

Bodenatmung im Nationalpark Hainich

**Erstellung eines statistischen Modells und Diskussion von
Fehlentscheidungen im Rahmen der Variablenselektion**

Claudia Sighting (161915) Daniel Loos (161586)

Roya Jalali (159939)

14. September 2016

PROJEKTARBEIT

im Rahmen des Moduls *Statistische Verfahren*

Dr. Jens Schumacher

an der Friedrich-Schiller-Universität Jena

Die Freisetzung von CO_2 in die Atmosphäre ist ein fundamentaler Bestandteil von Modellen zur Berechnung klimatischer Phänomene. Die *Bodenatmung* ist hierbei der dominierende Prozess auf Landgebieten. Zur Modellierung dieses Prozesses wurde im Nationalpark Hainich Messdaten im Einfluss von 32 Variablen erhoben. Daraus wird nun ein statistisches Modell erstellt. Bei der Variablenselektion können statistische Unsicherheiten zu Fehlern führen. Dies wird im folgendem diskutiert.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	3
1.1	Bodenatmung als geophysikalischer Prozess	3
1.2	Statistische Grundlagen	3
1.2.1	Fehlermaße	3
1.2.2	Korrelation	3
1.2.3	Informationskriterien	4
1.2.4	Test auf Vorliegen einer Normalverteilung	5
1.2.5	F-Test in geschachtelten Modellen	5
2	Erstellung eines Modells zur Bodenatmung	6
2.1	Test auf Vorliegen einer Normalverteilung	6
2.2	Korrelationsanalyse	6
2.3	Transformationen	7
2.4	Variablenselektion	7
2.5	Ergebnis	9
2.6	Umsetzung mit R	9
3	Simulation	10
3.1	Vorgehensweise	10
3.2	Auswertung	10
3.3	Diskussion	12
3.3.1	Mögliche Gründe der Fehlentscheidungen	14
3.3.2	Auswirkungen der Designmatrix auf die Fehlentscheidungen	14
4	Code	15
4.1	Korrelation	15
4.1.1	Korrelation der Temperatur	16
4.2	Variablenselektion	17
4.3	Simulation	18
4.3.1	Monte-Carlo	18
4.3.2	Kreuzvalidierung	21

1 Einleitung

1.1 Bodenatmung als geophysikalischer Prozess

Zur Berechnung von Klimamodellen stellt die Konzentration CO_2 ein eminentes Feature dar. In Landgebieten beeinflusst die Bodenatmung diesen Prozess am Meisten. Insbesondere in den Humusschichten emittieren Mikroorganismen und andere Destruenten das Treibhausgas. Im folgendem wird der Einfluss von Temperatur, Feuchtigkeit und Strukturvariablen wie z.B. die Dicke der Streuschicht oder Wurzelanteil auf die Bodenatmung evaluiert.

1.2 Statistische Grundlagen

1.2.1 Fehlermaße

SPSE ist der summierte quadratische Fehler zwischen Modellvorhersage und Messwert auf unabhängigen Testdaten:

$$\widehat{SPSE} = \sum_{i=1}^n (y_i - \vec{\beta} * x_i^T)^2 \quad (1)$$

Das Modell wurde vorher mit anderen Trainingsdaten erstellt. Die Testdaten sind statistisch unabhängig.

1.2.2 Korrelation

Unter *Korrelation* versteht man die „Wechselbeziehung“ zweier Zufallsgrößen. Dieser Zusammenhang kann entweder *linear* (Korrelationskoeffizient nach Pearson) oder lediglich *monoton* sein. Ist eine Korrelation nicht gegeben, so scheint die Zufallsgröße als ungeeigneter Prädiktor für die jeweils andere Variable. Kausale Beziehungen erfordern Korrelation.

Der *lineare, empirische Korrelationskoeffizient nach Person* zwischen den Variablen X und Y wird definiert durch:

$$\text{Kor}_e(x, y) := \varrho_e(x, y) := r_{xy} := \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \cdot \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} \quad (2)$$

mit den empirischen Mittelwert \bar{x} aus n Messwerten von X . Möchte man lediglich ein *lineares* Modell erstellen, so ist die Pearson-Korrelation zu wählen.

Eine allgemeinere Beschreibung der Korrelation ist die nach *Spearman*, welche auf Ranglisten beruht:

$$r_s = \frac{\sum_i (rg(x_i) - \overline{rg_x})(rg(y_i) - \overline{rg_y})}{\sqrt{\sum_i (rg(x_i) - \overline{rg_x})^2} \sqrt{\sum_i (rg(y_i) - \overline{rg_y})^2}} \quad (3)$$

$$= \frac{\frac{1}{n} \sum_i (rg(x_i)rg(y_i)) - \overline{rg_x} \overline{rg_y}}{s_{rg_x} s_{rg_y}} \quad (4)$$

$$= \frac{Cov(rg_x, rg_y)}{s_{rg_x} s_{rg_y}} \quad (5)$$

Somit lassen sich auch nicht-lineare Korrelationen in Datensätzen erkennen. Insbesondere im Betrachtung des exponentiellen Verhaltens in Abhängigkeit von der Temperatur ist diese Art der Korrelation wichtig. Zur Berechnung des Anteils an der *erklärten* Varianz in linearen Modellen allerdings kann diese Variante nicht verwendet werden. Hier wird ebenfalls ein lineares Korrelationsmaß benötigt.

1.2.3 Informationskriterien

Je mehr Variablen für ein Modell in Betracht gezogen werden, um so komplexer wird es. Meist wünscht man sich aber ein einfaches Modell, dass mit möglichst wenigen Variablen sehr gute Vorhersagen treffen kann. Mit verschiedenen Informationskriterien kann man nach Variablen mit der minimalen Varianz der Residuen suchen. Das *Bayessches Informationskriterium* (*BIC*) ist im Vergleich zu *Akaikes Informationskriterium* abhängig von der Stichprobengröße.

$$AIC_\ell = -2\ell(\hat{\theta}) + 2k$$

$$BIC_\ell = -2\ell(\hat{\theta}) + \log(n)k$$

Dies machen wir uns bei unseren Testdaten nützlich, da unsere Stichprobe recht klein ist. Zusätzlich betrachten wir noch das *korrigierte Bestimmtheitsmaß* \bar{R}^2 (*adjr2*; engl. *adjusted r-squared*). Es ist im Vergleich zum Bestimmtheitsmaß R^2 angepasst an die Anzahl der Variablen im Modell. Es steigt nur an, wenn die Variable das Modell stärker verbessert als der Zufall, ansonsten sinkt es.

$$\bar{R}^2 = 1 - (1 - R^2) \frac{n-1}{n-p-1} = R^2 - (1 - R^2) \frac{p}{n-p-1}$$

¹Schwarz-Bayes Criterion (SBC))

1.2.4 Test auf Vorliegen einer Normalverteilung

Der *Shapiro-Wilk-Test* ist ein statistischer Test zur Überprüfung der Hypothese, ob Variablen normalverteilt sind. Wenn bei dem Test der p-Value größer als 0.05 ist, dann ist die Variable normalverteilt. Dieser Test ist anwendbar, wenn die Anzahl der Variablen zwischen 3 und 5000 liegt. Somit ist es geeignet für unsere Variablen. Der Test basiert auf der Teststatistik W , der den graphischen Überprüfungen (zum Beispiel QQ-Plot) einen Wert zuweist [1]:

$$W = \frac{b^2}{(n-1)s^2}$$

mit b^2 als quadrierte Steigung der Regressionsgeraden im QQ-Plot.

1.2.5 F-Test in geschachtelten Modellen

Der *F-Test* überprüft, ob zwei verschachtelte Modelle mit den Featuremengen $M_1 \subseteq M_2$ sich signifikant unterscheiden. Hierbei wird auf den gleichen Daten evaluiert. Unter Annahme der Nullhypothese ist die Test-Statistik F-verteilt und abhängig von den Freiheitsgraden (Anzahl der Features im Modell). Mit der Nullhypothese wird überprüft, ob die hinzugefügten Features des erweiterten Modells statistisch irrelevant sind ($H_0 : \beta_i = 0$).

Die F-Statistik wird gebildet durch:

$$F = \frac{\frac{RSS_1 - RSS_2}{p_2 - p_1}}{\frac{RSS_2}{n - p_2}} \quad (6)$$

mit den quadrierten Residuen RSS , den Freiheitsgraden p_i in den Modellen M_i und das um weitere Feature erweiterte Modell M_2 . Ist der F-Wert je nach Signifikanzniveau hinreichend groß, kann die Nullhypothese abgelehnt werden: Das erweiterte Modell beschreibt die Daten nun signifikant genauer. Der Fehler RSS wird so stark verringert, dass es auch eine Erhöhung der Freiheitsgrade rechtfertigt.

Die R-Funktion `anova(model1, model2)` führt derartige Tests durch. Ist der p-Value (in `R F Pr(>F)`) kleiner als das Signifikanzniveau, so wird im Rahmen der Variablenselektion das erweiterte Modell favorisiert.

2 Erstellung eines Modells zur Bodenatmung

Der Datensatz enthält sehr viele Features im Vergleich zur Anzahl an Messungen. Der Suchraum der Variablenselektion wäre viel zu groß und muss demnach verkleinert werden. Außerdem ist eine Schätzung von so vielen Parametern mit vergleichsweise wenigen Messungen auch statistisch zu ungenau. Das Modell deckt nicht die gesamte Bandbreite der Messungen der Bodenatmung ab. Die Abweichungen der Extremwerte schwanken um 30%.

2.1 Test auf Vorliegen einer Normalverteilung

Es werden nur normalverteilte (*Shapiro-Wilk*) und stark korrelierende (*Pearson*) Variablen in Betracht gezogen. Um *Pearson* als Korrelationskoeffizienten nutzen zu können, müssen die Messungen der Variablen normalverteilt sein. Um dies zu testen nutzen wir den *Shapiro-Wilk-Test*. Wenn der *p-Value* des *Shapiro-Wilk-Tests* größer als das Signifikanzniveau $\alpha = 0.05$ ist, dann ist die Variable normalverteilt. Wie in Abbildung 1 zu sehen ist, sind nur 14 der insgesamt 33 Variablen normalverteilt.

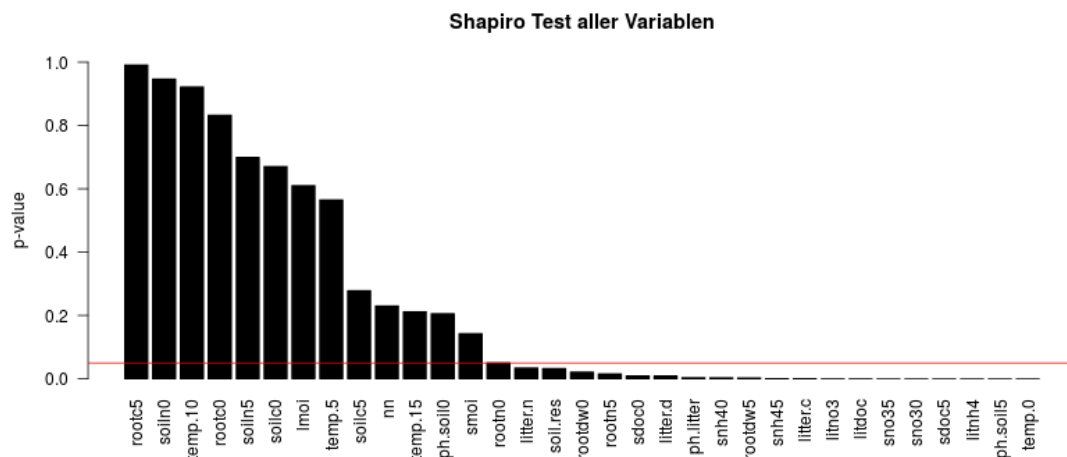


Abbildung 1: P-Value des Shapiro-Wilk-Tests aller Variablen.

2.2 Korrelationsanalyse

Aus den normalverteilten Variablen werden die am stärksten korrelierenden Variablen ausgewählt (siehe Abbildung 2).

- *lmoi* relative Feuchte der Streuschicht (litter moisture)

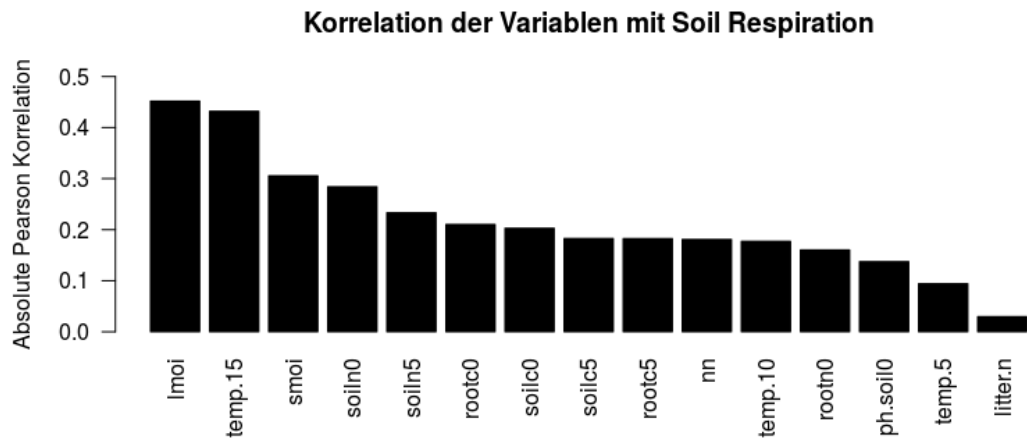


Abbildung 2: **Pearson-Korrelation** der normalverteilten Einflussgrößen (p -Value > 0.32) mit der Bodenatmung.

- *temp15* Bodentemperatur in 15 cm Tiefe
- *smoi* relative Bodenfeuchte (soil moisture)

2.3 Transformationen

Lineare Modelle erfordern lineare Korrelationen. Bei nicht linearen Korrelationen kann eine Linkfunktion als Transformation der Zufallsgröße verwendet werden, um die gewählte Messgröße zu linearisieren. Soe *et. al.* verwendeten eine derartige Transformation vor allem für die Temperatur, da die Reaktionsgeschwindigkeit einer Reaktion exponentiell und nicht linear in Abhängigkeit der Temperatur verläuft [2]. Unsere Datenlage allerdings konnte die Notwendigkeit einer solchen Transformation nicht bestätigen (Vgl. Abbildung 3). Eine hohe *Pearson*-Korelation bestätigte den Verdacht. Transformationen bringen keine deutlichen Verbesserungen der Variablen. Für diese Analyse wurde außerdem ein Scatterplot genutzt (Abbildung im Anhang).

2.4 Variablenselektion

Mit Hilfe des R-Pakets *leaps* wird das Modell mit dem geringsten Wert des *Bayesschem Informationskriteriums* (*BIC*) ausgewählt, welches das Kriterium der Modellqualität erfüllt. In Abbildung 4 sieht man, dass ein Hinzufügen der Variable *soiln0* den *BIC*-Wert nur erhöhen würde.

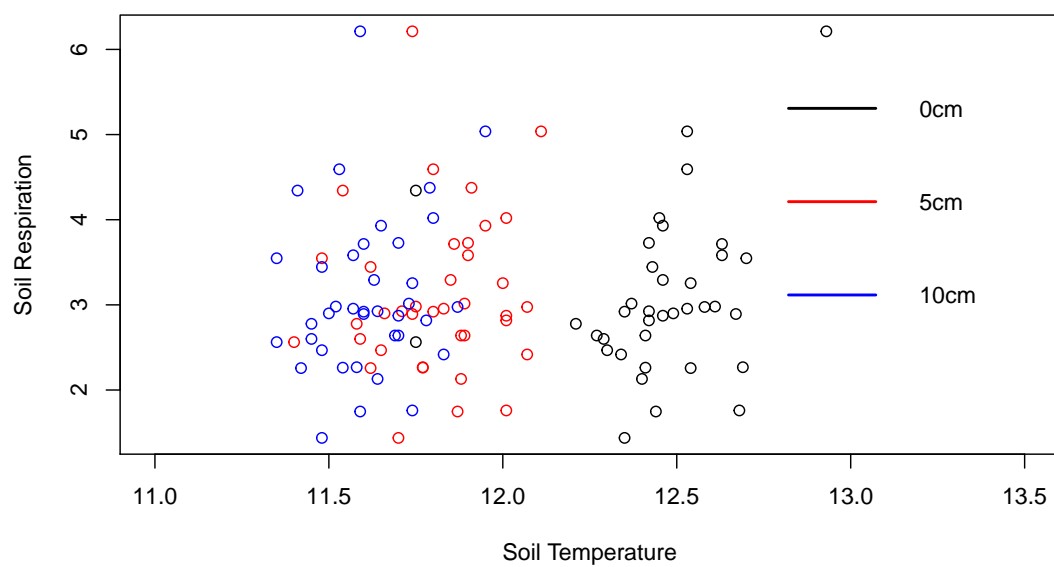


Abbildung 3: **Bodenatmung in Abhängigkeit von der Temperatur.** Es ist keine nichtlineare Korrelation der beiden Größen ersichtlich.

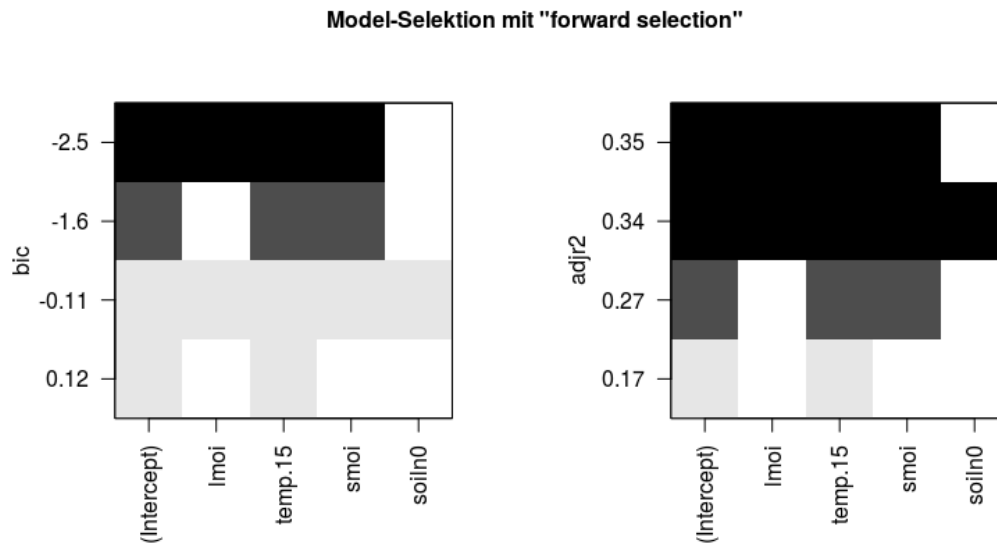


Abbildung 4: Variablenselektion mittels Bayesschem Informationskriterium (bic) und korrigiertes Bestimmtheitsmaß \bar{R}^2 (adjr22). Im linken Bild sieht man die Variablenselektion anhand des *Bayesschem Informationskriteriums* und des *korrigierte Bestimmtheitsmaßes*, die beide das Modell mit den ersten drei Variablen (*lmoi*, *temp.15*, *smoi*) bevorzugt.

2.5 Ergebnis

Bezüglich der Voraussetzungen der Normalverteilung, der Korrelation und des BICs wurde folgendes Modell zur Beschreibung der Bodenatmung ausgewählt:

$$soil.res = \vec{\beta} * (1, lmoi, temp15, smoi)^T$$

2.6 Umsetzung mit R

```

1 # Test auf Normalverteilung
2 hainich.shapiro <- mapply(function(x) shapiro.test(x)$p.value,
  hainich)
3 hainich.normal <- hainich[names(hainich.shapiro[hainich.shapiro >
  0.032])]
4 # Korrelation mit Pearson
5 hainich.pear <- abs(cor(hainich.normal))["soil.res", -16]
```

3 Simulation

3.1 Vorgehensweise

Die Daten wurden in 80% zum Training und 20% zum Testen aufgeteilt. Anschließend wurde das „wahre“ Modell um jeweils ein weiteres Feature erweitert. Das erweiterte Modell $soil.res = \vec{\beta} * (1, lmoi, temp15, smoi, x)^T$ wurde mittels ANOVA mit dem „wahren“ Modell verglichen. In R berechnete die Funktion `anova(realModel, nxtModel)$F[2]` den jeweiligen F-Wert. Wichtig hierbei war, dass beide Modelle auf den selben Trainingsdaten erstellt wurden und es sich um *verschachtelte* Featuremengen handelte. Die Partitionierung der Daten erfolgte sowohl mittels Kreuzvalidierung als auch mit einem Monte-Carlo-Ansatz. Bei der 4-fachen Kreuzvalidierung wurden die Daten in vier möglichst gleich großen Partitionen aufgeteilt. Eine Partition wurde zum Testen des Reproduktionsfehlers verwendet, die Anderen zum Training. Beim Monte-Carlo-Ansatz wurden 200 mal zufällig 20% der Daten zum Testen ausgewählt. Dadurch kann die Wahrscheinlichkeit der Fehlentscheidungen im Bezug auf die Nullhypothese besser geschätzt werden. Die Ermittlung des Reproduktionsfehlers \widehat{SPSE} erfolgte mittels unabhängigen Testdaten. Um zu überprüfen, ob sich das Modell überhaupt verbessert hat, wurde die Differenz $\Delta\widehat{SPSE}$ im Bezug auf das Ausgangsmodell berechnet.

3.2 Auswertung

In Abbildung 5 sind die F-Werte und Fehler bei der Reproduktion von unabhängigen Testdaten gezeigt. Im Rahmen des Variablenselektionsverfahrens wird jeweils das Feature zum Modell hinzugenommen, welches den größten F-Wert besitzt. Im diesem Falle wäre das *litter.d*. Betrachtet man allerdings den erwarteten Reproduktionsfehler \widehat{SPSE} , so führt das Hinzunehmen der Variable *ph.soil5* zum Modell mit minimalen Fehlern. Hier ist der F-Wert aber um $\approx 3,5$ geringer. Die Nullhypothese wird hier fälschlicherweise abgelehnt und stattdessen *litter.d* zum Modell hinzugenommen. Auch kann es vorkommen, dass eine Zufallsvariable überwiegend Rauschen beinhaltet und sich das Modell dann durch Hinzufügen ebendieser Variable lediglich verschlechtert (Vgl. Abb. 6, $\Delta\widehat{SPSE} > 0$)

Nach der Monte-Carlo-Simulation war das Modell mit dem geringsten \widehat{SPSE} stets das Modell mit den 9. höchsten F-Wert. Während der 200 Simulationen verblieb der Wert unverändert. Wenn man davon ausgeht, dass das erstellte Modell wirklich „wahr“ ist, so entspricht dies eine Wahrscheinlichkeit zur fehlerhaften Ablehnung der Nullhypothese von 100%. Insgesamt war bei fünf weiteren Features (*temp.10*, *soilc0*, *soiln0*, *snh40* und *rootc0*) der p-value stets unter dem Signifikanzniveau. Hier schlägt das Variablenselek-

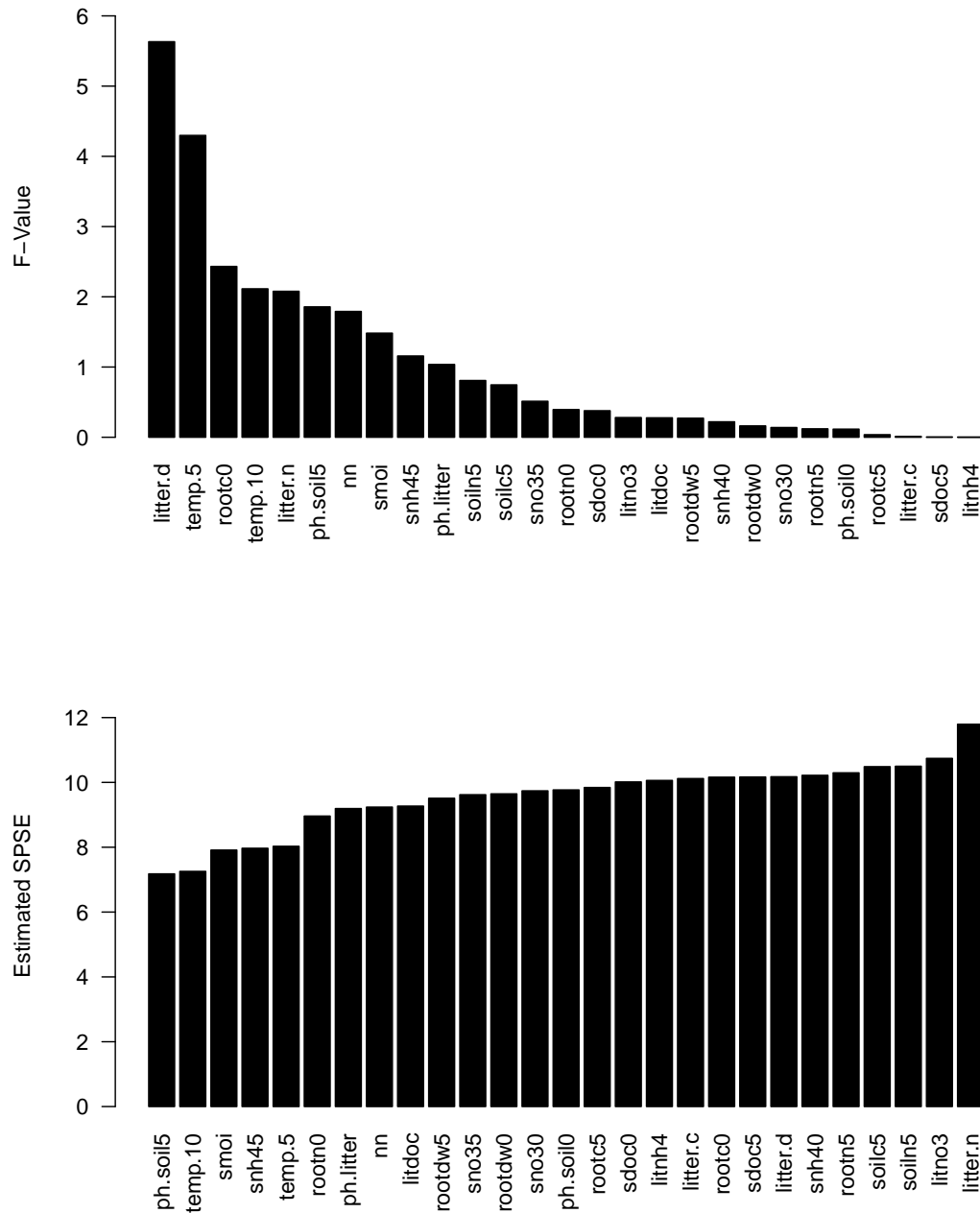


Abbildung 5: **Beispiel einer Simulation.** Das in Kapitel 2 erstellte „wahre“ Modell wurde um jeweils ein Feature erweitert. Dargestellt ist der Fehler **SPSE** und der zugehörige **F-Wert** in Abhängigkeit von der gewählten zusätzlichen Variable in der ersten Runde der Kreuzvalidierung. Im Verlaufe der Variablenselektion wird das Modell mit dem höchsten F-Wert gewählt. Dies ist allerdings selten das Modell mit dem geringsten Fehler.

tionsverfahren vor, Features einen vollständigen Modell hinzu zufügen. Unter Annahme der Vollständigkeit des Modells ist dies aber falsch.

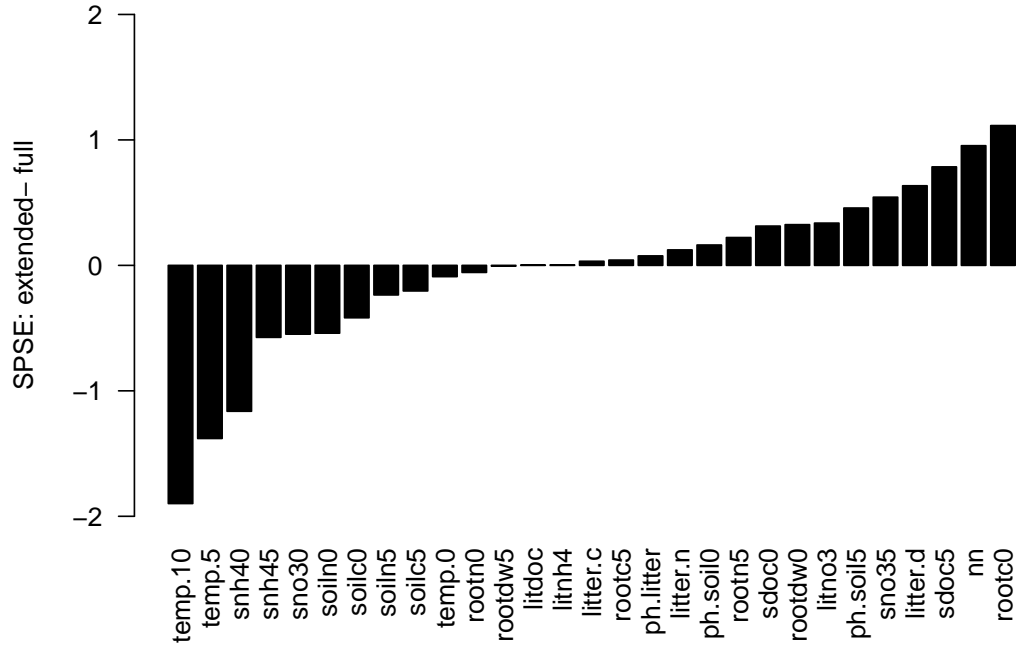


Abbildung 6: **Verbesserung der Modelle.** Dargestellt ist die Differenz $\Delta \widehat{SPSE}$ aus dem „wahren“ und dem erweiterten Modell. Positive Werte deuten darauf hin, dass die hinzugefügte Variable dem Modell lediglich Rauschen beifügt.

Unter der Nullhypothese (Erweitertes Modell ist nicht besser als das „wahre“ Modell) ist die F-Statistik eine F-verteilte Zufallsvariable. Die Dichtefunktion der Daten aus der Kreuzüberprüfung (approx. durch Kernel-Desity) ist nach Abb. 7 mitunter stark abweichend. Die Simulation möchte demnach das wahre Modell erweitern (H_0 wird abgelehnt). Dies führt zu Overfitting, da das Modell bereits als wahr angenommen wurde und demnach keine weiteren Features hinzugefügt werden sollten.

3.3 Diskussion

Das Fortführen des Variablenselektionsverfahrens führte zu vielen Ablehnungen der Nullhypothese, obwohl das Modell bereits als vollständig angenommen wurde. In Anbetracht der Datenlage allerdings lässt sich streiten, ob das Ausgangsmodell wirklich als „wahr“

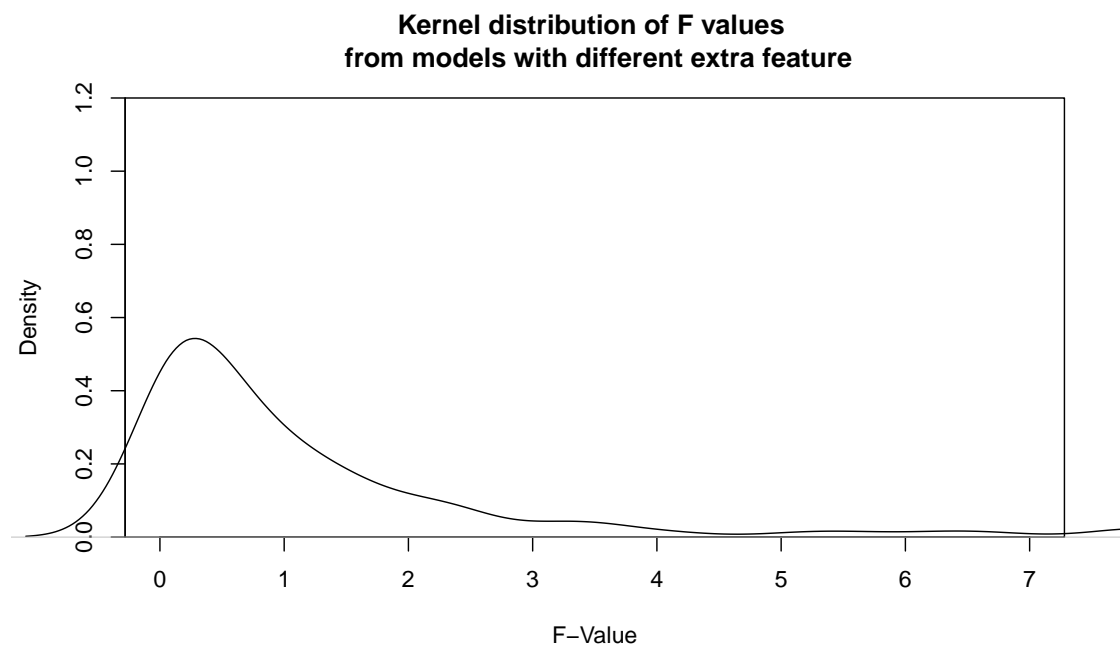


Abbildung 7: **Approximierte Dichtefunktionen der F-Werte.** Gezeigt ist die Kerneldichtefunktion der F-Werte der Simulationen. Die Multimodalität der Funktion deutet auf fehlerhaftes Ablehnen der Nullhypothesen hin.

bezeichnet werden kann. Auf jedes Feature kommt maximal ein Datenpunkt. Damit kann man die Realität nicht abbilden und ein Erstellen eines „wahren“ Modells erscheint sinnlos. Ist das wahre Modell nicht bekannt, lässt sich die Wahrscheinlichkeit der fälschlichen Ablehnung von H_0 ebenfalls nicht schätzen. Die Ergebnisse sind demnach mit großer Vorsicht zu genießen.

3.3.1 Mögliche Gründe der Fehlentscheidungen

Gemessene Features müssen nicht zwangsläufig von der Bodenatmung statistisch abhängig sein. Je geringer die Korrelation dieser beiden Zufallsvariablen, desto höher ist die Wahrscheinlichkeit, dass es sich nur um Rauschen handelt. In diesem Fall sollte diese Variable nicht zum Modell hinzugefügt werden. Zufälligerweise kann dies aber auch zu hohen F-Werten führen, welches zu fehlerhaften Entscheidungen bei den Hypothesentests führen kann. Ferner fordert der F-Test normalverteilte Variablen. Folgt eine Messgröße nicht dieser Verteilung, ist der Test nicht aussagekräftig. Auch eine nicht repräsentative Stichprobe fälscht das Ergebnis. Uns lagen lediglich 38 Observationen vor; dies könnte zu gering sein. Eine fehlerhafte Datenerhebung führt auch zu verfälschten Ergebnissen. Letztendlich kann der F-Test auch nur zufällig richtig sein. Ein geringer p-Value schließt keine Fehlentscheidungen aus; sie werden lediglich unwahrscheinlicher.

3.3.2 Auswirkungen der Designmatrix auf die Fehlentscheidungen

In der Monte Carlo-Simulation wurden 200 unterschiedliche Teilmengen des Datensatzes als Trainingsdaten verwendet. Die Designmatrix kann also in jeder Runde leicht anders ausfallen. In jeder Einzelsimulation jedoch war stets *Temp.10* das Feature mit dem höchsten F-Wert. Die Wahl der Trainingsdaten führte zwar zu leicht unterschiedlichen Koeffizienten β_i ; die Entscheidung des nächsten Features jedoch war stets die selbe. Die Messungen sind demnach statistisch voneinander unabhängig.

4 Code

4.1 Korrelation

```
1 hainich <- read.csv("hainich.csv", sep = ";", dec = ".")
2
3 # spearman (monoton)
4 hainich.spear <- abs(cor(hainich, method = "spearman"))["soil.res"
5   ,-1]
6 hainich.spear.ordered <- hainich.spear[order(hainich.spear,
7   decreasing = T)]
8
9 # barplot(hainich.spear.ordered, las = 2, ylim = c(0,0.5), col = "
10   black",
11   ylab = "Absolute_Spearman_Correlation", main = "Variables_
12     Correlated_with_Soil_Respiration")
13
14 # pearson (linear)
15 hainich.pear <- abs(cor(hainich, method = "pearson"))["soil.res"
16   ,-1]
17 hainich.pear.ordered <- hainich.pear[order(hainich.pear,
18   decreasing = T)]
19 barplot(hainich.pear.ordered, las = 2, ylim = c(0,0.5), col = "
20   black",
21   ylab = "Absolute_Pearson_Correlation", main = "Variables_
22     Correlated_with_Soil_Respiration")
23
24 # p.value < 0.05 bedeutet nicht normalverteilt
25 shapiro.test(hainich[,1])$p.value
26
27 hainich.pear <- abs(cor(hainich, method = "pearson"))["soil.res"
28   ,-1]
29 hainich.pear.ordered <- hainich.pear[order(hainich.pear,
30   decreasing = T)]
31 barplot(hainich.pear.ordered, las = 2, ylim = c(0,0.5), col = "
32   black",
33   ylab = "Absolute_Pearson_Correlation", main = "Variables_
34     Correlated_with_Soil_Respiration")
35
36 # Vergleich der Barplots
37 spearpear = t(data.frame(hainich.spear, hainich.pear))
38 spearpear.ordered <- spearpear[,order(apply(spearpear, c(2),FUN=
39   mean), decreasing = T)]
```

```

25 barplot(as.matrix(spearpear.ordered), las = 2, beside=TRUE)
26
27 # Shapiro: normalverteilt?
28 hainich.shapiro <- mapply(function(x) shapiro.test(x)$p.value,
    hainich)
29 hainich.shapiro.ordered <- hainich.shapiro[order(hainich.shapiro,
    decreasing = T)]
30 barplot(hainich.shapiro.ordered, las = 2, ylim = c(0,1), col = "
    black",
31         ylab = "Shapiro_Test_p-value", main = "Variables")
32 abline(h=0.05, col="red")
33 shapiro.test(hainich[,14])
34
35 names(hainich.shapiro.ordered)
36
37 # Basic Scatterplot Matrix
38
39 ## Top 15 Spearman Variablen
40 pairs(~ lmoi + temp.15 + soiln0 + temp.0 + soilc0 + rootdw0 +
    rootdw5 + sdoc5 + soil.res,data=hainich ,main="Simple_
    Scatterplot_Matrix")
41
42 ## Top 15 Pearson Variablen
43 pairs(~ lmoi + temp.15 + litdoc + litter.d + smoi + rootdw0 +
    temp.0 + sdoc5 + soil.res,data=hainich ,main="Simple_
    Scatterplot_Matrix")

```

4.1.1 Korrelation der Temperatur

```

1 #
2 # Has Temperature an non linear effect on soil-resp?
3 #
4
5 hainich <- read.csv("hainich.csv", sep = ";", dec = ".")
6 plot(hainich$temp.0,hainich$soil.res,
7      xlim = c(11,13.5),
8      ylab = "Soil_Respiration", xlab = "Soil_Temperature")
9 points(hainich$temp.5,hainich$soil.res, col = "red")
10 points(hainich$temp.10,hainich$soil.res, col = "blue")
11 legend("topright",c("0cm","5cm","10cm"), lwd=2,
12        col=c("black","red","blue"), bty = "n")

```


4.2 Variablenselektion

```
1 hainich <- read.csv("hainich.csv", sep = ";", dec = ".")
2
3 # Correlation mit Pearson
4 hainich.pear <- abs(cor(hainich))["soil.res",-1]
5 hainich.pear.ordered <- hainich.pear[order(hainich.pear,
      decreasing = T)]
6 barplot(hainich.pear.ordered, las = 2, ylim = c(0,0.5), col = "
      black",
7         ylab = "Absolute_Pearson_Korrelation", main = "Korrelation
      _der_Variablen_mit_Soil_Respiration")
8
9 names(hainich.pear.ordered)
10 pairs(~ lmoi + temp.15 + litdoc + litter.d + smoi + rootdw0 +
      temp.0 + soiln0, data=hainich ,main="Scatterplot_der_Top_8_
      korrelierenden_Variablen_nach_Pearson")
11
12 # Shapiro: normalverteilt?
13 hainich.shapiro <- mapply(function(x) shapiro.test(x)$p.value,
      hainich)
14 hainich.shapiro.ordered <- hainich.shapiro[order(hainich.shapiro,
      decreasing = T)]
15 barplot(hainich.shapiro.ordered, las = 2, ylim = c(0,1), col = "
      black",
16         ylab = "p-value", main = "Shapiro_Test_aller_Variablen")
17 abline(h=0.05, col="red")
18
19 hainich.normal <- hainich[names(hainich.shapiro.ordered[hainich.
      shapiro.ordered > 0.05])]
20
21
22
23 # sampling training data
24 set.seed(1337)
25 testFraction <- 0.2 #Fraction of data used for testing (estimate
      for integer sample size)
26 sampleCount <- dim(hainich)[1]
27 index <- sample(1:sampleCount, round(testFraction * sampleCount))
28 hainich.test <- hainich[index,]
29 hainich.train <- hainich[-index,]
```

```

30
31 null <- lm(soil.res ~ 1, data = hainich.train)
32 full <- lm(soil.res ~ 1 + lmoi + temp.15 + smoi + soiln0, data=
    hainich.train)
33
34 step(null, scope=list(lower=null, upper=full), direction="forward"
    )
35
36 #info: http://www.stat.columbia.edu/~martin/W2024/R10.pdf
37 library("leaps")
38 hainich.leaps <- regsubsets(soil.res ~ 1 + lmoi + temp.15 + smoi +
    soiln0,
39                             data=hainich.train, method = "forward
    ")
40
41 summary(hainich.leaps)
42 par(mfrow=c(1,2))
43 plot(hainich.leaps, scale="bic")
44 plot(hainich.leaps, scale="adjr2")
45 mtext("Model-Selektion mit \"forward selection\"", side=3, outer=
    TRUE, line=-3.5, cex=1, font = 2)
46 summary(hainich.leaps)$bic

```

4.3 Simulation

4.3.1 Monte-Carlo

```

1 spseHat <- function(model, test){
2   return(sum((test$soil.res - predict(model, newdata=test))^2))
3 }
4
5 getFtable <- function(train, test){
6   ## Simulation F values
7   realModelStr <- "soil.res ~ 1 + lmoi + temp.15 + smoi"
8   realModel <- lm(realModelStr, data = train)
9   # next model will have another feature in addition
10  excludeVarsRegex <- "(soil.res|lmoi|temp.15|smoi)"
11  nextVars <- names(hainich)[
12    ! grepl(excludeVarsRegex, names(hainich))]
13
14  #create result data frame
15  simulRes <- NULL

```

```

16  spseRealModel <- spseHat(realModel, test) # spse of full model
17  for(x in nextVars){
18    #create formula for next Model by adding current variable
19    nxtModelStr <- paste(realModelStr, "+", x)
20    nxtModel <- lm(nxtModelStr, data = train)
21
22    #evaluate nextModel
23    an <- anova(realModel, nxtModel)
24    f <- an$F[2] # F-value
25    p <- an$`Pr(>F)`[2] # p-value
26    spse <- spseHat(nxtModel, test) # error in new model
27    deltaSpse <- spse - spseRealModel # gained error diff
28    simulRes <- rbind(simulRes, c(spse,x,f,p,deltaSpse))
29  }
30  simulRes <- data.frame(spse=as.double(simulRes[,1]),
31                        addedFeature=simulRes[,2] , F=as.double(
32                          simulRes[,3]),
33                        p=as.double(simulRes[,4]), deltaSpse=as.
34                          double(simulRes[,5]),
35                        stringsAsFactors = T)
36  return(simulRes)
37 }
38 #n = number of monte carlo simulations
39 #nTrain <- number of data points for training
40 monte <- function(data, n, nTrain){
41   # 1 == train, 0 == test
42   index <- sample(c(rep(1,nTrain),rep(0,dim(data)[1] - nTrain)))
43
44   simulRes <- data.frame()
45   for (i in 1:n){
46     train <- hainich[index==1,]
47     test <- hainich[index==0,]
48
49     res <- getFtable(train,test)
50     res$run <- rep(i, dim(res)[1])
51     #concat new results
52     simulRes <- rbind(simulRes,res)
53   }
54

```

```

55     return(simulRes)
56 }
57
58 set.seed(1337)
59 hainich <- read.csv("hainich.csv", sep = ";", dec = ".")
60 n <- 100 # number of monte carlo simulations
61 nTrain <- 25 # number of training data points
62 simulRes <- monte(hainich,n,nTrain)
63
64
65 ## evaluation
66 # gets a list of features with maximal F (count: topN)
67 # returns true if min(SPSE) is in this list
68 takenFeatures <- data.frame()
69 minSPSEinTopF <- function(round, topN){
70     run <- simulRes[simulRes$run == round,]
71     run <- run[order(run$F, decreasing = T),] # order by F
72     run <- head(run, topN) # get top N with max F
73
74     minSPSE <- simulRes[simulRes$spse == min(simulRes$spse)
75                         & simulRes$run == round,]
76     maxF <- simulRes[simulRes$F == max(simulRes$F)
77                     & simulRes$run == round,]
78
79     #return true if best feature by SPSE is in top list by F value
80     if(minSPSE$addedFeature %in% run$addedFeature){
81         return(TRUE)
82     }
83     else{
84         return(FALSE)
85     }
86 }
87
88 probDecisionWrong <- function(topN){
89     rounds <- max(simulRes$run)
90     wrongRoundsCount <- 0
91
92     #for every round
93     for(i in 1:rounds){
94         if(!minSPSEinTopF(i,topN)){
95             wrongRoundsCount <- wrongRoundsCount + 1

```

```

96     }
97   }
98
99   return(wrongRoundsCount / rounds)
100 }
101
102
103 #probability that F test dont get min SPSe in thier top 5 list
104 probWrongTop8 <- probDecisionWrong(8)
105 probWrongTop9 <- probDecisionWrong(9)
106 probWrongTop10 <- probDecisionWrong(10)

```

4.3.2 Kreuzvalidierung

```

1  spseHat <- function(model, test){
2    # SPSE.hat1
3    return(sum((test$soil.res - predict(model, newdata=test))^2))
4  }
5
6  getFtable <- function(train, test){
7    ## Simulation F values
8    realModelStr <- "soil.res~_1+_lmoi+_temp.15+_smoi"
9    realModel <- lm(realModelStr, data = train)
10   # next model will have another feature in addition
11   excludeVarsRegex <- "(soil.res|lmoi|temp.15|smoi)"
12   nextVars <- names(hainich)[
13     ! grepl(excludeVarsRegex, names(hainich))]
14
15   #create result data frame
16   simulRes <- NULL
17   spseRealModel <- spseHat(realModel, test) # spse of full model
18   for(x in nextVars){
19     #create formula for next Model by adding current variable
20     nxtModelStr <- paste(realModelStr, "+", x)
21     nxtModel <- lm(nxtModelStr, data = train)
22
23     #evaluate nextModel
24     an <- anova(realModel, nxtModel)
25     f <- an$F[2] # F-value
26     p <- an$'Pr(>F)'[2] # p-value
27     spse <- spseHat(nxtModel, test) # error in new model
28     deltaSpse <- spse - spseRealModel # gained error diff

```

```

29     simulRes <- rbind(simulRes, c(spse,x,f,p,deltaSpse))
30 }
31 simulRes <- data.frame(spse=as.double(simulRes[,1]),
32                       addedFeature=simulRes[,2] , F=as.double(
33                           simulRes[,3]),
34                       p=as.double(simulRes[,4]), deltaSpse=as.
35                           double(simulRes[,5]),
36                       stringsAsFactors = T)
37 }
38
39 crossValPart <- function(data, fold){
40     index <- rep(1:fold, length.out=dim(hainich)[2])
41     index <- sample(index) # mixing
42
43     simulRes <- data.frame()
44     for (i in 1:fold){
45         train <- hainich[index!=i,]
46         test <- hainich[index==i,]
47
48         res <- getFtable(train,test)
49         res$run = rep(i, dim(res)[1])
50         simulRes <- rbind(simulRes,res)
51     }
52
53     return(simulRes)
54 }
55
56 hainich <- read.csv("hainich.csv", sep = ";", dec = ".")
57 set.seed(1337)
58 #result by cross validation (random part against rest validation)
59 fold <- 4
60 simulRes <- crossValPart(hainich,fold)
61
62
63 ## evaluation
64 for(i in seq(fold)){
65     #select run
66     r <- simulRes[simulRes$run == i,]
67     #which model with additional feature was the real winner (SPSE)?

```

```

68   idMinErr <- which(r$spse == min(r$spse))
69   #which model won but was not the best one (F)?
70   idMaxF <- which(r$F == max(r$F))
71
72   print(paste("In run", i,
73             "min SPSE and max F picked same additional feature:"
74             , idMaxF == idMinErr ))
75
76   ## plotting
77   xs <- seq(0,7,by = 0.01)
78   freal <- density(simulRes$F)
79   fNominal <- df(xs,25,24)
80   plot(freal, xlim=c(0,7), ylim=c(0,1.2),
81        xlab = "F-Value",
82        main="Kernel distribution of F values\nfrom models with
83             different extra feature")
84   points(xs, fNominal, col="red", type="lines") #F distribution
85   legend("topright",c("Data","Calculated"), lwd=2, col=c("black","
86             red"), bty = "n")
87
88   #values of F and spse in run 1
89   run1 <- simulRes[simulRes$run == 1,]
90   run1 <- run1[with(run1, order(F, decreasing = T)), ] # order by F
91   barplot(run1$F, names.arg = run1$addedFeature, ylim = c(0,6),
92          las=2, col="black", ylab = "F-Value")
93
94   run1 <- run1[with(run1, order(spse)), ] # order by spse
95   barplot(run1$spse, ylab = "Estimated SPSE", ylim = c(0,13),
96          names.arg = run1$addedFeature, las=2, col="black")
97
98   run1 <- run1[with(run1, order(deltaSpse)), ] # order by spse
99   difference
100  barplot(run1$deltaSpse, ylab = "SPSE: extended - full", ylim = c
101         (-2,2),
102         names.arg = run1$addedFeature, las=2, col="black")

```

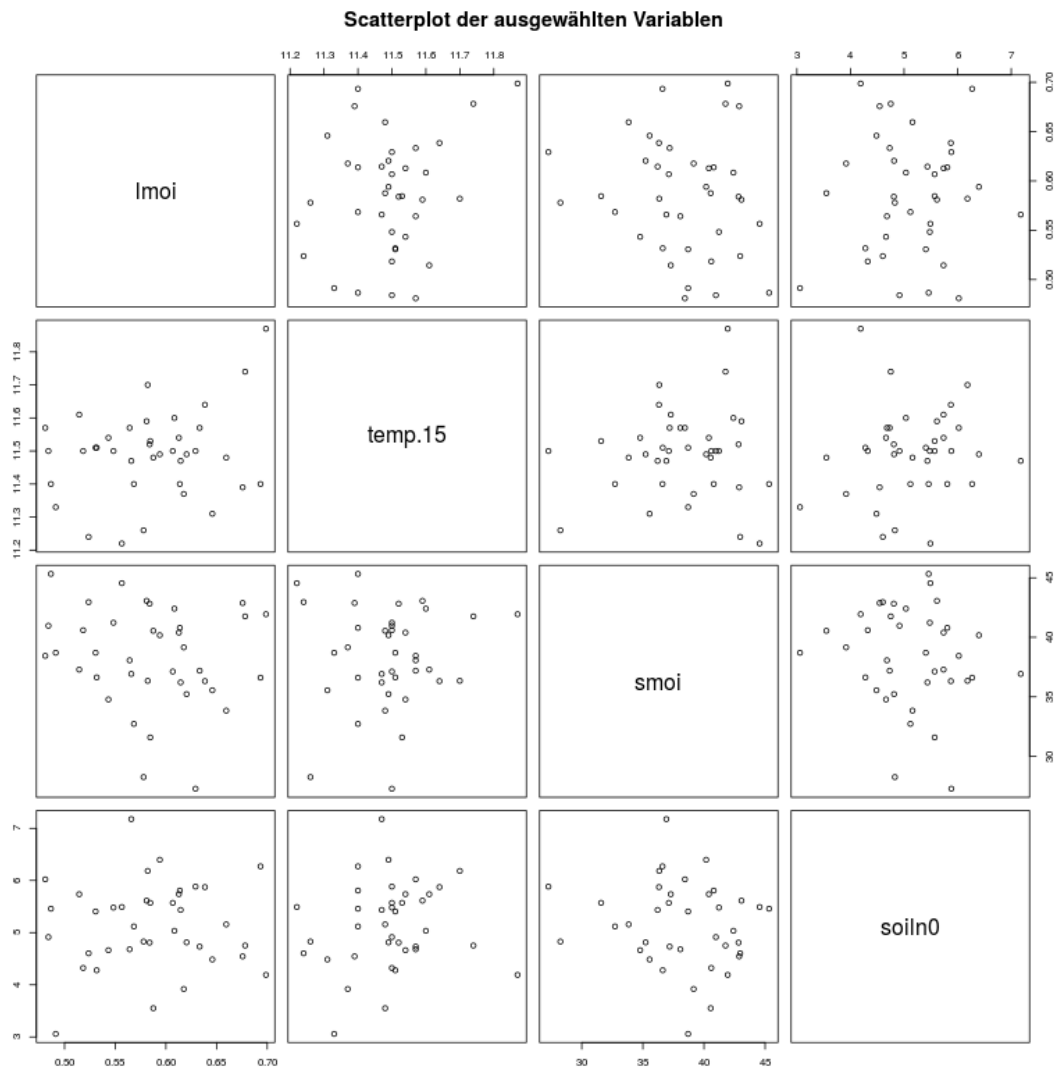


Abbildung 8: Scatterplot zur Betrachtung der Korrelation der ausgewählten Variablen

Literatur

- [1] Sigbert Klinke. Shapiro-wilk-test, 2012. URL <http://mars.wiwi.hu-berlin.de/mediawiki/teachwiki/index.php/Shapiro-Wilk-Test>.
- [2] A. R. Sørensen and N. Buchmann. Spatial and temporal variations in soil respiration in relation to stand structure and soil parameters in an unmanaged beech forest. *Tree Physiol.*, 25(11):1427–1436, Nov 2005.