# 5. Kennwerte der Variation
Streuungsmaße



Die Charakterisierung von Datengruppen durch Kennwerte der Lage ist oft nicht ausreichend, weil z.B. Datengruppen mit gleichen Mittelwerten unterschiedlich verteilt sein können, was durch Lagekennwerte nicht angezeigt wird. Daher benötigen wir Kennwerte, die z.B. Auskunft darüber geben, wie stark Einzelwerte um deren Mittelwert streuen. Das sind die Kennwerte der Variation. Je nach Datenart und Fragestellung stehen uns verschiedene Streuungsmaße zur Verfügung.

**Gründe für die Variation**
Die bei Versuchsergebnissen auftretenden Streuungen der Werte können auf zwei Gründe zurückzuführen sein.

1. Auf zufallsbedingte Streuungen (Zufallsfehler) und
2. Auf die biologische Variabilität.

Untersuchen wir mehrmals die Konzentration von $K^+$ in einem Blutserum, so kann die Streuung der Messwerte nur durch Zufallsfehler erklärt werden. Untersuchen wir die $K^+$-Konzentration in 15 verschiedenen Seren, so haben sowohl Zufallsfehler wie auch die biologische Variabilität Einfuß auf die Streuungen. Wir müssen bei der Bewertung von Streuungsmaßen immer bedenken, dass es sich um Maße für die Präzision der Arbeit oder um Maße für die Stärke der biologischen Variabilität oder um Maße handelt, welche von beiden Faktoren beeinflußt werden. Systematische Fehler (Bias) können wir hier unbeachtet lassen, da sie nicht zu Streuung um den Mittelwert führen sondern zu einer Verschiebung auf der Skala.

## 5.1 Variationsbreite
Extrembereich, Messintervall, englisch: Range (R)

**Sie ist das einfachste Streuungsmaß**

**Eigenschaften**
Anwenden, wenn Extrema wichtig sind und ihr Übersehen ein Risiko darstellt.
Sie ist sehr empfindlich gegen Extrema.
Die in den Messwerten vorhandenen Informationen werden nur sehr unvollständig genutzt.
Sie ist kein guter Schätzwert für die Streuung in der Grundgesamtheit.
Sie ist leicht bestimmbar und intuitiv verstehbar.
Sie ist nicht auf einen Mittelwert bezogen.

**Beispiel 1**
Es geht wieder um die Gehälterliste von Beispiel 11 aus Kapitel 4.

| Monatsgehalt in € | 850 | 810 | 850 | 850 | 900 | 4810 | 810 | 900 | 810 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| rangiert | 810 | 810 | 810 | 850 | 850 | 850 | 900 | 900 | 4810 |

Tabelle 1

Der Range ist als einfachstes Variationsmaß die Spanne zwischen dem niedrigsten und dem höchsten Wert der Datenreihe.

Range $R = x_{min.} - x_{max}$

Zur Bestimmung müssen wir die Werte der Urliste rangieren und dann die beiden Extrema ablesen. Daraus folgt hier

$$R = 810 - 4810 = |4000|$$

Der Range kann in Form der Extrema (810 und 4810) und/oder in Form der Differenz |4000| angegeben werden.

**Welche Bedeutung hat dieser Kennwert?**
Er ist notwendig, wenn es z.B. darum geht, Extremwerte der Datenreihe zu erkennen, hervorzuheben und nicht zu übersehen. Bei der Planung zum Einsatz eines Druckbehälters ist sicher zustellen, dass er mindestens die maximal auftretende Druckbelastung aushalten kann. (Wir lassen hier mal die sicher notwendige Sicherheitsspanne unberücksichtigt.) In einer Reihe von Vorversuchen mit dem druckerzeugenden System werden die auftretenden Drucke gemessen. Würde uns für die Planung des Behälters nur das arithmetische Mittel der Druckmesswerte zur Verfügung stehen, so könnten wir diesem keine Kenntnis darüber entnehmen, wie hoch extreme Drücke waren. Eine Planung des Behälters nach $\bar{x}$ wäre also fahrlässig. Es bestünde die Gefahr, maximale Druckwerte zu übersehen. Hier ist es notwendig, die Variationsbreite der Daten, mindestens aber $x_{max.}$ vor Augen zu haben.

Wenn eine Messwertreihe aus nur zwei Werten besteht, dann beschreibt R die Informationen, die in den Daten liegen, optimal. Steigt der Stichprobenumfang, dann sinkt die Qualität der Auskunft, da von den n Messwerten für die Bestimmung von R immer nur die beiden Extrema verwendet werden. Aus diesem Grunde sollten wir R zur Beschreibung einer Datenreihe nur bei $n \leq 12$ anwenden.

**Abhängigkeit der Variationsbreite von n**

**Beispiel 2**
Ist die Variationsbreite abhängig vom Stichprobenumfang? Die folgenden Massen (mg) der Larven des Schwarzkäfers Zophobas morio sollen das zeigen. Die nicht rangierten Daten sind zeilenweise von links nach rechts zu lesen.

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 650 | 600 | 480 | 590 | 530 | 560 | 530 | 530 | 550 | 590 | 650 | 640 | 590 |
| 520 | 640 | 560 | 550 | 740 | 650 | 710 | 680 | 640 | 570 | 540 | 730 | 600 |
| 810 | 600 | 660 | 610 | 430 | 610 | 600 | 590 | 620 | 590 | 590 | 620 | 570 |
| 620 | 590 | 620 | 510 | 590 | 740 | 430 | 680 | 570 | 730 | 580 | 570 | 520 |
| 670 | 580 | 620 | 610 | 550 | 610 | 590 | 740 | 600 | 530 | 560 | 770 | 490 |
| 650 | 600 | 650 | 650 | 510 | 470 | 650 | 610 | 640 | 650 | 630 | 650 | 620 |
| 630 | 610 | 590 | 460 | 520 | 540 | 690 | 690 | 500 | 560 | 700 | 580 | 510 |
| 620 | 640 | 600 | 710 | 700 | 540 | 800 | 670 | 550 | 570 | 720 | 650 | 640 |
| 610 | 540 | 390 | 520 | 550 | 540 | | | | | | | |

Tabelle 2

Wir bilden drei Stichproben

1. Stichprobe: Daten 1 bis 10 $R = 480 - 650 = |170|$
2. Stichprobe: Daten 11 bis 30 $R = 520 - 810 = |290|$
3. Stichprobe: Daten 31 bis 60 $R = 430 - 740 = |310|$

und stellen fest, dass in der Tat mit n auch R steigt. Die Daten zeigen, dass hier eine Abhängigkeit besteht. Wenn wir einen Vergleich der Streuungen verschiedener Stichproben mit Hilfe von R durchführen, dann sollten die Stichprobenumfänge in etwa gleich groß sein.

**Beispiel 3**
Die folgenden fiktiven Daten zeigen, dass R über die Streuung der Daten nicht ausreichend informiert. Die Stichproben 1 und 2 haben beide die gleiche Variationsbreite R = 10 – 70. Abb. 1 und Abb. 2 weisen aber auf die sehr unterschiedlichen Streuungen in den beiden Gruppen hin .

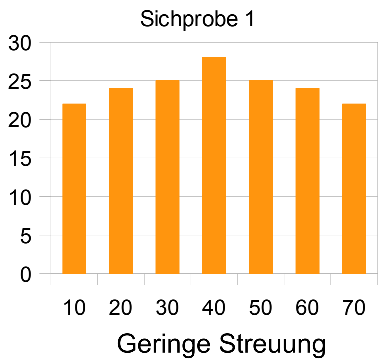


Abb. 1

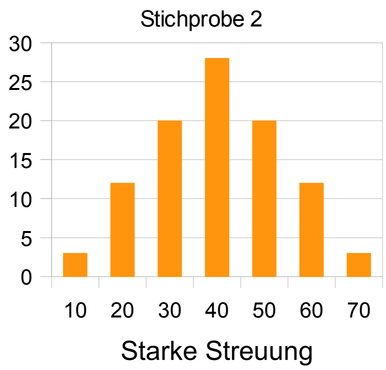


Abb. 2

## Der Box and Whisker Plot

Im Zusammenhang mit der Variationsbreite kommen wir noch mal auf den Quartilenabstand, QA zurück. Variationsbreite, QA und $\tilde{x}$ können wir in einer kleinen Graphik, dem Box and Whisker Plot, zusammenhängend so darstellen, dass mehrere Aussagen über die Verteilung und Streuung der Daten gut visualisiert werden.

**Beispiel 4**
Es liegen 17 fiktive Messwerte vor: 9; 15; 4; 9; 25; 13; 19; 7; 9; 11; 13; 6; 16; 9; 7; 7; 8. Daraus ermitteln wir

$\tilde{x} = 9$

R = 4 - 25

QA = $Q_{0,75} - Q_{0,25}$ = 13 - 7

und stellen aus diesen Werte den folgenden Box and Whisker Plot dar.

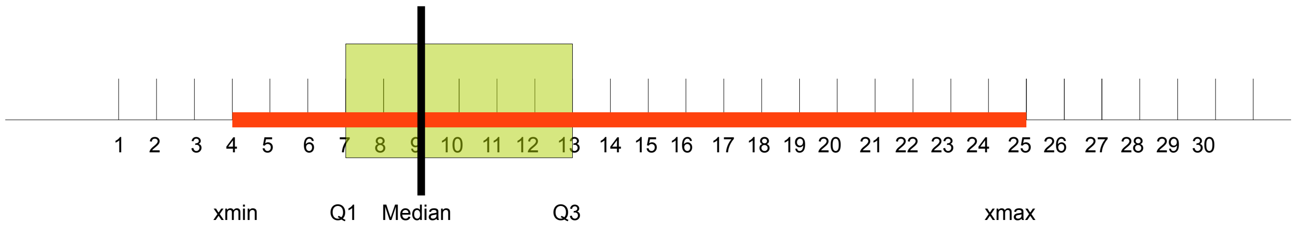


Abb. 3

Die Box in der Graphik entspricht mit ihren seitlichen Grenzen den mittleren 50% der Werte. Sie wird begrenzt durch das erste und das dritte Quartil. Der Medianwert wird als vertikale Linie in die Box eingezeichnet. Mit Hilfe dieser Darstellung können wir schnell erkennen, ob sich die mittleren 50% symmetrisch um den Medianwert verteilen. Aus der Box weisen zwei Linien wie die Schnurrbarthaare der Katze (whiskers) links und rechts heraus. Sie sind begrenzt durch $x_{min}$ und $x_{max}$. (In der Literatur werden auch andere Verfahren zur Begrenzung der whiskers abgegeben, auf die wir hier nicht eingehen.) Auch die Lage der Extremwerte erlauben im Zusammenhang mit dem Medianwert eine Abschätzung der Symmetrie/ Asymmetrie bzw. der Verteilung.

In dem Beispiel erkennen wir, dass die Verteilung der Daten sowohl in Bezug auf das erste und dritte Quartil wie auch auf die Extremwerte asymmetrisch ist. Sie ist linksgipfelig. Diese Information konnten wir durch Lesen der Urliste auf Anhieb nicht erkennen.

**Eigenschaften**
Der Box and Whisker Plot gibt einen schnellen Überblick über die Variation der Daten.
Er ist besonders geeignet, um ohne großen Rechenaufwand erste Vergleiche mehrere Datengruppen anzustellen.

**Beispiel 5**
Wir wollen die beiden folgenden fiktiven Datengruppen mit Hilfe von Box and Whisker Plots einem Vergleich unterziehen.

| | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Gruppe 1 | 13 | 14 | 10 | 16 | 14 | 13 | 10 | 13 | 19 | 16 | 14 | 12 | 12 | 13 |
| Gruppe 2 | 13 | 26 | 25 | 24 | 26 | 27 | 25 | 30 | 23 | 26 | 24 | 25 | 26 | 26 |

Tabelle 3

Durch Lesen dieser Datenlisten werden wir kaum einen Eindruck von den möglicherweise unterschiedlichen Streuungen erhalten. Wir ermitteln daher nach den bekannten Verfahren für

Gruppe 1: $\tilde{x}$ = 13,5
Q1 = 12,75
Q3 = 18,25
R = 10 – 19

Gruppe 2 $\tilde{x}$ = 25,5
Q1 = 24
Q3 = 26
R = 13 – 30

und erstellen die Box and Whisker Plots.

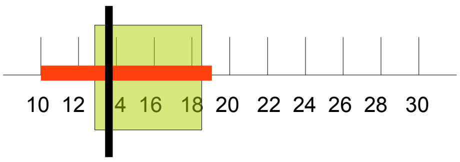


Abb. 4

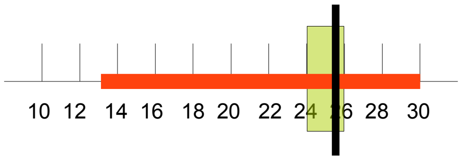


Abb. 5

Die Verteilung ist in beiden Datengruppen asymmetrisch. Die Daten der Gruppe 1 haben im Vergleich mit denen der Gruppe 2 eine geringere Variationsbreite. In Gruppe 2 befinden sich die mittleren 50% der Daten in einem engeren Skalenbereich. Gruppe 1 ist linksgipfelig, Gruppe 2 rechtsgipfelig. Die Daten der beiden Gruppen unterscheiden sich also hinsichtlich der Variation beträchtlich.

## 5.2 Mittlere absolute Abweichung (MAA)

**Ein Streuungsmaß welches mehr Informationen liefert.**

> **Eigenschaften**
> Nur bei metrischen Skalen anwenden.
> Kann auf $\bar{x}$ und auf $\tilde{x}$ bezogen werden.
> Leicht berechenbar und sehr anschaulich.
> Für algebraische Berechnungen nicht geeignet.
> Auch für Schlussfolgerungen in der Inferenz-Statistik ist sie nicht zu verwenden.

Die vorhin besprochene Variationsbreite ist als Streuungsmaß deswegen nicht besonders geeignet, weil sie nicht alle Messwerte der Datenreihe berücksichtigt sondern ausschließlich die Extrema. Mehr Informationen über die Streuung der Werte in der Gruppe würde ein Maß enthalten, welches alle Werte berücksichtigt. Wenn wir wissen wollen, wie stark die einzelnen Messwerte vom arithmetischen Mittel abweichen, dann könnten wir alle Abweichungen von Mittelwert ($\bar{x}$-$x_i$) bilden und die Summe durch die Anzahl der Abweichungen n dividieren. Führen wir dies durch, dann erhalten wir – an welchen Daten wir die Untersuchung auch immer durchführen – stets die mittlere Abweichung gleich Null. Der Grund dafür ist, dass einige Messwerte unterhalb und einige oberhalb des Mittelwertes liegen. Die positiven und die negativen Abweichungen heben sich auf so dass die Summe der Abweichungen nach $\Sigma(\bar{x}-x_i) = 0$ wird. Dieses Verfahren bringt also keine Information zur Streuung. Um das zu umgehen werden wir die einzelnen Abweichungen absolut || werten und die Summe durch n dividieren. Dann erhalten wir die

| | |
|---|---|
| Mittlere absolute Abweichung | $MAA = \frac{\Sigma\lvert\bar{x}-x_i\rvert}{n} = (1/n)^*\Sigma\lvert\bar{x}-x_i\rvert$ |

In der Literatur werden statt des Zeichens MAA auch andere Zeichen angewendet.

Wegen dieser Manipulation der Absolutsetzung ist die MAA für algebraischen Berechnungen nicht geeignet. Meist wird sie für das arithmetische Mittel berechnet, sie kann aber auch auf Median oder Modus bezogen werden. Wir notieren dann $MAA_{\bar{x}}$, $MAA_{\tilde{x}}$ und $MAA_D$

**Beispiel 6**
Die Tabelle enthält in Spalte 2 die pH-Werte des Urins von 16 Ratten. In den Spalten 3, 4 und 5 haben wir die Terme notiert, die wir für die Berechnung nach den unten stehenden Gleichungen benötigen.

| Tier | pH | $\lvert\bar{x}-x_i\rvert$ | $\lvert\tilde{x}-x_i\rvert$ | $\lvert D-x_i\rvert$ |
|---|---|---|---|---|
| 1 | 5.5 | 0,38 | 0.5 | 0.5 |
| 2 | 6.1 | 0,22 | 0.1 | 0.1 |
| 3 | 5.5 | 0,38 | 0.5 | 0.5 |
| 4 | 5.6 | 0,28 | 0.4 | 0.4 |
| 5 | 6.0 | 0,12 | 0.0 | 0.0 |
| 6 | 6.0 | 0,12 | 0.0 | 0.0 |
| 7 | 6.0 | 0,12 | 0.0 | 0.0 |
| 8 | 6.2 | 0,32 | 0.2 | 0.2 |
| 9 | 6.8 | 0,92 | 0.8 | 0.8 |
| 10 | 6.4 | 0,52 | 0.4 | 0.4 |
| 11 | 6.0 | 0,12 | 0.0 | 0.0 |
| 12 | 5.0 | 0,88 | 1.0 | 1.0 |
| 13 | 6.5 | 0,62 | 0.5 | 0.5 |
| 14 | 5.0 | 0,88 | 1.0 | 1.0 |
| 15 | 6.0 | 0,12 | 0.0 | 0.0 |
| 16 | 5.5 | 0,38 | 0.5 | 0.5 |
| $\bar{x} = 5{,}88$<br>$\tilde{x} = 6{,}0$<br>$D = 6{,}0$ | | $\Sigma\lvert\bar{x}-x_i\rvert$<br>0 | $\Sigma\lvert\tilde{x}-x_i\rvert$<br>5.9 | $\Sigma\lvert D-x_i\rvert$<br>5.9 |

Tabelle 4

$$MAA_{\bar{x}} = \frac{\Sigma\lvert\bar{x}-x_i\rvert}{n} = \frac{6{,}38}{16} = \mathbf{0{,}40}$$

$$MAA_{\tilde{x}} = \frac{\Sigma\lvert\tilde{x}-x_i\rvert}{n} = \frac{5{,}9}{16} = \mathbf{0{,}37}$$

$$MAA_D = \frac{\Sigma|D-x_i|}{n} = \frac{5{,}9}{16} = \mathbf{0{,}37}$$

Der auf den Median bezogene Wert ergibt immer die kleinste mittlere absolute Abweichung. Wenn Daten klassiert vorliegen, dann werden die Berechnungen mit den Klassenmitten anstatt den $x_i$-Werte durchgeführt.

## 3.3 Varianz $s_x^2$ und Standardabweichung $s_x$

Standardabweichung der Einzelwerte vom Mittelwert

Varianz und Standardabweichung sind die klassischen Streuungsmaße der deskriptiven und inferenziellen Statistik. Wenn in der Statistik von Streuung geredet wird, dann ist in der Regel die Standardabweichung gemeint.

**Argumente für die Berechnung der Varianz und der Standardabweichung.**
Ein Nachteil der mittleren absoluten Abweichung ist, dass die einzelnen Abweichungen wegen $\Sigma(\bar{x}-x_i) = 0$ absolut gesetzt werden müssen. Da auf diesem Wege der mathematische Wert der Abweichung willkürlich verändert wird, ist die mittlere absolute Abweichung mathematisch nicht sinnvoll zu behandeln. Sie spielt daher in der Statistik auch keine bedeutende Rolle. Ihre Erwähnung führt uns hier aber zur Varianz.

Um mit dem Abweichungen $\bar{x}-x_i$ rechnen zu können, ohne dass deren Summe gleich 0 wird, quadrieren wir sie. Die Quadrate der Abweichungen sind alle positiv und deren Summe $\neq 0$. Das Quadrieren ist im Gegensatz zum Absolutstellen mathematisch sinnvoll, da es durch Radizieren rückgängig gemacht werden kann. Auf diesem Wege kommen wir zur Varianz ($s_x^2$) einer Datenreihe und durch Radizieren derselben zur Standardabweichung ($s_x$).

**Eigenschaften**
Anwenden bei metrische Skalen, (diskret und stetig).
Kann auf $\bar{x}$, D und $\tilde{x}$ bezogen werden
Nicht anwenden bei stark asymmetrischen Verteilungen
algebraisch verwertbar
$s_x^2$ ist wichtig in der Inferenzstatistik bei Schlussfolgerungen
$s_x$ hat große Bedeutung bei der Normalverteilung
Alle Messwerte gehen ein, Extrema durch Quadrieren der Abweichungen besonders stark
Information der Messwerte wird voll ausgenutzt
Die Varianz hat eine andere Einheit als die Messwerte. Das hindert die Anschaulichkeit.
Für die Standardabweichung trifft das nicht zu.

### Berechnung der Varianz

Die Berechnung kann über verschiedene Gleichungen erfolgen, die letztlich ineinander überführbar sind. Je nach Datenlage ist mal die eine, mal die andere rechentechnisch günstiger.

$$s_x^2 = \frac{\Sigma(x_i - \bar{x})^2}{n - 1}$$

$$s_x^2 = SAQ/n\text{-}1$$

$$s_x^2 = \frac{\Sigma x_i^2 - (\Sigma x_i)^2/n}{n - 1}$$

Die Terme $\Sigma(xi - \bar{x})^2$ bzw. $\Sigma x_i^2 - (\Sigma x_i)^2/n$ werden häufig durch SAQ (Summe der Abweichungsquadrate) ersetzt, was die Formelschreibweise vereinfacht.

Die Varianz ist definiert als arithmetisches Mittel der Summe der Abweichungsquadrate, das bedeutet, durch SAQ/n-1. Aber Vorsicht! Während beim arithmetischen Mittel der Divisor n ist, fällt auf, dass bei den oben genannten Gleichungen, der Divisor nicht n sondern n-1 lautet.

Um dies zu verstehen, wollen wir uns vorstellen, dass es (im Gedankenexperiment) eine Grundgesamtheit gäbe, deren Varianz $\sigma^2$ ($\sigma^2$ ist der Parameter der Varianz in der Grundgesamtheit) bekannt sei, nämlich $\sigma^2$ = 0,7. Nun wollen wir uns vorstellen, wir würden aus dieser Grundgesamtheit eine Zufallsstichprobe ziehen und aus deren Daten die Varianz der Stichprobe $s_x^2$ berechüpoinen. Für diese Berechnung könnten wir zwei Gründe haben.

1. Wir interessieren uns für die Varianz dieser Stichprobe als Maß für die Streuung in der Stichprobe. Hier müssen wir als Divisor **n** anwenden.

2 Wir interessieren uns für die Varianz dieser Stichprobe als Schätzwert für die Varianz $\sigma^2$ der Grundgesamtheit. Hier müssen wir als Divisor **n-1** anwenden.

Würden wir von sehr vielen Stichproben der Grundgesamtheit die Varianzen über SAQ/n berechnen und diese dann arithmetisch mitteln um einen guten Schätzwert für $\sigma^2$ zu erhalten, dann würden wir für $\sigma^2$ einen Wert < 0,7 finden. Den wahren Wert $\sigma^2$ = 0,7 würden wir nur dann finden, wenn wir die Berechnung der Varianzen über SAQ/(n-1) durchführen würden. Die mathematische Begründung hierfür ist komplex und wir gehen darauf nicht ein.

| | | |
|---|---|---|
| **$s_x^2$** | **zur Charakterisierung einer Stichprobe** | **Divisor n** |
| **$s_x^2$** | **als Schätzer für Grundgesamtheit** | **Divisor n-1** |

Meist wird die Varianz einer Stichprobe als Schätzer für die Varianz der Grundgesamtheit berechnet. Daher steht in der Regel im Nenner des Terms n-1. Je größer der Stichprobenumfang wir, um so unbedeutender wird der Unterschied.

Freiheitsgrade

Den Term „n-1“ nennen wir Freiheitsgrad und verwenden für diesen Begriff (leider) unterschiedliche Zeichen, nämlich f, $\nu$ (das kleine griechische n, gesprochen „nü“) sowie df (degree of freedom). Zur Erklärung dieses Begriffs stellen wir uns beispielhaft einen Datensatz aus vier Werten vor: 12; 18; 14; 16. Die Summe ist 60, n ist gleich 4 und das arithmetische Mittel 15. Nun stellen wir uns eine andere Stichprobe aus der gleichen Grundgesamtheit vor, von der wir nur n = 4 und $\bar{x}$ = 15 kennen und fragen, welches die 4 Werte, die zu $\bar{x}$ = 15 führten, sein könnten? Bei der Festlegung für drei dieser vier Werte haben wir die freie Wahlmöglichkeit, also n-1 = 3 Freiheitsgrade. Die Größe des vierten Wertes ist durch die Summe der ersten drei Werte und $\bar{x}$ = 15 vorgegeben.

Beispiel:

| | | |
|---|---|---|
| 1. frei gewählter Wert | = 9 | |
| 2. frei gewählter Wert | = 25 | Summe: 34 |
| 3. frei gewählter Wert | = 10 | Summe: 44 |
| 4. Wert ist nicht frei wählbar, er resultiert aus 60 - 44 | = 16 | Summe: 60 |

Die Standardabweichung bezieht sich in aller Regel auf das arithmetische Mittel. Sie kann aber auch auf den Medianwert und den Modalwert bezogen werden. Der auf das arithmetische Mittel bezogene Wert ist von den dreien immer der kleinste.

**Beispiel 7**
**Berechnung von Varianz und Standardabweichung**

Wir haben bei den Ratten zweier Gruppen im Blutserum die Stoffmengenkonzentration an $K^+$ in mmol/L bestimmt. Die Messwerte waren:

Gruppe 1: 3,9; 3,7; 4,9; 4,0; 4,9; 5,0 und
Gruppe 2: 4,9; 4,9; 4,8; 4,9; 4,8; 4,1; 4,9.

Die Berechnung der Varianz wollen wir mit der folgenden Gleichung durchführen.

$$s_x^2 = \frac{\Sigma x_i^2 - (\Sigma xi)^2/n}{n - 1}$$

Ein zweckmäßiger Weg zur Berechnung ist der, Terme der Gleichungen ($x_i$, $x_i^2$, $x_i-\bar{x}$, $(x_i-\bar{x})^2$) in einer Arbeitstabelle (Tab. 5) zusammenzustellen. Dann ist durch Einsetzen der in der Tabelle berechneten Werte in die Gleichungen die Berechnung schnell erledigt. Durch dieses Vorgehen werden wir gezwungen, alle notwendigen Berechnungen durchzuführen und die Tabelle hilft, keine Rechnung zu vergessen.

| Gruppe 1 | | | | | Gruppe 2 | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Tier | $K^+$ mmol/L | | | | Tier | $K^+$ mmol/L | | | |
| n = 6 | $x_i$ | $x_i^2$ | $x_i-\bar{x}$ | $(x_i-\bar{x})^2$ | n = 7 | $x_i$ | $x_i^2$ | $x_i-\bar{x}$ | $(x_i-\bar{x})^2$ |
| 1 | 3,9 | 15,21 | -0,5 | 0,25 | 1 | 4,9 | 24,01 | 0,1429 | 0,0204 |
| 2 | 3,7 | 13,69 | -0,7 | 0,49 | 2 | 4,9 | 24,01 | 0,1429 | 0,0204 |
| 3 | 4,9 | 24,01 | 0,5 | 0,25 | 3 | 4,8 | 23,04 | 0,0429 | 0,0018 |
| 4 | 4,0 | 16,00 | -0,4 | 0,16 | 4 | 4,9 | 24,01 | 0,1429 | 0,0204 |
| 5 | 4,9 | 24,01 | 0,5 | 0,25 | 5 | 4,8 | 23,04 | 0,0429 | 0,0018 |
| 6 | 5,0 | 25,00 | 0,6 | 0,36 | 6 | 4,1 | 16,81 | -0,6571 | 0,4318 |
| | | | | | 7 | 4,9 | 24,01 | 0,1429 | 0,0204 |
| $\sum x_i$ | 26,4 | | | | $\sum x_i$ | 33,3 | | | |
| $\bar{x}$ | 4.40 | | | | $\bar{x}$ | 4,757 | | | |
| $\sum x_i^2$ | | 117,92 | | | $\sum x_i^2$ | | 158,93 | | |
| $\sum(x_i-\bar{x})^2$ | | | | 1,76 | $\sum(x_i-\bar{x})^2$ | | | | 0,517 |
| $(\sum x_i)^2$ | 696,96 | | | | $(\sum x_i)^2$ | 1108,89 | | | |

Tabelle 5

**Berechnung für Gruppe 1**

$$s_x^2 = \frac{\Sigma x_i^2 - (\Sigma xi)^2/n}{n - 1}$$

$$s_x^2 = \frac{117{,}92 - 696{,}96/6}{5}$$

$$s_x^2 = \frac{117{,}92 - 116{,}16}{5}$$

$$s_x^2 = \frac{1{,}76}{5}$$

$$\mathbf{s_x^2 = 0{,}352}$$

**Berechnung für Gruppe 2**

$$s_x^2 = \frac{158{,}93 - 1108{,}89/7}{6}$$

$$s_x^2 = \frac{158{,}93 - 158{,}41}{6}$$

$$s_x^2 = \frac{0{,}52}{6}$$

$$\mathbf{s_x^2 = 0{,}0867}$$

Würden wir zur Berechnung die andere Gleichung anwenden, dann erhielten wir bis auf eventuelle rundungsbedingte Abweichungen gleiche Werte.

## Fehlermöglichkeiten bei der Berechnung

1. Erfahrungsgemäß treten gelegentlich Verwechslungen bei der Berechnung der beiden Terme $\Sigma x_i^2$ und $(\Sigma x_i)^2$ auf.

Bei deren Berechnung gilt:

| | |
|---|---|
| $\Sigma x_i^2$ | 1. alle $x_i$ quadrieren<br>2. alle Quadrate summieren |

| | |
|---|---|
| $(\Sigma x_i)^2$ | 1. alle $x_i$ summieren<br>2. Summe quadrieren |

2. Ein weiterer Hinweis, dessen Nichtbeachtung zu Fehlern führen kann: Der Term $\Sigma x_i^2$ ist immer größer als der Term $(\Sigma x_i)^2/n$. Die Differenz dieser beiden Terme ist also immer positiv. Erhalten wir bei einer Berechnung eine negative Differenz, so liegt ein Fehler bei vorgeschalteten Berechnungen vor.
3. Beim Runden sollten wir vorsichtig sein. Da in der Regel mit Rechnern gearbeitet wird, sollten wir alle Stellen mitführen um Fehlerfortpflanzung zu minimieren. Zum Schluss runden wir dann die Ergebnisse sinnvoll nach Maßgabe der Originaldaten.

## Berechnung der Standardabweichung

<u>Unzweckmäßige Einheiten bei der Varianz</u>

Wir können jetzt die Ergebnisse der Untersuchung der beiden Gruppen zusammenfassend wie folgt darstellen:

| Gruppe 1 | Gruppe 2 |
|---|---|
| Messwerte: 3,9; 3,7; 4,9; 4,0; 4,9; 5,0 mmol $K^+$/L | Messwerte:4,9;4,9;4,8;4,9;4,8;4,1;4,9 mmol $K^+$/L |
| $\bar{x}$ = 4,40 mmol $K^+$/L | $\bar{x}$ = 4,76 mmol $K^+$/L |
| $s_x^2$ = 0,352 (mmol $K^+$/L)² | $s_x^2$= 0,087 (mmol $K^+$/L)² |

Tabelle 6

Wenn wir die Varianz $s_x^2$ als Maß der Streuung ansehen, dann stellen wir fest, dass diese in der zweiten Gruppe deutlich kleiner ist, als in der ersten. Das ist uns bei der Betrachtung der Messwerte vielleicht schon aufgefallen, nun haben wir aber ein quantitatives Maß für die Streuung. Ein Problem bereitet allerdings die Einheit der Varianz. Unter (mmol $K^+$/L)² können wir uns nichts Sinnvolles vorstellen. Aus diesem Grunde geben wir in der deskriptiven Statistik als Maß der Streuung nicht die Varianz sondern deren Quadratwurzel an. Und damit haben wir die Standardabweichung bzw. „Standardabweichung der Einzelwerte vom Mittelwert".

Standardabweichung

$$s_x = \sqrt{s_x^2}$$
$$s_x = \sqrt{[SAQ/(n-1)]}$$

Gruppe 1: $\mathbf{s_x} =$ $\sqrt{[SAQ/(n-1)]} = \sqrt{1{,}76/5} = \sqrt{0{,}352} = \mathbf{\pm\, 0{,}594}$

Gruppe 2: $\mathbf{s_x} =$ $\sqrt{[SAQ/(n-1)]} = \sqrt{0{,}517/6} = \sqrt{0{,}0867} = \mathbf{\pm\, 0{,}294}$

Da das Ziehen der Quadratwurzel immer zu zwei Ergebnissen führt, die sich nur im Vorzeichen unterscheiden, wird die Standardabweichung mit dem Vorzeichen ± versehen. Gelegentlich wird in der Literatur aber auch nur die positive Wurzel genannt.

Hiermit liegt nun das endgültige Ergebnis der Untersuchung vor und wir haben Messwerte, Mittelwerte und Standardabweichungen in der gleichen Einheit vorliegen.

| Gruppe 1 t | Gruppe 2 |
|---|---|
| Messwerte: 3,9; 3,7; 4,9; 4,0; 4,9; 5,0 mmol $K^+$/L | Messwerte:4,9;4,9;4,8;4,9;4,8;4,1;4,9 mmol $K^+$/L |
| $\bar{x}$ = 4,40 mmol $K^+$/L | $\bar{x}$ = 4,76 mmol $K^+$/L |
| $s_x$ = ± 0,59 mmol $K^+$/L | $s_x$= ± 0,29 mmol $K^+$/L |

Tabelle 7

**Wo wird die Varianz und wo die Standardabweichung angewendet?**
Die **Varianz** spielt in der Inferenzstatistik z.B. bei der Varianzanaylse (ANOVA [analysis of variance]) eine Rolle, bei der es u.a. darum geht, festzustellen, ob sich die Varianzen verschiedener Gruppen mehr als wir es durch den Zufall bedingt erwarten würden, unterscheiden. Der Varianzwert wird hier ohne Einheit angegeben. Wir werden uns später mit der ANOVA beschäftigen.
Die **Standardabweichung** ist ein wichtiger Kennwert in der deskriptiven Statistik und spielt im Zusammenhang mit der Normalverteilung eine wesentliche Rolle. Auch hierauf werden wir später genauer eingehen. Vorweg aber schon mal der Hinweis, dass bei normalverteilten Daten 68,28% aller Werte im einfachen Streubereich liegen.

Das bedeutet für Gruppe 1, wenn die Daten normalverteilt wären (was wir nicht wissen, hier aber dieser Erklärung wegen voraussetzen):

im Bereich $\bar{x} \pm 1 * s_x$ = 4,40 mmol/L ± 0,59 mmol/L
= 3,81 mmol/L bis 4,99 mmol/L liegen 68,28 % aller Werte.

Wenngleich wir bei einer so kleinen Stichprobe mit %.-Angaben vorsichtig sein müssen, so trifft das auf diese Daten hier zu. Im einfachen Streubereich liegen die vier Werte 3,9; 4,9, 4,0 und 4,9. Das sind ca. 67%. 3,7 und 5,0 liegen außerhalb des einfachen Streubereichs.

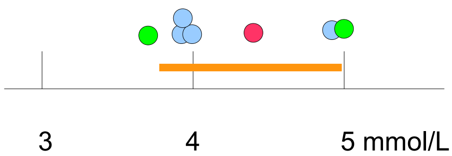


Abb. 6

Für Gruppe 2 trifft das nicht zu. Die kleine Stichprobe wirkt sich hier aus. Im zweifachen Streubereich, also $\bar{x} \pm 2 * s_x$ liegen bei einer Normalverteilung 95,5% aller Werte. Im dreifachen Streubereich, also $\bar{x} \pm 3 * s_x$ 99,8%. Diese Werte finden wir in der Regel aber erst bei deutlich größeren Stichproben.

**Beispiel 8**
Diese Liste der Walnusgewichte kennen wir aus dem Kapitel „Verteilungen“

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Gramm** | **9.0** | **9.2** | **9.4** | **9.5** | **9.7** | **9.8** | **9.9** | **10.0** | **10.2** | **10.3** | **10.4** | **10.5** |
| H | 2 | 2 | 3 | 5 | 2 | 5 | 2 | 8 | 5 | 6 | 2 | 9 |
| **Gramm** | **10.6** | **10.7** | **10.8** | **10.9** | **11.0** | **11.1** | **11.2** | **11.3** | **11.4** | **11.6** | **11.7** | **11.8** |
| H | 2 | 5 | 12 | 11 | 9 | 12 | 6 | 6 | 8 | 12 | 8 | 6 |
| **Gramm** | **11.9** | **12.0** | **12.1** | **12.2** | **12.3** | **12.4** | **12.5** | **12.6** | **12.7** | **12.8** | **12.9** | **13.0** |
| H | 8 | 6 | 6 | 6 | 9 | 2 | 8 | 5 | 6 | 6 | 3 | 8 |
| **Gramm** | **13.1** | **13.2** | **13.4** | **13.5** | **13.6** | **13.7** | **13.8** | **14.0** | **14.1** | **14.4** | **14.5** | **14.8** |
| H | 3 | 5 | 2 | 2 | 2 | 3 | 5 | 3 | 2 | 3 | 2 | 2 |
| **Gramm** | **15.0** | | | | | | | | | | | |
| H | 2 | | | | | | | | | | | |

Tabelle 8

Wenn Sie Lust haben, können Sie ja mal feststellen, wie viel % der 257 Werte in den drei Streubereichen liegen und prüfen, ob das mit der Theorie übereinstimmt. Beachten Sie dabei, dass in der Liste nur die Messwerte und ihre absoluten Häufigkeiten angegeben sind! Das bedeutet, dass z.B. der Messwert 9,0
2 (zwei) mal vorkommt.

Die Ergebnisse: Einfacher Streubereich: 67,23%, doppelter Streubereich: 95,92%, dreifacher Streubereich: 100%.

Wenn wir die Varianz oder die Standardabweichung mit einem Tabellenkalkulationsprogramm berechnen oder einen Taschenrechner zur Hilfe nehmen - als der Autor dieser Zeilen 1960 begann, sich mit Statistik zu beschäftigen, gab es weder das Eine noch das Andere. Es war ziemlich zeitaufwendig, alles schriftlich, allerdings mit Hilfe von Logarithmen und Rechenschieber, zu rechnen – dann finden wir bei EXCEL verschiedene Funktionen zur Berechnung der Varianz und der Standardabweichung, sie unterscheiden sich z.B. in der Anzahl der Freiheitsgrade. Auch bei vielen Taschenrechnern finden wir zwei entsprechende Tasten zur Berechnung der Standardabweichung, nämlich $\sigma_n$ und $\sigma_{n-1}$. Wir sollten das beachten um nicht zu falschen Ergebnissen zu kommen.

**Abhängigkeit der Standardabweichung vom Stichprobenumfang**
Die statistischen Auswertungen von Daten setzen bezüglich der Streuung oft ein homogenes Datenmaterial voraus. Das bedeutet, dass bei mehreren Stichproben die Streuungen sich von Stichprobe zu Stichprobe nicht mehr als zufällig unterscheiden sollten. In diesem Zusammenhang tritt die Frage auf, ob bei einem Vergleich alle Stichproben etwa gleich groß sein sollten, weil die Streuung möglicherweise von n abhängen könnte. Wir wollen dies am folgenden Beispiel untersuchen.

**Beispiel 9**
Im anatomischen Praktikum haben wir die Gewichte beider Nieren von 80 Mäusen ermittelt. Aus der Urliste (die hier nicht vorliegt) wurden at random vier Datengruppen unterschiedlichen Umfangs zusammengestellt. Die Tabelle zeigt die Größe der Gruppen und deren Kennwerte.

| | $\bar{x}$ | $s_x^2$ | $s_x$ |
|---|---|---|---|
| Gruppe 1 8 Tiere | 0.499 | 0.013 | 0.114 |
| Gruppe 2 16 Tiere | 0.414 | 0.015 | 0.123 |
| Gruppe 3 24 Tiere | 0.389 | 0.014 | 0.120 |
| Gruppe 4 32 Tiere | 0.390 | 0.012 | 0.111 |

Tabelle 9

Wie wir sehen, schwanken die Standardabweichungen nur gering und es sieht nicht nach einem Zusammenhang mit n aus. Wir können jetzt nicht prüfen, ob die Abweichungen zwischen den vier Werten überzufällig groß sind, das ist Sache der Inferenzstatistik. Die Ergebnisse dieses Beispiels sind aber typisch und wir können festhalten:

| Die Standardabweichung ist vom Stichprobenumfang unabhängig. |
|---|

Zur Erinnerung: Der Range ist abhängig von n.

## 5.4 Variationskoeffizient $V_K$ (nach Pearson)

### Variabilitätskoeffizient, relative Standardabweichung

**Eigenschaften**
Anwendung zur Normierung der Varianz
zum Vergleich von Streuungen
eigentlich nur bei Proportionaldaten (absoluter Nullpunkt)
nur wenn alle $x_i > 0$
nur wenn $\bar{x} > 0$, da $s_x/0$ nicht definiert ist (siehe unten)
Dimensionsloses relatives Streuungsmaß

Bei der numerischen Charakterisierung von Versuchsergebnissen stellt sich auch die Frage, ob wir die errechnete Standardabweichung als groß oder klein interpretieren sollen. Um das zu klären, ist es oft erforderlich, $s_x$ mit dem entsprechenden Kennwert einer anderen Gruppe zu vergleichen. Da ist manchmal, wie das folgende Beispiel zeigt, kein Problem. Aber es gibt auch andere Konfigurationen.

**Beispiel 10**
Bei Fütterungsversuchen wurden die Gewichte von Junghühnern zweier unterschiedlich gefütterter Gruppen nach Versuchsabschluss ermittelt und folgende Kennwerte erhalten.

Gruppe 1 $\bar{x}$ = 1612 g, $s_x$ = 78 g
Gruppe 2 $\bar{x}$ = 1755 g, $s_x$ = 81 g

Die Mittelwerte liegen in der gleichen Größenordnung und die Standardabweichungen ebenfalls. Ohne einen entsprechenden Test (Inferenzstatistik) sagen wir, dass die Streuungen beider Gruppen etwa gleich groß sind und ihre Größen in Bezug auf die Mittelwerte vertretbar erscheinen. Letzteres ist natürlich subjektiv und hängt vom Erfahrungsschatz ab. Bei diesen Zahlen ist also der direkte Vergleich der Standardabweichungen möglich.

Wenn Messwerte bzw. deren Mittelwerte sich aber stark unterscheiden, dann können wir Standardabweichungen nicht direkt vergleichen. Eine Standardabweichung von 10 cm bedeuten bei ca. 8 m langen Anacondas ca. 1,25% der Länge und bei 70 cm langen Kreuzottern ca. 14,3%. Die Streuungen sind mit 10 cm in beiden Fällen gleich groß aber sicher nicht vergleichbar.

Es ist unmittelbar einsehbar, dass große Messwerte in der Regel zu zahlenmäßig größeren Streuungen führen als kleine Messwerte. Wenn wir die Standardabweichungen mehrerer Datengruppen, deren Mittelwerte sehr verschieden sind, miteinander vergleichen müssen, dann machen wir das mit folgendem Verfahren.

**Beispiel 11**
In der klinischen Chemie interessieren wir uns für einen Vergleich der Aktivitäten zweier Enzyme im Rattenserum. Für dieses Beispiel haben wir aus den Messwerten verschiedener Tiere $\bar{x}$ und $s_x$ errechnet. Die Kennwerte sind:

| | |
|---|---|
| alkalische Phosphatase | $\bar{x}$ = 137,7 U/L, $s_x$ = 29,7 U/L |
| <u>S</u>erum-<u>G</u>lutamat-<u>P</u>yruvat-<u>T</u>ransaminase | $\bar{x}$ = 26,4 U/L, $s_x$ = 5,8 U/L |

Bei der Frage, ob die Standardabweichungen bei den Werten beider Enzyme vergleichbar groß sind, stellen wir beim direkten Vergleich der $s_x$-Werte fest, dass die Werte der alkalischen Phosphatase deutlich stärker streuen als die der SGPT. Doch dieser Eindruck täuscht, weil große Messwerte ja eben meist große Streuungswerte haben. Um bei unterschiedlich großen Mittelwerten die Standardabweichungen vergleichen zu können, müssen wir in den Vergleich die Mittelwerte mit einbeziehen. Dies geschieht durch die Berechnung des sogenannten Variationskoeffizienten $V_K$ nach folgender Überlegung. Wir setzen $\bar{x}$ = 100% und fragen, wie viel % davon $s_x$ ausmacht.

| | |
|---|---|
| Für die alkalische Phosphatase gilt dann | 137,7 U/L entspricht 100 % |
| | 29,7 U/L entspricht <u>21,6 %</u> |
| Für SGPT gilt | 26,4 U/L entspricht 100 % |
| | 5,8 U/L entspricht <u>22,0 %</u> |

Nun sieht die Sache schon anders aus. Während nach dem direkten Vergleich die alkalische Phosphatase stärker streute, können wir nach dieser Berechnung sagen, dass die relative Standardabweichung also der $V_K$ bei beiden Enzymen praktisch gleich hoch ist.

Berechnet wird der Variationskoeffizient nach

Variationskoeffizient

$$V_K = \frac{100 * s_x}{\bar{x}}$$

Angabe in %
22%

oder

$$V_K = \frac{s_x}{\bar{x}}$$

Angabe als Dezimalzahl
0,22

Um einen Eindruck davon zu bekommen, wie stark bei Versuchsergebnissen die Variationskoeffizienten schwanken können, wollen wir das folgende Beispiel ansehen.

**Beispiel 12**

| | $\bar{x}$ | $s_x$ | $V_K$ |
|---|---|---|---|
| Mensch, Körpertemperatur im Laufe des Tages | 36,7 °C | 0,39 °C | 1.06% |
| Mensch, Pulsfrequenz | 76,4 $min^{-1}$ | 16,6 $min^{-1}$ | 21.80% |
| Mensch, Atemfrequenz | 16,8 $min^{-1}$ | 5,3 $min^{-1}$ | 31.60% |
| Mensch, Blutdruck systolisch | 117,3 mm Hg | 9,5 mm Hg | 8.10% |
| Mensch, Blutdruck diastolisch | 71,2 mm Hg | 8,2 mm Hg | 11.50% |
| Ratte, $\gamma$-GT im Serum | 10,1 U/L | 7,4 U/L | 73.30% |
| Ratte, $K^+$ im Serum | 4,53 U/L | 0,47 U/L | 10.40% |

Tabelle 10

Bei all diesen Ergebnissen handelt es sich um Werte die wir von verschiedenen Personen bzw. Tieren gewonnen haben. Die Streuungen, die hier der Vergleichbarkeit wegen durch die Variationskoeffizienten dokumentiert sind, werden also zurückzuführen sein auf Zufallsfehler und auf biologische Variabilität.

In der Klinischen Chemie (aber auch in anderen Bereichen) sind wir bestrebt, den Zufallsfehler zu minimieren und damit die Präzision der Verfahren zur Datengewinnung zu optimieren.

Nach Literaturangaben sollten die Variationskoeffizienten in der klinischen Chemie bei 5% bis 8% liegen.

Liegen sie höher, dann könnte das ein Grund dafür sein, die Arbeitsweise auf Verbesserungsmöglichkeiten zu überprüfen. Auch zum Vergleich der Präzision der Arbeitsweise verschiedener Laboratorien kann man den Variationskoeffizienten verwenden. Das folgende Beispiel zeigt dies.

**Beispiel 13**
Im klinisch chemischen Praktikum haben zwei Arbeitsgruppen im gleichen Humanserum der Proteingehalt in g/L bestimmt.

Aus den 10 Resultaten der Gruppe 1: 61,0 63,7 61,7 63,2 62,2 61,3 61,7 63,2 61,4 62,9 erhielten wir $\bar{x}$ = 62,23, $s_x$ 0,95 und $V_K$ 1,50

Aus den 10 Resultaten der Gruppe 2: 62,6 61,3 60,7 60,3 60,1 63,3 60,0 60,3 62,5 61,5 erhielten wir $\bar{x}$ = 61,26, $s_x$ 1,19 und $V_K$ 1,93

Hier wäre zu prüfen, wie wir die Präzision der Arbeit in Gruppe zwei optimieren könnten.

# 5.5 Standardabweichung des Mittelwertes

## Mittlerer Fehler des Mittelwertes
## Standardfehler

Wir wissen, dass $\bar{x}$ eine Schätzung für den Mittelwert der Grundgesamtheit μ ist. Wir wissen auch, dass $\bar{x}$ μ nur mit einer gewissen Unsicherheit repräsentiert. (Stichprobenfehler $\bar{x} - \mu = e$). Der Standardfehler, den wir hier berechnen wollen, ist ein Maß dafür, wie gut die Schätzung von μ durch $\bar{x}$ ist. In einem Gedankenexperiment entnehmen wir einer fiktiven Grundgesamtheit mit dem Mittelwert μ sehr viele Stichproben und erhalten von diesen die vielen Mittelwerte $\bar{x}_{si}$. Nun berechnen wir für alle $\bar{x}_{si}$ deren gemeinsamen Mittelwert $\bar{x}_M$. Dieser wird um so weniger von μ abweichen, je größer N, die Anzahl der Stichproben ist. Die Mittelwerte der Stichproben $\bar{x}_{si}$ sind – unabhängig davon, ob die Daten der Grundgesamtheit normalverteilt sind oder nicht – selber stets normalverteilt. Wir fragen jetzt nach einem Maß dafür, wie stark die Streuung der $\bar{x}_{si}$ um $\bar{x}_M$ ist. Wäre sie klein, dann wäre das ein Hinweis darauf, dass $\bar{x}_M$ eine gute Schätzung für μ ist. Ein Maß dafür ist die Standardabweichung des Mittelwertes.

Diesen Kennwert $s_{\bar{x}}$ könnten wir analog $s_x$ berechnen. Dann würde gelten:

$$s_{\bar{x}} = \sqrt{\frac{\sum(\bar{x}_{Si} - \bar{x}_M)^2}{N-1}}$$

Das Verfahren wäre aber umständlich, es wären ja N Stichproben nötig. Wir können den Standardfehler aber aus der Standardabweichung einer Stichprobe und deren Umfang n berechnen nach

Standardfehler
$$s_{\bar{x}} = \frac{s_x}{\sqrt{n}} = \sqrt{(s_x^2/n)}$$

Damit ist der Standardfehler $s_{\bar{x}}$ ein Maß dafür, wie gut μ durch $\bar{x}$ repräsentiert wird.

**Eigenschaften**
$s_{\bar{x}}$ ist direkt proportional zu $s_x$ und umgekehrt proportional zur Wurzel aus n.

**Die Abhängigkeit des Standardfehlers von n**
Bei der Besprechung von $s_x$ haben wir festgestellt, dass der Kennwert unabhängig vom Stichprobenumfang ist. Im folgenden Beispiel vollen wir untersuchen, ob eine Abhängigkeit zwischen dem Standardfehler und dem Stichprobenumfang besteht.

**Beispiel 14**
Wir untersuchen nochmal die Daten von Beispiel 9 in dem es darum ging, anhand der Gewichte beider Nieren von 80 Mäusen den Einfluss von n auf $s_x$ zu prüfen. Wir sahen dort, dass keine Abhängigkeit von n zu erkennen war und berechnen nun für die vier Gruppen den Standardfehler des Mittelwertes.

Gruppe 1: n = 8; sx = 0,114 daraus folgt $s_{\bar{x}} = sx/\sqrt{n} = 0{,}114/\sqrt{8} = 0{,}114/2{,}828 = 0{,}0403$
Gruppe 2: n = 16; sx = 0,123 daraus folgt $s_{\bar{x}} = sx/\sqrt{n} = 0{,}123/\sqrt{16} = 0{,}123/4 = 0{,}0308$
Gruppe 3: n = 24; sx = 0,120 daraus folgt $s_{\bar{x}} = sx/\sqrt{n} = 0{,}120/\sqrt{24} = 0{,}120/4{,}899 = 0{,}0245$
Gruppe 4: n = 32; sx = 0,111 daraus folgt $s_{\bar{x}} = sx/\sqrt{n} = 0{,}111/\sqrt{32} = 0{,}111/5{,}657 = 0{,}0196$

daraus folgt

| Gruppe | n | $s_x$ | $s_{\bar{x}}$ |
|---|---|---|---|
| 1 | 8 | 0.114 | 0.040 |
| 2 | 16 | 0.123 | 0.031 |
| 3 | 24 | 0.120 | 0.025 |
| 4 | 32 | 0.111 | 0.020 |

Tabelle 11

Wir erkennen eine deutliche Abhängigkeit des Standardfehlers von n und stellen beim Vergleich der Gruppen 1 und 4 fest, dass eine Vervierfachung von n den Standardfehler halbiert. Damit haben wir eine Möglichkeit, die Güte der Repräsentanz von $\bar{x}$ für $\mu$ zu steigern. Allerdings auf Kosten des Stichprobenumfangs und das kann ins Geld gehen.

> Der Standardfehler ist vom Stichprobenumfang abhängig.
>
> Um den Standardfehler zu halbieren müssen wir den Stichprobenumfang vervierfachen.

**Anwendung des Standardfehlers**
In der deskriptiven Statistik nutzen wir den Standardfehler zur Charakterisierung der Güte des Mittelwertes.

Bei der Standardabweichung der Einzelwerte haben wir gesehen, dass bei normalverteilten Daten gilt

im Bereich $\bar{x} \pm 1 * s_x$ liegen 68,28 % aller Werte.
$\bar{x} \pm 2 * s_x$ liegen 95,5 % aller Werte.
$\bar{x} \pm 3 * s_x$ liegen 99,8 % aller Werte.

Da die Mittelwerte von Stichproben einer Grundgesamtheit grundsätzlich normalverteilt sind, gelten diese Prozentangaben auch für den Standardfehler des Mittelwertes, also

> im Bereich $\bar{x} \pm 1 * s_{\bar{x}}$ liegen 68,28 % aller Mittelwerte.

Das bedeutet, mit 68,28%iger Wahrscheinlichkeit liegt μ im Bereich $\bar{x} \pm 1 * s_{\bar{x}}$. Nun ist 68,28% ein ziemlich "krummer" Wert. Wir werden später lernen, den Konfidenzbereich zu berechnen, den Bereich um $\bar{x}$ , in dem mit einer von uns gewünschten, nicht so „krummen" Wahrscheinlichkeit, z.B. 99 %, der Erwartungswert μ liegt. Was es mit der Wahrscheinlichkeit-Begriff auf sich hat, das wird das Thema des nächsten Kapitels sein.

# 5.6 Übungen

**Übung 1**
Wir haben in 14 Blättern eines Philodendron den Wasser- und Aschegehalt in g/100 g bestimmt. Die Ergebnisse sind

| Blatt | g Wasser/100 g | g Asche/100 g | Blatt | g Wasser/100 g | g Asche/100 g |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 70.7 | 2.36 | 8 | 62.4 | 2.01 |
| 2 | 79.7 | 2.07 | 9 | 68.4 | 2.19 |
| 3 | 78.7 | 2.11 | 10 | 85.0 | 2.27 |
| 4 | 83.8 | 1.58 | 11 | 72.6 | 1.99 |
| 5 | 75.8 | 1.67 | 12 | 80.2 | 2.00 |
| 6 | 51.8 | 2.08 | 13 | 58.6 | 2.04 |
| 7 | 87.5 | 2.59 | 14 | 53.0 | 1.98 |

Tabelle 12

1. Berechnen Sie für die obigen Daten $\bar{x}$, $\tilde{x}$ D, $s_x^2$, $s_x$, $s_{\bar{x}}$, R, VK

Lösung:

| | Wasser | Asche |
|---|---|---|
| $\bar{x}$ | 73.03 | 2.36 |
| D | kein Wert | kein Wert |
| $s_x^2$ | 137.91 | 0.064 |
| $s_x$ | 11.74 | 0.253 |
| $s_{\bar{x}}$ | 3.14 | 0.064 |
| R | 51,8-87,5 | 1,58-2,59 |
| VK | 16.30% | 12.27% |

Tabelle 13