9
Phân tích thống kê mô tả

Trong chương này, chúng ta sẽ sử dụng R cho mục đích phân tích thống kê mô tả. Nói đến thống kê mô tả là nói đến việc mô tả dữ liệu bằng các phép tính và chỉ số thống kê thông thường mà chúng ta đã làm quen qua từ thuở trung học như số trung bình (mean), số trung vị (median), phương sai (variance) độ lệch chuẩn (standard deviation) … cho các biến số liên tục, và tỉ số (proportion) cho các biến số không liên tục. Nhưng trước khi hướng dẫn phân tích thống kê mô tả, tôi muốn bạn đọc phải phân biệt cho được hai khái niệm *tổng thể* (population) và *mẫu* (sample).

9.0 Khái niệm tổng thể (population) và mẫu (sample)

Sách giáo khoa thống kê thường giải thích hai khái niệm này một cách mù mờ và có khi vô nghĩa. Chẳng hạn như cuốn "Modern Mathematical Statistics" (E. J. Dudewicz và S. N. Mishra, Nhà xuất bản Wiley, 1988) giải thích tổng thể rằng "population is a set of n distinct elements (points) $a_1, a_2, a_3, \ldots a_n$." (trang 24, tạm dịch: "tổng thể là tập hợp gồm n phần tử hay điểm $a_1, a_2, a_3, \ldots a_n$"), còn L. Fisher và G. van Belle trong "Biostatistics – A Methodology for the Health Science" (Nhà xuất bản Wiley, 1993), giải thích rằng "The sample space or population is the set of all possible values of a variable" (trang 38, tạm dịch "Không gian mẫu hay tổng thể là tập hợp tất cả các giá trị khả dĩ của một biến"). Đối với một nhà nghiên cứu thực nghiệm phải nói những định nghĩa loại này rất trừu tượng và khó hiểu, và dường như chẳng có liên quan gì với thực tế! Trong phần này tôi sẽ giải thích hai khái niệm này bằng mô phỏng và hi vọng là bạ đọc sẽ hiểu rõ hơn.

Có thể nói mục tiêu của nghiên cứu khoa học thực nghiệm là nhằm tìm hiểu và khám phá những cái *chưa được biết* (unknown), trong đó bao gồm những qui luật hoạt động của tự nhiên. Để khám phá, chúng ta sử dụng đến các phương pháp *phân loại*, *so sánh*, và *phỏng đoán*. Tất cả các phương pháp khoa học, kể cả thống kê học, được phát triển nhằm vào ba mục tiêu trên. Để phân loại, chúng ta phải đo lường một yếu tố hay tiêu chí có liên quan đến vấn đề cần nghiên cứu. Để so sánh và phỏng đoán, chúng ta cần đến các phương pháp kiểm định giả thiết và mô hình thống kê học.

Cũng như bất cứ mô hình nào, mô hình thống kê phải có thông số. Và muốn có thông số, chúng ta trước hết phải tiến hành đo lường, và sau đó là ước tính thông số từ đo lường. Chẳng hạn như để biết sinh viên nữ có chỉ số thông minh (IQ) bằng sinh viên nam hay không, chúng ta có thể làm nghiên cứu theo hai phương án:

(a) Một là lập danh sánh tất cả sinh viên nam và nữ trên toàn quốc, rồi đo lường chỉ số IQ ở từng người, và sau đó so sánh giữa hai nhóm;

(b) Hai là chọn ngẫu nhiên một mẫu gồm n nam và m nữ sinh viên, rồi đo lường chỉ số IQ ở từng người, và sau đó so sánh giữa hai nhóm.

Phương án (a) rất tốn kém và có thể nói là không thực tế, vì chúng ta phải tập hợp tất cả sinh viên của cả nước, một việc làm rất khó thực hiện được. Nhưng giả dụ như chúng ta có thể làm được, thì phương án này không cần đến thống kê học. Giá trị IQ trung bình của nữ và nam sinh viên tính từ phương án (a) là giá trị cuối cùng, và nó trả lời câu hỏi của chúng ta một cách trực tiếp, chúng ta không cần phải suy luận, không cần đến kiểm định thống kê gì cả!

Phương án (b) đòi hỏi chúng ta phải chọn *n* nam và *m* nữ sinh viên sao cho *đại diện* (representative) cho toàn quần thể sinh viên của cả nước. Tính "đại diện" ở đây có nghĩa là các số *n* nam và *m* nữ sinh viên này phải có cùng đặc tính như độ tuổi, trình độ học vấn, thành phần kinh tế, xã hội, nơi sinh sống. v.v… so với tổng thể sinh viên của cả nước. Bởi vì chúng ta không biết các đặc tính này trong toàn bộ tổng thể sinh viên, chúng ta không thể so sánh trực tiếp được, cho nên một phương pháp rất hữu hiệu là lấy mẫu một cách ngẫu nhiên. Có nhiều phương pháp lấy mẫu ngẫu nhiên đã được phát triển và tôi sẽ không bàn qua chi tiết của các phương pháp này, ngoại trừ muốn nhấn mạnh rằng, nếu cách lấy mẫu không ngẫu nhiên thì các ước số từ mẫu sẽ không có ý nghĩa khoa học cao, bởi vì các phương pháp phân tích thống kê dựa vào giả định rằng mẫu phải được chọn một cách ngẫu nhiên.

Tôi sẽ lấy một ví dụ cụ thể về tổng thể và mẫu qua ứng dụng R như sau. Giả dụ chúng ta có một tổng thể gồm 20 người và biết rằng chiều cao của họ như sau (tính bằng cm): 162, 160, 157, 155, 167, 160, 161, 153, 149, 157, 159, 164, 150, 162, 168, 165, 156, 157, 154 và 157. Như vậy, chúng ta biết rằng chiều cao trung bình của tổng thể là 158.65 cm. Xin nhấn mạnh đó là tổng thể.

Vì thiếu thốn phương tiện chúng ta không thể nghiên cứu trên toàn tổng thể mà chỉ có thể lấy mẫu từ tổng thể để ước tính chiều cao. Hàm `sample()` cho phép chúng ta lấy mẫu. Và ước tính chiều cao trung bình từ mẫu tất nhiên sẽ khác với chiều cao trung bình của tổng thể.

- Chọn 5 người từ tổng thể:

```
> sample5 <- sample(height, 5)
> sample5
[1] 153 157 164 156 149
```

Ước tính chiều cao trung bình từ mẫu này:

```
> mean(sample5)
[1] 155.8
```

- Chọn 5 người khác từ tổng thể và tính chiều cao trung bình:

```
> sample5 <- sample(height, 5)
> sample5
[1] 157 162 167 161 150
> mean(sample5)
[1] 159.4
```

Chú ý ước tính chiều cao của mẫu thứ hai là 159.4 cm (thay vì 155.8 cm), bởi vì chọn ngẫu nhiên, cho nên đối tượng được chọn lần hai không nhất thiết phải là đối tượng lần thứ nhất, cho nên ước tính trung bình khác nhau.

- Bây giờ chúng ta thử lấy mẫu 10 người từ tổng thể và tính chiều cao trung bình:

```
> sample10 <- sample(height, 10)
> sample10
 [1] 153 160 150 165 159 160 164 156 162 157
> mean(sample10)
[1] 158.6
```

Chúng ta có thể lấy nhiều mẫu, mỗi mẫu gồm 10 người và ước tính số trung bình từ mẫu, bằng một lệnh đơn giản hơn như sau:

```
> mean(sample(height, 10))
[1] 156.7
> mean(sample(height, 10))
[1] 157.1
> mean(sample(height, 10))
[1] 159.3
> mean(sample(height, 10))
[1] 159.3
> mean(sample(height, 10))
[1] 158.3
> mean(sample(height, 10))
```

Chú ý độ dao động của số trung bình từ 156.7 đến 159.3 cm.

- Chúng ta thử lấy mẫu 15 người từ tổng thể và tính chiều cao trung bình:

```
> mean(sample(height, 15))
[1] 158.6667
> mean(sample(height, 15))
[1] 159.4
> mean(sample(height, 15))
[1] 158.0667
> mean(sample(height, 15))
[1] 158.1333
> mean(sample(height, 15))
[1] 156.4667
```

Chú ý độ dao động của số trung bình bây giờ từ 158.0 đến 158.7 cm, tức thấp hơn mẫu với 10 đối tượng.

- Tăng cỡ mẫu lên 18 người (tức gần số đối tượng trong tổng thể)

```
> mean(sample(height, 18))
[1] 158.2222
> mean(sample(height, 18))
[1] 158.7222
> mean(sample(height, 18))
[1] 158.0556
> mean(sample(height, 18))
[1] 158.4444
> mean(sample(height, 18))
```

```
[1] 158.6667
> mean(sample(height, 18))
[1] 159.0556
> mean(sample(height, 18))
[1] 159
```

Bây giờ thì ước tính chiều cao khá ổn định, nhưng không khác gì so với cỡ mẫu với 15 người, do độ dao động từ 158.2 đến 159 cm.

Từ các ví dụ trên đây, chúng ta có thể rút ra một nhận xét quan trọng: Ước số từ các mẫu được chọn một cách ngẫu nhiên sẽ khác với thông số của tổng thể, nhưng khi số cỡ mẫu tăng lên thì độ khác biệt sẽ nhỏ lại dần. Do đó, một trong những vấn đề then chốt của thiết kế nghiên cứu là nhà nghiên cứu phải ước tính cỡ mẫu sao cho ước số mà chúng ta tính từ mẫu gần (hay chính xác) so với thông số của tổng thể. Tôi sẽ quay lại vấn đề này trong Chương 15.

Trong ví dụ trên số trung bình của tổng thể là 158.65 cm. Trong thống kê học, chúng ta gọi đó là *thông số* (parameter). Và các số trung bình ước tính từ các mẫu chọn từ tổng thể đó được gọi là *ước số mẫu* (sample estimate). Do đó, xin nhắc lại để nhấn mạnh: những chỉ số liên quan đến tổng thể là thông số, còn những số ước tính từ các mẫu là ước số. Như thấy trên, ước số có độ dao động chung quanh thông số, và vì trong thực tế chúng ta không biết thông số, cho nên chúng mục tiêu chính của phân tích thống kê là sử dụng ước số để suy luận về thông số.

Mục tiêu chính của phân tích thống kê mô tả là tìm những ước số của mẫu. Có hai loại đo lường: liên tục (continuous measurement) và không liên tục hay rời rạc (discrete measurement). Các biến liên tục như độ tuổi, chiều cao, trọng lượng cơ thể, v.v… là biến số liên tục, còn các biến mang tính phân loại như có hay không có bệnh, thích hay không thích, trắng hay đen, v.v… là những biến số không liên tục. Cách tính hai loại biến số này cũng khác nhau.

Ước số thông thường nhất dùng để mô tả một biến số liên tục là số trung bình (mean). Chẳng hạn như chiều cao của nhóm 1 gồm 5 đối tượng là 160, 160, 167, 156, và 161, do đó số trung bình là 160.8 cm. Nhưng chiều cao của nhóm 2 cũng gồm 5 đối tượng khác như142, 150, 187, 180 và 145, thì số trung bình vẫn là 160.8. Do đó, số trung bình không thể phản ánh đầy đủ sự phân phối của một biến liên tục, vì ở đây tuy hai nhóm có cùng trung bình nhưng độ khác biệt của nhóm 2 cao hơn nhóm 1 rất nhiều. Và chúng ta cần một ước số khác gọi là phương sai (variance). Phương sai của nhóm 1 là 15.7 cm^2 và nhóm 2 là 443.7 cm^2.

Với một biến số không liên tục như 0 và 1 (0 kí hiệu còn sống, và 1 kí hiệu tử vong) thì ước số trung bình không còn ý nghĩa "trung bình" nữa, cho nên chúng ta có ước số tỉ lệ (proportion). Chẳng hạn như trong số 10 người có 2 người tử vong, thì tỉ lệ tử vong là 0.2 (hay 20%). Trong số 200 người có 40 người qua đời thì tỉ lệ tử vong vẫn 0.2. Do đó, cũng như trường hợp trung bình, tỉ lệ không thể mô tả một biến không liên tục đầy đủ được. Chúng ta cần đến phương sai để, cùng với tỉ lệ, mô tả một biến không liên tục. Trong trường hợp 2/10 phương sai là 0.016, còn trong trường hợp 40/200, phương sai là

0.0008. Trong chương này, chúng ta sẽ làm quen với một số lệnh trong R để tiến hành những tính toán đơn giản trên.

9.1 Thống kê mô tả (descriptive statistics, `summary`)

Để minh họa cho việc áp dụng R vào thống kê mô tả, tôi sẽ sử dụng một dữ liệu nghiên cứu có tên là `igfdata`. Trong nghiên cứu này, ngoài các chỉ số liên quan đến giới tính, độ tuổi, trọng lượng và chiều cao, chúng tôi đo lường các hormone liên quan đến tình trạng tăng trưởng như `igfi, igfbp3, als,` và các markers liên quan đến sự chuyển hóa của xương `pinp, ictp` và `pinp`. Có 100 đối tượng nghiên cứu. Dữ liệu này được chứa trong directory `c:\works\stats`. Trước hết, chúng ta cần phải nhập dữ liệu vào R với những lệnh sau đây (các câu chữ theo sau dấu # là những chú thích để bạn đọc theo dõi):

```
> options(width=100)
# chuyển directory
> setwd("c:/works/stats")

# đọc dữ liệu vào R
> igfdata <- read.table("igf.txt", header=TRUE, na.strings=".")
> attach(igfdata)

# xem xét các cột số trong dữ liệu
> names(igfdata)
 [1] "id"        "sex"       "age"       "weight"    "height"    "ethnicity"
 [7] "igfi"      "igfbp3"    "als"       "pinp"      "ictp"      "p3np"

> igfdata
     id    sex age weight height ethnicity    igfi  igfbp3     als    pinp    ictp    p3np
1     1 Female  15     42    162     Asian 189.000 4.00000 323.667 353.970 11.2867  8.3367
2     2   Male  16     44    160 Caucasian 160.000 3.75000 333.750 375.885 10.4300  6.7450
3     3 Female  15     43    157     Asian 146.833 3.43333 248.333 199.507  8.3633 12.5000
4     4 Female  15     42    155     Asian 185.500 3.40000 251.000 483.607 13.3300 14.2767
5     5 Female  16     47    167     Asian 192.333 4.23333 322.000 105.430  7.9233  4.5033
6     6 Female  25     45    160     Asian 110.000 3.50000 284.667  76.487  4.9833  4.9367
7     7 Female  19     45    161     Asian 157.000 3.20000 274.000  75.880  6.3500  5.3200
8     8 Female  18     43    153     Asian 146.000 3.40000 303.000  86.360  7.3700  4.6700
9     9 Female  15     41    149     Asian 197.667 3.56667 308.500 254.803 11.8700  6.8200
10   10 Female  24     45    157   African 148.000 3.40000 273.000  44.720  3.7400  6.1600
...
...
97   97 Female  17     54    168 Caucasian 204.667 4.96667 441.333  64.130  5.1600  4.4367
98   98   Male  18     55    169     Asian 178.667 3.86667 273.000 185.913  7.5267  8.8333
99   99 Female  18     48    151     Asian 237.000 3.46667 324.333 105.127  5.9867  5.6600
100 100   Male  15     54    168     Asian 130.000 2.70000 259.333 325.840 10.2767  6.5933
```

Trên đây chỉ là một phần số liệu trong số 100 đối tượng.

Cho một biến số $x_1, x_2, x_3, ..., x_n$ chúng ta có thể tính toán một số chỉ số thống kê mô tả như sau:

Lí thuyết	Hàm R
Số trung bình: $\bar{x} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i$.	`mean(x)`
Phương sai: $s^2 = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2$	`var(x)`
Độ lệch chuẩn: $s = \sqrt{s^2}$	`sd(x)`
Sai số chuẩn (standard error): $SE = \frac{s}{\sqrt{n}}$	Không có
Trị số thấp nhất	`min(x)`
Trị số cao nhất	`max(x)`
Toàn cự (range)	`range(x)`

Ví dụ 1: Để tìm giá trị trung bình của độ tuổi, chúng ta chỉ đơn giản lệnh:

```
> mean(age)
[1] 19.17
```

Hay phương sai và độc lệch chuẩn của tuổi:

```
> var(age)
[1] 15.33444

> sd(age)
[1] 3.915922
```

Tuy nhiên, R có lệnh `summary` có thể cho chúng ta tất cả thông tin thống kê về một biến số:

```
> summary(age)
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  13.00   16.00   19.00   19.17   21.25   34.00
```

Nói chung, kết quả này đơn giản và các viết tắt cũng có thể dễ hiểu. Chú ý, trong kết quả trên, có hai chỉ số "`1st Qu`" và "`3rd Qu`" có nghĩa là first quartile (tương đương với vị trí 25%) và third quartile (tương đương với vị trí 75%) của một biến số. First quartile = 16 có nghĩa là 25% đối tượng nghiên cứu có độ tuổi bằng hoặc nhỏ hơn 16 tuổi. Tương tự, Third quartile = 34 có nghĩa là 75% đối tượng có độ tuổi bằng hoặc thấp hơn 34 tuổi. Tất nhiên số trung vị (median) 19 cũng có nghĩa là 50% đối tượng có độ tuổi 19 trở xuống (hay 19 tuổi trở lên).

R không có hàm tính sai số chuẩn, và trong hàm summary, R cũng không cung cấp độ lệch chuẩn. Để có các số này, chúng ta có thể tự viết một hàm đơn giản (hãy gọi là `desc`) như sau:

```
desc <- function(x)
  {
    av <- mean(x)
    sd <- sd(x)
    se <- sd/sqrt(length(x))
    c(MEAN=av, SD=sd, SE=se)
   }
```

Và có thể gọi hàm này để tính bất cứ biến nào chúng ta muốn, như tính biến `als` sau đây:

```
> desc(als)
      MEAN          SD          SE
301.841120  58.987189   5.898719
```

Để có một "quang cảnh" chung về dữ liệu `igfdata` chúng ta chỉ đơn giản lệnh `summary` như sau:

```
> summary(igfdata)
       id             sex          age            weight          height          ethnicity
 Min.   :  1.00   Female:69   Min.   :13.00   Min.   :41.00   Min.   :149.0   African  : 8
 1st Qu.: 25.75   Male  :31   1st Qu.:16.00   1st Qu.:47.00   1st Qu.:157.0   Asian    :60
 Median : 50.50               Median :19.00   Median :50.00   Median :162.0   Caucasian:30
 Mean   : 50.50               Mean   :19.17   Mean   :49.91   Mean   :163.1   Others   : 2
 3rd Qu.: 75.25               3rd Qu.:21.25   3rd Qu.:53.00   3rd Qu.:168.0
 Max.   :100.00               Max.   :34.00   Max.   :60.00   Max.   :196.0

      igfi            igfbp3           als             pinp             ictp
 Min.   : 85.71   Min.   :2.000   Min.   :192.7   Min.   : 26.74   Min.   : 2.697
 1st Qu.:137.17   1st Qu.:3.292   1st Qu.:256.8   1st Qu.: 68.10   1st Qu.: 4.878
 Median :161.50   Median :3.550   Median :292.5   Median :103.26   Median : 6.338
 Mean   :165.59   Mean   :3.617   Mean   :301.8   Mean   :167.17   Mean   : 7.420
 3rd Qu.:186.46   3rd Qu.:3.875   3rd Qu.:331.2   3rd Qu.:196.45   3rd Qu.: 8.423
 Max.   :427.00   Max.   :5.233   Max.   :471.7   Max.   :742.68   Max.   :21.237

      p3np
 Min.   : 2.343
 1st Qu.: 4.433
 Median : 5.445
 Mean   : 6.341
 3rd Qu.: 7.150
 Max.   :16.303
```

R tính toán tất cả các biến số nào có thể tính toán được! Thành ra, ngay cả cột `id` (tức mã số của đối tượng nghiên cứu) R cũng tính luôn! (và chúng ta biết kết quả của cột `id` chẳng có ý nghĩa thống kê gì). Đối với các biến số mang tính phân loại như `sex` và `ethnicity` (sắc tộc) thì R chỉ báo cáo tần số cho mỗi nhóm.

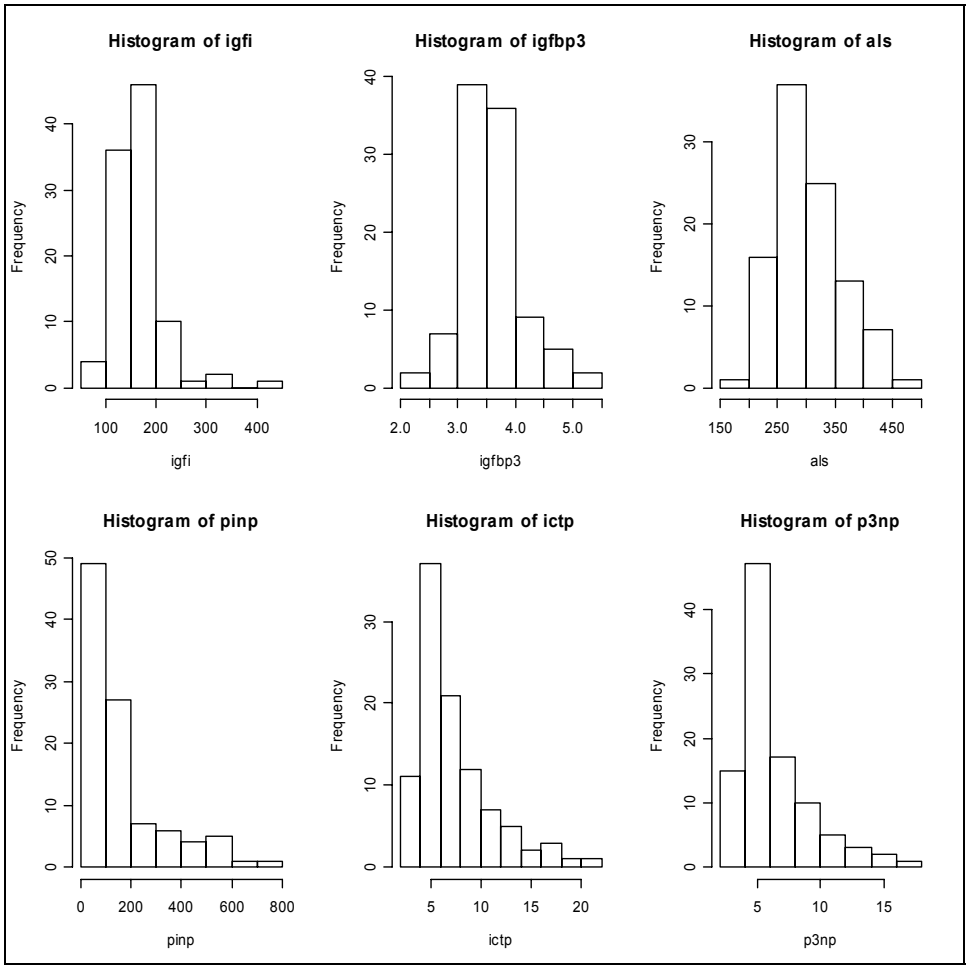
Kết quả trên cho tất cả đối tượng nghiên cứu. Nếu chúng ta muốn kết quả cho từng nhóm nam và nữ riêng biệt, hàm `by` trong R rất hữu dụng. Trong lệnh sau đây, chúng ta yêu cầu R tóm lược dữ liệu `igfdata` theo `sex`.

```
> by(igfdata, sex, summary)
```

```
sex: Female
       id           sex          age            weight          height     
 Min.   : 1.0   Female:69   Min.   :13.00   Min.   :41.00   Min.   :149.0  
 1st Qu.:21.0   Male  : 0   1st Qu.:17.00   1st Qu.:47.00   1st Qu.:156.0  
 Median :47.0               Median :19.00   Median :50.00   Median :162.0  
 Mean   :48.2               Mean   :19.59   Mean   :49.35   Mean   :161.9  
 3rd Qu.:75.0               3rd Qu.:22.00   3rd Qu.:52.00   3rd Qu.:166.0  
 Max.   :99.0               Max.   :34.00   Max.   :60.00   Max.   :196.0  
     ethnicity       igfi            igfbp3           als        
 African  : 4   Min.   : 85.71   Min.   :2.767   Min.   :204.3  
 Asian    :43   1st Qu.:136.67   1st Qu.:3.333   1st Qu.:263.8  
 Caucasian:22   Median :163.33   Median :3.567   Median :302.7  
 Others   : 0   Mean   :167.97   Mean   :3.695   Mean   :311.5  
                3rd Qu.:186.17   3rd Qu.:3.933   3rd Qu.:361.7  
                Max.   :427.00   Max.   :5.233   Max.   :471.7  
     pinp             ictp             p3np        
 Min.   : 26.74   Min.   : 2.697   Min.   : 2.343  
 1st Qu.: 62.75   1st Qu.: 4.717   1st Qu.: 4.337  
 Median : 78.50   Median : 5.537   Median : 5.143  
 Mean   :108.74   Mean   : 6.183   Mean   : 5.643  
 3rd Qu.:115.26   3rd Qu.: 7.320   3rd Qu.: 6.143  
 Max.   :502.05   Max.   :13.633   Max.   :14.420  
------------------------------------------------------------
sex: Male
       id             sex          age            weight          height     
 Min.   :  2.00   Female: 0   Min.   :14.00   Min.   :44.00   Min.   :155.0  
 1st Qu.: 34.50   Male  :31   1st Qu.:15.00   1st Qu.:48.50   1st Qu.:161.5  
 Median : 56.00               Median :17.00   Median :51.00   Median :164.0  
 Mean   : 55.61               Mean   :18.23   Mean   :51.16   Mean   :165.6  
 3rd Qu.: 75.00               3rd Qu.:20.00   3rd Qu.:53.50   3rd Qu.:169.0  
 Max.   :100.00               Max.   :27.00   Max.   :59.00   Max.   :191.0  
     ethnicity       igfi            igfbp3           als        
 African  : 4   Min.   : 94.67   Min.   :2.000   Min.   :192.7  
 Asian    :17   1st Qu.:138.67   1st Qu.:3.183   1st Qu.:249.8  
 Caucasian: 8   Median :160.00   Median :3.500   Median :276.0  
 Others   : 2   Mean   :160.29   Mean   :3.443   Mean   :280.2  
                3rd Qu.:183.00   3rd Qu.:3.775   3rd Qu.:311.3  
                Max.   :274.00   Max.   :4.500   Max.   :388.7  
     pinp             ictp             p3np        
 Min.   : 56.28   Min.   : 3.650   Min.   : 3.390  
 1st Qu.:135.07   1st Qu.: 6.900   1st Qu.: 5.375  
 Median :245.92   Median : 9.513   Median : 7.140  
 Mean   :297.21   Mean   :10.173   Mean   : 7.895  
 3rd Qu.:450.38   3rd Qu.:13.517   3rd Qu.:10.010  
 Max.   :742.68   Max.   :21.237   Max.   :16.303  
```

Để xem qua phân phối của các hormones và chỉ số sinh hóa cùng một lúc, chúng ta có thể vẽ đồ thị cho tất cả 6 biến số. Trước hết, chia màn ảnh thành 6 cửa sổ (với 2 dòng và 3 cột); sau đó lần lượt vẽ:

```
> op <- par(mfrow=c(2,3))
> hist(igfi)
> hist(igfbp3)
> hist(als)
> hist(pinp)
> hist(ictp)
> hist(p3np)
```



9.2 Kiểm định xem một biến có phải phân phối chuẩn

Trong phân tích thống kê, phần lớn các phép tính dựa vào giả định biến số phải là một biến số phân phối chuẩn (normal distribution). Do đó, một trong những việc quan trọng khi xem xét dữ kiện là phải kiểm định giả thiết phân phối chuẩn của một biến số. Trong đồ thị trên, chúng ta thấy các biến số như `igfi, pinp, ictp` và `p3np` có vẻ tập trung vào các giá trị thấp và không cân đối, tức dấu hiệu của một sự phân phối không chuẩn.

Để kiểm định nghiêm chỉnh, chúng ta cần phải sử dụng kiểm định thống kê có tên là "Shapiro test" và trong R gọi là hàm `shapiro.test`. Chẳng hạn như kiểm định giả thiết phân phối chuẩn của biến số `pinp`,

```
> shapiro.test(pinp)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  pinp
W = 0.748, p-value = 8.314e-12
```

Vì trị số p (p-value) thấp hơn 0.05, chúng ta có thể kết luận rằng biến số `pinp` không đáp ứng luật phân phối chuẩn.

Nhưng với biến số `weight` (trọng lương cơ thể) thì kiểm định này cho biết đây là một biến số tuân theo luật phân phối chuẩn vì trị số p > 0.05.

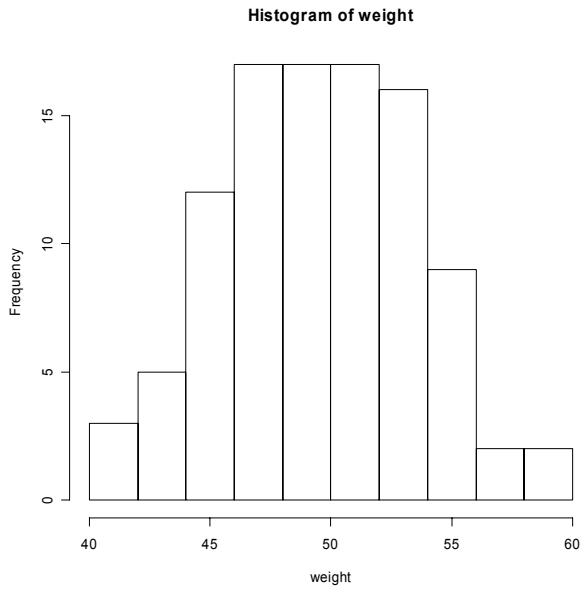
```
> shapiro.test(weight)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  weight
W = 0.9887, p-value = 0.5587
```

Thật ra, kết quả trên cũng phù hợp với đồ thị của `weight`:

```
> hist(weight)
```



9.3 Thống kê mô tả theo từng nhóm

Nếu chúng ta muốn tính trung bình của một biến số như igfi cho mỗi nhóm nam và nữ giới, hàm `tapply` trong R có thể dùng cho việc này:

```
> tapply(igfi, list(sex), mean)
  Female     Male
167.9741 160.2903
```

Trong lệnh trên, `igfi` là biến số chúng ta cần tính, biến số phân nhóm là `sex`, và chỉ số thống kê chúng ta muốn là trung bình (`mean`). Qua kết quả trên, chúng ta thấy số trung bình của `igfi` cho nữ giới (167.97) cao hơn nam giới (160.29).

Nhưng nếu chúng ta muốn tính cho từng giới tính và sắc tộc, chúng ta chỉ cần thêm một biến số trong hàm `list`:

```
> tapply(igfi, list(ethnicity, sex), mean)
            Female     Male
African   145.1252 120.9168
Asian     165.6589 160.4999
Caucasian 176.6536 169.4790
Others          NA 200.5000
```

Trong kết quả trên, `NA` có nghĩa là "not available", tức không có số liệu cho phụ nữ trong các sắc tộc "others".

9.4 Kiểm định t (`t.test`)

Kiểm định t dựa vào giả thiết phân phối chuẩn. Có hai loại kiểm định t: kiểm định t cho một mẫu (one-sample t-test), và kiểm định t cho hai mẫu (two-sample t-test). Kiểm định t một mẫu nằm trả lời câu hỏi dữ liệu từ một mẫu có phải thật sự bằng một thông số nào đó hay không. Còn kiểm định t hai mẫu thì nhằm trả lời câu hỏi hai mẫu có cùng một luật phân phối, hay cụ thể hơn là hai mẫu có thật sự có cùng trị số trung bình hay không. Tôi sẽ lần lượt minh họa hai kiểm định này qua số liệu `igfdata` trên.

9.1.1 Kiểm định t một mẫu

Ví dụ 2. Qua phân tích trên, chúng ta thấy tuổi trung bình của 100 đối tượng trong nghiên cứu này là 19.17 tuổi. Chẳng hạn như trong quần thể này, trước đây chúng ta biết rằng tuổi trung bình là 30 tuổi. Vấn đề đặt ra là có phải mẫu mà chúng ta có được có đại diện cho quần thể hay không. Nói cách khác, chúng ta muốn biết giá trị trung bình 19.17 có thật sự khác với giá trị trung bình 30 hay không.

Để trả lời câu hỏi này, chúng ta sử dụng kiểm định t. Theo lí thuyết thống kê, kiểm định t được định nghĩa bằng công thức sau đây:

$$t = \frac{\bar{x} - \mu}{s / \sqrt{n}}$$

Trong đó, $\bar{x}$ là giá trị trung bình của mẫu, μ là trung bình theo giả thiết (trong trường hợp này, 30), *s* là độ lệch chuẩn, và *n* là số lượng mẫu (100). Nếu giá trị t cao hơn giá trị lí thuyết theo phân phối t ở một tiêu chuẩn có ý nghĩa như 5% chẳng hạn thì chúng ta có lí do để phát biểu khác biệt có ý nghĩa thống kê. Giá trị này cho mẫu 100 có thể tính toán bằng hàm `qt` của R như sau:

```
> qt(0.95, 100)
[1] 1.660234
```

Nhưng có một cách tính toán nhanh gọn hơn để trả lời câu hỏi trên, bằng cách dùng hàm `t.test` như sau:

```
> t.test(age, mu=30)

        One Sample t-test

data:  age
t = -27.6563, df = 99, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 30
95 percent confidence interval:
 18.39300 19.94700
sample estimates:
mean of x
    19.17
```

Trong lệnh trên `age` là biến số chúng ta cần kiểm định, và `mu=30` là giá trị giả thiết. R trình bày trị số `t = -27.66`, với 99 bậc tự do, và trị số p < 2.2e-16 (tức rất thấp). R cũng cho biết độ tin cậy 95% của age là từ 18.4 tuổi đến 19.9 tuổi (30 tuổi nằm quá ngoài khoảng tin cậy này). Nói cách khác, chúng ta có lí do để phát biểu rằng độ tuổi trung bình trong mẫu này thật sự thấp hơn độ tuổi trung bình của quần thể.

9.4.2 Kiểm định t hai mẫu

Ví dụ 3. Qua phân tích mô tả trên (phầm `summary`) chúng ta thấy phụ nữ có độ hormone `igfi` cao hơn nam giới (167.97 và 160.29). Câu hỏi đặt ra là có phải thật sự đó là một khác biệt có hệ thống hay do các yếu tố ngẫu nhiên gây nên. Trả lời câu hỏi này, chúng ta cần xem xét mức độ khác biệt trung bình giữa hai nhóm và độ lệch chuẩn của độ khác biệt.

$$t = \frac{\bar{x}_2 - \bar{x}_1}{SED}$$

Trong đó $\bar{x}_1$ và $\bar{x}_2$ là số trung bình của hai nhóm nam và nữ, và *SED* là độ lệch chuẩn của $(\bar{x}_1 - \bar{x}_2)$. Thực ra, *SED* có thể ước tính bằng công thức:

$$SED = \sqrt{SE_1^2 + SE_2^2}$$

Trong đó SE_1 và SE_2 là sai số chuẩn (standard error) của hai nhóm nam và nữ. Theo lí thuyết xác suất, t tuân theo luật phân phối t với bậc tự do $n_1 + n_2 - 2$, trong đó n_1 và n_2 là số mẫu của hai nhóm. Chúng ta có thể dùng R để trả lời câu hỏi trên bằng hàm `t.test` như sau:

```
> t.test(igfi~ sex)

        Welch Two Sample t-test

data:  igfi by sex
t = 0.8412, df = 88.329, p-value = 0.4025
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -10.46855  25.83627
sample estimates:
mean in group Female   mean in group Male
      167.9741      160.2903
```

R trình bày các giá trị quan trọng trước hết:

```
t = 0.8412, df = 88.329, p-value = 0.4025
```

`df` là bậc tự do. Trị số p = 0.4025 cho thấy mức độ khác biệt giữa hai nhóm nam và nữ không có ý nghĩa thống kê (vì cao hơn 0.05 hay 5%).

```
95 percent confidence interval:
     -10.46855  25.83627
```

là khoảng tin cậy 95% về độ khác biệt giữa hai nhóm. Kết quả tính toán trên cho biết độ `igf` ở nữ giới có thể thấp hơn nam giới 10.5 ng/L hoặc cao hơn nam giới khoảng 25.8 ng/L. Vì độ khác biệt quá lớn và đó là thêm bằng chứng cho thấy không có khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa hai nhóm.

Kiểm định trên dựa vào giả thiết hai nhóm nam và nữ có khác phương sai. Nếu chúng ta có lí do để cho rằng hai nhóm có cùng phương sai, chúng ta chỉ thay đổi một thông số trong hàm t với `var.equal=TRUE` như sau:

```
> t.test(igfi~ sex, var.equal=TRUE)

        Two Sample t-test

data:  igfi by sex
t = 0.7071, df = 98, p-value = 0.4812
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -13.88137  29.24909
```

```
sample estimates:
mean in group Female   mean in group Male
            167.9741             160.2903
```

Về mặc số, kết quả phân tích trên có khác chút ít so với kết quả phân tích dựa vào giả định hai phương sai khác nhau, nhưng trị số p cũng đi đến một kết luận rằng độ khác biệt giữa hai nhóm không có ý nghĩa thống kê.

9.5 So sánh phương sai (`var.test`)

Bây giờ chúng ta thử kiểm định xem phương sai giữa hai nhóm có khác nhau không. Để tiến hành phân tích, chúng ta chỉ cần lệnh:

```
> var.test(igfi ~ sex)

        F test to compare two variances

data:  igfi by sex
F = 2.6274, num df = 68, denom df = 30, p-value = 0.004529
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 1.366187 4.691336
sample estimates:
ratio of variances
          2.627396
```

Kết quả trên cho thấy độ khác biệt về phương sai giữa hai nhóm cao 2.62 lần. Trị số p = 0.0045 cho thấy phương sai giữa hai nhóm khác nhau có ý nghĩa thống kê. Như vậy, chúng ta chấp nhận kết quả phân tích của hàm `t.test(igfi~ sex)`.

9.6 Kiểm định Wilcoxon cho hai mẫu (`wilcox.test`)

Kiểm định t dựa vào giả thiết là phân phối của một biến phải tuân theo luật phân phối chuẩn. Nếu giả định này không đúng, kết quả của kiểm định t có thể không hợp lí (valid). Để kiểm định phân phối của `igfi`, chúng ta có thể dùng hàm `shapiro.test` như sau:

```
> shapiro.test(igfi)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  igfi
W = 0.8528, p-value = 1.504e-08
```

Trị số p nhỏ hơn 0.05 rất nhiều, cho nên chúng ta có thể nói rằng phân phối của `igfi` không tuân theo luật phân phối chuẩn. Trong trường hợp này, việc so sánh giữa hai nhóm có thể dựa vào phương pháp phi tham số (non-parametric) có tên là kiểm định

Wilcoxon, vì kiểm định này (không như kiểm định t) không tùy thuộc vào giả định phân phối chuẩn.

```
> wilcox.test(igfi ~ sex)

        Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  igfi by sex
W = 1125, p-value = 0.6819
alternative hypothesis: true mu is not equal to 0
```

Trị số p = 0.682 cho thấy quả thật độ khác biệt về `igfi` giữa hai nhóm nam và nữ không có ý nghĩa thống kê. Kết luận này cũng không khác với kết quả phân tích bằng kiểm định t.

9.7 Kiểm định t cho các biến số theo cặp (paired t-test, `t.test`)

Kiểm định t vừa trình bày trên là cho các nghiên cứu gồm hai nhóm độc lập nhau (như giữa hai nhóm nam và nữ), nhưng không thể ứng dụng cho các nghiên cứu mà một nhóm đối tượng được theo dõi theo thời gian. Tôi tạm gọi các nghiên cứu này là nghiên cứu theo cặp. Trong các nghiên cứu này, chúng ta cần sử dụng một kiểm định t có tên là paired t-test.

Ví dụ 4. Một nhóm bệnh nhân gồm 10 người được điều trị bằng một thuốc nhằm giảm huyết áp. Huyết áp của bệnh nhân được đo lúc khởi đầu nghiên cứu (lúc chưa điều trị), và sau khi điều khị. Số liệu huyết áp của 10 bệnh nhân như sau:

Trước khi điều trị (x_0)	180, 140, 160, 160, 220, 185, 145, 160, 160, 170
Sau khi điều trị (x_1)	170, 145, 145, 125, 205, 185, 150, 150, 145, 155

Câu hỏi đặt ra là độ biến chuyển huyết áp trên có đủ để kết luận rằng thuốc điều trị có hiệu quả giảm áp huyết. Để trả lời câu hỏi này, chúng ta dùng kiểm định t cho từng cặp như sau:

```
> # nhập dữ kiện
> before <- c(180, 140, 160, 160, 220, 185, 145, 160, 160, 170)
> after  <- c(170, 145, 145, 125, 205, 185, 150, 150, 145, 155)
> bp <- data.frame(before, after)

> # kiểm định t
> t.test(before, after, paired=TRUE)

        Paired t-test

data:  before and after
t = 2.7924, df = 9, p-value = 0.02097
```

```
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to
0
95 percent confidence interval:
  1.993901 19.006099
sample estimates:
mean of the differences
                  10.5
```

Kết quả trên cho thấy sau khi điều trị áp suất máu giảm 10.5 mmHg, và khoảng tin cậy 95% là từ 2.0 mmHg đến 19 mmHg, với trị số p = 0.0209. Như vậy, chúng ta có bằng chứng để phát biểu rằng mức độ giảm huyết áp có ý nghĩa thống kê.

Chú ý nếu chúng ta phân tích sai bằng kiểm định thống kê cho hai nhóm độc lập dưới đây thì trị số p = 0.32 cho biết mức độ giảm áp suất không có ý nghĩa thống kê!

```
> t.test(before, after)

        Welch Two Sample t-test

data:  before and after
t = 1.0208, df = 17.998, p-value = 0.3209
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to
0
95 percent confidence interval:
 -11.11065  32.11065
sample estimates:
mean of x mean of y
    168.0     157.5
```

9.8 Kiểm định Wilcoxon cho các biến số theo cặp (`wilcox.test`)

Thay vì dùng kiểm định t cho từng cặp, chúng ta cũng có thể sử dụng hàm `wilcox.test` cho cùng mục đích:

```
> wilcox.test(before, after, paired=TRUE)

        Wilcoxon signed rank test with continuity correction

data:  before and after
V = 42, p-value = 0.02291
alternative hypothesis: true mu is not equal to 0
```

Kết quả trên một lần nữa khẳng định rằng độ giảm áp suất máu có ý nghĩa thống kê với trị số (p=0.023) chẳng khác mấy so với kiểm định t cho từng cặp.

9.9 Tần số (frequency)

Hàm `table` trong R có chức năng cho chúng ta biết về tần số của một biến số mang tính phân loại như `sex` và `ethnicity`.

```
> table(sex)
sex
Female   Male
    69     31

> table(ethnicity)
ethnicity
  African     Asian Caucasian    Others
        8        60        30         2
```

Một bảng thống kê 2 chiều:

```
> table(sex, ethnicity)
        ethnicity
sex      African Asian Caucasian Others
  Female       4    43        22      0
  Male         4    17         8      2
```

Chú ý trong các bảng thống kê trên, hàm `table` không cung cấp cho chúng ta số phần trăm. Để tính số phần trăm, chúng ta cần đến hàm `prop.table` và cách sử dụng có thể minh hoạ như sau:

```
# tạo ra một object tên là freq để chứa kết quả tần số
> freq <- table(sex, ethnicity)

# kiểm tra kết quả
> freq
        ethnicity
sex      African Asian Caucasian Others
  Female       4    43        22      0
  Male         4    17         8      2

# dùng hàm margin.table để xem kết quả
> margin.table(freq, 1)
sex
Female   Male
    69     31

> margin.table(freq, 2)
ethnicity
  African     Asian Caucasian    Others
        8        60        30         2
```

```
# tính phần trăm bằng hàm prop.table
> prop.table(freq, 1)
        ethnicity
sex          African      Asian  Caucasian     Others
  Female 0.05797101 0.62318841 0.31884058 0.00000000
  Male   0.12903226 0.54838710 0.25806452 0.06451613
```

Trong bảng thống kê trên, `prop.table` tính tỉ lệ sắc tộc cho từng giới tính. Chẳng hạn như ở nữ giới (female), 5.8% là người Phi châu, 62.3% là người Á châu, 31.8% là người Tây phương da trắng . Tổng cộng là 100%. Tương tự, ớ nam giới tỉ lệ người Phi châu là 12.9%, Á châu là 54.8%, v.v…

```
# tính phần trăm bằng hàm prop.table
> prop.table(freq, 2)
        ethnicity
sex         African     Asian Caucasian    Others
  Female 0.5000000 0.7166667 0.7333333 0.0000000
  Male   0.5000000 0.2833333 0.2666667 1.0000000
```

Trong bảng thống kê trên, `prop.table` tính tỉ lệ giới tính cho từng sắc tộc. Chẳng hạn như trong nhóm người Á châu, 71.7% là nữ và 28.3% là nam.

```
# tính phần trăm cho toàn bộ bảng
> freq/sum(freq)
        ethnicity
sex      African Asian Caucasian Others
  Female    0.04  0.43      0.22   0.00
  Male      0.04  0.17      0.08   0.02
```

9.10 Kiểm định tỉ lệ (proportion test, `prop.test`, `binom.test`)

Kiểm định một tỉ lệ thường dựa vào giả định phân phối nhị phân (binomial distribution). Với một số mẫu n và tỉ lệ p, và nếu n lớn (tức hơn 50 chẳng hạn), thì phân phối nhị phân có thể tương đương với phân phối chuẩn với số trung bình np và phương sai $np(1-p)$. Gọi x là số biến cố mà chúng ta quan tâm, kiểm định giả thiết $p = \pi$ có thể sử dụng thống kê sau đây:

$$z = \frac{x - n\pi}{\sqrt{n\pi(1-\pi)}}$$

Ở đây, z tuân theo luật phân phối chuẩn với trung bình 0 và phương sai 1. Cũng có thể nói z^2 tuân theo luật phân phối Chi bình phương với bậc tự do bằng 1.

Ví dụ 5. Trong nghiên cứu trên, chúng ta thấy có 69 nữ và 31 nam. Như vậy tỉ lệ nữ là 0.69 (hay 69%). Để kiểm định xem tỉ lệ này có thật sự khác với tỉ lệ 0.5 hay không, chúng ta có thể sử dụng hàm `prop.test(x, n, π)` như sau:

```
> prop.test(69, 100, 0.50)

        1-sample proportions test with continuity correction

data:  69 out of 100, null probability 0.5
X-squared = 13.69, df = 1, p-value = 0.0002156
alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
95 percent confidence interval:
 0.5885509 0.7766330
sample estimates:
   p
0.69
```

Trong kết quả trên, `prop.test` ước tính tỉ lệ nữ giới là 0.69, và khoảng tin cậy 95% là 0.588 đến 0.776. Giá trị Chi bình phương là 13.69, với trị số p = 0.00216. Như vậy, nghiên cứu này có tỉ lệ nữ cao hơn 50%.

Một cách tính chính xác hơn kiểm định tỉ lệ là kiểm định nhị phân `bionom.test(x, n, π)` như sau:

```
> binom.test(69, 100, 0.50)

        Exact binomial test

data:  69 and 100
number of successes = 69, number of trials = 100, p-value = 0.0001831
alternative hypothesis: true probability of success is not equal to 0.5
95 percent confidence interval:
 0.5896854 0.7787112
sample estimates:
probability of success
                  0.69
```

Nói chung, kết quả của kiểm định nhị phân không khác gì so với kiểm định Chi bình phương, với trị số p = 0.00018, chúng ta càng có bằng chứng để kết luận rằng tỉ lệ nữ giới trong nghiên cứu này thật sự cao hơn 50%.

9.11 So sánh hai tỉ lệ (`prop.test, binom.test`)

Phương pháp so sánh hai tỉ lệ có thể khai triển trực tiếp từ lí thuyết kiểm định một tỉ lệ vừa trình bày trên. Cho hai mẫu với số đối tượng n_1 và n_2, và số biến cố là x_1 và x_2. Do đó, chúng ta có thể ước tính hai tỉ lệ p_1 và p_2. Lí thuyết xác suất cho phép chúng ta phát biểu rằng độ khác biệt giữa hai mẫu $d = p_1 - p_2$ tuân theo luật phân phối chuẩn với số trung bình 0 và phương sai bằng:

$$V_d = \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right) p(1-p)$$

Trong đó:

$$p = \frac{x_1 + x_2}{n_1 + n_2}$$

Thành ra, $z = d/V_d$ tuân theo luật phân phối chuẩn với trung bình 0 và phương sai 1. Nói cách khác, z^2 tuân theo luật phân phối Chi bình phương với bậc tự do bằng 1. Do đó, chúng ta cũng có thể sử dụng `prop.test` để kiểm định hai tỉ lệ.

Ví dụ 6. Một nghiên cứu được tiến hành so sánh hiệu quả của thuốc chống gãy xương. Bệnh nhân được chia thành hai nhóm: nhóm A được điều trị gồm có 100 bệnh nhân, và nhóm B không được điều trị gồm 110 bệnh nhân. Sau thời gian 12 tháng theo dõi, nhóm A có 7 người bị gãy xương, và nhóm B có 20 người gãy xương. Vấn đề đặt ra là tỉ lệ gãy xương trong hai nhóm này bằng nhau (tức thuốc không có hiệu quả)? Để kiểm định xem hai tỉ lệ này có thật sự khác nhau, chúng ta có thể sử dụng hàm `prop.test(x, n, π)` như sau:

```
> fracture <- c(7, 20)
> total <- c(100, 110)
> prop.test(fracture, total)

        2-sample test for equality of proportions with continuity
correction

data:  fracture out of total
X-squared = 4.8901, df = 1, p-value = 0.02701
alternative hypothesis: two.sided
95 percent confidence interval:
 -0.20908963 -0.01454673
sample estimates:
   prop 1    prop 2
0.0700000 0.1818182
```

Kết quả phân tích trên cho thấy tỉ lệ gãy xương trong nhóm 1 là 0.07 và nhóm 2 là 0.18. Phân tích trên còn cho thấy xác suất 95% rằng độ khác biệt giữa hai nhóm có thể 0.01 đến 0.20 (tức 1 đến 20%). Với trị số p = 0.027, chúng ta có thể nói rằng tỉ lệ gãy xương trong nhóm A quả thật thấp hơn nhóm B.

9.12 So sánh nhiều tỉ lệ (`prop.test, chisq.test`)

Kiểm định `prop.test` còn có thể sử dụng để kiểm định nhiều tỉ lệ cùng một lúc. Trong nghiên cứu trên, chúng ta có 4 nhóm sắc tộc và tần số cho từng giới tính như sau:

```
> table(sex, ethnicity)
        ethnicity
sex      African Asian Caucasian Others
  Female       4    43        22      0
  Male         4    17         8      2
```

Chúng ta muốn biết tỉ lệ nữ giới giữa 4 nhóm sắc tộc có khác nhau hay không, và để trả lời câu hỏi này, chúng ta lại dùng `prop.test` như sau:

```
> female  <- c( 4, 43, 22, 0)
> total <- c(8, 60, 30, 2)
> prop.test(female, total)

        4-sample test for equality of proportions without continuity
        correction

data:  female out of total
X-squared = 6.2646, df = 3, p-value = 0.09942
alternative hypothesis: two.sided
sample estimates:
   prop 1    prop 2    prop 3    prop 4
0.5000000 0.7166667 0.7333333 0.0000000

Warning message:
Chi-squared approximation may be incorrect in: prop.test(female, total)
```

Tuy tỉ lệ nữ giới giữa các nhóm có vẻ khác nhau lớn (73% trong nhóm 3 (người da trắng) so với 50% trong nhóm 1 (Phi châu) và 71.7% trong nhóm Á châu, nhưng kiểm định Chi bình phương cho biết trên phương diện thống kê, các tỉ lệ này không khác nhau, vì trị số p = 0.099.

9.12.1 Kiểm định Chi bình phương (Chi squared test, `chisq.test`)

Thật ra, kiểm định Chi bình phương còn có thể tính toán bằng hàm `chisq.test` như sau:

```
> chisq.test(sex, ethnicity)

        Pearson's Chi-squared test

data:  sex and ethnicity
X-squared = 6.2646, df = 3, p-value = 0.09942

Warning message:
Chi-squared approximation may be incorrect in: chisq.test(sex,
ethnicity)
```

Kết quả này hoàn toàn giống với kết quả từ hàm `prop.test`.

9.12.2 Kiểm định Fisher (Fisher's exact test, `fisher.test`)

Trong kiểm định Chi bình phương trên, chúng ta chú ý cảnh báo:

```
"Warning message:
Chi-squared approximation may be incorrect in: prop.test(female, total)"
```

Vì trong nhóm 4, không có nữ giới cho nên tỉ lệ là 0%. Hơn nữa, trong nhóm này chỉ có 2 đối tượng. Vì số lượng đối tượng quá nhỏ, cho nên các ước tính thống kê có thể không đáng tin cậy. Một phương pháp khác có thể áp dụng cho các nghiên cứu với tần số thấp như trên là kiểm định `fisher` (còn gọi là Fisher's exact test). Bạn đọc có thể tham khảo lí thuyết đằng sau kiểm định fisher để hiểu rõ hơn về logic của phương pháp này, nhưng ở đây, chúng ta chỉ quan tâm đến cách dùng R để tính toán kiểm định này. Chúng ta chỉ đơn giản lệnh:

```
> fisher.test(sex, ethnicity)

        Fisher's Exact Test for Count Data

data:  sex and ethnicity
p-value = 0.1048
alternative hypothesis: two.sided
```

Chú ý trị số p từ kiểm định Fisher là 0.1048, tức rất gần với trị số p của kiểm định Chi bình phương. Cho nên, chúng ta có thêm bằng chứng để khẳng định rằng tỉ lệ nữ giới giữa các sắc tộc không khác nhau một cách đáng kể.