeléseket egyébként nagyon gyakran **outliernek** is nevezik. („Érzékenységi” alatt azt értjük, hogy a mutatót mennyire tudja befolyásolni, eredeti értékétől eltéríteni ilyen outlierek jelenléte.) Az átlag ilyen szempontból extrém rossz mutató: egyrészt bármelyik megfigyelés bármilyen megváltozása módosítja az átlag értékét, de ami az igazán nagy baj, hogy ha egyetlen megfigyelés is tart a végtelenhez, úgy az átlag is tart a végtelenhez, *függetlenül* az összes többi megfigyeléstől, és *függetlenül* a minta nagyságától. Mindez azt mondja nekünk, hogy ha csak egyetlen outlier is van a mintában, már az is képes arra, hogy teljesen értelmetlenné tegye az átlagot. (Hiszen ha van egy ilyen outlier a mintában, akkor az átlag *pont hogy nem* a minta „közepes” értékét fogja mutatni, hanem egyre inkább az outlierét, minél jobban kilóg.)

Megjegyezzük, hogy pontosan emiatt az átlag használata a centrális tendencia jellemzésére nem csak gyakorlati szempontból lehet problémás (adat rögzítési hibákból, adatbázis-sérülésekből eredeti outlierek), hanem elméletileg is ellenjavallt, ha a változó olyan, hogy fel kell készülni kis számú, de a többitől lényegesen nagyobb vagy kisebb megfigyelés jelenlétére. (Ez fordulhat elő – mindenféle adat rögzítési és egyéb hiba nélkül is! – például ún. aszimmetrikus eloszlásoknál, melyekről később fogunk részletesebben beszélni.)

Épp ezen a robusztussági problémán igyekszik javítani a **trimmelt (vagy nyesett) átlag**: ezt úgy kapjuk, hogy elhagyjuk a legkisebb és legnagyobb adott számú elemet, és csak a maradékot átlagoljuk ki. Tipikusan az elhagyott megfigyelések száma alul és felül is a mintanagyság 2,5%-a; ebben az esetben 5%-os trimmelt átlagról beszélünk. (Bár elsőre ez szokatlan mutatónak tűnhet, és a tudományos irodalomban tényleg ritkábban is használják, de számos pontozásos sportágban épp ilyen elven alakítják ki a zsűri „átlagos” pontszámát.) A születési tömegek 5%-os trimmelt átlaga 2957,4 gramm, ami egyúttal azt is mutatja, lévén, hogy közel van a szokásos átlaghoz, hogy a születési tömegek aránylag szimmetrikus eloszlásúak, vélhetően komoly outlier nélkül.

Alapvetően más megközelítést jelent a centrális tendencia megragadásának a **medián** használata, melynek jele Me_x . A medián nem más, mint a nagyság szerint sorbarendezett megfigyelések közül a középső. (Amennyiben a mintanagyság páros, úgy nyilván két „középső” is van, ez esetben megállapodás kérdése, hogy mit nevezünk mediánnak; vehetjük például a kettő átlagát.) Úgy is szoktak fogalmazni, hogy a medián felezőpont, az az érték, amiről elmondható, hogy alatta és felette is egyaránt ugyanannyi mintaelem (az összes fele-fele) található.

Értelemszerű, hogy a medián szintén a centrális tendenciát jellemzi, csak épp kevésbé megszokott módon, mint az átlag – ez egyúttal használatának egyik fő gátja is: sok ember számára a medián tartalma (és egyáltalán, értelme) kevésbé ismert, így a mutató nem annyira jól kezelhető. Előnye viszont a robusztusság, ilyen szempontból az átlaggal szemben a másik végpontot képviseli: míg az átlag extrém érzékeny volt, addig a medián extrém robusztus. A minta minden medián feletti értéke (az egyszerűség kedvéért most gondoljunk páratlan mintanagyságra) tetszőlegesen megnövelhető (akár az összes egyszerre is), vagy a medián alatti értékek tetszőlegesen lecsökkenthetők (akár az összes egyszerre is), vagy akár a kettő együtt is, a medián értéke *nem változik*! Hátránya, hogy a jó robusztusságért cserében kevesebb információt használ fel

a mintából⁷; ezt épp a mintaértékek meglehetősen szabad „állíthatósága” mutatja. (Hogy ez miért baj, az precízen csak induktív statisztikai keretben lehet megérteni, az ottani tárgyalás után már érthető lesz, hogy mit jelent az, hogy a medián kevésbé hatásos becslő mint az átlag.) A tanulság az, hogy ha feltehető, hogy a háttéreloszlás szimmetrikus-közeli, akkor érdemes átlagot használni, ha nem, vagy outlierok jelenlétére is fel kell készülni (azaz indokolt robusztus statisztika használata), akkor jobb a medián ilyen szempontból.

A születési tömegek mediánja 2977 gramm, azaz a 2977 gramm az a testtömeg, amiről elmondható, hogy az újszülöttek fele kisebb ennél, fele nagyobb.

Ahogy a medián a minta „felezőpontja” ugyanúgy definiálhatók általános osztópontok; ezeket **kvantiliseknek** nevezzük. A p -kvantilis ($0 < p < 1$) az az érték, amiről elmondható, hogy a megfigyelések p -ed része kisebb nála, $(1 - p)$ -ed része nagyobb nála. (Tehát a medián az $1/2$ -kvantilis.) Gyakorlati szempontból nagyobb jelentősége van még a negyedelőpontoknak, melyek neve **kvartilis**. Ilyenből tehát nyilván három van: a $p = 1/4, 2/4 = 1/2, 3/4$ -kvantilis, ezek közül a középső persze ugyanaz mint a medián. A másik kettőt alsó és felső kvartilisnek szokták nevezni, és Q_1 -gyel, illetve Q_3 -mal jelölik. Tehát például Q_1 az a szám, amire igaz, hogy a minta egynegyede (darabszámra) nála kisebb értékű, háromnegyede nála nagyobb. Ezek valójában már nem is a centrális tendenciát, hanem általában az eloszlás alakját mutatják, mégpedig robusztus módon (ugyanazon okból, mint amit a mediánnál is láttunk). Ritkábban, de szokták használni ugyanerre a célra a tizedelőpontokat, nevük decilis (D_1, D_2, \dots, D_9) és a századolópontokat, nevük percentilis (P_1, P_2, \dots, P_{99}).

A módusz használatának a folytonosság miatt általában nincs értelme mennyiségi változó esetén, ahogy azt már említettük is. Értelmet csak az ad neki, ha diszkrétizáljuk (csoportosítjuk) az adatokat, ahogy az a gyakorisági sorral történt is. Ilyenkor már van értelme módusról beszélni, persze ekkor már csak osztályköz szintjén – szokás ezt **modális osztályköznek** is nevezni. Például a születési tömegek fent közölt osztályközös gyakorisági sorában (ne feledjük, itt már az is számít, hogy melyik osztályközös gyakorisági sorra vonatkozóan adjuk meg!) a modális osztályköz a 3000–3500 gramm.

A módusz és a medián ún. **helyzeti középérték**, mivel nem számítás eredményeként adódnak, hanem a többi megfigyeléshez képest elfoglalt helyzetük tünteti ki őket.

Ennek kapcsán azt is megjegyezzük, hogy átlagot, mediánt (és általában minden egyéb mutatószámot is) lehetséges osztályközös gyakorisági sorból (a nyers mintaelemek ismerete nélkül is) számolni, persze ekkor már csak közelítő jelleggel.

3.4.1.2.2. Szóródás

Szóródásnak nevezzük azt, hogy a megfigyelések milyen szorosan csoportosulnak azon érték körül, ami körül csoportosulnak (lásd a centrális tendenciát!), más szóval mennyire ingadoznak a megfigyelések, mekkora változékonyság van bennük. A gyakorlatban ez a második legfontosabb kérdés: ha csak egy jellemzőt adhatunk meg, akkor az a centrális tendencia lesz, de ha kettőt, akkor megadjuk azt is, hogy mekkora a szóródás.

A minta szóródásának legegyszerűbb mérőszáma a legkisebb (Min) és a legnagyobb (Max) mintaelem értéke, a **mintaminimum** és **mintamaximum**, illetve kettejük különbsége, melyet **terjedelemnek** nevezünk és R -rel jelölünk: $R = \text{Max} - \text{Min}$. Ezek előnye, hogy teljesen egyértelmű a tartalmuk, hátrányuk, hogy rendkívül érzékenyek arra, hogy konkrétan milyen mintát vettünk a sokaságból, ezért következtetési célokra nem is szokták alkalmazni.

A születési tömegek mintaminimuma 709 gramm, mintamaximuma 4990 gramm, így e változó terjedelme 4281 gramm.

A leggyakoribb általános célú mutatója a szóródásnak a *szórás*, jele általában s_x vagy σ_x . (A kettő neve nem keverendő: a „szóródás” a jellemző, a „szórás” egy lehetséges mutatószáma a szóródásnak.) A szórás nem más, mint a megfigyelések átlagtól vett átlagos eltérése. Ez utóbbi átlag alatt négyzetes átlagot értve

⁷Így már az is érthető, hogy a trimmelt átlag egyfajta kompromisszumnak tekinthető a kettő között, ti. a robusztusság és a mintaértékek mind teljesebb kihasználása között. Az is észrevehető, hogy bizonyos értelemben ez ráadásul általánosítja is a két mutatót: a 0%-os trimmelt átlag épp a „hagyományos” átlag, a 100%-os trimmelt átlag pedig épp a medián.

– egyszerű számtani átlag nem lenne jó, hiszen azzal a pozitív és negatív irányú eltérések csökkentenék (sőt, belátható, hogy kioltanák) egymás hatását. Azaz:

$$s_x = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n}}.$$

Ennek a négyzetét szokás szórásnégyzetnek vagy **variánciának** nevezni. Deskriptív esetben néha inkább mintaszórásról illetve mintavariánciáról mondanak (hogy a megfelelő valószínűségszámítási fogalomtól megkülönböztessék).

A fent definiált mutatót szokás precízen korrigálatlan mintaszórásnak nevezni, ezzel szemben a **korrigált mintaszórás**:

$$s_x^* = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1}}.$$

A különbségük oka csak a következtető statisztikában válik világossá (a korrigálatlan mintavariánca, első ránézésre talán meglepő módon, nem torzítatlan becslője a sokasági variánciának).

A születési tömegek korrigált mintaszórása 729,2 gramm, tehát az újszülöttek testtömegeinek átlaguk körül vett ingadozásának (négyzetes) átlaga 729,2 gramm.

A szórás hátránya, hogy – az átlaghoz hasonlóan – nem robusztus mutató. (Egyrészt azért, mert maga is az eltérések négyzetét használja, ami érzékeny a kilógó értékekre, másrészt azért, mert a eltéréseket a nem-robusztus átlagtól veszi.) Egyik lehetséges megoldás az **interkvartilis terjedelem** (jele IQR) használata, ami a felső és az alsó kvartilis különbsége:

$$IQR = Q_3 - Q_1.$$

Az interkvartilis terjedelem a robusztus kvartiliseken alapul, így robusztus mutató, és könnyen látható, hogy tartalmilag a szóródást jellemzi, hiszen minél jobban szóródott az eloszlás, annál távolabb lesz az alsó és a felső negyedelőpontja.

A születési tömegek interkvartilis terjedelme 1073 gramm, tehát az a tömeg, ami fölött az újszülöttek egy-negyede (és alatta háromnegyede) van, 1073 grammal nagyobb annál a tömegnél, ami fölött az újszülöttek háromnegyede (és alatta egy-negyede) van.

A másik lehetőség a szórás „megjavítása”, olyan módon, hogy az eltéréseknek nem a négyzetét, hanem az abszolút értékét vesszük. (Ezzel a kapott mennyiség matematikai kezelhetőségét rontjuk, hiszen a négyzet-reemelés jobban kezelhető matematikai objektum, de a robusztusságot növeljük.) További javítási lehetőség, ha az eltéréseket nem az átlagtól hanem a mediántól vesszük, és nem is átlagoljuk őket, hanem a mediánjukat képezzük. A mutató neve, ami mindhárom „trükköt” beveti: **medián abszolút eltérés**, jele MAD , tehát

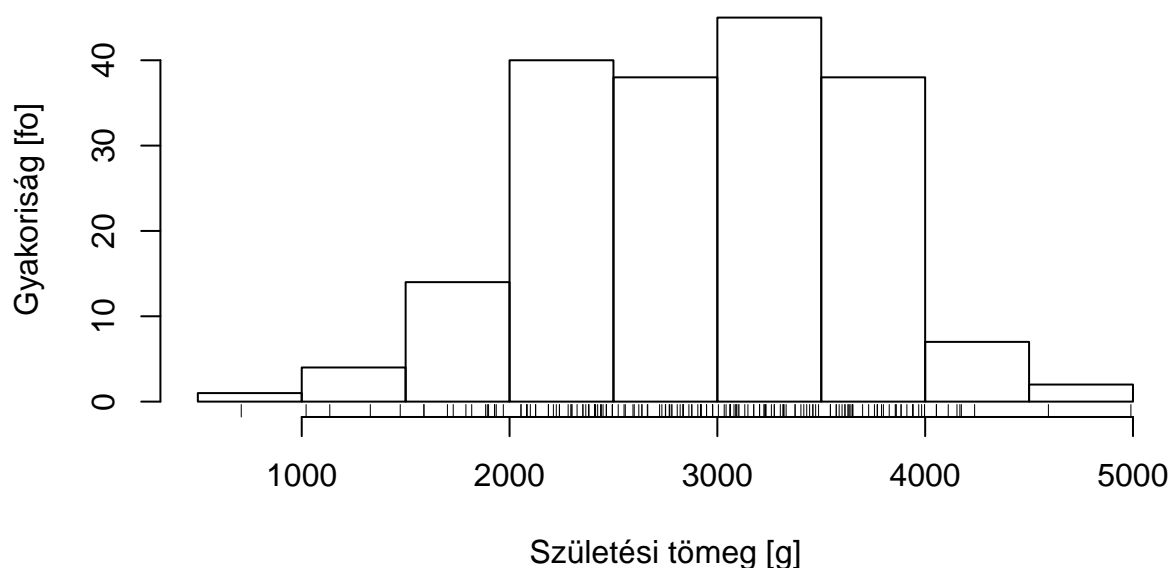
$$MAD = \text{Me}(|x_i - \text{Me}(x)|).$$

(A szakirodalom itt nem teljesen egyértelmű: néha MAD -nak nevezik azt a mutatót is, ahol csak az első javítást csinálják meg, tehát abszolútértéket vesznek, de azokat továbbra is csak átlagolják, és az eltéréseket is az átlagtól veszik.)

A születési tömegek medián abszolút eltérése 563 gramm, tehát az újszülöttek testtömegeinek mediánjuk körül vett (abszolút) ingadozásának mediánja 563 gramm.

3.4.1.2.3. Alakmutatók

A fenti két jellemzőn túlmenően néha egyéb, még inkább részletekbe menő jellemzőit is használják egy változó leírásának. Egy tipikus példa erre a **szimmetria**: egy eloszlás szimmetrikus, ha a centrális tendencia helyétől mindkét irányban nagyjából hasonló a lefutása. (Vegyük észre, hogy ez nem következik még abból sem, ha két változóra ugyanaz a centrális tendencia, és ugyanaz a szóródás: ettől még az egyik lehet szimmetrikus, míg a másik nem.) A nem szimmetrikus eloszlásokat szokás **ferde** eloszlásoknak is nevezni; ezen belül is



3.2. ábra. Példa egy mennyiségi változó ábrázolására hisztogrammal.

szoktak balra ferde (jobbra hosszan elnyúló) és jobbra ferde (balra hosszan elnyúló) eloszlásról beszélni, attól függően, hogy melyik irányban nagyobb a szóródás. További kérdések is felmerülnek, mint a csúcosság, a multimodalitás stb. – ezekkel és a továbbiakkal azonban részletesen itt nem foglalkozunk.

3.4.2. Grafikus eszközök

A grafikus eszközök közül először a hisztogramot, utána röviden a magfüggvényes sűrűségbecslőt, majd végül a boxplotot tárgyaljuk meg.

3.4.2.1. Hisztogram

A hisztogram leegyszerűsítve nem más, mint az osztályközös gyakorisági sor ábrázolása oszlopdiagramon, annyi specialitással, hogy az oszlopokat közvetlenül egymás mellé rajzoljuk, hely kihagyása nélkül (3.2. ábra).

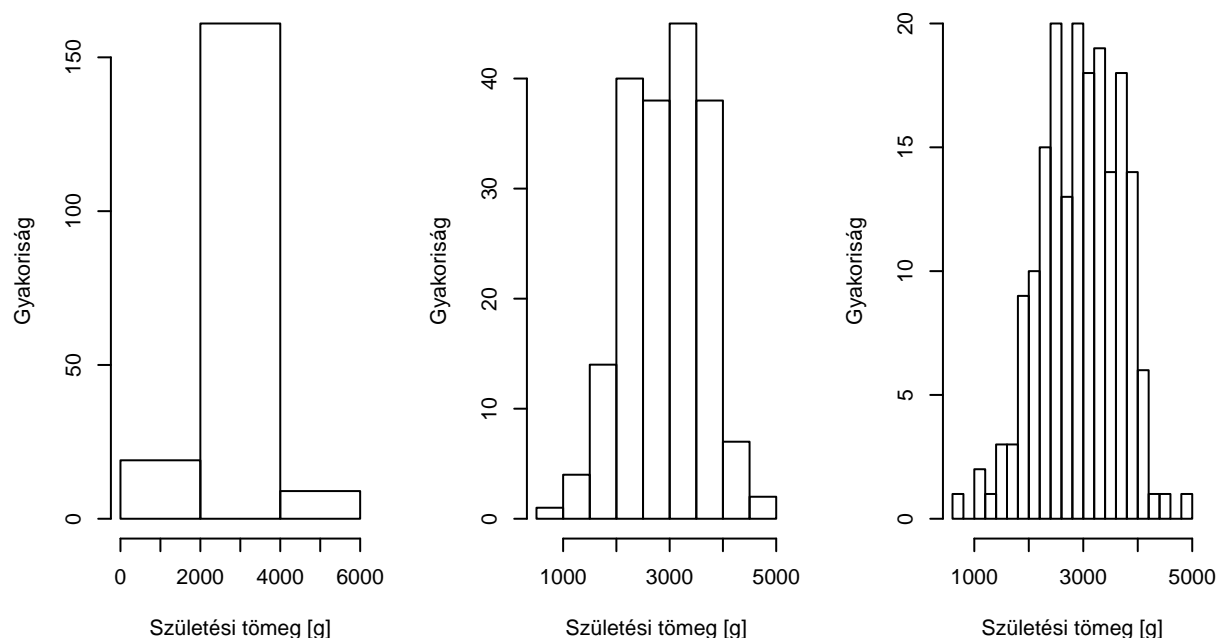
```
hist(birthwt$bwt, xlab = "Születési tömeg [g]", ylab = "Gyakoriság [fó]", main = "")
rug(birthwt$bwt)
```

Az ábrán látható, hogy az oszlopok határai kijelölik az osztályközöket (ezek természetesen nem feltétlenül azonos szélességűek); adott osztályköz fölé pedig

$$\frac{f_i}{n \cdot h_i}$$

magasságú oszlopokat rajzolunk, ahol h_i az adott osztályköz szélessége. Ezen az ábrán feltüntettük (alul, apró tüskékként) magukat a nyers megfigyeléseket is („rugplot”).

A hisztogram a legnépszerűbb adatvizualizációs módszer mennyiségi változókra. Ahogy már utaltunk is rá, hatalmas előnye, hogy a vizuálisan közölt információ rendkívül jól feldolgozható az emberi agy számára: a fenti hisztogram alapján szinte „ránézésre”, egyetlen pillantással jó képünk alakul ki a centrális tendenciáról,



3.3. ábra. Ugyanazon adatsor ábrázolása különféle számú osztályközt tartalmazó hisztogrammal.

a szóródásról, sőt, az eloszlás alakjának finomabb jellemzőiről is. Egy átlagot még el sem olvastunk, amikor a hisztogram alapján már olyan finom jellemzőkről, mint az eloszlás szimmetriája is képünk van.

Hátránya, hogy kevésbé objektív (mint a grafikus módszerek általában) – ha például két változót össze kell hasonlítani, akkor két átlaggal (azaz két számmal) az értelemeszerűen könnyebben megtehető mint két hisztogrammal.

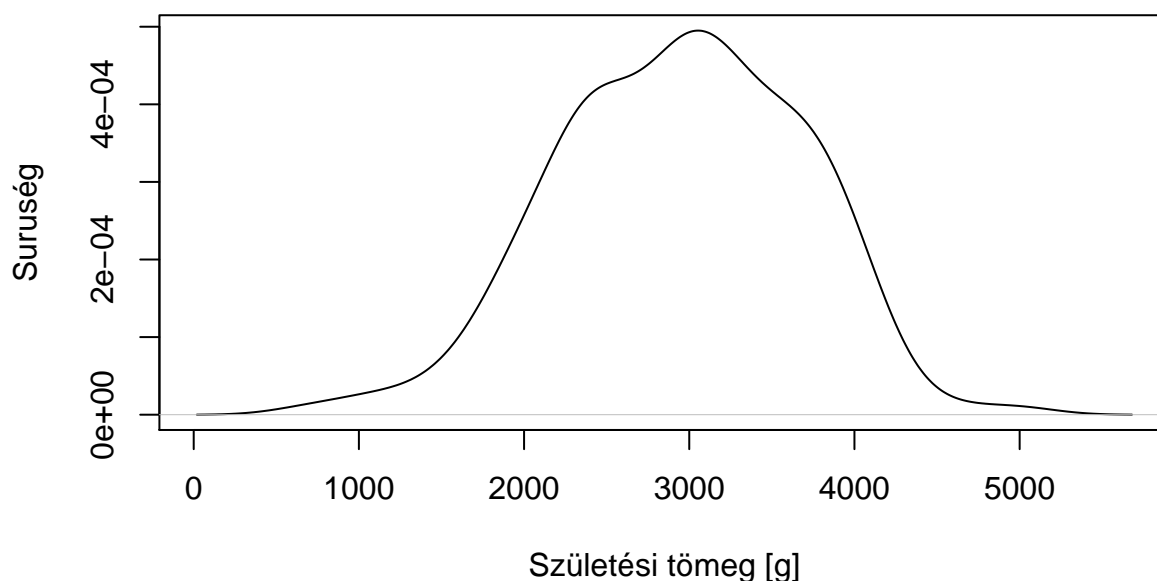
A legnagyobb kihívás azonban az osztályközök helyes megválasztása. Ez a probléma teljesen ugyanaz, mint amit az osztályközös gyakorisági sornál is kifejtettünk. Sőt, itt talán még jobban szemléltethető: a 3.3. ábrán ugyanazt az adatsort ábráztuk, csak épp az optimálisnál lényegesen több, illetve lényegesen kevesebb osztályközt használva is.

```
par(mfrow = c(1, 3))
hist(birthwt$bwt, 3, xlab = "Születési tömeg [g]", ylab = "Gyakoriság", main = "")
hist(birthwt$bwt, 10, xlab = "Születési tömeg [g]", ylab = "Gyakoriság", main = "")
hist(birthwt$bwt, 30, xlab = "Születési tömeg [g]", ylab = "Gyakoriság", main = "")
```

Itt érzékelhető igazán, hogy miért probléma az is, ha túl finom, és az is, ha túl durva felosztást választunk (adott, rögzített mintanagyság mellett!). Amennyiben az osztályközök száma túl kevés, akkor sok információt veszünk: az eloszlásról kapott kép összemossa a finomabb részleteket (bal oldal). Úgy is szokták mondani: nagy lesz a torzítás. Ha viszont túl sok osztályközt választunk, akkor rendkívül esetlegessé válik, hogy egy osztályközbe hány mintaelem esik, nagyon ingadozó lesz a magasság (jobb oldal), úgy szokták mondani: nagy lesz a variancia. (Ez itt a sok más helyen is megjelenő torzítás-variancia trade-off egy példája.) Ahogy sokszor elmondtuk: valamiféle optimumot kell találni a kettő között. Ennek módszereiről az osztályközös gyakorisági sornál már írtunk.

Az osztályközöket többféleképp is megadhatjuk R-ben:

1. Explicite megadjuk az osztályközök határait: `hist(birthwt$bwt, breaks = c(500, 1500, 2000,`



3.4. ábra. Példa egy mennyiségi változó ábrázolására magfüggvényes sűrűségbecslővel.

2500, 2750, 3000, 3250, 3500, 5000)).

2. Megadjuk az osztályközök számát: `hist(birthwt$bwt, breaks = 10)`.

3. Megadjuk a szabály nevét, amivel kérjük az osztályközök számának kiszámolását: `hist(birthwt$bwt, breaks = "Sturges")`.

4. Saját függvényt adunk meg, mely vagy az osztályközök számát, vagy a határait kiszámolja az adatok alapján.

3.4.2.2. Magfüggvényes sűrűségbecslő

A hisztogrammal kapcsolatos egyik probléma az előbb említett érzékenység az osztályközök megválasztására. Emellett felvethető az is, hogy a hisztogram szakaszonként konstans becslést ad, ami zavaró lehet (különösen, ha kicsi a mintanagyság, és emiatt nem tudunk sok osztályközt felvenni). Ez utóbbit kiküszöböli, és sok gyakorlati esetben az előbbit is enyhíti a **magfüggvényes sűrűségbecslő** alkalmazása. Ennek matematikai részleteivel most nem foglalkozunk, megelégszünk annyival, hogy a hisztogramhoz hasonlóan az eloszlás alakját becsli, ám a hisztogramtól eltérően nem szakaszonként konstans görbével (3.4. ábra).

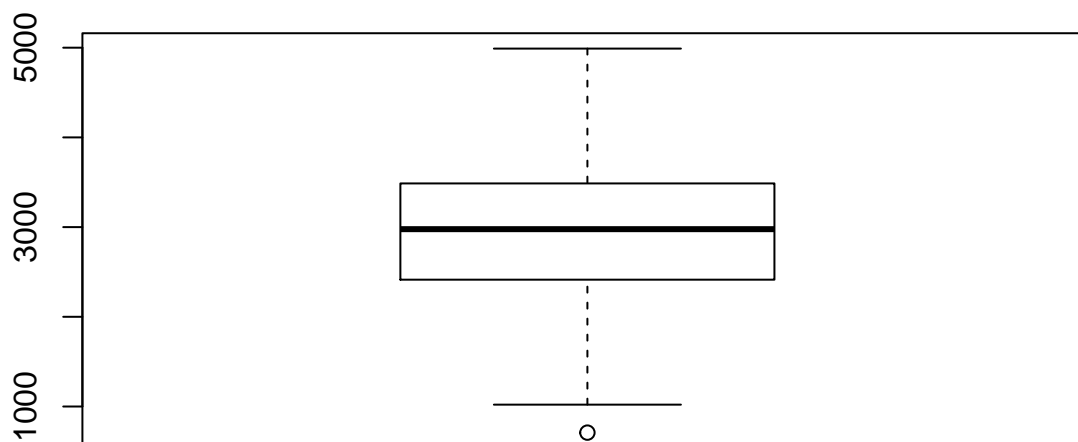
```
plot(density(birthwt$bwt), xlab = "Születési tömeg [g]", ylab = "Sűrűség", main = "")
```

Sajnos az osztályközök megválasztásának problémája teljesen nem oldódik meg, a magfüggvényes sűrűségbecslőnek is van ugyanis állítható paramétere (magfüggvény, és különösen az ún. sávszélesség). Ennek optimális megválasztása szintén probléma lehet, különösen, ha nagyon egyenetlen a mintaelemek eloszlása.

3.4.2.3. (Tukey-féle) boxplot

Végül egy egész más elven felépülő, de szellemes, és a gyakorlatban is nagyon hasznos vizualizációs módszerrel ismerkedünk meg, a (Tukey-féle) *boxplot*tal (vagy ritkán használt magyar nevén: dobozábrával).

A boxplot nem más, mint egy számegetlen fölé rajzolt téglalap, mely egy adott változót reprezentál úgy,



3.5. ábra. Példa egy mennyiségi változó ábrázolására boxplottal.

hogy a téglalap alsó széle az alsó kvartilisnél (Q_1 -nél), a felső széle pedig a felső kvartilisnél (Q_3 -nál) van. A téglalapon belül egy vastagabb függőleges vonal is látható, ez a mediánál található (3.5. ábra).

```
boxplot(birthwt$bwt)
```

A boxplotból két „antenna” nyúlik ki felfelé és lefelé. A boxplot alapváltozatában ezek a mintaminimumig és mintamaximumig nyúlnak ki, de a némileg haladóbb megvalósításban (amit a fenti ábra is mutat) az alsó antenna nem a minimumig terjed, hanem a legkisebb elemig, ami nem kisebb, mint $Me - \alpha \cdot IQR$; hasonlóképp a felső antenna nem a maximumig terjed, hanem a legnagyobb elemig, ami nem nagyobb mint $Me + \alpha \cdot IQR$. (α egy előre megadott konstans, tipikusan $\alpha = 1,5$.) Azokat az elemeket melyek ezen kívül helyezkednek el, külön szimbólum, például kis karika jelöli. E mögött az a megfontolás, hogy így a boxplot egyszerű outlier-szűrést is lehetővé tesz: azok az elemek minősülnek outliernek, melyek az antennákon kívül helyezkednek el.

A boxplot jóval nagyobb információtömörítést hajt végre mint akár a hisztogram, akár a magfüggvényes becslő – ez részint hátránya, bár ennek ellenére gyakorlott szem számára így is meglehetősen jó információt hordoz az eloszlás alakjáról. Azonban ugyanez előnye is, hiszen kompakt (ami különösen jól jön akkor, ha például több csoportot kell összehasonlítani), valamint további nagy előnye, hogy – szemben mind a hisztogrammal, mind a magfüggvényes becslővel – semmilyen paraméter hangolását nem igényli, így kinézete teljesen egyértelműen meghatározott.

3.5. Minőségi változók kétváltozós elemzése

Minőségi változók kapcsolatát **asszociációnak** szokás nevezni a statisztikában. Erre jó példa adatbázisunk rassz (**race**) és irritábilis méh (**ui**) változói, mely az alany rassz szerinti hovatartozását és az irritábilis méh szindróma fennállását adja meg.

3.5.1. Analitikus eszközök

Ahogy már megbeszéltük, a kétváltozós vizsgálatok sava-borsa az lesz, hogy a változók *kapcsolatáról* is képesek leszünk nyilatkozni. Ahhoz, hogy precízen definiáljuk, hogy mit értünk kapcsolat alatt, elsőként bemutatjuk az **kontingenciatáblát** (vagy kombinációs táblát vagy kereszttáblát), mely egyúttal az egyik legfontosabb analitikus eszköz is lesz két minőségi változó kapcsolatának vizsgálatában. Ezt követően nagyon röviden beszélünk a kapcsolat jellemzésére használható mutatószámokról is.

3.5.1.1. Kontingenciatábla

A kontingenciatábla egy olyan táblázat, melynek soraiban és oszlopaiban a két változó lehetséges kimenetelei vannak, az egyes cellákban pedig azon megfigyelési egységek darabszáma (tehát gyakorisága), melyek a cella sora és oszlopa szerinti kimenetűek a sorhoz illetve az oszlophoz rendelt változó szerint. Például, a rassz és az irritábilis méh kontingenciatáblája így néz ki:

```
table(birthwt$race, birthwt$ui)
```

```
##
##           0  1
## Kaukázusi  83 13
## Afroamerikai 23  3
## Egyéb      55 12
```

Tehát például 83 olyan megfigyelési egység van az adatbázisban, ahol az anya rassza kaukázusi és nincs irritábilis méh szindrómája 12 egyéb rasszú, és irritábilis méh szindrómában szenvedő alany van, és így tovább.

A kontingenciatábla szigorúan véve csak a 3×2 darab gyakoriságot jelenti; de néha összegző sorokat vagy oszlopokat írunk mellé:

```
tab <- table(birthwt$race, birthwt$ui)
rbind(cbind(tab, margin.table(tab, 1)), cbind(t(margin.table(tab, 2)), margin.table(tab)))
```

```
##           0  1
## Kaukázusi  83 13  96
## Afroamerikai 23  3  26
## Egyéb      55 12  67
##           161 28 189
```

Ezek neve: **perem- vagy vetületi gyakoriság**. (Mindkét elnevezés logikus: perem, hiszen a kontingenciatábla peremére kell ezeket ráírni, és vetületi, hiszen úgy kaphatjuk, hogy a kontingenciatáblát levetítjük vízszintesen vagy függőlegesen „levetítjük”, vetítés alatt most azt értve, hogy az egymásra „vetülő” elemeket összeadjuk.) A 189 a mintanagyság.

A fenti gyakoriságokon túl természetesen relatív gyakoriságokról is beszélhetünk. A relatív gyakoriság definícióját közvetlenül alkalmazva kapjuk azt a lehetőséget, hogy mindegyik cellát leosztjuk a mintanagysággal, például a bal felső $83/189 = 43,9\%$ lesz. Ez az irritábilis méh szindrómában szenvedő kaukázusiak aránya a teljes mintán belül. A relatív gyakoriságokkal kitöltött kontingenciatábla peremei a **relatív peremgyakoriságok** (vagy relatív vetületi gyakoriságok). Szokás ezt **peremmegoszlásnak** vagy **vetületi megoszlásnak** is nevezni. (Az elnevezés nem meglepő: már korábban is utaltunk rá, hogy egy teljes relatív gyakorisági sort a statisztikusok általában megoszlásnak neveznek.)

Kontingenciatábla esetén azonban van egy másik – logikus – mód arra, hogy relatív gyakoriságot értelmezzünk: a $43,9\%$ megadja, hogy az összes alany mekkora hányada kaukázusi és irritábilis méh szindrómában nem szenvedő, de minket érdekelhet az is, hogy az (összes helyett) csak az irritábilis méh szindrómában nem szenvedők mekkora hányada kaukázusi. Azaz: a 83-at nem a 189-cel, hanem a 161-gyel osztjuk le: $83/161 = 51,6\%$. Ezt nevezzük **feltételes relatív gyakoriságnak**. Azért feltételes, mert ez egy relatív gyakoriság *azon feltétel mellett*, hogy valaki nem szenved irritábilis méh szindrómában. Más szóval: ha *feltesszük*, hogy az alanyaink nem szenvednek irritábilis méh szindrómában akkor közöttük $51,6\%$ a kaukázusiak

aránya. Ez természetesen kiszámolható a rassz változó másik két kimenetére is; az így kapott 51,6%–14,3%–34,2% egy teljes (csak épp feltételes) relatív gyakorisági sor, összege nyilván 100%. Szokás ezt a sorváltozó (esetünkben a rassz) **feltételes megoszlásának** is nevezni, az a oszlopváltozó (esetünkben az irritábilis méh) *adott értéke* (esetünkben: ‘igen’) mint feltétel mellett. Természetesen ugyanezek kiszámolhatóak a jobb oldali oszlopra is, ez magyarul azt jelenti, hogy az irritábilis méh nem kimenetére feltételezünk. Az eljárás ugyanez, azzal a különbséggel, hogy a jobb oldali számokat nyilván 28-cal kell leosztani. A feltételes relatív gyakoriság tehát nem más, mint a gyakoriság adott peremgyakorisággal osztva.

Természetesen nem csak az oszlopváltozóra feltételezhetünk! Pontosan ugyanígy van értelme beszélni az oszlopváltozó feltételes eloszlásáról a sorváltozó adott értéke, mint feltétel mellett. Például kijelenthetjük, hogy annak feltételes relatív gyakorisága, hogy egy alany nem szenved irritábilis méh szindrómában $83/96 = 86,5\%$ *azon feltétel mellett*, hogy kaukázusi a rassza. Hasonlóan továbbmenve azt is mondhatjuk, hogy az irritábilis méh fennállásának feltételes megoszlása azon feltétel mellett, hogy az alany kaukázusi, 86,5%–13,5%.

Összefoglalva, egy cellához négyféle számot is rendelhetünk, a bal felső példáján: 83 (gyakoriság), 43,9% (relatív gyakoriság), 51,6% (feltételes relatív gyakoriság azon feltétel mellett, hogy nem áll fenn irritábilis méh szindróma) és 86,5% (feltételes relatív gyakoriság azon feltétel mellett, hogy a rassz kaukázusi). Mindezeket szemléltetik a következő táblázatok.

Relatív gyakoriságok (peremeken a vetületi megoszlásokkal):

```
tab <- prop.table(table(birthwt$race, birthwt$ui))
rbind(cbind(tab, margin.table(tab, 1)), cbind(t(margin.table(tab, 2)), margin.table(tab)))
```

```
##           0      1
## Kaukázusi  0,4 0,07 0,5
## Afroamerikai 0,1 0,02 0,1
## Egyéb      0,3 0,06 0,4
##           0,9 0,15 1,0
```

Irritábilis méh feltételes relatív gyakoriságai a rassz különböző kimenetei, mint feltétel esetén

```
tab <- prop.table(table(birthwt$race, birthwt$ui), 1)
rbind(cbind(tab, margin.table(tab, 1)))
```

```
##           0      1
## Kaukázusi  0,9 0,1 1
## Afroamerikai 0,9 0,1 1
## Egyéb      0,8 0,2 1
```

Rassz feltételes relatív gyakoriságai az irritábilis méh különböző kimenetei, mint feltétel esetén:

```
tab <- prop.table(table(birthwt$race, birthwt$ui), 2)
rbind(tab, t(margin.table(tab, 2)))
```

```
##           0      1
## Kaukázusi  0,5 0,5
## Afroamerikai 0,1 0,1
## Egyéb      0,3 0,4
##           1,0 1,0
```

Természetesen nem arról van szó, hogy bármelyik jobb lenne, mint a többi – egyszerűen más elemzési célra alkalmasak. A feltételes megoszlásokra gondolva, az is érdekes kérdés lehet, hogy a kaukázusiak mekkora hányada szenved irritábilis méh szindrómában, és az is érdekes (de más tartalmú) kérdés, hogy az irritábilis méh szindrómában szenvedők mekkora hányada kaukázusi rasszú. Mindezek között egyszerű algebrai összefüggések állnak fenn, ezeket most nem részletezzük⁸.

⁸Két dolgot érdemes ennek kapcsán megjegyezni. Az egyik, hogy az előzőek fényében a vetületi megoszlásokat joggal nevezhetjük (precízebben) a változó feltétel nélküli vetületi megoszlásának. A másik, hogy jobban belegondolva észrevehető, hogy

Továbbhaladva, tökéletesen látható, hogy miért mondtuk, hogy a többváltozós elemzés az egyváltozós elemzések kiterjesztése: a fenti kétdimenziós kontingenciatáblában *minden* információ benne van, amit a két változót külön-külön elemezve látnánk: egyszerűen levetítjük a kontingenciatáblát a megfelelő dimenziós mentén és kapott vetületi gyakoriságok nem mások lesznek, mint a vetítési irány változójának gyakorisági sora! (Amiben minden információ benne van.)

Az tehát egyértelmű, hogy ez tartalmazza mindazt az információt, amit a két változó külön-külön végzett vizsgálata – csak hogy mi azt állítottuk, hogy többet is. Ez vezet el a változók kapcsolatának kérdéséhez. Minőségi változók esetében (kontingenciatáblán) akkor mondjuk, hogy két változó kapcsolatban van egymással, ha a sorváltozó feltételes megoszlásai *ugyanazok*, az oszlopváltozó *bármely* értékére is feltételezünk. Vagy – ami ezzel egyenértékű –: az oszlopváltozó feltételes megoszlásai *ugyanazok*, a sorváltozó *bármely* értékére is feltételezünk. (Ez első ránézésre, kicsit nagyvonalú volt, de belátható matematikailag, hogy a kettő valóban egyenértékű: ha az oszlopváltozó feltételes megoszlásai ugyanazok minden sorban, akkor a sorváltozó feltételes megoszlásai is ugyanazok minden oszlopban, és fordítva is, ha az oszlopváltozó feltételes megoszlásai nem ugyanazok minden sorban, akkor a sorváltozó feltételes megoszlásai sem ugyanazok minden oszlopban.)

Ez a definíció jogos: általánosságban véve is, az, hogy két változó között nincs kapcsolat, azt jelenti statisztikai nyelven, hogy az egyikre vonatkozó információból nem nyerünk információt a másikra vonatkozóan. Így már érthető ez a kontingenciatáblákra alkalmazott definíció: ha nincs kapcsolat, akkor hiába mondják meg valaki, hogy mi – például – a sorváltozó értéke, ebből semmit nem tudunk meg az oszlopváltozó feltételes megoszlásáról (hiszen az minden sorban ugyanaz!). Ha van kapcsolat, akkor nyerünk plusz-információt (hiszen más lesz a feltételes megoszlása).

Látható, hogy ebben az esetben csak nagyon gyenge kapcsolatról beszélhetünk: a sorváltozó feltételes megoszlása mindkét oszlopban (precízen: az oszlopváltozó mindkét kimenetére feltételezve) nagyjából ugyanaz (kb. 50%–kb. 10%–kb. 40%), és az oszlopváltozó feltételes megoszlása is nagyjából ugyanaz mindhárom sorban (kb. 85%–kb. 15%). Ahogy már elmondtuk, az előbbi mondat bármelyik feléből automatikusan következik a másik fele. Itt tehát szemléletesen is látható a kapcsolat hiányának tartalma: *hiába is* mondja meg valaki, hogy az alany rassza kaukázusi, afroamerikai vagy egyéb, szinte *ugyanúgy* csak azt tudjuk mondani, hogy „akkor 85%–15% a megoszlás az irritábilis méh fennállása szerint”. A rasszra vonatkozó információ nem adott szinte semmilyen információt a másik változóról.

Képzeljünk el ezzel szemben – másik végletként – egy olyan esetet, melyben a 189 alany közül 100 kaukázusi irritábilis méh szindróma nélkül, és 89 egyéb rasszú irritábilis méh szindrómával! Ebben az esetben az egyik változóra vonatkozó információ nem egyszerűen „elárul valamit” a másik változóról, hanem egyenesen determinálja azt: ha valaki elárulja, hogy egy alany kaukázusi rasszú, akkor *biztosan tudjuk*, hogy nem szenved irritábilis bél szindrómában, ha pedig azt mondja, hogy egyéb rasszú, akkor rögtön tudjuk, hogy szenved ebben. (Természetesen itt is igaz, hogy a dolog fordítva is működik: ha tudjuk, hogy egy alany nem szenved irritábilis méh szindrómában, akkor azonnal tudjuk, hogy kaukázusi, ha pedig nem szenved ebben, akkor biztos, hogy egyéb rasszú.) Ez a kapcsolat másik végpontja.

Zárásként megjegyezzük, hogy a statisztikában valójában nem így szokták bevezetni a kapcsolat fogalmát, hanem úgy, mint azt az esetet, amikor a két változó nem független egymástól; függetlenség alatt pedig azt értik, hogy az együttes megoszlás a vetületi megoszlások szorzataként áll elő. Érdeemes végiggondolni, hogy ez valóban egybeesik a hétköznapi „függetlenség” fogalommal. Szintén érdemes végiggondolni, hogy ebből valóban következik a fenti definíció, de ezzel részletesebben nem foglalkozunk most.

3.5.1.2. Mutatószámok

A kapcsolat *erősségének* kvalitatív fogalmát fent megadtuk; erre több mutatót is definiáltak, melyekkel az erősség számszerűen is lemérhető. Amennyiben a változók nominálisak, úgy pusztán erre van lehetőség.

Ha azonban a változók ordinálisak, úgy értelmet nyert a kapcsolat *irányának* fogalma is. Ordinális változók

az elsőként definiált „szokásos” relatív gyakoriság is „gyakoriság / peremgyakoriság” alakú (tehát megoszlás), csak épp a peremgyakoriság nem fenti „egyszerű” (egydimenziós) peremgyakoriság, hanem a peremgyakoriságok peremgyakorisága (egyfajta nulladimenziós peremgyakoriság). Ezt szokás együttes megoszlásnak nevezni (szemben az eddig definiált feltételes megoszlással, és a feltétel nélküli, de vetületi megoszlással).

esetén ugyanis a sorok és oszlopok sorrendje nem tetszőleges, van értelme mindkét változó szerint „nagyobb” és „kisebb” kimenetről beszélni. Innentől kezdve tehát nem csak azt mondhatjuk, hogy van kapcsolat, ha más oszlopban más a feltételes megoszlás, hanem értelmet nyer az a kijelentés is, hogy nagyobb oszlopban a feltételes megoszlás úgy más, hogy inkább nagyobb sorbeli érték szerepelnek, vagy épp úgy, hogy inkább kisebbek. (Itt is egyenértékű, ha ugyanezt a sorok és oszlopok fordított szerepével mondjuk el.) Ezt ragadja meg a kapcsolat irányának fogalma: ha van kapcsolat (nem 0 az erőssége), akkor az pozitív, amennyiben az oszlopváltozó szerinti nagyobb érték tendenciájában a sorváltozó szerinti nagyobb értékkel jár együtt (és fordítva), negatív, ha az oszlopváltozó szerinti nagyobb érték tendenciájában a sorváltozó szerint kisebb értékkel jár együtt (és fordítva). Ordinális változónál erről is lehet nyilatkozni mutatókkal.

A konkrét mutatószámokkal most nem foglalkozunk (többek között azért sem, mert meglehetősen sok van belőlük, attól függően, hogy pontosan hogyan viselkednek az egyes változók).

3.5.2. Grafikus eszközök

Kontingenciatáblát vizualizálni ún. mozaikábrával és asszociációs ábrával lehet, ezek azonban nem túl látványos, és emiatt nem is túl gyakran használt módszerek, így most mi sem részletezzük ezeket.

Ami bevettebb, az a vetületi megoszlások (vagy nevezetes feltételes megoszlások) ábrázolása egyszerűen oszlopdiagramon (vagy kördiagramon), ez azonban jól láthatóan ugyanaz a feladat, amit már minőségi változók egyváltozós elemzésénél megbeszéltünk.

3.6. Mennyiségi változók kétváltozós elemzése

Mennyiségi változók kapcsolatát **korrelációnak** szokás nevezni a statisztikában. Erre jó példa adatbázisunk anyai testtömeg (**lwt**) és újszülött születési tömege (**bwt**) változói, melyek az anya illetve az újszülött testtömegét tartalmazzák.

3.6.1. Analitikus eszközök

A kapcsolat fogalmát mennyiségi változókra is ugyanazon gondolatot követve értelmezzük, mint amit minőségi változóknál már láttunk. Azt mondjuk, hogy két változó kapcsolatban van egymással, ha az egyik változó átlag feletti értékei tendenciájában a másik változó átlag feletti értékeivel járnak együtt (és ekkor persze fordítva is: az egyik változó átlag alatti értékei tendenciájában a másik változó átlag alatti értékeivel járnak együtt). Azaz: ha egy megfigyelési egység értéke az egyik változó szerint átlag feletti, akkor várhatóan a másik változó szerint is átlag feletti⁹ lesz. Pontosabban szólva ez a *pozitív* kapcsolat definíciója, a negatív esetén az egyik változó átlag feletti értékei tendenciájában a másik átlag alatti értékeivel járnak együtt, és fordítva. Itt természetesen *sztochasztikus* kapcsolatáról beszélünk, ezért a „tendenciájában” kifejezés: nem arról van szó, hogy ha a megfigyelési egység egyik változója átlag feletti, akkor *_biztos*, hogy a másik is, de az esetek *többségében* érvényesül ez a tendencia.

Érdemes megfigyelni, hogy itt mindenképp van értelme az iránynak (összhangban azzal, hogy a mennyiségi változók bírnak az ordinális tulajdonságaival is, természetesen).

Két mennyiségi változó fent definiált kapcsolatát klasszikusan a **kovarianciával** szokás lemérni. Ennek definíciója:

$$\text{cov}(x, y) = \frac{\sum_{i=1}^n [(x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})]}{n}.$$

A számítás logikája vegytisztán tükrözi a definíciót: az $(x_i - \bar{x})$ tükrözi az egyik, az $(y_i - \bar{y})$ a másik változó szerint azt, hogy az adott megfigyelési egység átlag alatti vagy átlag feletti. Vegyük észre, hogy a kettő szorzata pedig *pontosan akkor* lesz pozitív, ha vagy mindkét változó szerint átlag feletti a megfigyelési

⁹Az átlag itt természetesen minden esetben a szóban forgó változó átlagát jelenti. A használatára azért van szükség (és azért nem mondhatjuk egyszerűen azt, hogy „a változó nagy értékei”), mert hozzáadva valamilyen nagy konstans a változóhoz, annak összes értéke nagy lesz, tehát mindenképp valamilyen viszonyításra van szükség.

egység, vagy mindkét változó szerint átlag alatti – azaz ha az adott megfigyelési egység a pozitív kapcsolatot erősíti meg! Ha a szorzat negatív, akkor az adott megfigyelési egység a negatív kapcsolatot erősíti.

Sőt, ennél több is igaz: a szorzatnak nem csak az előjele stimmel, de a nagysága is, az ugyanis kifejezi, hogy mennyire erősít meg bennünket az adott megfigyelési egység a kapcsolat fennállásában. Ha a megfigyelési egység egyik (pláne ha mindkét) változó szerint közel van az átlaghoz, akkor az csak gyenge „bizonyíték” a kapcsolat mellett (kis módosulással lehet, hogy az ellenkező irányú kapcsolatot erősítené), viszont ha mindkét változó szerint távol van az átlagtól, az erős érv a kapcsolat mellett.

A szummázás ezeket a hatásokat fogja összeadni megfigyelési egységről megfigyelési egységre, így előjele a kapcsolat irányát mutatja, abszolút értéke pedig annak erősségét. (Az n -nel való leosztás nyilván szükséges, különben a kétszer megismételt adatbázison kétszer akkora lenne a kovariancia, holott az információ ugyanaz; tehát ezeket a szorzatokat átlagolni kell.)

Hogy mi a kovariancia problémája, az azonnal kiderül, ha közeljünk az anyai és az újszülött testtömeg közti kovarianciát: 4141,7. Ami kétségtelenül kiolvasható ebből, hogy az anyai és az újszülött testtömeg között van kapcsolat, mégpedig pozitív irányú (nagyobb anyai tömeg – nagyobb újszülött tömeg, és fordítva), hiszen az előjel pozitív. Amiről viszont lényegében semmit nem tudunk meg, az az erősség! Annál is inkább, mert a kovariancia mértékegység-függő: más értéket kapunk, ha az újszülött testtömegét nem grammal, hanem kilogrammban rögzítjük. Tekintetbe véve, hogy az információ ettől még ugyanaz marad, ez nyilván nem szerencsés... A probléma tehát, hogy honnan tudhatnánk, hogy a 4141,7 sok vagy kevés...? Ebben segít minket az a matematikai észrevétel, hogy mindenképp fennáll a $-s_x s_y \leq \text{cov}(x, y) \leq s_x s_y$ összefüggés, tehát a kovariancia abszolút értéke nem lehet nagyobb mint a két változó szórásának szorzata. Így máris van mihez viszonyítani a kovariancia nagyságát! Ez tehát a következő mutató definiálását adja, a neve **korrelációs együttható**:

$$\text{corr}(x, y) = \frac{\text{cov}(x, y)}{s_x s_y}.$$

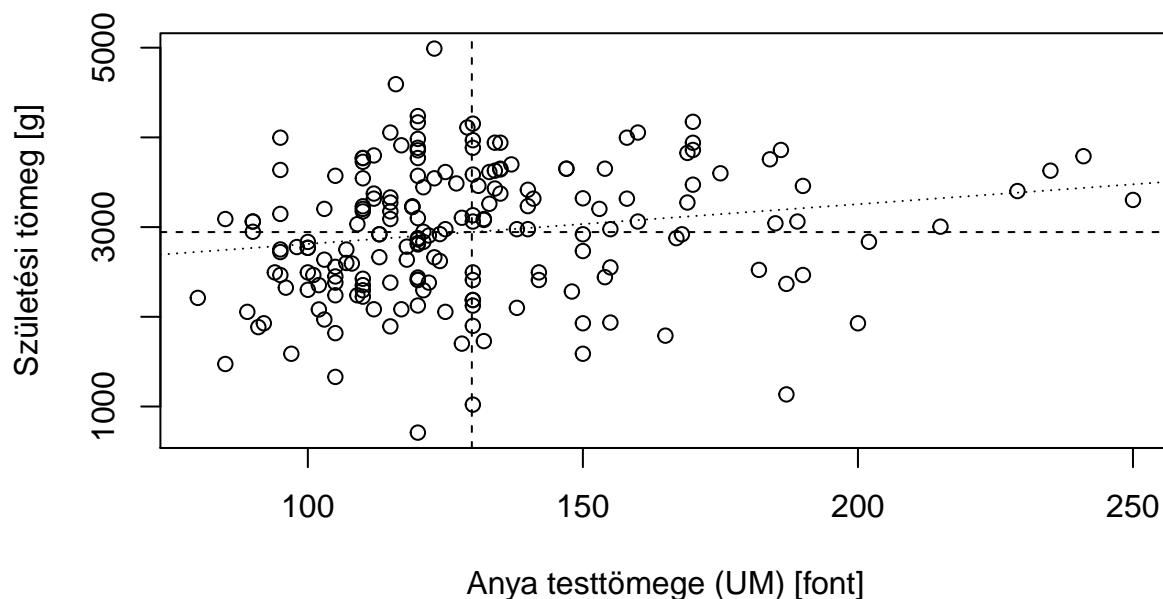
Ez az előjel értelmezésén semmit nem változtat, hiszen a kovariancia előjelét meghagyja (a nevezőben szórások szerepelnek, így mindkettő szükségképp pozitív), viszont az abszolút értéket értelmezhetővé teszi, hiszen a korrelációra már az teljesül, hogy $-1 \leq \text{corr}(x, y) \leq 1$. A korreláció tehát minél közelebb van ± 1 -hez, annál erősebb a két változó közötti kapcsolat.

Például, az anyai testtömeg és az újszülött születési tömege közti korrelációs együttható értéke 0,2. Ez alapján nem csak azt tudjuk mondani, hogy van kapcsolat és az pozitív irányú (a 0,2 előjele pozitív), de most már azt is, hogy ez a kapcsolat igen gyenge (ha elhelyezzük a 0,2-ot a 0–1 között).

Belátható, hogy az így definiált korrelációs együttható a *lineáris* kapcsolat erősségét méri (szokás emiatt lineáris korrelációs együtthatónak is nevezni). Valóban, ha a korreláció abszolút érték 1, az épp azt jelenti, hogy $y = ax + b$ függvényszerű kapcsolat van a két változó között. De általában is, a korreláció „erősségét” úgy kell érteni, hogy mennyire szorosan valósul meg ez az egyenesre illeszkedés. Fontos megjegyezni, hogy más kapcsolat erősségét *nem* méri ez az együttható, tehát nem lineáris kapcsolat lehet a két változó között (extrém esetben akár függvényszerű is!), úgy, hogy közben a lineáris korrelációs együttható értéke nulla.

Erre tekintettel szokás más korrelációs együtthatókat is definiálni, ezek közül megemlítjük a Spearman- ρ és a Kendall- τ mutatókat, ezek ún. rangkorrelációs mutatók, amik nem konkrétan lineáris, hanem általános *monoton* kapcsolat erősségét mérik. Nem foglalkozunk vele részletesen, de megemlítjük, hogy itt is igaz, hogy a kapcsolat erőssége azzal van összefüggésben, hogy az egyik változó ismerete mennyi információt árul el a másik változóról (természetesen sztochasztikus értelemben).

Végül egy figyelmeztetés. Mint általában, természetesen itt is elmondható, hogy a mutatószám használata nagyon nagy információtömörítést jelent. Éppen ezért ne támaszkodjunk önmagában egy korrelációs együtthatóra (és különösen ne önmagában egy lineáris korrelációs együtthatóra) két változó kapcsolatának megítéléséhez, hiszen ez elfedi az esetleges nemlineáris kapcsolatokat, az outliereket stb. Erre egy nevezetes példa az Anscombe-kvartett, amit mi is hamarosan bemutatunk.



3.6. ábra. Két mennyiségi változó kapcsolatának ábrázolása szóródási diagrammal.

3.6.2. Grafikus eszközök

Két mennyiségi változó kapcsolatának legfontosabb ábrázolási eszköze az **szóródási diagram**. A szóródási diagramot úgy kapjuk, hogy minden megfigyelési egységnek egy pontot feleltetünk meg a síkban úgy, hogy a pont egyik koordinátája a megfigyelési egység egyik, a másik koordinátája a másik változó szerinti értéke. (Tehát lényegében a megfigyelési egységhez tartozó változókat koordinátáknak tekintjük, és ezeket mérjük fel egy kétdimenziós koordináta-rendszer két tengelyére.) Az anyai és újszülött testtömeg szóródási diagramját a 3.6. ábra mutatja.

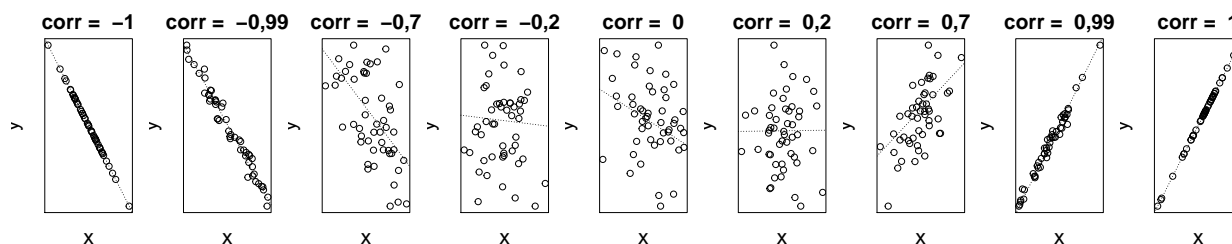
```
plot(bwt ~ lwt, data = birthwt, xlab = "Anya testtömege (UM) [font]", ylab = "Születési tömeg [g]")
abline(h = mean(birthwt$bwt), v = mean(birthwt$lwt), lty = "dashed")
abline(lm(bwt ~ lwt, data = birthwt), lty = "dotted")
```

Az ábrán bejelöltük (szaggatott vonallal, a két tengellyel párhuzamosan) a két változó átlagát is.

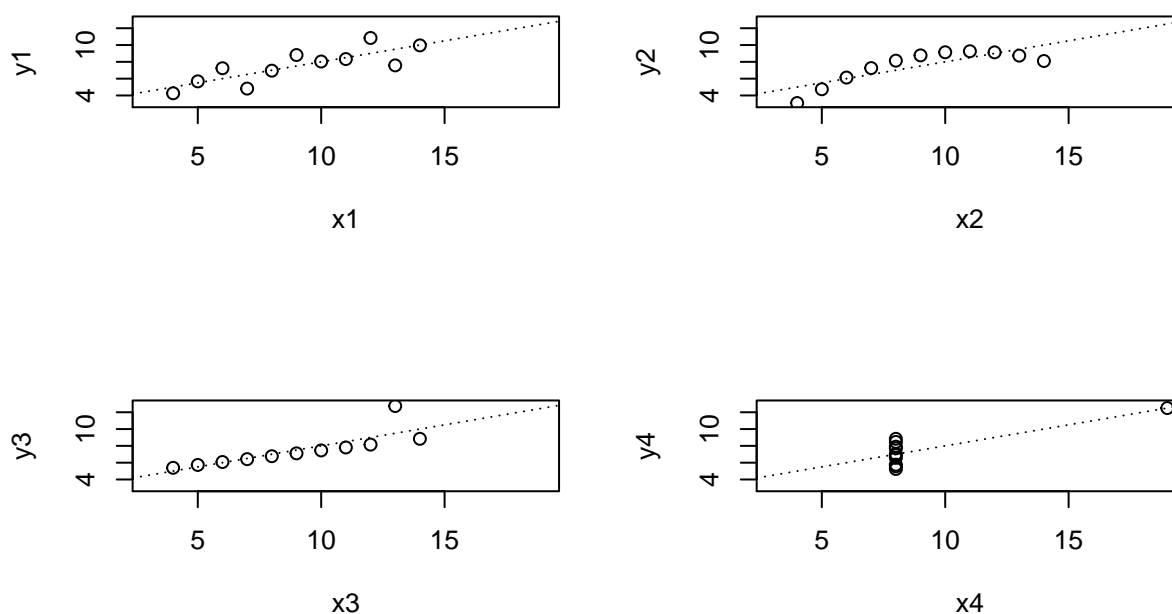
Jól látható, immár grafikusan is, hogy mit értünk a két változó közötti kapcsolat fogalmán: a pontok tendenciájukban a szaggatott vonalak által kijelölt koordináta-rendszer jobb felső és bal alsó kvadránsában találhatók (átlag feletti – átlag feletti és átlag alatti – átlag alatti zónák). Természetesen látszik az is, hogy a kapcsolat sztochasztikus, azaz van pont a több kvadránsban is (itt aztán pláne, hiszen a kapcsolat nem is túl erős). Ne feledjük azt sem, hogy nem csak a pontok darabszáma számít, hanem a konkrét helyzetük is (mennyire „erősíti meg” a kapcsolat fennállását).

Ráerősítve az előbb mondottakra, az ábrán behúztuk a pontokra legjobban illeszkedő egyenest is. Ahogy említettük, a kapcsolat „erőssége” egyúttal azt is jelenti, hogy a pontok mennyire szorosan illeszkednek a rájuk legjobban illeszkedő egyenesre (látható, hogy itt nem túl szorosan).

Mindezeket szemlélteti a 3.7. ábra is, mely különböző korrelációs együtthatójú kapcsolatokat (különböző előjelekkel és abszolút értékekkel, azaz különböző irányú és erősségű kapcsolatokat) mutat be példákkal.



3.7. ábra. Különbféle korrelációs együtthatók szemléltetése.



3.8. ábra. Az Anscombe-kvartett.

A grafikus ábrázolás előnye, hogy (szemben a korrelációs együtthatóval) nem okoz gondot semmilyen outlier, nemlineáris kapcsolat stb. – ezek mind láthatóak lesznek az ábrán. (Itt is hangsúlyosan él tehát Tukey már említett tanácsa...) Erre mutat példát a nevezetes Anscombe-kvartett (3.8. ábra). Az ábrák négy kétváltozós adatsor szóródási diagramját mutatják. Mindegyiknek *hajszálpontosan ugyanaz* a korrelációs együtthatója (sőt, az átlaguk és a szórásuk is – így ugyanaz a rájuk legjobban illeszkedő egyenes is), mégis, a valós helyzet drámaian más. Outlierek, nemlineáris kapcsolatok vannak jelen. Ez azonban csak ábrázolás után derül ki, a korrelációs együttható használata mindezt teljesen elfedné!

Zárásként megjegyezzük, hogy ebben a grafikus ábrázolásban valóban nincsen semmilyen információtömörítés. Az is igaz, hogy a kétváltozós elemzés tartalmaz minden információt, amit a két egyváltozós elemzés: a pontokat levetítve valamelyik tengelyre, visszakapjuk az adott tengely változójának adatait; azokat csoportosítva (a tengelyt osztályközökre bontva) rögtön készíthető például hisztogram. Szemléletesen látszik azonban az is, hogy *pusztán* a hisztogramokból (tehát az egyváltozós adatokból) *lehetetlen* lenne nyilatkozni a két változó közti kapcsolatról. (Képzeljünk egy egy olyan esetet, melyben a változók között erős kapcsolat van, de úgy, hogy mindkét változó önmagában szimmetrikus. Ekkor nyugodtan tükrözhetnénk a szóródási diagramot bármelyik átlagot jelentő szaggatott vonalra, az egyváltozós adatok ugyanazok maradnának,

noha kétváltozósan pont hogy megfordult a kapcsolat iránya.) Ezért több a kétváltozós elemzés mint két egyváltozós elemzés.

3.7. További többváltozós elemzések

A kétváltozós esetek tárgyalásából a fentiekben kimaradt az az eset, amikor egy minőségi és egy mennyiségi változó kapcsolatát kell vizsgálni. Ezt *vegyes kapcsolatnak* szokás nevezni; részletesebben most nem foglalkozunk vele.

A másik kérdés, ami felmerül, hogy mi a helyzet kettőnél több változó esetén. Ha nem lényegesen több változóról van szó, akkor a fenti módszerek – több-kevesebb módosítással – de kiterjeszthetők. Például a szóródási diagram elvileg három változós esetre változatlanul kiterjeszthető (bár a gyakorlatban már ezt sem nagyon szokták használni, hiszen egy három dimenziós pontfelhő csak számítógépen tekinthető meg érdemben, és ott se túl áttekinthető emberi szemnek). Négy és annál több dimenziónál már trükkre van szükség; a tipikus megoldás, hogy minden lehetséges koordináta-párra levetítik a sokdimenziós pontfelhőt, és az így kapott kétdimenziós szóródási diagramokat mutatják meg (mátrix szóródási diagram). Egy-két tucat változó felett azonban már ez sem igazán tekinthető át, illetőleg már nem nevezhető érdemben kettőnél több dimenziós elemzésnek. Hasonló a helyzet a korrelációs együtthatóval, illetve a kontingenciatáblával és elemzési eszközeivel.

4. fejezet

Induktív statisztika

Ebben az alfejezetben röviden, az alapkonceptiókra fókuszálva bemutatjuk a statisztika induktív ágát. Már volt róla szó, hogy az induktív statisztika jellemzője, hogy *tekintettel van* a mintavételi helyzetre (azaz arra, hogy mi csak egy részét ismerjük azon sokaságnak, melyre a kérdésünk irányult): azzal foglalkozik, hogy hogyan lehet pusztán a mintában lévő információ alapján mégis a sokaságról nyilatkozni. Innen a módszer neve: indukció a.m. következtetés, tudniillik következtetés a mintából a sokaságra.

Elsőként röviden megismételjük, és pár fontos részlettel kibővítjük a **mintavételi helyzettel** kapcsolatos ismereteinket; ezt követően nagyon tömören, az alapelvekre szorítkozva bemutatjuk az induktív statisztika két nagy területét: a becsléelméletet és a hipotézisvizsgálatot. A **becsléelmélet** azzal foglalkozik, hogy egy sokaságot jellemző paramétert, például a sokaság átlagát pusztán a minta alapján „megtippeljünk” (valamilyen szempontok szerint a lehető legjobban). A **hipotézisvizsgálat** ennek bizonyos értelemben az ikertestvére: célja, hogy a sokaság valamely jellemzőjére tett állítások – például a sokaság átlaga egy adott szám – helyességét „megtippeljünk” pusztán a minta alapján.

4.1. A mintavételi helyzet és következményei

Ahogy már megbeszéltük, mintavételi helyzetről akkor beszélünk, ha a **sokaságnak** (amire, definíció szerint, kutatási kérdésünk vonatkozik), csak egy részét tudjuk megfigyelni. Ezt a megfigyelt részt nevezzük **mintának**. Szintén volt róla szó, hogy a mintavételi helyzet jelentősége a biostatistikában hatalmas: nem csak azért, mert egy sor gyakorlati esetben bár a sokaság elvileg teljeskörűen megfigyelhető lenne, de erre gyakorlati okok (költség, időigény stb.) miatt nincs mód, hanem azért is, mert biostatistikában tipikusak az olyan kérdések, melyek fiktív, végtelen sokaságra vonatkoznak (például: „Egy új vérnyomáscsökkentő gyógyszer-jelölt valóban csökkenti a vérnyomást?”). Ilyen esetekben bármennyi megfigyelést is végzünk, az szükségképp minta lesz.

Adódik tehát a feladat, hogy annak ellenére nyilatkozzunk a sokaságról, hogy mi csak egy részét ismerjük. Nagyon sokan ezen a ponton valószínűleg azt gondolják, hogy ez lehetetlen feladat – valóban, példának okáért, ha 1000 elemből csak 999-et ismerünk, akkor *elvileg* bármennyi lehet a sokaság (mind az 1000 elem) átlaga, akármik is voltak a minta elemei.

Az a megállapítás azonban, hogy „semmit nem tudunk mondani” a sokaságról, szerencsére túlzás. A helyes megfogalmazás az, hogy *biztosan* nem tudunk mondani a sokaságról... de valószínűségi kijelentéseket továbbra is tudunk tenni! Ha ugyanis megfelelően történt a mintavétel (erre még visszatérünk), akkor már a minta is elárult valamit a sokaságról, tudni fogunk valamit azokról a valószínűségi törvényszerűségekről, melyek az ismeretlen elemek viselkedését (is) áthatják. Ez pedig lehetővé fogja tenni, hogy ugyan csak sztochasztikus értelemben, de azokról is nyilatkozzunk.

Az tehát nem igaz, hogy semmit nem tudunk mondani a sokaságról, de azzal valóban együtt kell élnünk, hogy az induktív statisztikában – szemben a deskriptívvel – már csak *bizonytalansággal terhelt* állításokat tudunk

tenni. Szerencsére azonban arra is képesek leszünk, hogy e bizonytalanság mértékét magát is becsüljük (persze ismét csak: bizonytalansággal terhelt).

Nyilvánvaló, hogy bármilyen induktív statisztikai feladatot is kell megoldanunk, ahhoz csak a mintában lévő információt tudjuk felhasználni (ez épp a minta definíciója). Márpedig ha csak a sokaság egy részét (a mintát) ismerjük, akkor *bármilyen*, mintából számolt jellemző két dologtól fog függeni:

1. a jellemző sokaságbeli értékétől,
2. attól, hogy konkrétan hogy választottuk ki a mintát.

Példának okáért, egy minta átlagát két dolog fogja befolyásolni: a sokaság átlaga (ha ez nagyobb, akkor várhatóan egy minta átlaga is nagyobb lesz) és az, hogy konkrétan melyik elemeket választottuk ki a sokaságból (adott sokasági átlag mellett is választhatunk – tökéletesen véletlen mintavétel mellett is! – pont kisebb, és pont nagyobb elemeket is).

Mi értelemszerűen csak az elsőre vagyunk kíváncsiak, de sajnos a második hatása elvileg is kiküszöbölhető. Bármilyen módszert is találunk ki arra, hogy a mintából hogyan következtessünk a sokaságra, teljesen biztos, hogy annak a végeredménye *mintáról-mintára változni* fog, azaz függeni fog attól, hogy konkrétan „hogyan nyúltunk bele a sokaságba”, konkrétan milyen mintát vettünk. Ezt a jelenséget hívjuk **mintavételi ingadozásnak**. A szerencse épp az lesz, hogy ez a mintavételi ingadozás követni fog bizonyos (valószínűségi) törvényszerűségeket, így bár a fenti miatt elkerülhetetlenül hibázhatunk a következtetésnél, de annak természetéről fogunk tudni nyilatkozni.

Amit nagyon fontos megérteni, hogy az előbb említett „hibázás” alatt nem arra kell gondolni, hogy valamilyen értelemben rosszul vesszük a mintát. Ha egy 1000 fős sokaságból veszünk egy 30 fős mintát a sokasági átlag becslésére, akkor előfordulhat, mégpedig a *legtökéletesebben véletlen* mintavétel mellett is, hogy épp a 30 legkönnyebb embert választjuk ki a sokaságból. Természetesen, ha rosszul veszünk mintát (például akár tudattalan módon is, de a soványabb embereket szólítjuk meg a kérdőívvel, hogy ne hozzuk zavarba a megkérdezetteket), akkor elképzelhető, hogy ennek megnő a valószínűsége, de akkor sem nulla ha tökéletesen véletlen a mintavétel.

Csak épp – és itt jön a lényeg – extrém kicsi! Ha tényleg tökéletesen véletlen a mintavétel, azaz minden sokasági alanynak azonos esélye van a mintába kerülésre, akkor annak a valószínűsége, hogy pont a 30 legsoványabbat választjuk ki épp $1/\binom{30}{1000} \approx 4 \cdot 10^{-56}\%$. Így értendő az, hogy a hiba valószínűségszámítási úton, „sztochasztikusan” limitálható: nem tudjuk kizárni, hogy ilyen – hatalmas méretű – torzítás keletkezzen a mintából következtetés hatására... de meg tudjuk mondani, hogy ennek mennyi a – szerencsére igen kicsi – valószínűsége. Az ilyen okokból fakadó hibázást nevezzük **mintavételi hibának**.

Nem csak olyan hiba van azonban, ami az – elkerülhetetlen – mintavételi ingadozásból adódik. Véthetünk hibát alullefedéssel és túllefedéssel (azaz a minta pontatlan körülírásával), véthetünk definíciós hibát a kérdéseknél, hibát az adatkódolás során, a végpont megválasztásánál stb. stb., de ami még fontosabb, hogy véthetünk hibát a minta kijelölésével (amennyiben a minta valójában nem reprezentatív a sokaságra nézve, lásd az előbbi példát a személyes megkérdezéses testtömeg-vizsgálatról), vagy épp megfigyelési vizsgálat esetén a confounding-gal. Ezeket – tisztán statisztikai úton nem olyan könnyen kézben tartható – hibákat nevezzük egységesen **nem-mintavételi hibáknak**.

4.2. Becslésmélet

A becslésmélet az induktív statisztika egyik fő ága, feladata valamilyen sokasági jellemző értékének minta alapján történő megbecslése. A „becslés” szó használata azért indokolt, mert az előbb kifejtettekből világos, hogy mintavételi helyzetben csak valószínűségi jellegű kijelentések tételére van mód.

A sokasági jellemzőt teljesen általánosan¹ értjük (ha nem specifikáljuk közelebbről, akkor általában θ -val jelöljük), bármilyen, a sokaság ismeretében számszerűen meghatározható értéket jelenthet (például a sokaság átlagát, szórását, valamilyen tulajdonsággal rendelkező elemeinek az arányát stb.). Egy tipikus példa a

¹Ebbe természetesen beletartozhat több jellemző egyszerre történő becslése is, mi most azonban az ún. egydimenziós paraméterbecslésekre fogjuk korlátozni magunkat.

sokaság átlagának/várható értékének becslése². Egy teljesen természetes gondolat, hogy ezt a jellemzőt a minta átlagával igyekezzünk megbecsülni.

Ez a naiv „tipp” is mutatja már, hogy mit értünk precízen becslés alatt: egy olyan függvényt (neve **becslőfüggvényt** vagy egyszerűen **becslő**), melynek bemenetül a minta elemeit kell megadni, eredményként pedig kidobja a becslést az ismeretlen sokasági jellemzőre. Egy θ sokasági jellemző becslőfüggvénye tehát egy

$$\hat{\theta} = f(x_1, x_2, \dots, x_n)$$

függvény. (A becslt értéket a statisztikában általában is kalappal jelöljük.) Az előbbi naiv példánk azt jelenti, hogy ha a becslni kívánt jellemző a sokasági várható érték ($\theta = \mu$), akkor reményeink szerint arra jó becslő lesz az

$$f(x_1, x_2, \dots, x_n) = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n} = \bar{x}$$

függvény. Ahogy már korábban is megállapítottuk, ennek értéke két dologtól fog függeni: a μ értékétől (a valódi sokasági jellemzőtől), és attól, hogy konkrétan milyen mintát vettünk. Ez utóbbi hatás miatt természetesen a becslőfüggvény eredménye minden egyes mintán más és más lesz, mintáról-mintára ingadozik. Visszatérve az egyszerű példánkra az 1000 elemű, véges sokaságból történő átlagbecslésre: kaphatjuk, mintavételtől függően, a legkönnyebb 30 ember átlagát is becslésként, és a legnehezebb 30 átlagát is. (És természetesen egy sor értéket a kettő között.) De, amint már ott is megállapítottuk, ezen extrémumok valószínűsége kisebb, a közbülső (és ilyen módon a valósághoz közelebb álló) értékeké pedig – szerencsére – nagyobb. Más szóval arra jutottunk, hogy a becslőfüggvény értékeinek is van egy eloszlása: meg lehet adni, hogy adott tartományba eső becslést mekkora valószínűséggel adnak. Ezt nevezzük **mintavételi eloszlásnak**.

Érdekes ezt egy szimulációval is megnézni! Vegyünk ugyanabból a sokaságból, melyet itt eloszlásával adtunk meg ($\mathcal{N}(30, 70)$), 10 darab 30 elemű mintát, majd mindegyiknek számoljuk ki az átlagát:

```
replicate(10, mean(rnorm(30, 70, 10)))
```

```
## [1] 68 67 68 69 71 69 68 69 70 68
```

Látszik, hogy – noha a sokaság állandó, és így a várható értéke is állandó, fixen 10 – a minták átlaga, tehát a sokaság várható értékének mintából *becsült* értéke ingadozik.

Elég sok ilyen szimulációt végezve, ez az ingadozás jól feltérképezhető (4.1. ábra).

```
res <- replicate(1e+05, mean(rnorm(30, 70, 10)))
mean(res)
```

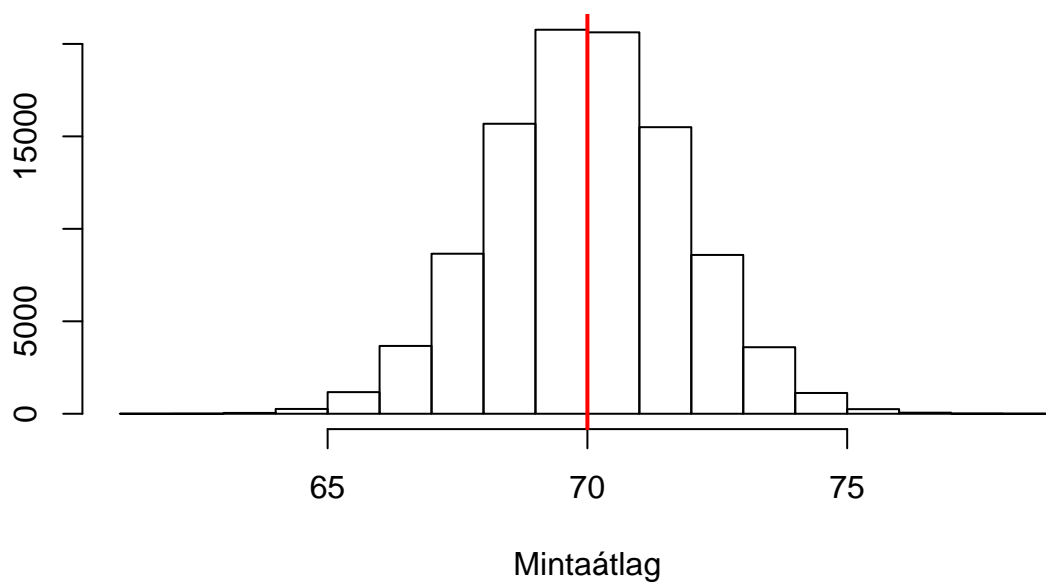
```
## [1] 70
```

```
hist(res, main = "", ylab = "", xlab = "Mintaátlag")
abline(v = 70, col = "red", lwd = 2)
```

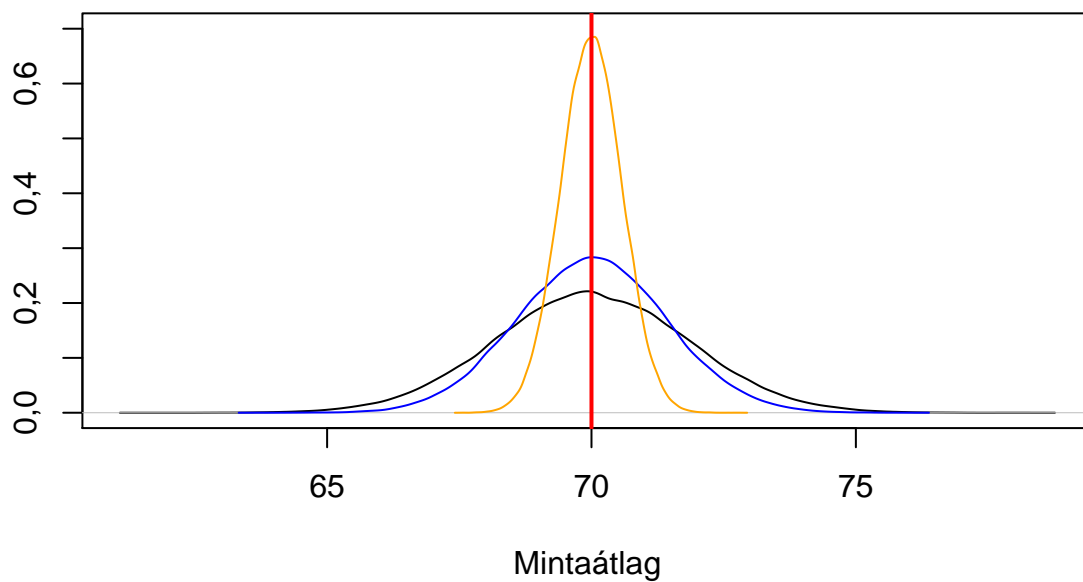
Ilyen módon további fontos kérdések is vizsgálhatóak, például megnézhetjük, hogy a becslt érték ingadozása hogyan függ a mintanagyságtól (4.2. ábra).

```
res <- replicate(1e+05, mean(rnorm(30, 70, 10)))
plot(density(res), ylim = c(0, 0.7), main = "", ylab = "", xlab = "Mintaátlag")
res50 <- replicate(1e+05, mean(rnorm(50, 70, 10)))
lines(density(res50), col = "blue")
res300 <- replicate(1e+05, mean(rnorm(300, 70, 10)))
lines(density(res300), col = "orange")
abline(v = 70, col = "red", lwd = 2)
```

²Átlagról általában akkor beszélünk, amikor a sokaság véges, ilyenkor tipikusan úgy képzeljük („elemeivel adott sokaság”), hogy a sokaságot véges sok érték felsorolásával megadhatjuk; várható értéket általában akkor mondjuk, ha a sokaság fiktív, végtelen, ilyen tipikusan úgy gondoljuk („eloszlásával adott sokaság”), hogy azt a háttéreloszlást ismerjük, melyet a sokaság minden egyes eleme követ, legegyszerűbb esetben független és azonos eloszlású módon.



4.1. ábra. A mintaátlag mintavételi eloszlásának meghatározása szimulációval, normális háttéreloszlás mellett.



4.2. ábra. A mintavételi eloszlás függése a mintanagyságtól.

Az ilyen vizsgálatok (szokták ezt Monte Carlo szimulációnak is nevezni) könnyen kivitelezhetőek, és megfelelő számítási kapacitás mellett bonyolult problémák kezelésére is alkalmas. Hátránya viszont, hogy nem kapunk analitikus eredményt (tehát a mintavételi eloszlást nem kapjuk meg matematikai képlettel felírt függvényként); ebben az egyszerű példában ez sem jelent problémát, nemsokára vissza is fogunk rá térni.

Felmerül a kérdés, hogy mit értünk precízen „jó” becslőfüggvény alatt. A gyakorlatban három tulajdonság különösen fontos:

1. Elfogadjuk, hogy a becslőfüggvény által szolgáltatott becslés mintáról-mintára ingadozik, de legalább az teljesüljön, hogy az ingadozás centrumában a valódi (sokasági) jellemző legyen, olyan értelemben, hogy *átlagosan* jó legyen a becslt érték. Precízen: egy becslőfüggvényt torzítatlannak mondunk, ha a mintavételi eloszlásának a várható értéke a valódi (sokasági) jellemző. E tulajdonság neve: **torzítatlanság**. A fenti szimulációk azt sugallják, hogy az előbbi példában a mintaátlag torzítatlan becslője a sokasági várható értéknek (ezt persze még bizonyítani kellene).
2. Ennek az ingadozásnak a mértéke lehetőleg minél kisebb legyen, e tulajdonság neve: **hatásosság**. A hatásosságot a mintavételi eloszlás szórásával mérhetjük, egy becslőfüggvényt hatásosnak mondunk, ha torzítatlan, és a torzítatlan becslők körében minimális szórású. A fenti szimulációk azt sugallják, hogy a mintanagyság növelésével egyre hatásosabbá válik a mintaátlag mint becslőfüggvény.

Azzal a kérdéssel, hogy hogyan lehet egy becslőfüggvényt „kitalálni” (tehát, ha megadnak egy paramétert, akkor mutatni egy rá vonatkozó, és persze lehetőleg minél jobb statisztikai tulajdonságokkal bíró becslőfüggvényt) nem foglalkozunk részletesebben, csak megemlítjük, hogy erre vonatkozóan jól bejáratott módszerek, ún. becslési elvek léteznek. (A legnevezetesebb közülük a maximum likelihood-elv, továbbá a plug-in becslés, a legkisebb négyzetek elve, a momentumok módszere és a Bayes-becslés.)

Nézzünk minderre egy példát! Tekintsünk egy (eloszlásával adott) sokaságot, mely $X \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma_0^2)$ eloszlást követ. (Tehát tetszőleges számú mintát vehetünk belőle; minden egyes ilyen mintaelem egy ilyen eloszlásból származó, egymástól független szám lesz.) Azt állítjuk (és ezt hamarosan szabatosabban is be fogjuk bizonyítani), hogy ekkor a belőle vett n elemű minták átlaga, azaz a μ sokasági várható érték (mint sokasági jellemző) fenti becslőfüggvénye $\bar{x} \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma_0^2/n)$ eloszlást fog követni. (Tehát most feltételeztük, hogy azt *a priori* tudjuk, hogy normális eloszlású a sokaság, sőt, σ_0 -t is ismertnek vesszük, azaz csak a μ a kérdés.) Jegyezzük meg, hogy a sokasági jellemző, amit becsülni szeretnénk, itt a μ maga; az tehát nem követ semmilyen eloszlást, egy – konstans – szám! (Csak mi nem ismerjük.) A következőkben ezt az állítást fogjuk matematikai úton, valószínűségszámítási eszközökkel bebizonyítani, mégpedig a legegyszerűbb esetben, a fent vázolt független és azonos eloszlású mintavételre.

Legyen az n elemű mintánk $X_1, X_2, \dots, X_n \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma_0^2)$ függetlenül (mivel a mintavétel azonos eloszlású is, így mindegyik ugyanolyan eloszlást követ, ezért volt azt elég egyszer leírni). Figyeljük meg, hogy itt nagy betűket írtunk: ezek nem konkrét (realizálódott) értékek, hanem maguk is valószínűségi változók. (Most ugyanis statisztikai analízist adjuk a helyzetnek: úgy képzeljük, hogy még nem vettünk mintát, hanem épp ellenkezőleg, azt vizsgáljuk, hogy „mi minden történhet” amikor majd mintát veszünk.) Ezzel a becslőfüggvényünk:

$$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^n X_i}{n}.$$

Valószínűségszámításból tudjuk, hogy 1. Normális eloszlású valószínűségi változók összege normális (szépen megfogalmazva: a normális eloszláscsalád zárt a konvolúcióra). 2. A várható érték lineáris, így egy összeg várható értéke a várható értékek összege. 3. Ha ráadásul korrelálatlan (de csak ez esetben!), akkor a szórásnégyzetek – nem a szórások! – is összeadódnak. Ebből a háromból már következik, hogy

$$\sum_{i=1}^n X_i \sim \mathcal{N}(n\mu, n\sigma_0^2).$$

Szintén valószínűségszámításból tudjuk, hogy $\mathbb{E}(aX) = a \cdot \mathbb{E}X$ és $\mathbb{D}^2(aX) = a^2 \cdot \mathbb{D}^2X$, ezekből pedig már következik, hogy

$$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^n X_i}{n} \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma_0^2/n),$$

ahogy azt eredetileg állítottuk is.

Ezzel igazoltuk, hogy ilyen körülmények mellett a mintaátlag torzítatlan becslője a sokasági átlagnak, sőt, kiszámoltuk a mintavételi szórását is. (Be lehetne látni kicsit komolyabb matematikai statisztikai eszközökkel, hogy ez ráadásul e körülmények között hatásos becslő is, tehát ennél kisebb mintavételi szórás el sem érhető a torzítatlan becslők körében.)

Ez tehát azt jelenti, hogy a 2944,6 gramm nem csak a születési tömegek átlaga (ahogy azt az előbb mondtuk), hanem egyúttal a „vizsgálat bevélogatási feltételeinek megfelelő újszülöttek” (fiktív, végtelen!) sokaságának várható értékének becslője is! Nem csak azt mondhatjuk, hogy 2944,6 gramm a mintaátlag (biztosan), hanem azt is, hogy ez a legjobb tippünk arra, hogy mennyi a sokaság várható értéke. Vegyük észre, hogy minket valójában ez utóbbi érdekel! Tehát bár a számérték itt pont ugyanaz lett (ez nincs mindig így!), az igazán érdekes eredmény az utóbbi megfogalmazás (hiszen minket nem *konkrétan* ez a 189 újszülött érdekel, hanem *általában* az ilyen újszülöttek jellemzőinek viselkedése).

Mind ez idáig azonban csak olyan becslőfüggvényekről beszéltünk, melyek egyetlen értéket, „a” legjobb becslést adják vissza eredményként. Az ilyen becslést hívjuk **pontbecslésnek**. (Hiszen az eredménye egyetlen pont a számegegyenesen.) Ez olyan szempontból azonban nem szerencsés, hogy az eredmény semmit nem mond az abban lévő bizonytalanságról – noha, legalábbis becsülni, azt is tudnánk!

Azt a becslési módszert, ami ezen túllép és explicite megjeleníti a becslésben lévő bizonytalanságot is, **intervallumbecslésnek** nevezzük. Az intervallumbecslés központi eszköze az **konfidenciaintervallum** (CI): ez egy olyan intervallum, melyre igaz, hogy a ha sokszor megismételjük a mintavételt, és mindegyik mintából megszerkesztenénk a CI-t, akkor ezen CI-k várhatóan adott, nagy hányada (például 95%-a) tartalmazná az igazi (sokasági) értéket. Ez esetben ezt az intervallumot 95% megbízhatóság melletti konfidenciaintervallumnak nevezzük. A 95%, mint paraméter neve **megbízhatósági szint**, általában $1 - \alpha$ -nak nevezzük (tehát $\alpha = 0,05$ mellett beszélünk 95%-os megbízhatóságról). Első ránézésre kicsit furcsa lehet ez a jelölés, de majd a hipotézisvizsgálatnál is látni fogjuk, hogy α -val valamilyen hibázás jellegű mennyiséget szeretnénk jelölni, nem jóságot.

Az induktív statisztikában tehát elfogadjuk (kénytelenek vagyunk elfogadni), hogy a becslésünk eredménye mintáról mintára változik, és így nem tudhatjuk biztosan, hogy *adott mintából* számolt becslés hogyan viszonyul a valódi (sokasági) értékhez – a konfidenciaintervallum azonban épp azt próbálja megragadni, hogy – adott minta alapján! – mire tippelhetünk, „véltetően” hol lehet a valódi sokasági érték (adott, nagy megbízhatósággal). Ez természetesen már nem egyetlen szám, hanem egy tól-ig intervallum lesz a jellemzőre vonatkozóan. Hogy mit jelent a „véltetően” és a „megbízhatóság”, az pontosításra szorul, erre tárgyalásunk legvégén fogunk visszatérni.

Adott megbízhatósági szint mellett minél szűkebb a CI, annál kisebb a bizonytalanság a becslésünkben. Természetesen adott becslés mellett a CI szélességét a megbízhatósági szint fogja meghatározni: kis megbízhatóság mellett szűk intervallumot is mondhatunk, de ha nagy megbízhatóságra van szükségünk, akkor csak széles limiteket tudunk szabni. Itt tehát kompromisszumot kell kötnünk: az se jó, ha nagy biztonsággal tudjuk, hogy nem igazán tudjuk, hogy hol van az igazi érték, és az se, ha nagyon kis biztonsággal tudjuk, hogy igen pontosan hol van... A 95% egy tipikus, gyakorlatban igen sokszor használt kompromisszum ez ügyben.

Nézzünk erre is egy számszerű példát! Folytatva előző példánkat, tudjuk, hogy $\bar{X} \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma_0^2/n)$. Ebből következik, hogy

$$\frac{\bar{X} - \mu}{\sigma_0/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0, 1),$$

azaz

$$\mathbb{P}\left(-z < \frac{\bar{X} - \mu}{\sigma_0/\sqrt{n}} < z\right) = \Phi(z) - \Phi(-z) = \Phi(z) - [1 - \Phi(z)] = 2\Phi(z) - 1.$$

Ha ezt a valószínűséget $(1 - \alpha)$ -nak választjuk (a megbízhatósági szint fenti értelme miatt), akkor kapjuk, hogy $\Phi(z) = 1 - \frac{\alpha}{2}$ azaz $z = \Phi^{-1}(1 - \frac{\alpha}{2})$. Erre a mennyiségre bevezetve a $z_{1-\frac{\alpha}{2}}$ jelölést, rögtön látható,

hogy a $\left[\mu - z_{1-\frac{\alpha}{2}} \frac{\sigma_0}{\sqrt{n}}, \mu + z_{1-\frac{\alpha}{2}} \frac{\sigma_0}{\sqrt{n}}\right]$ tartományba $1 - \alpha$ valószínűséggel esik \bar{X} . Ezt nevezhetnénk „deduktív statisztikának”, hiszen itt a sokaságot tekintettük ismertnek, és ez alapján következtettünk a minta viselkedésére.

Átrendezve „kapjuk” a minket érdeklő az induktív statisztikát:

$$\mathbb{P}\left(-z_{1-\frac{\alpha}{2}} < \frac{\bar{X} - \mu}{\sigma_0/\sqrt{n}} < z_{1-\frac{\alpha}{2}}\right) = 1 - \alpha \Rightarrow \mathbb{P}\left(\bar{X} - z_{1-\frac{\alpha}{2}} \frac{\sigma_0}{\sqrt{n}} < \mu < \bar{X} + z_{1-\frac{\alpha}{2}} \frac{\sigma_0}{\sqrt{n}}\right) = 1 - \alpha.$$

Ekkor a konfidenciaintervallum immár egy konkrét mintára a fenti alapján:

$$\left[\bar{x} - z_{1-\frac{\alpha}{2}} \frac{\sigma_0}{\sqrt{n}}, \bar{x} + z_{1-\frac{\alpha}{2}} \frac{\sigma_0}{\sqrt{n}}\right].$$

Tipikusan $\alpha = 0,05$, amint mondtuk, ekkor $1 - \alpha = 95\%$ -os konfidenciaintervallumról beszélünk.

Nagyon fontos megfigyelni, hogy csak mintavétel *előtt* vannak valószínűségi változók („nagy betűk”), *utána* már nem („kis betűk”) – ezért használtuk a megbízhatóság szót a valószínűség helyett. Mintavétel *után* ugyanis már nem tehetünk olyan kijelentést, hogy a megkonstruált CI 95%-os „valószínűséggel” tartalmazza a valódi, sokasági paramétert, hiszen ha már egy realizálódott minta van a kezünkben, akkor elvileg akárhol lehet a valódi érték, erről semmi közelebbit nem tudunk mondani. Valószínűséget csak a (szükségképp képzeletbeli) „ismételt mintavételi” értelemben tudunk behozni a feladatba, ezért használjuk megkülönböztetésül a megbízhatóság szót. Így kell érteni, hogy a konfidenciaintervallum jellemzi, hogy „hol lehet” a valódi (sokasági) paraméter.

A születési tömegek 95%-os konfidenciaintervalluma [2840,0–3049,2] gramm. (Megjegyezzük, hogy ez a fentitől kissé eltérő módszerrel készült, ami tekintettel van arra is, hogy itt most – szemben a fenti példával – nem ismerjük *a priori* a sokaság szórását.) Ez azt jelenti, hogy a *legjobb* tippünk a születési tömeg sokasági várható értékére a 2944,6 gramm, de azt is tudjuk ezen felül mondani, hogy bár ez csak bizonytalan tipp (hiszen a becslt érték mintáról-mintára ingadozik), de 95%-os *megbízhatósággal* azért kijelenthető, hogy nem kisebb a keresett, ismeretlen sokasági várható érték mint 2840,0 gramm és nem nagyobb mint 3049,2 gramm. (Amit úgy értünk, hogy azt becsüljük, hogy ha a sokaságból 100 mintát vennénk, és mindegyikből ugyanígy megkonstruálnánk a konfidenciaintervallumokat, akkor várhatóan 95 esetben tartalmazná a CI a valódi, sokasági értéket.) Érdeemes megfigyelni, hogy a konfidenciaintervallum két végpontja szimmetrikus a pontbecslésre; ez a várható érték becslésére jellemző, de más paramétereknél nem feltétlenül van így.

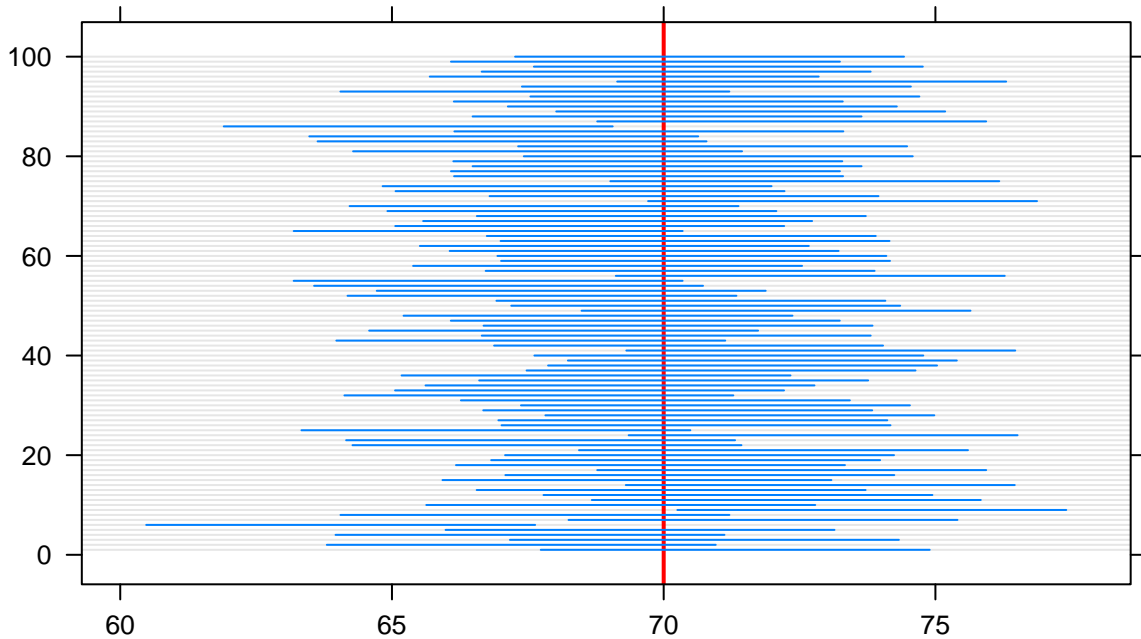
Itt is hasznos mindezeket egy szimulációval szemléltetni (4.3. ábra).

```
SimData <- data.frame(idx = 1:100, CI = t(replicate(100, TeachingDemos::z.test(rnorm(30,
  70, 10), stdev = 10)$conf.int)))
Hmisc::Dotplot(idx ~ Hmisc::Cbind(NA, CI.1, CI.2), data = SimData, abline = list(v = 70,
  col = "red", lwd = 2), ylab = "")
```

4.3. Hipotézisvizsgálat

Az induktív statisztika másik nagy ága a hipotézisvizsgálat. A hipotézisvizsgálat nagyon sok szempontból a becslélmélet, ezen belül is az intervallumbecslés elméletének ikertestvére (ami ekvivalens, csak átfogalmazottan felírt egyenletekre vezet), mégis, saját szóhasználata, fogalomköre, és hatalmas gyakorlati jelentősége indokolja, hogy külön tárgyaljuk.

Amíg a becslélmélettől azt vártuk, hogy nyilatkozzon egy számunkra ismeretlen jellemzőről, addig a hipotézisvizsgálat esetében van előzetes elképzelésünk a jellemző értékéről (például, hogy egy adott számmal egyenlő) – csak épp nem tudjuk, hogy ez igaz-e. Ha az előzetes feltevésünk mintára vonatkozna, akkor nem is volna semmi probléma: kiszámítjuk a jellemzőt a mintából, és megnézzük, hogy teljesült-e a feltevésünk. Mivel azonban a feltevés a sokaságra vonatkozik, így megint csak visszatérünk oda, hogy erről biztos döntést hozni lehetetlen minta alapján – de valószínűségit lehet. Nem tudjuk megmondani, hogy a sokaság átlagos testtömege 70 kg-e, ha a mintabeli átlag 65 kg... de meg fogjuk tudni mondani (egyéb mintaadatok



4.3. ábra. Konfidenciaintervallumok szemléltetése szimulációval.

felhasználásával), hogy *mennyire hihető*, hogy 70 kg a sokasági átlag. Erre szolgál a hipotézisvizsgálat. Már most fontos megjegyezni, hogy a hipotézisvizsgálat logikája bizonyos szempontból fordított: az előbbi kérdés ellentétére keresi a választ, arra, hogy ha 70 kg *lenne* a sokasági átlag, akkor mennyire lenne valószínű, hogy ettől olyannyira eltérő eredményt kapunk, mint a 65 (vagy annál is kisebb). Ha nagyon, akkor azt mondjuk, hogy „minden bizonnyal” nem 70 kg volt az átlag.

A problémát nyilván az adja, hogy – maradva a fenti példánál – nem tudhatjuk, hogy mi okozta ezt az 5 kg különbséget. Valójában tényleg 70 kg a sokaság átlaga, csak a mintavételi ingadozás játéka miatt pont olyan mintát fogtunk ki, amiben picit kisebb volt az átlag, vagy ez az 5 kg különbség olyan nagy, ami túlmutat a mintavételi ingadozáson, és azt kell feltételeznünk, hogy a háttérben sokasági hatás (is) van (tehát, hogy a sokasági átlag kisebb mint 70 kg)...?

Amint a fentiekből is kiderült, a hipotézisvizsgálat mindig a sokaságra megfogalmazott állításból indul ki. Valójában nem is egy, hanem rögtön két állítást használ a hipotézisvizsgálat; nevük nullhipotézis (H_0) és ellenhipotézis (H_1) melyek jellemzően egymás komplementerei. (Azaz egymást kizárják, de a kettőből valamelyik biztosan fennáll.) A fenti példát így írhatnánk:

$$H_0 : \mu = \mu_0$$

$$H_1 : \mu \neq \mu_0$$

úgy, hogy $\mu_0 = 70$ kg.

Amit fontos észben tartani, hogy hipotézisvizsgálatnál az erős döntés mindig az elutasítás tud lenni, ezért a legtöbb próba úgy van megszerkesztve, hogy a szakmailag „izgalmas” állítás, a tudományos nóvum (hatásos a

gyógyszer, van eltérés a laboreredményben stb.) az ellenhipotézisbe kerüljön. Pontosan emiatt az elutasítás esetén nagyon gyakran – szinonimaként – azt mondjuk, hogy a „próba szignifikáns”.

A hipotézisvizsgálat központi eszköze a **próbafüggvény** (vagy más szóval **tesztstatisztika**). Az egész eszköz együtt **tesztnek** vagy **próbának** nevezzük. A próbafüggvény a mintaelemek függvénye, ilyen módon a próbafüggvénynek is eloszlása lesz. És itt jön a kulcs: a próbafüggvényt úgy választjuk meg, hogy H_0 fennállása esetén valamilyen *pontosan ismert* eloszlást kövessen; ezt szokás *nulleloszlásnak* is nevezni. Természetesen a próbafüggvény *konkrét értéke* függeni fog a mintaelemektől, de az *eloszlása* nem függhet ettől (sem más, ismeretlen paramétertől, ha volna ilyen).

Hogy megértsük, hogy ez miért lesz alkalmas a hipotézispárról történő (valószínűségi) döntéshozatalra, nézzünk egy konkrét példát. Folytatva az előző példát, tegyük fel, hogy sokaságunk eloszlása normális, ismert szórással. Amint már megbeszéltük, ekkor $\bar{X} \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma_0^2/n)$. Ez tehát a mintaelemek függvénye, és elvileg próbafüggvénynek is nevezhető, mert ha érvényesítjük rajta H_0 -t (azaz H_0 -t igaznak fogadjuk el), akkor azt kapjuk, hogy $\bar{X} \sim \mathcal{N}(\mu_0, \sigma_0^2/n)$, ami valóban már nem függ ismeretlen paramétertől. Ezzel, és a technika-
ilag szintén megfelelő $\bar{X} - \mu_0 \sim \mathcal{N}(0, \sigma_0^2/n)$ -nel is az a gyakorlati baj azonban, hogy nagyon nehézkes lenne a használatuk, hiszen bár a nulleloszlás ismert, de minden μ_0 -ra, σ_0 -ra és n -re más és más – azaz ezektől függően minden egyes hipotézisvizsgálathoz elő kéne keresni az adott eloszlást.

A $\bar{X} - \mu_0$ azonban már mutatja az utat: próbálkozzunk a $\frac{\bar{X} - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}}$ próbafüggvénnyel (jele általában Z)! Ez már minden szempontból tökéletes lesz, hiszen nulleloszlása $\mathcal{N}(0, 1)$, azaz minden paramétertől függetlenül ugyanaz; egyetlen eloszlással elvégezhető az összes ilyen típusú hipotézisvizsgálat e körülmények között.

Foglaljuk össze hol tartunk! Konstruáltunk egy olyan függvényét a mintaelemeknek, melynek ismerjük az eloszlását *ha* fennáll a nullhipotézis. Ki tudjuk azt is számolni, hogy mennyi ennek a próbafüggvénynek az értéke a konkrét (realizálódott) mintánkból; ezt szokás empirikus értéknek (z_{emp}) is nevezni. Innentől úgy okoskodhatunk: biztos döntést lehetetlen hozni (ez az előbbi példán nagyon jól látszik: a $\mathcal{N}(0, 1)$ nulleloszlás tartója az egész számegyenes, tehát még ha fenn is áll a nullhipotézis, elvileg *akármilyen* szám realizálódhat belőle, az elvileg bármilyen szám lehet a mintából kiszámított próbafüggvény értéke, azaz z_{emp}), de mégis, mennyire hihető, hogy a szaggatott vonallal jelölt érték a folytonosan behúzott eloszlásból realizálódott a következő esetekben (4.4. ábra).

Érezhető, hogy bár *elvileg* mindkettő előfordulhat, de a bal oldalt *hajlamosak vagyunk* elhinni, a jobb oldalánál viszont épp ellenkezőleg, *hajlunk arra*, hogy azt gondoljuk, hogy az empirikus érték valójában más eloszlásból realizálódott. Noha elvileg a bal oldali is jöhet más eloszlásból, és a jobb oldali is ebből – ezért a bizonytalan megfogalmazások, mutatva, hogy ezek csak valószínűségi állítások.

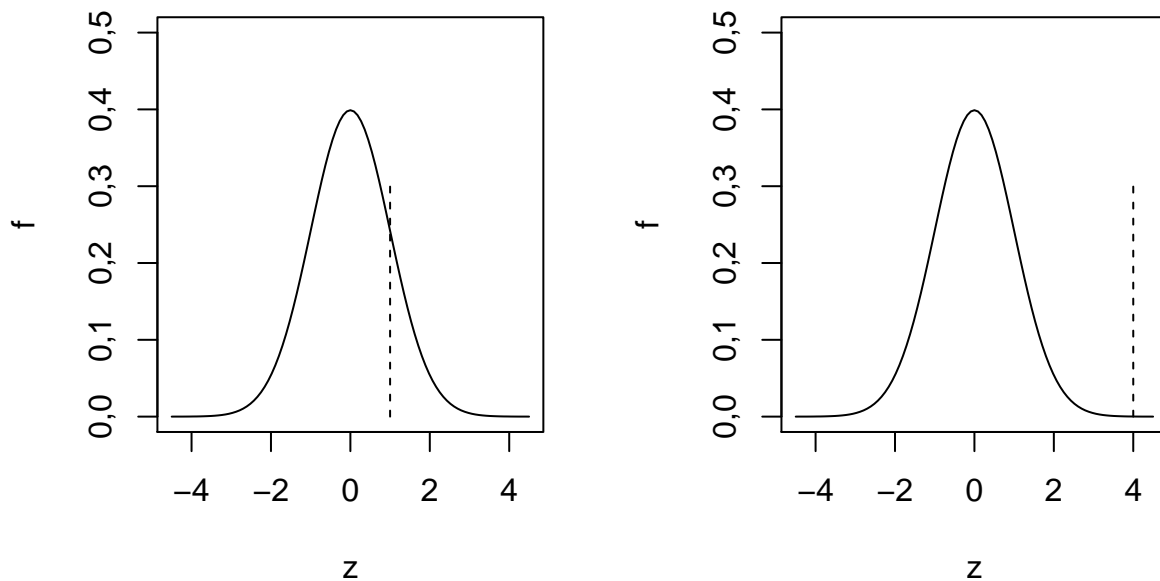
Precízebben megfogalmazva: az kicsi valószínűségű esemény ($\mathcal{N}(0, 1)$ eloszlás esetén), hogy ± 3 -on kívül számot kapjunk. Ha *mégis* ilyen érték jön ki, akkor joggal kérdőjelezzük meg, hogy a próbafüggvény ilyen eloszlást követett – márpedig, ha fennáll a nullhipotézis, akkor ilyen eloszlást *kell*ett követnie, így más szóval mi most arra következtettünk, hogy nem áll fenn a nullhipotézis!

Ez persze bizonytalan döntés, és itt jól látszik ennek az oka: nagyon is kijöhet ± 3 -on kívül szám *még akkor is*, ha fennáll a nullhipotézis, sőt, ennek a valószínűsége akár számszerűen is meghatározható ($\Phi(-3) + [1 - \Phi(3)]$ ami kb. 0,27%). Ha a ± 3 -on kívüli tartományra mondjuk az, hogy ide eső empirikus tesztstatisztika esetén „már nem hisszük el”, hogy fennállt a nullhipotézis, akkor pontosan 0,27% valószínűséggel fogunk hibás döntést hozni: ekkora a valószínűsége ugyanis, hogy fennálló H_0 esetén is ilyen extrém tesztstatisztika jöjjön ki.

Ha ez számunkra túl nagy, akkor megtehetjük, hogy mondjuk csak a ± 4 -en kívüli értékeket tekintjük „gyanúsaknak” – csakhogy ekkor a valódi különbségek felderítését is megnehezítjük.

Az tehát egy kompromisszum eredménye, hogy „hol húzzuk meg a határt”. A gyakorlatban ezt úgy hajtjuk végre, hogy az eloszlás legextrémebb, tehát a nullhipotézis fennállása esetén várt értéktől legtávolabb eső részein (a mostani példánkban: mindkét szélén szimmetrikusan) kijelölünk egy olyan tartományt, melynek egy adott, kicsi érték (jele α) a valószínűsége³. Más szóval azt mondjuk, hogy ebbe az intervallumba elvileg

³Egy tartomány valószínűsége alatt most azt értjük, hogy adott eloszlás mellett mekkora annak a valószínűsége, hogy az eloszlásból realizálódott érték a tartományba esik, azaz mennyi a sűrűségfüggvény integrálja a tartomány felett.



4.4. ábra. A hipotézisvizsgálat alapgondolatának szemléltetése.

ugyan eshet egy realizálódott érték akkor is, ha a nulleloszlás fennáll, de ennek olyan kicsi a valószínűsége, hogy ezt már nem tartjuk hihetőnek (hivatkozva arra, hogy ez a tartomány fekszik a legtávolabb nullhipotézis fennállása esetén várt értéktől). Tökéletesen látszik azonban, hogy csak bizonytalan döntést tudunk hozni: ez a kijelentésünk *automatikusan* az esetleges hibázás elfogadását jelenti – nagyon is tudjuk, hogy ebbe a tartományba eshet a realizálódott érték a nulleloszlás fennállása esetén is, mi *mégis* azt mondjuk, hogy ekkor már nem hisszük el a nullhipotézist. Mivel a normális eloszlás tartója az egész számegyenes, így egyértelmű, hogy ennél jobbat nem tudunk tenni, valahol korlátot kell húznunk.

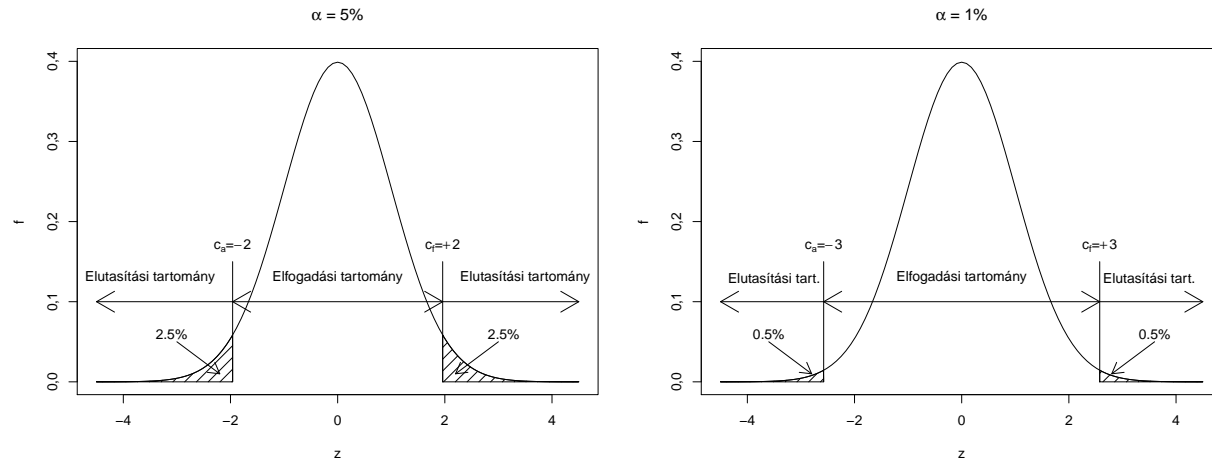
Ilyen módon kijelöltük, hogy milyen empirikus tesztstatisztika-értékek esetén fogadjuk el a nullhipotézist (**elfogadási tartomány**), és milyenek esetén nem (**elutasítási (vagy kritikus) tartomány**). Látható, hogy a tartományok helyét az α valószínűség szabja meg, ennek a valószínűségnek a neve: **szignifikanciaszint**.

Ebben a feladatban a túl magas és a túl alacsony tesztstatisztika érték is ugyanúgy az elvetés irányába mutat⁴, így az elfogadási tartományt valóban a nullára szimmetrikusan jelöljük ki. Ha például azt mondjuk, hogy a szignifikanciaszint 5%, azaz a legextrémebb 5%-nyi területen utasítsunk el, akkor azt úgy tehetjük meg, hogy a nulleloszlás alsó és a felső szélén is 2,5-2,5%-nyi valószínűséget vágunk le. Ezeket a „szétvágási pontokat”, melyek az elutasítási és az elfogadási tartományokat határolják, **kritikus értékeknek** szokás nevezni. Mivel a nulleloszlás ismert, így ezek könnyen számszerűsíthetők is mint a 0,025-ös és a 0,975-ös kvantilisei az eloszlásnak; például $\alpha = 5\%$ -ra a két kritikus érték a $c_a = -1,96$ alsó kritikus érték és a $c_f = +1,96$ felső kritikus érték.

Mindezeket összefoglalóan szemlélteti a 4.5. ábra, $\alpha = 5$ és $\alpha = 1\%$ -os szignifikanciaszintekre.

Amint arra már utaltunk is, α beállításával a hipotézisvizsgálatban elkövethető kétféle hiba között egyensúlyozunk. Az egyik tévedési lehetőség, hogy fennáll a nullhipotézis, mi mégis elvetünk (ennek neve **elsőfajú hiba**; a valószínűsége felett nagyon is erős kontrollunk van, hiszen az épp α); a másik hibázási lehetőség,

⁴Ez nem szükségszerű, a hipotézispár függvényében léteznek ún. egyoldali próbák is, de ezzel most nem foglalkozunk.



4.5. ábra. A hipotézisvizsgálat döntésének szemléltetése két szignifikanciaszint mellett.

hogy elvethetnénk a nullhipotézis, mi mégis elfogadunk (ennek neve **másodfajú hiba**, a valószínűségét β -val szokás jelölni; β értékét nem tudjuk jól kézben tartani, hiszen attól is függ, hogy konkrétan milyen ellenhipotézis áll fenn, amit általában mi sem tudhatunk). Ha α -t növeljük („beljebb húzzuk” a kritikus értékeket, növeljük az elutasítási, csökkentjük az elfogadási tartomány méretét), akkor megemeljük a téves elutasítás, és lecsökkentjük a téves elfogadás valószínűségét, ha α -t csökkentjük („kijebb toljuk” a kritikus értékeket, növeljük az elfogadási, csökkentjük az elutasítási tartomány méretét), akkor megemeljük a téves elfogadás, és lecsökkentjük a téves elutasítás valószínűségét. Az $\alpha = 5\%$ egy tipikus kompromisszum a kétféle hibázás között. Kiegészítésként megjegyezzük, hogy $(1 - \beta)$ -t a próba **erejének** szokás nevezni (hiszen azt mutatja meg, hogy ha a valóságban nem áll fenn a nullhipotézis, akkor azt mekkora valószínűséggel fogjuk detektálni).

A fentiekből is érezhető, hogy egy próba eredményének olyan formában történő megadása, hogy „5%-on szignifikáns” nem a legszerencsésebb, hiszen rögtön adódik a kérdés: vajon 1%-on is szignifikáns lett volna? És 0,1%-on? Nem mindegy, hiszen egy olyan eredmény, mely 5%-on szignifikáns, de 4%-on nem, sokkal nagyobb bizonytalanságú, mint egy olyan, ami 0,1%-on is szignifikáns. Megoldás lehetne a tesztstatisztika konkrét értékének megadása, ez azonban gyakorlati szempontból nehézkes, hiszen így minden esetben meg kéne nézni, hogy mi a nulleloszlás (hiszen a tesztstatisztika empirikus értékét muszáj ahhoz viszonyítani). Éppen ezért a mai gyakorlatban inkább azt adják meg, hogy *melyik lenne* az a szignifikanciaszint, ami mellett a tesztstatisztika empirikus értéke épp az elutasítás és az elfogadás határa kerülne. Ennek neve: **p-érték** (vagy empirikus szignifikanciaszint). Például, gondoljuk azt, hogy próbánk 5%-on elutasít. Ekkor elkezdjük az α -t csökkenteni (ezzel kijebb húzzuk a kritikus értékeket, bővítjük az elfogadási, szűkítjük az elutasítási tartomány). Elérjük a 4%-ot, az empirikus tesztstatisztikánk még mindig az elutasítási tartományban van, tovább csökkentjük az α -t, és így tovább... míg nem egyszer csak azt vesszük észre, hogy mondjuk 2,31%-on még elutasít a teszt, de 2,29%-on már nem. Ekkor azt mondjuk, hogy a teszt **p-értéke** 2,3%.

A **p-érték** tehát nem más, mint a szignifikanciaszint akkor, ha a megfelelő (alsó vagy felső) kritikus értéket a tesztstatisztika empirikus értékének helyére helyezzük át. (A másikat pedig, értelemszerűen, az ellentétére, hiszen a kritikus értékek ebben ez esetben – ahogy már megbeszéltük – szimmetrikusak.) Ebből az is következik, hogy a **p-érték** számszerűen a nulleloszlás integrálja az empirikus tesztstatisztikától extrémebb irányba (illetve ennek kétszerese), ugyanúgy, ahogy az α is – definíció szerint – a nulleloszlás integrálja a kritikus értékektől extrémebb irányokba (és itt, ahogy megbeszéltük, a kritikus érték szerepét az empirikus tesztstatisztika játssza). Ennek meghatározása tehát manapság már számítástechnikai szempontból is problémamentes.

Világos, hogy **p-érték** az elvetésben való bizonyosságunkat fejezi ki. Ez az eredményközlés azért rendkívül praktikus, mert – szemben az előzőekkel – az olvasó „elvégezheti magának” a hipotézisvizsgálatot, és *bármilyen szignifikanciaszinten* döntést hozhat. A **p-érték**nél magasabb szignifikanciaszinteken elutasítás lesz

a döntés (ekkor bővebb az elutasítási tartomány, bele fog esni az empirikus tesztstatisztika), a p -értéknél alacsonyabb szinteken pedig elfogadás (az elutasítási tartomány szűkebb, az empirikus tesztstatisztika az elfogadási tartományba fog esni).

Végezetül egy fontos gyakorlati kérdésre hívjuk fel a figyelmet. Amint már megbeszéltük, az α azt mutatja meg, hogy egy adott próba mekkora valószínűséggel ad téves jelzést. (Emlékezzünk rá, hogy általában mi az elutasítást keressük!) Igen ám, de ha mi két próbát végzünk egymástól függetlenül *úgy*, hogy akkor is találatot deklarálunk, ha *legalább* az egyik teszt szignifikáns lett, akkor valójában már *nem* α valószínűséggel kapunk jelzést akkor is, ha nincs hatás (egyik esetben sem), hanem $1 - (1 - \alpha)^2$ valószínűséggel! (Hiszen a hibás jelzés annak a komplementere, hogy mindkét teszt jó döntés ad, mivel pedig függetlenek, ezek valószínűsége összeszorozódik.) Ez pedig nagyon nem mindegy, a tipikus $\alpha = 5\%$ -ra ez a valószínűség már $9,75\%$! Tehát valójában majdnem a nominális szignifikanciaszint kétszerese lesz annak a valószínűsége, hogy kapunk elutasítást – miközben a valóságban nincs is hatás egyik esetben sem! Ezt a jelenséget szokás α -inflációnak nevezni. (A kétféle α -t pedig néha megkülönböztetésül comparisonwise (α_C) α -nak illetve familywise (α_F) α -nak nevezik. Az előbbi annak a valószínűsége, hogy egy teszt hibás jelzést ad (ez az eddig tárgyalt α), az utóbbi annak a valószínűsége, hogy tesztek egy családjából *legalább egy* lesz, ami hibás jelzést ad.) Az összefüggés a kettő között tehát:

$$\alpha_F = 1 - (1 - \alpha_C)^k,$$

ahol k az elvégzett próbák száma.

Azt a helyzetet, amikor egymással párhuzamosan több, egymástól független hipotézisvizsgálatot futtatunk (és vagylagosan keresünk szignifikáns eredményt), **többszörös összehasonlítások helyzetének** szokás nevezni.

A dolog azt sugallja számunkra, hogy ha sok tesztet végzünk párhuzamosan, akkor valamit tenni kell az ellen, hogy ne találjuk túl könnyen fals elutasításokat. A legegyszerűbb megoldás, ha a tesztenkénti (comparisonwise) szignifikanciaszintet lecsökkentjük. Például, az ún. Bonferroni-egyenlőtlenség szerint $1 - (1 - \alpha)^k \leq \alpha \cdot k$, ezért durva becsléssel úgy korrigálhatjuk a szignifikanciaszintet, hogy elosztjuk a célszintet az elvégzett hipotézisvizsgálatok számával. Ez garantálja, hogy a k teszt elvégzését *együttesen tekintve* sem lehet a kitűzött szignifikanciaszint feletti az elsőfajú hibák aránya.

A módszer hátránya, hogy túl drasztikus: annyira megnehezíti a nullhipotézis elvetését, hogy a valós különbségek is „el fognak veszni”. Vannak módszerek, melyek ezt enyhítik (pl. Holm–Bonferroni-korrekció), illetve melyek teljesen más elven próbálják elérni az α -infláció enyhítését (pl. FDR). Ennek a kérdéskörnek például a microarray adatok kiértékelése kapcsán (ahol elképesztő mennyiségű tesztet kell függetlenül végezni) nagyon megnőtt a jelentősége; ettől eltekintve azonban az orvosok általában nem viszik túlzásba a védekezést ez ellen...

Itt hívjuk fel a figyelmet az ún. **szignifikanciavadászat** jelenségére. Ez lényegében nem más, mint a többszörös összehasonlítások helyzetének rosszindulatú kiaknázása inkorrekt következtetésre. A szignifikanciavadászat jelenségét inkább egy példával illusztráljuk: tegyük fel, hogy bizonyítani akarjuk, hogy a hétfőn és kedden született emberek laboreredményei között szignifikáns eltérés van. Bár ez ránézésre látható módon abszurdum, a fentiek kihasználásával tulajdonképpen nem is nehéz bizonyítani: manapság már a rutinszerűen vizsgált laborparaméterek száma is eléri a 20-30-at, így nincs más dolgunk, mint mindegyiket összehasonlítani! Természetesen valós különbség sehol nem lesz, de mivel 5% valószínűséggel mindegyik adhat téves jelzést, így 30 között már az lenne a meglepő, ha nem kapnánk egyetlen elutasítást sem. Ha a vizsgálatot – korrekt módon – úgy publikáljuk le, hogy összehasonlítottunk 30 laborváltozót 5% -on, és közülük 1 esetben, az XYZ-nél szignifikáns különbséget találtunk, akkor mindenki rögtön tudni fogja, hogy mi történt (azaz, hogy nem jelenthetjük ki, hogy találtunk bármit is). Igen ám, de ha inkorrekt módon játszunk, akkor azt tesszük, hogy a cikket úgy írjuk meg, hogy mi *előre* tudtuk, hogy XYZ-ben lesz különbség (mert van egy ragyogó kórélettani modellünk, mely az XYZ termelését a születés napjával hozza összefüggésbe), és ezért *célirányosan* XYZ-t leteszteltük, és lám: valóban szignifikáns különbséget is kaptunk...! Ezzel szemben nehéz védekezni, hiszen magából az eredményközlésből nem lehet rájönni, hogy mi történt (de természetesen a vizsgálat reprodukciója azonnal lebuktatja a csalást).

Zárásként részletesebb indoklás nélkül felhívjuk három összefüggésre a figyelmet.

1. Nagyon fontos gyakorlati probléma, hogy adott feladat vizsgálatára konkrétan melyik próbát használjuk. Ez közel sem triviális kérdéskör, ugyanis a feladat önmagában még nem determinálja a próbát: sok feladat van, amire akár tucatnyi különböző próba is elérhető; ezek tipikusan az előfeltevéseikben különböznek. (Azaz, hogy milyen *a priori* megkötésekkel élnek a sokaságra vonatkozóan.) Ennek kapcsán arra hívjuk fel a figyelmet, hogy egyrészt ha egy próba előfeltevései nem teljesülnek, de mi mégis alkalmazzuk, akkor nem garantált, hogy valid végeredményt kapunk, másrészt viszont a több előfeltevésre építő próbáknak általában kisebb az erejük. A tanulság, hogy mindig annyi előfeltevésre építő próbát használjunk, amennyit tudunk, se többet se kevesebbet: amely előfeltevésekről tudjuk, hogy teljesülnek (a priori!) azokat építsük be a próbaválasztásba... de többet ne.
2. Rögtön itt érdemes megjegyezni, hogy – bár egyes statisztikai programcsomagok notóriusan az ellenkezőjét sugallják – elvileg nem illik az alapján dönteni, hogy milyen próbát használunk, hogy az előfeltevéseit *ugyanazon* mintán *egy másik próbával* leellenőrizzük. Ezért hangsúlyoztuk az előbbi pontban, hogy a feltevésekről *a priori* kell döntenünk (korábbi eredmény, másik mintán végzett teszt stb. alapján).
3. Végül felhívjuk a figyelmet, hogy egy próba erejét önmagában növeli a nagyobb mintanagyság. Pontosan ezért a klasszikus mondás szerint: „kis hatás kimutatásához nagy minta kell, nagy hatáshoz elég a kisebb minta is!”.

Mutatunk egy példát a hipotézisvizsgálat alkalmazására is: vizsgáljuk meg azt a kérdést, hogy a dohányzó anyák újszülötteinek születési tömege eltér-e a nemdohányzó anyák újszülötteitől!

Az első kérdés, hogy mit értünk az alatt, hogy „eltér”. Ezt többféleképp is lehetne operacionalizálni, most maradjunk annál a – kézenfekvő, és klinikailag is releváns – megközelítésnél, hogy a várható születési tömegük kisebb-e. (Tehát a kérdést a várható értékek egyezésére hegyezzük ki, nem az érdekel minket, hogy például a szórása a születési tömegeknek eltér-e a két csoportban.)

Az adatbázisban 115 nemdohányzó és 74 dohányzó anyától származó újszülött van. Gyorsan kiszámolhatjuk, hogy az előbbi csoportban az újszülöttek átlagos születési tömege 3055,7 gramm, míg az utóbbiban 2771,9 gramm. Mondhatjuk akkor, hogy a dohányzó anyák újszülöttjei kisebb tömegűek? Természetesen nem! Ez ugyanis csak annyit mondott, hogy a *mintában* kisebb a tömegük, de minket természetesen nem a konkrét minta érdekel, hanem a sokaság! Kijelenthetjük ez alapján, hogy a sokaságban is kisebb a dohányzó anyák újszülöttjeinek a várható születési tömege? Nem, a helyzet nem ilyen egyszerű: elképzelhető, hogy mindkét csoportnak ugyanannyi (a sokaságban!) a várható születési tömege, csak épp pont olyan mintát vettünk, amiben a dohányzó anyáknál ez kisebb. (Ez természetesen tökéletes mintavétel esetén is előfordulhat – mintavételi ingadozás, ugyebár!) Sőt, akár az is lehet, hogy épp a dohányzó anyák újszülöttei nagyobb születési súlyúak várhatóan, csak a mintavétel ördöge az ő csoportjukból pont kicsi, a nemdohányzó csoportból meg nagyobb újszülötteket dobott ki.

A kérdésről tehát *biztosat* nem lehet mondani – de statisztikai próbával *valószínűségi kijelentést* tehetünk. Elsőként döntenünk kell arról, hogy milyen próbát alkalmazzunk. Ennek a részletei számunkra most nem fontosak, a lényeg csak a végeredmény: a körülmények (két független csoport, aránylag nagy mintanagyság mindkét csoportban, *a priori* nem ismert sokasági szórás) a választásunk az ún. Welch-próbára esik. Ennek nullhipotézise, hogy a két csoport várható értéke között nincs különbség, ellenhipotézise, hogy van, a két várható érték nem egyezik.

Végezzük el a próbát:

```
t.test(bwt ~ smoke, data = birthwt)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data:  bwt by smoke
## t = 3, df = 200, p-value = 0,007
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##    79 489
```

```
## sample estimates:
## mean in group 0 mean in group 1
##          3056          2772
```

A p -érték: $p = 0,007$, ez minden szokásos szignifikanciaszintnél kisebb (még az 1%-ot sem éri el), így kijelenthetjük: a várható értékek egyezésére vonatkozó nullhipotézis minden szokásos szignifikanciaszinten elvethető, azaz minden szokásos szignifikanciaszinten kijelenthető, hogy a két csoport (sokaságbeli!) várható értéke között különbség van. (Azaz: a mintában tapasztalt különbség olyan nagy (a minta egyéb jellemzőit is figyelembe véve), hogy az már túlmutat a mintavételi ingadozás hatásán, nem hihető, hogy betudható pusztán a mintavételi ingadozás hatásának. Azt kell feltételeznünk, hogy mögötte sokasági hatás (azaz sokaságban is eltérő várható érték) van.)

Mindezt röviden úgy is megfogalmazhatjuk, hogy a különbség szignifikáns, még más szóval, hogy a két csoport között lényeges különbség van. (Ebben a kontextusban a „lényeges” statisztikai értelemben szignifikánsat jelent.) Ez a jó pont arra, hogy felhívjuk a figyelmet a különbségre a – most definiált – *statisztikai szignifikancia* és a – köznapi értelmű – *klinikai szignifikancia* között. E kettőt mindig szigorúan különböztessük meg egymástól! A köznapi szóhasználatban a „lényeges különbség” alatt ugyanis azt értjük, hogy a tárgyterületi (esetünkben: orvosi) skálán mi bír jelentőséggel. 1 grammal nagyobb születési tömegnek semmi (klinikai) jelentősége (nem gondol az orvos más klinikai helyzetre, nem rendel más vizsgálat, más kezelést stb.), 500 grammnak nagyon is lehet. A statisztikai szignifikancia viszont *teljesen mást* mér: azt, hogy mennyire hihető, hogy a különbség betudható a mintavételi ingadozásnak! Adott esetben lehet 500 gramm különbség is (statisztikailag) inszignifikáns (ha nagy a szórás, vagy kicsi a mintanagyság), és lehet 1 gramm különbség is (statisztikailag) szignifikáns (ha kicsi a szórás, vagy nagy a mintanagyság).

Biztos ez a döntés? Természetesen nem! Bár a p -érték nagyon alacsony, de mivel nem nulla (soha nem is lehet az), így épp azt mutatja, hogy a döntésünkben mekkora bizonytalanság van – mert van benne.