Annalyse de données

Abdoul Oudouss Diakite, Othmane ETTADLAOUI

30 May, 2022

Contents

Introduction

Chapter 1

Régression linéaire

1.1 Introduction

La régression lineaire est une méthode statistique qui permet de trouver une relation lineaire entre des variables quantitives, une à expliquer et d'autres explicatives. C'est en fait un ajustement affine de la forme :

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{i1} + \beta_2 x_{i2} + \cdots + \beta_p x_{ip} + \epsilon_i \tag{1.1}$$

$$i \in \{1, 2, 3 \ldots, n\}$$

- y_i représentent la $i$ème valeur de la variable dépendantes y.
- x_{ij} représente la mesure de la $i$ème observation de la variable explicative X_j
- les β_j sont les paramètres inconnus du modèle à estimer
- ϵ_i représente le bruit associé à la $i$ème observation

L'équation précédente peut être écrite sous une forme matricielle de cette manière :

$$y = X\beta + \epsilon \tag{1.2}$$

avec :

$$y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{pmatrix} \quad X = \begin{pmatrix} 1 & x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1p} \\ 1 & x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \\ 1 & x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{np} \end{pmatrix} \quad \beta = \begin{pmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \vdots \\ \beta_n \end{pmatrix} \quad \epsilon = \begin{pmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \\ \vdots \\ \epsilon_n \end{pmatrix} \tag{1.3}$$

Commençons par importer le jeu de données que nous nommerons $dfcom$:

```
Communities = read.csv("data/Communities.csv",row.names = 1)
```

communityname	State	countyCode	communityCode	fold	pop	perHoush	pct
BerkeleyHeightstownship	NJ	39	5320	1	11980	3.10	
Marpletownship	PA	45	47616	1	23123	2.82	
Tigardcity	OR	?	?	1	29344	2.43	
Gloversvillecity	NY	35	29443	1	16656	2.40	
Bemidjicity	MN	7	5068	1	11245	2.76	
Springfieldcity	MO	?	?	1	140494	2.45	
Norwoodtown	MA	21	50250	1	28700	2.60	
Andersoncity	IN	?	?	1	59459	2.45	
Fargocity	ND	17	25700	1	74111	2.46	
Wacocity	TX	?	?	1	103590	2.62	

1.2 Application de la régression linéaire simple

Comme nous l'avons mentionner dans l'introduction, le but de se projet est d'expliquer de différentes manières les meurtes aux USA. Par conséquent, on peut choisir comme variable dépendante, les crimes(`murders`) et chercher les variables explicatives. Dans le cas de le régression linéaire simple il doit exister une corrélation assez importante entre la variable y(`muders`) et X que nous recherchons actuellement. DOnc commençons par filtrer les fortes corrélation avec la variable y dans notre jeu de données.

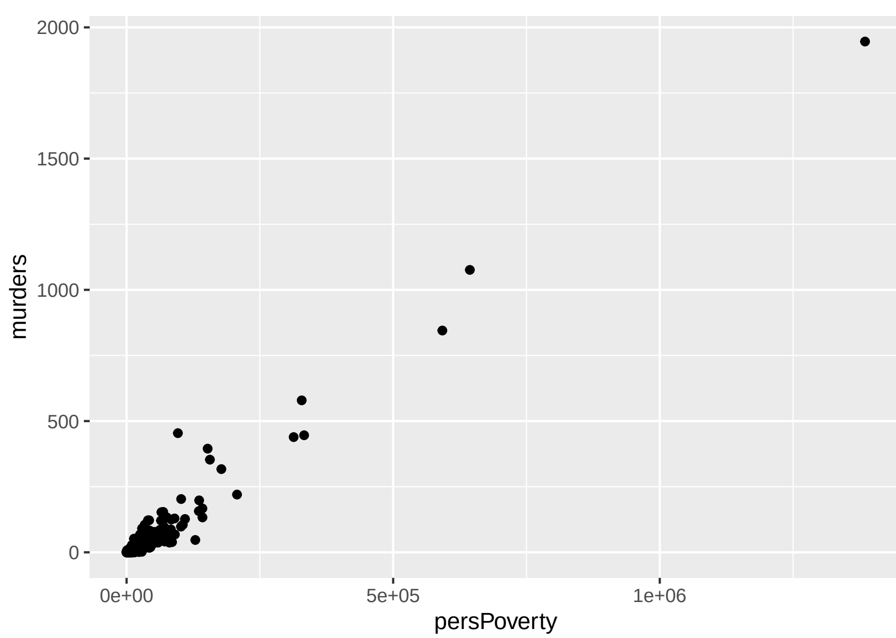
```
# Correlation matrix
corCom = correlation::correlation(Communities)
# Filtered correlation, bound =0.8
corCom[(corCom$r>0.8) & corCom$Parameter2=='murders',]
```

```
## # Correlation Matrix (pearson-method)
##
```

```
## Parameter1       | Parameter2 |    r |       95% CI | t(2213) |         p
## -------------------------------------------------------------------------
## pop              |    murders | 0.96 | [0.96, 0.96] |  159.80 | < .001***
## persUrban        |    murders | 0.96 | [0.95, 0.96] |  156.13 | < .001***
## persPoverty      |    murders | 0.98 | [0.97, 0.98] |  211.42 | < .001***
## kidsBornNevrMarr |    murders | 0.98 | [0.98, 0.98] |  221.27 | < .001***
## numForeignBorn   |    murders | 0.89 | [0.88, 0.90] |   92.94 | < .001***
## houseVacant      |    murders | 0.90 | [0.89, 0.90] |   95.29 | < .001***
## persEmergShelt   |    murders | 0.89 | [0.88, 0.90] |   93.14 | < .001***
## persHomeless     |    murders | 0.85 | [0.84, 0.86] |   76.49 | < .001***
##
## p-value adjustment method: Holm (1979)
## Observations: 2215
```

Le tableau précédent indique les variables fortement corrélées avec notre *output* `murders`. Prenons l'exemple de la variable `persPoverty` qui représente le nombre de personnes sous le seuil de pauvreté.

```
library(ggplot2)
fig = ggplot(data = Communities,aes(x=persPoverty,y=murders))+
  geom_point()
fig
```



La figure précédente laisse parraître qu'il pourrait effectivement exister une relation linéaire entre `murders` et `persPoverty`. Appliquons la fonction `lm()` pour voir ce qu'il en est vraiment ! Pour faire une analyse des résidus pltard, nous n'entrainerons que 75% du jeu de données et le reste servira à la prédiction.

```
library(dplyr)
```

```
##
## Attaching package: 'dplyr'

## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##     filter, lag

## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     intersect, setdiff, setequal, union
```

```
# Train_Test_Splite
set.seed(1345)
# Pourcentage de donnees correspondant a 25%
per = dim(Communities)[1]%/%4
echantillon <- sample(1:dim(Communities)[1]) %>% .[1:per]
lmDataTrain = Communities[-echantillon,c("murders","persPoverty")]
lmDataTest = Communities[echantillon,c("murders","persPoverty")]
```

```
#Model Training
lmSimple <- lm(murders~persPoverty,data = lmDataTrain)
summary(lmSimple)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = murders ~ persPoverty, data = lmDataTrain)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -136.43   -1.13    1.32    2.52  317.80
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -3.271e+00  3.340e-01  -9.796   <2e-16 ***
## persPoverty  1.449e-03  7.447e-06 194.519   <2e-16 ***
```

```
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 13.4 on 1660 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.958,  Adjusted R-squared:  0.9579
## F-statistic: 3.784e+04 on 1 and 1660 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

La sortie de la fonction `summary()` indique des $p - values$ très inférieures à 5%, donc on rejette l'hypothèse de nullité des β. On peut aussi constater que le coefficient de détermination R^2 vaut 0.958 ce qui signifie que notre modèle a un score de 95.8%. Ce dernier reflète une bonne qualité du modèle.

```
ggstatsplot::ggscatterstats(
  data = lmDataTrain,
  x = persPoverty,
  y = murders,
  xlab  = "le nombre de personnes sous le seuil de pauvreté",
  ylab  = "le nombre de meurtres",
  title = "Droite de régression",
  messages = FALSE
)
```

```
## Registered S3 method overwritten by 'ggside':
##   method from
##   +.gg   ggplot2
```

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

A présent, nous pouvons utiliser notre échantillon non entrainé de données pour prédire à partir de notre model, quel aurait était le nombre de meurtres pour chauque x_i.

```
X_test=as.data.frame(lmDataTest[["persPoverty"]])
colnames(X_test)="persPoverty"
y_predict = predict(object = lmSimple,X_test)
```

On peut représenter le graphe des $\hat{y}$ prédits et des y. Pour un modèle parfait, le nuage de point doit être sur la première bissectrice.

```
ggplot(data =lmDataTest) +
  geom_point(aes(persPoverty,murders),color = 'darkgreen',
             size =2,shape=22,fill ="darkgreen") +
  geom_point(aes(x = persPoverty, y =y_predict), color ='blue') +
  geom_segment(aes(x =persPoverty ,
                   y = murders, xend = persPoverty, yend = y_predict),
               color = 'red')
```

On peut aussi visualiser la répartition des résidus du modèle `lmSimple` autour de leur moyenne 0.

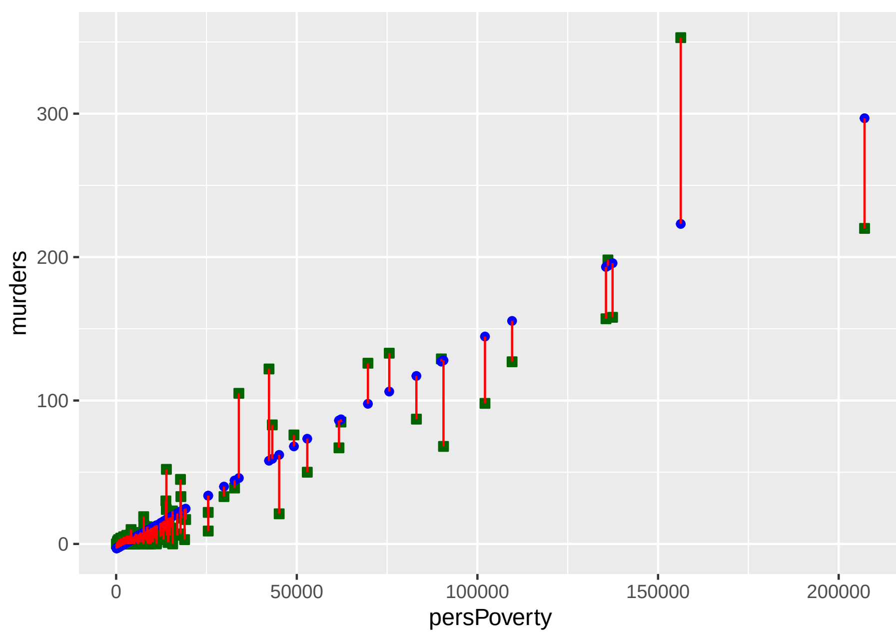


Figure 1.1: Les segments en rouges représentent les résidus, les carrés verts les y non entrainés qui ont servi au test et les points bleus représentent les y prédits à partir de notre modèle.

```
plot(lmSimple$residuals)
```

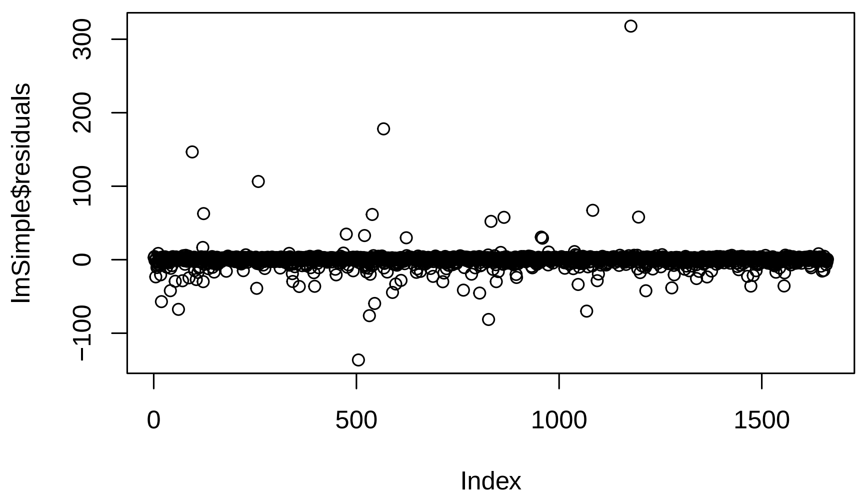


Figure 1.2: On constate une répartition des résidus autour de 0