Регрессионный анализ для бинарных данных

Линейные модели…

Вадим Хайтов, Марина Варфоломеева

Мы рассмотрим

- Регрессионный анализ для бинарных зависимых переменных

Вы сможете

- Построить логистическую регрессионную модель, подобранную методом максимального правдоподобия
- Дать трактовку параметрам логистической регрессионной модели
- Провести анализ девиансы, основанный на логистической регрессии

Бинарные данные - очень распространенный тип зависимых переменных

- Вид есть - вида нет
- Кто-то в результате эксперимента выжил или умер
- Пойманное животное заражено паразитами или здорово
- Команда выиграла или проиграла

и т.д.

На каком острове лучше искать ящериц?

```
liz <- read.csv("data/polis.csv")
head(liz)
```

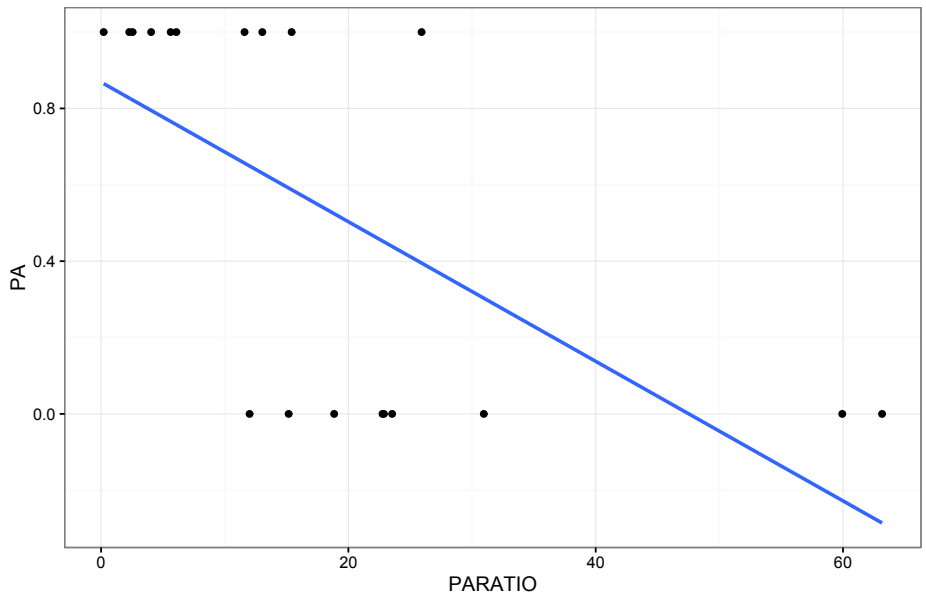
```
#      X.ISLAND PARATIO UTA PA PREDICT
# 1        Bota   15.41   P  1   0.555
# 2      Cabeza    5.63   P  1   0.915
# 3     Cerraja   25.92   P  1   0.111
# 4 Coronadito   15.17   A  0   0.568
# 5      Flecha   13.04   P  1   0.678
# 6    Gemelose   18.85   A  0   0.370
```

Пример взят из книги Quinn & Keugh (2002), Оригинальная работа Polis et al. (1998)

Зависит ли встречаемость ящериц от размера острова?

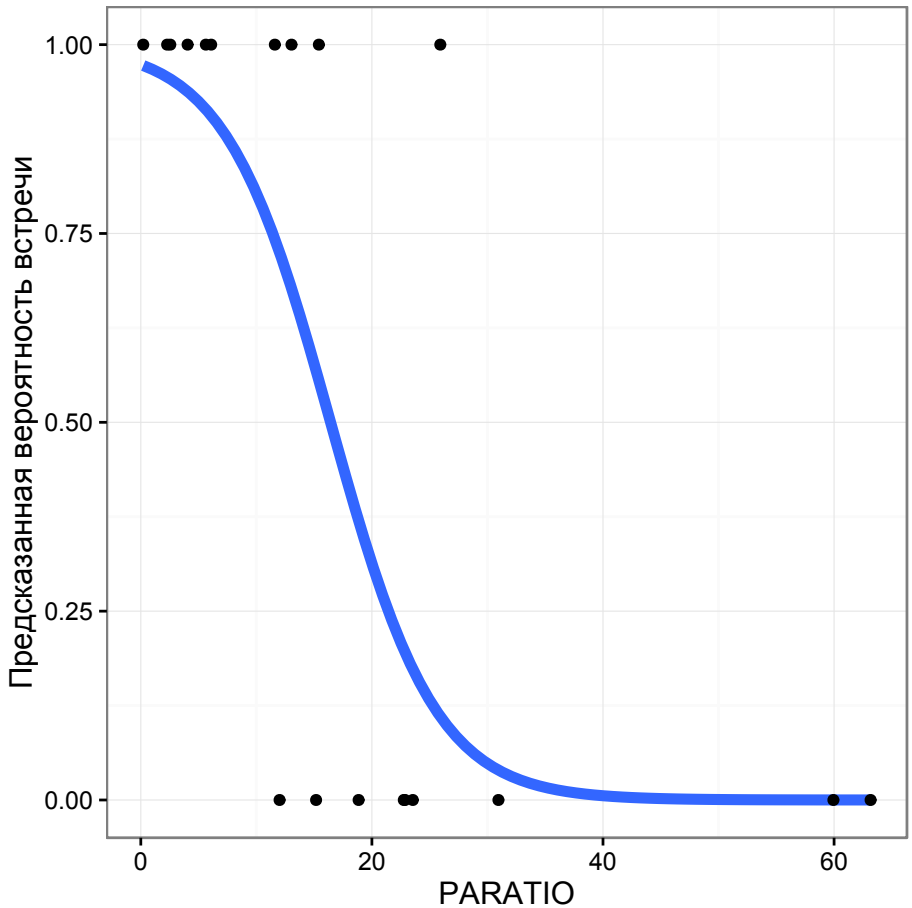
Обычную линейную регрессию подобрать можно,
Зависимая переменная:
PA - (есть ящерицы ”1” - нет ящериц ”0”)
Предиктор:
PARATIO (отношение периметра к площади)

```
fit <- lm(PA ~ PARATIO, data = liz)
summary(fit)
```



но она категорически не годится

Эти данные лучше описывает логистическая кривая



Логистическая кривая описывается такой формулой

$$\pi(x) = \frac{e^{\beta_0+\beta_1 x}}{1 + e^{\beta_0+\beta_1 x}}$$

Зависимую величину можно преобразовать в более удобную для моделирования форму

1. Дискретный результат: 1 или 0

Зависимую величину можно преобразовать в более удобную для моделирования форму

1. Дискретный результат: 1 или 0
2. Дискретные данные можно преобразовать в форму оценки вероятности события: $\pi = \frac{N_i}{N_{total}}$, непрерывная аеличина, варьирующая от 0 до 1

Зависимую величину можно преобразовать в более удобную для моделирования форму

1. Дискретный результат: 1 или 0
2. Дискретные данные можно преобразовать в форму оценки вероятности события: $\pi = \frac{N_i}{N_{total}}$, непрерывная аеличина, варьирующая от 0 до 1
3. Вероятность события можно выразить в форме шансов (odds): $odds = \frac{\pi}{1-\pi}$ варьируют от 0 до $+\infty$. *NB: Если шансы > 1, то вероятность события, что* $y_i = 1$ *выше, чем вероятность события* $y_i = 0$. *Если шансы < 1, то наоборот*. В обыденной речи мы часто используем фразы, наподобие такой "*шансы на победу 1 к 3*"

Зависимую величину можно преобразовать в более удобную для моделирования форму

1. Дискретный результат: 1 или 0
2. Дискретные данные можно преобразовать в форму оценки вероятности события: $\pi = \frac{N_i}{N_{total}}$, непрерывная аеличина, варьирующая от 0 до 1
3. Вероятность события можно выразить в форме шансов (odds): $odds = \frac{\pi}{1-\pi}$ варьируют от 0 до $+\infty$. *NB: Если шансы > 1, то вероятность события, что* $y_i = 1$ *выше, чем вероятность события* $y_i = 0$. *Если шансы < 1, то наоборот*. В обыденной речи мы часто используем фразы, наподобие такой "*шансы на победу 1 к 3*"
4. Шансы преобразуются в *Логиты* (logit): $ln\big(odds\big) = \ln\big(\frac{\pi}{1-\pi}\big)$ варьируют от $-\infty$ до $+\infty$. Логиты гораздо удобнее для построения моделей.

Что станет с логистической моделью после логит-преобразования?

Немного алгебры

Обозначим для краткости $\beta_0 + \beta_1 x \equiv z$

Тогда

$$g(x) = \ln\left(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}\right) = \ln\left(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}\right)$$

Что станет с логистической моделью после логит-преобразования?

Немного алгебры

Обозначим для краткости $\beta_0 + \beta_1 x \equiv z$

Тогда

$$g(x) = \ln\left(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}\right) = \ln\left(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}\right)$$

$$g(x) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(1-\frac{e^z}{1+e^z}\right)$$

Что станет с логистической моделью после логит-преобразования?

Немного алгебры

Обозначим для краткости $\beta_0 + \beta_1 x \equiv z$

Тогда

$$g(x) = \ln\left(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}\right) = \ln\left(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}\right)$$

$$g(x) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(1-\frac{e^z}{1+e^z}\right)$$

$$g(x) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(\frac{1+e^z-e^z}{1+e^z}\right) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(\frac{1}{1+e^z}\right)$$

Что станет с логистической моделью после логит-преобразования?

Немного алгебры

Обозначим для краткости $\beta_0 + \beta_1 x \equiv z$

Тогда

$$g(x) = \ln\left(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}\right) = \ln\left(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}\right)$$

$$g(x) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(1-\frac{e^z}{1+e^z}\right)$$

$$g(x) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(\frac{1+e^z-e^z}{1+e^z}\right) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(\frac{1}{1+e^z}\right)$$

$$g(x) = \ln(e^z) - \ln(1+e^z) - (\ln(1) - \ln(1+e^z))$$

Что станет с логистической моделью после логит-преобразования?

Немного алгебры

Обозначим для краткости $\beta_0 + \beta_1 x \equiv z$

Тогда

$$g(x) = \ln\left(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}\right) = \ln\left(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}\right)$$

$$g(x) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(1-\frac{e^z}{1+e^z}\right)$$

$$g(x) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(\frac{1+e^z-e^z}{1+e^z}\right) = \ln\left(\frac{e^z}{1+e^z}\right) - \ln\left(\frac{1}{1+e^z}\right)$$

$$g(x) = \ln(e^z) - \ln(1+e^z) - (\ln(1) - \ln(1+e^z))$$

$$g(x) = \ln(e^z) - \ln(1+e^z) - 0 + \ln(1+e^z) = \ln(e^z) = z$$

Логистическая модель после логит-преобразования становится линейной

$$g(x) = \ln\left(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}\right) = \beta_0 + \beta_1 x$$

Остается только подобрать параметры этой линейной модели: β_0 (интерсепт) и β_1 (угловой коэффициент)

Метод максимального правдоподобия

Вспомним

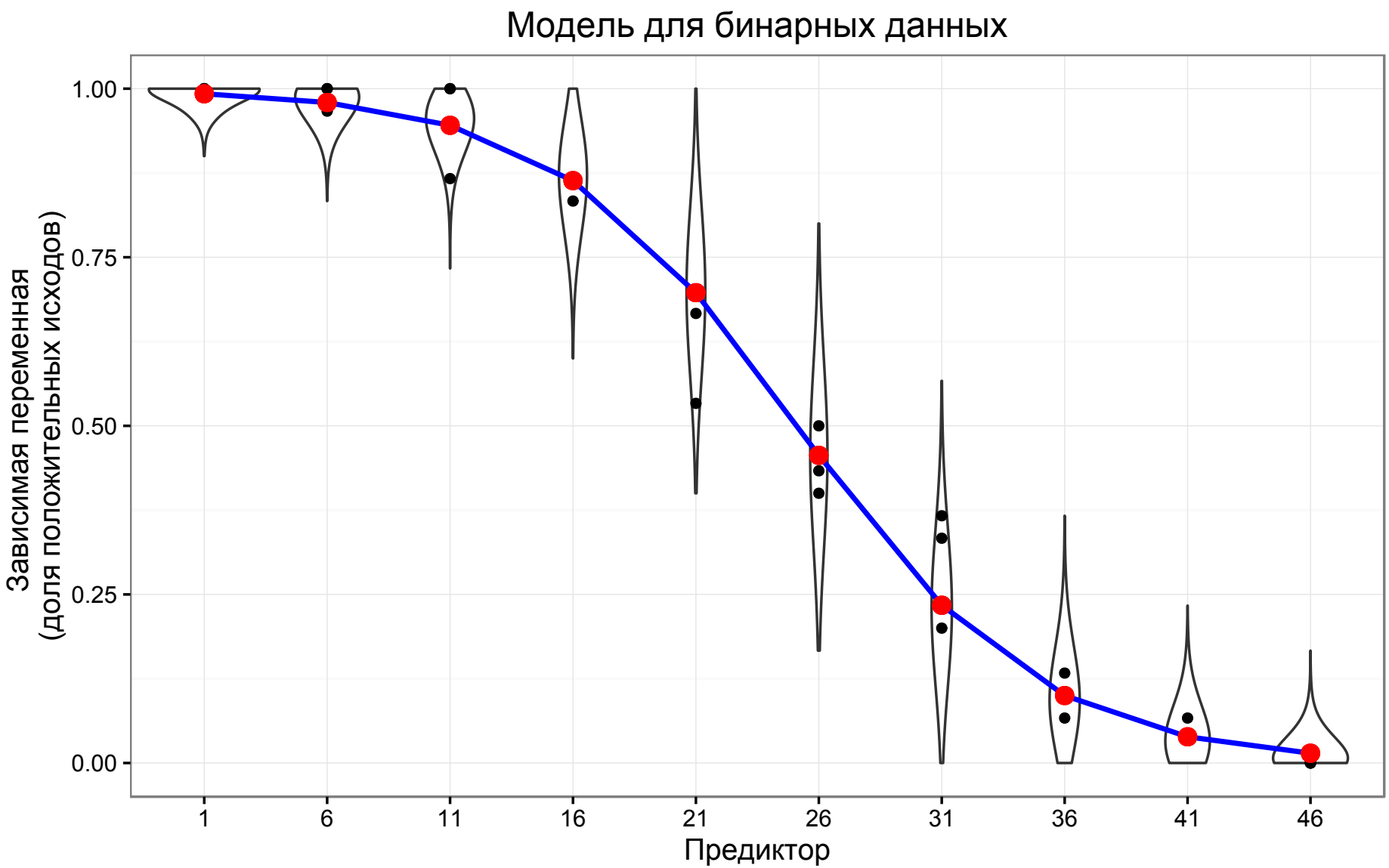
Если остатки не подчиняется нормальному распределению, то метод наименьших квадратов не работает.
В этом случае применяют *Метод максимального правдоподбия*

В результате итеративных процедур происходит подбор таких значений коэффициентов, при которых правдоподобие - вероятность получения имеющегося у нас набора данных - оказывается максимальным, при условии справедливости данной модели.

$$Lik(x_1, ..., x_n) = \Pi_{i=1}^{n} f(x_i; \theta)$$

где $f(x; \theta)$ - функция плотности вероятности с параметрами θ

Правдоподобие для биномиального распределения



Функция правдоподобия для биномиального распределения

Для случая биномиального распределения $x \in Bin(n, \pi)$ функция правдоподобия имеет следующий вид:

$$Lik(\pi|x) = \frac{n!}{(n-x)!x!}\pi^x(1-\pi)^{n-x}$$

отбросив константу, получаем:

$$Lik(\pi|x) \propto \pi^x(1-\pi)^{n-x}$$

Логарифм правдоподобия

Удобнее работать с логарифмом функции правдоподобия - *logLik* - его легче максимизировать. В случае биномиального распределения он выглядит так:

$$logLik(\pi|x) = xlog(\pi) + (n-x)log(1-\pi)$$

Подберем модель

```
liz_model <- glm(PA ~ PARATIO , family="binomial", data = liz)
summary(liz_model)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = PA ~ PARATIO, family = "binomial", data = liz)
#
# Deviance Residuals:
#    Min      1Q  Median      3Q     Max
# -1.607  -0.638   0.237   0.433   2.099
#
# Coefficients:
#             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
# (Intercept)    3.606      1.695    2.13    0.033 *
# PARATIO       -0.220      0.101   -2.18    0.029 *
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
#
#     Null deviance: 26.287  on 18  degrees of freedom
# Residual deviance: 14.221  on 17  degrees of freedom
# AIC: 18.22
#
```

summary() для модели, подобранной методом максимального правдоподобия

```
#
# Call:
# glm(formula = PA ~ PARATIO, family = ”binomial”, data = liz)
#
# Deviance Residuals:
#    Min      1Q  Median      3Q     Max
# -1.607  -0.638   0.237   0.433   2.099
#
# Coefficients:
#             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
# (Intercept)    3.606      1.695    2.13    0.033 *
# PARATIO       -0.220      0.101   -2.18    0.029 *
# ---
# Signif. codes:  0 ’***’ 0.001 ’**’ 0.01 ’*’ 0.05 ’.’ 0.1 ’ ’ 1
#
# (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
#
#     Null deviance: 26.287  on 18  degrees of freedom
# Residual deviance: 14.221  on 17  degrees of freedom
# AIC: 18.22
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

“z value”” и “Pr(>z)”

z - это величина критерия Вальда (*Wald statistic*) - аналог t-критерия

Используется для проверки $H_0 : \beta_1 = 0$

$$z = \frac{\beta_1}{SE_{\beta_1}}$$

Сравнивают со стандартным нормальным распределением (z-распределение)

Дает надежные оценки p-value при больших выборках

Null deviance и Residual deviance

Имеющиеся данные позволяют “вписать” три типа моделей

“Насыщенная” модель - модель, подразумевающая, что каждая из n точек имеет свой собственный параметр, следовательно надо подобрать n параметров. Вероятность существования данных для такой модели равна 1.

$$logLik_{satur} = 0$$

$$df_{saturated} = n - npar_{saturated} = n - n = 0$$

“Нулевая” модель - модель, подразумевающая, что для описания всех точек надо подобрать только 1 параметр. $g(x) = \beta_0$.

$$logLik_{nul} \neq 0$$

$$df_{null} = n - npar_{null} = n - 1$$

“Предложенная” модель - модель, подобранная в нашем анализе $g(x) = \beta_0 + \beta_1 x$

$$logLik_{prop} \neq 0$$

$$df_{proposed} = n - npar_{proposed}$$

Null deviance и Residual deviance

Девианса - это оценка отклонения логарифма максимального правдоподобия одной модели от логарифма максимального правдоподобия другой модели

Остаточная девианса:
$Dev_{resid} = 2\left(logLik_{satur} - logLik_{prop}\right) = -2logLik_{prop}$

Нулевая девианса:
$Dev_{nul} = 2\left(logLik_{satur} - logLik_{nul}\right) = -2logLik_{nul}$

Проверим, совпадут ли со значениями из `summary()`

```
(Dev_resid <- -2*as.numeric(logLik(liz_model))) #Остаточная девианса
```

```
# [1] 14.2
```

```
(Dev_nul <- -2*as.numeric(logLik(update(liz_model, ~-PARATIO)))) #Нулевая дев
```

```
# [1] 26.3
```

Анализ девиансы

По соотношению нулевой девиансы и остаточной девиансы можно понять насколько статистически значима модель

В основе анализа девиансы лежит критерий G^2

$$G^2 = -2\left(logLik_{nul} - logLik_{prop}\right)$$

```
(G2 <- Dev_nul - Dev_resid)
```

```
# [1] 12.1
```

Вспомним тест отношения правдоподобий:

$$LRT = 2ln\left(Lik_1 / Lik_2\right) = 2\left(logLik_1 - logLlik_2\right)$$

Тест G^2 - это частный случай теста отношения правдоподобий (Likelihood Ratio Test)

Свойства критерия G^2

- G^2 - это девианса полной (предложенной) и редуцированной модели (нулевой)

Свойства критерия G^2

- G^2 - это девианса полной (предложенной) и редуцированной модели (нулевой)
- G^2 - аналог частного F критерия в обычном регрессионном анализе

Свойства критерия G^2

- G^2 - это девианса полной (предложенной) и редуцированной модели (нулевой)
- G^2 - аналог частного F критерия в обычном регрессионном анализе
- G^2 - подчиняется χ^2 распределению (с параметом df = 1) если нулевая модель и предложенная модель не отличаются друг от друга.

Свойства критерия G^2

- G^2 - это девианса полной (предложенной) и редуцированной модели (нулевой)
- G^2 - аналог частного F критерия в обычном регрессионном анализе
- G^2 - подчиняется χ^2 распределению (с параметом df = 1) если нулевая модель и предложенная модель не отличаются друг от друга.
- G^2 можно использовать для проверки гипотезы о равенстве нулевой и остаточной девианс.

Задание

1. Вычислите вручную значение критерия G^2 для модели, описывающей встречаемость ящериц (`liz_model`)
2. Оцените уровень значимости для него

$$G^2 = -2\left(logLik_{nul} - logLik_{prop}\right)$$

Решение

```r
#Остаточная девианса
Dev_resid <- -2*as.numeric(logLik(liz_model))

#Нулевая девианса
Dev_nul <- -2*as.numeric(logLik(update(liz_model, ~-PARATIO)))

# Значение критерия
(G2 <- Dev_nul - Dev_resid)
```

```
# [1] 12.1
```

```r
(p_value <- 1 - pchisq(G2, df = 1))
```

```
# [1] 0.000513
```

Решение с помощью функции anova()

```
anova(liz_model, test="Chi")
```

```
# Analysis of Deviance Table
#
# Model: binomial, link: logit
#
# Response: PA
#
# Terms added sequentially (first to last)
#
#
#         Df Deviance Resid. Df Resid. Dev Pr(>Chi)
# NULL                        18       26.3
# PARATIO  1     12.1         17       14.2  0.00051 ***
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Интерпретация коэффициентов логистической регрессии

Как трактовать коэффициенты подобранной модели?

$$g(x) = \ln\left(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}\right) = \beta_0 + \beta_1 x$$

```
coef(liz_model)
```

```
# (Intercept)     PARATIO
#        3.61       -0.22
```

β_0 - не имеет особого смысла, просто поправочный коэффициент

β_1 - *на сколько* единиц изменяется логарифм величины шансов (odds), если значение предиктора изменяется на единицу

Трактовать такую величину неудобно и трудно

Немного алгебры

посмотрим как изменится $g(x) = \ln(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)})$ при изменении предиктора на 1

$$g(x+1) - g(x) = ln(odds_{x+1}) - ln(odds_x) = ln(\frac{odds_{x+1}}{odds_x})$$

Задание: завершите алгебраическое преобразование

Решение

$$ln(\frac{odds_{x+1}}{odds_x}) = \beta_0 + \beta_1(x+1) - \beta_0 - \beta_1 x = \beta_1$$

$$ln(\frac{odds_{x+1}}{odds_x}) = \beta_1$$

$$\frac{odds_{x+1}}{odds_x} = e^{\beta_1}$$

Полученная величина имеет определенный смысл

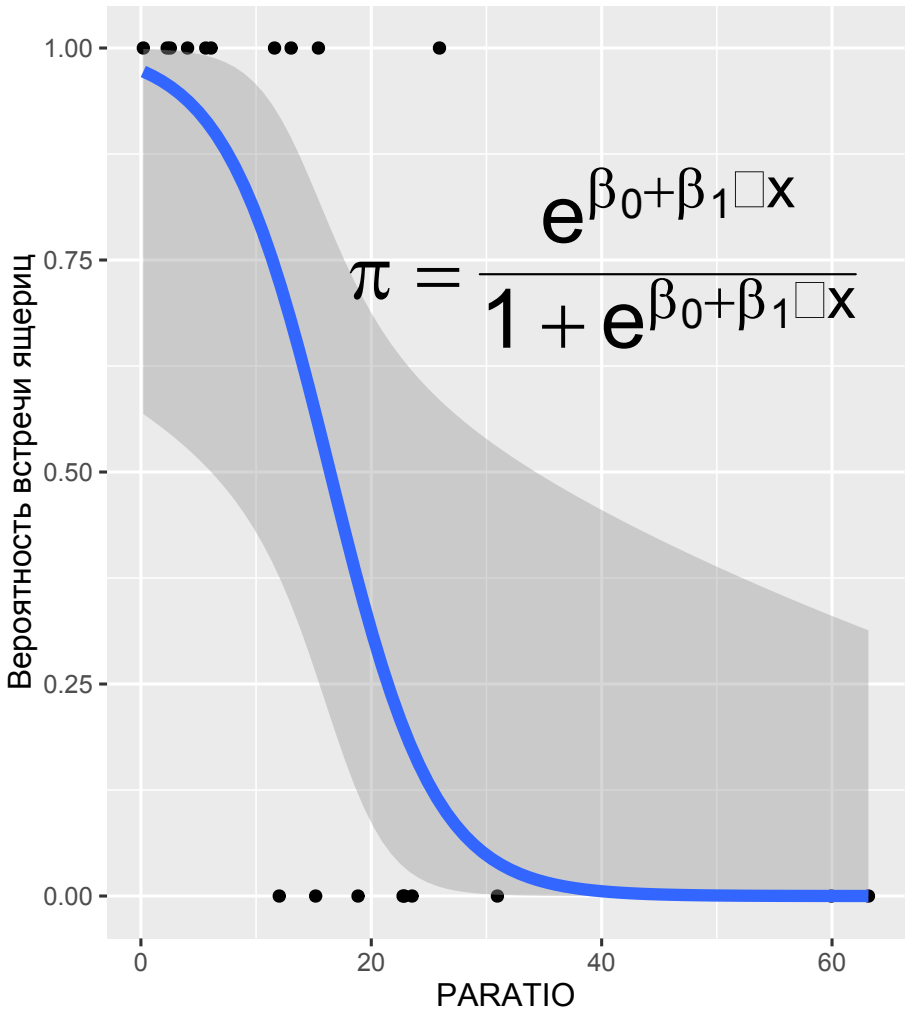
```
exp(coef(liz_model)[2])
```

```
# PARATIO
#   0.803
```

Во сколько раз изменяются шансы встретить ящерицу при увеличении отношения периметра острова к его площади на одну единицу. *NB: Отношение периметра к площади тем больше, чем меньше остров*.

Шансы изменяются в 0.803 раза. То есть, чем больше отношение периметра к площади, тем меньше шансов встретить ящерицу. Значит, чем больше остров, тем больше шансов встретить ящерицу

Подобранные коэффициенты позволяют построить логистическую кривую



Серая область - доверительный интервал для логистической регрессии
Доверительные интервалы для коэффициентов:

```
confint(liz_model) # для логитов
```

```
#                2.5 %  97.5 %
# (Intercept)  1.006  8.0421
# PARATIO     -0.485 -0.0665
```

```
exp(confint(liz_model)) # для отношения
```

```
#                2.5 %   97.5 %
# (Intercept) 2.734 3109.275
# PARATIO     0.616    0.936
```

Задание:

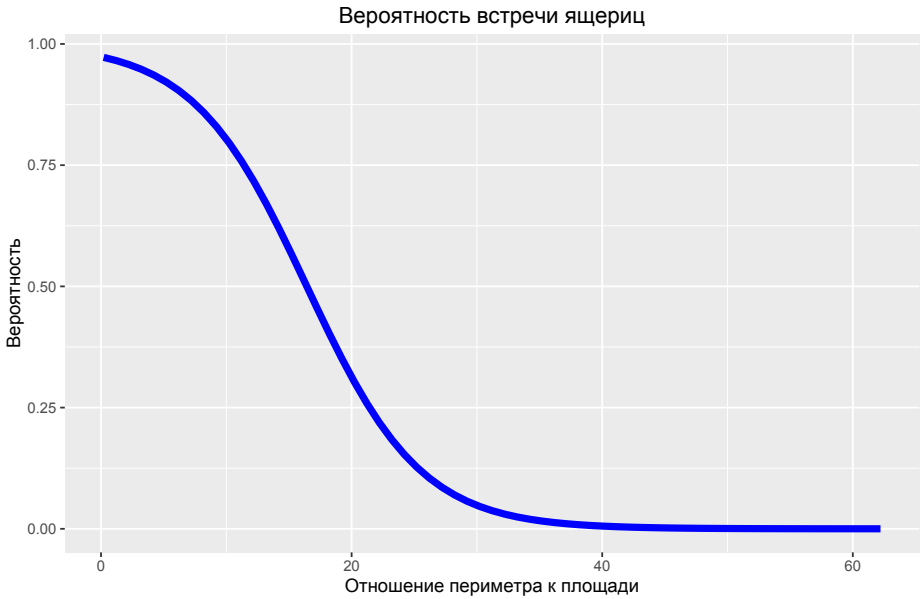
Постройте график логистической регрессии для модели `liz_model` без использования `geom_smooth()`

Hint 1: Используйте функцию `predict()`, изучите значения параметра “type”

Hint 2: Для вызова справки напишите `predict.glm()`

Hint 3: Создайте датафрейм MyData с переменной `PARATIO`, изменяющейся от минимального до максимального значения `PARATIO`

Решение




```
MyData <- data.frame(PARATIO =
  seq(min(liz$PARATIO), max(liz$PARATIO

MyData$Predicted <- predict(liz_model
                newdata = MyData,
                type = "response")

ggplot(MyData, aes(x = PARATIO, y = Pre
  geom_line(size=2, color = "blue") +
  xlab("Отношение периметра к площади")
  ylab ("Вероятность") +
  ggtitle("Вероятность встречи ящериц")
```

Применим матричную алгебру для вычисления предсказанных значений и доверительного интервала для линии регрессии

```
# Создаем искуственный набор данных
MyData <- data.frame(PARATIO = seq(min(liz$PARATIO), max(liz$PARATIO)))

# Формируем модельную матрицу для искуственно созданных данных
X <- model.matrix( ~ PARATIO, data = MyData)
```

Извлекаем характеристики подобранной модели и получаем предсказанные значения

```
# Вычисляем параметры подобранной модели и ее матрицу ковариаций
betas    <- coef(liz_model) # Векор коэффицентов
Covbetas <- vcov(liz_model) # Ковариационная матрица

# Вычисляем предсказанные значения, перемножая модельную матрицу на вектор
# коэффициентов
MyData$eta <- X %*% betas
```

Получаем предсказанные значения

```
# Переводим предсказанные значения из логитов в вероятности
MyData$Pi  <- exp(MyData$eta) / (1 + exp(MyData$eta))
```

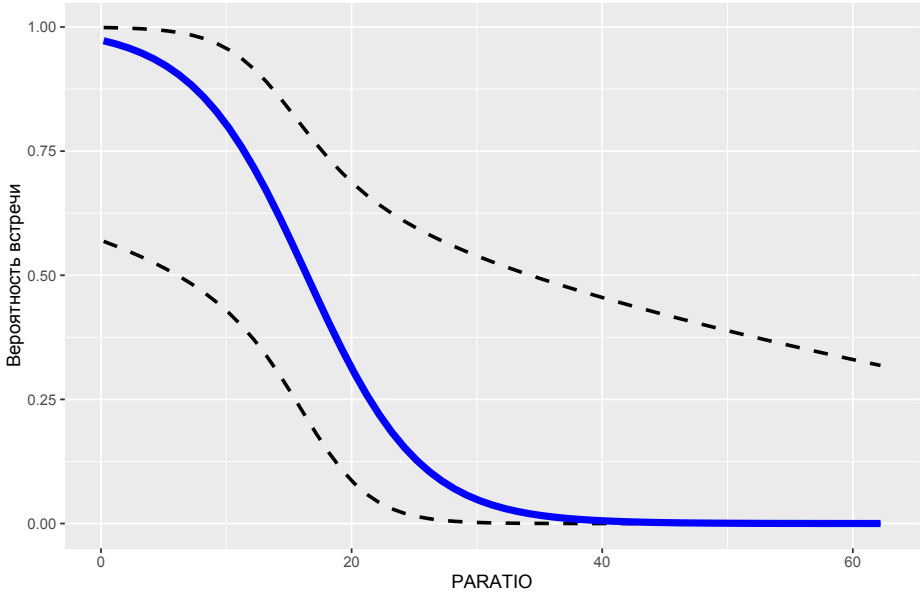
Вычисляем границы доверительного интервала

```
# Вычисляем стандартные отшибки путем перемножения матриц
  MyData$se <- sqrt(diag(X %*% Covbetas %*% t(X)))

# Вычисляем доверительные интервалы
MyData$CiUp  <- exp(MyData$eta + 1.96 *MyData$se) /
  (1 + exp(MyData$eta  + 1.96 *MyData$se))

MyData$CiLow  <- exp(MyData$eta - 1.96 *MyData$se) /
  (1 + exp(MyData$eta  - 1.96 *MyData$se))
```

Строим график




```
ggplot(MyData, aes(x = PARATIO, y = Pi)
  geom_line(aes(x = PARATIO, y = CiUp),
            linetype = 2, size = 1) +
  geom_line(aes(x = PARATIO, y = CiLow)
            linetype = 2, size = 1) +
  geom_line(color = "blue", size=2) +
  ylab("Вероятность встречи")
```

Множественная логистическая регрессия

От чего зависит уровень смертности пациентов, выписанных из реанимации?

Данные, полученные на основе изучения 200 историй болезни пациентов одного из американских госпиталей

- STA: Статус (0 = Выжил, 1 = умер)
- AGE: Возраст
- SEX: Пол
- RACE: Раса
- SER: Тип мероприятий в реанимации (0 = Medical, 1 = Surgical)
- CAN: Присутствует ли онкология? (0 = No, 1 = Yes)
- CRN: Присутсвует ли почечная недостаточность (0 = No, 1 = Yes)
- INF: Возможность инфекции (0 = No, 1 = Yes)
- CPR: CPR prior to ICU admission (0 = No, 1 = Yes)
- SYS: Давление во время поступления в реанимацию (in mm Hg)
- HRA: Пульс (beats/min)

- PRE: Была ли госпитализация в предыдущие 6 месяцев (0 = No, 1 = Yes) - TYP: Тип госпитализации (0 = Elective, 1 = Emergency) - FRA: Присутствие переломов (0 = No, 1 = Yes) - PO2: Концентрация кислорода в крови (0 = >60, 1 = ²60) - PH: Уровень кислотности крови (0 = ³7.25, 1 < 7.25) - PCO: Концентрция углекислого газа в крови (0 = ²45, 1 = > 45) - BIC: Bicarbonate from initial blood gases (0 = ³18, 1 = < 18) - CRE: Уровень креатина (0 = ²2.0, 1 = > 2.0) - LOC: Уровень сознания пациента при реанимации (0 = no coma or stupor, 1= deep stupor, 2 = coma)

Смотрим на данные

```
surviv <- read.table("data/ICU.csv", header=TRUE, sep=";")
head(surviv)
```

```
#   STA AGE    SEX   RAC      SER CAN CRN INF CPR SYS HRA PRE       TYP
# 1   0  27 Female White  Medical  No  No Yes  No 142  88  No Emergency
# 2   0  59   Male White  Medical  No  No  No  No 112  80 Yes Emergency
# 3   0  77   Male White Surgical  No  No  No  No 100  70  No  Elective
# 4   0  54   Male White  Medical  No  No Yes  No 142 103  No Emergency
# 5   0  87 Female White Surgical  No  No Yes  No 110 154 Yes Emergency
# 6   0  69   Male White  Medical  No  No Yes  No 110 132  No Emergency
#   FRA PO2 PH PCO BIC CRE LOC
# 1  No   1  1   1   1   1   1
# 2  No   1  1   1   1   1   1
# 3  No   1  1   1   1   1   1
# 4 Yes   1  1   1   1   1   1
# 5  No   1  1   1   1   1   1
# 6  No   2  1   1   2   1   1
```

Сделаем факторами те дискретные предикторы, которые обозначенны цифрами

```
surviv$PO2 <- factor(surviv$PO2)
surviv$PH <- factor(surviv$PH)
surviv$PCO <- factor(surviv$PCO)
surviv$BIC <- factor(surviv$BIC)
surviv$CRE <- factor(surviv$CRE)
surviv$LOC <- factor(surviv$LOC)
```

Строим модель

```
M1 <- glm(STA ~ ., family = "binomial", data = surviv)
summary(M1)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = STA ~ ., family = "binomial", data = surviv)
#
# Deviance Residuals:
#     Min       1Q   Median       3Q      Max
# -1.5052  -0.5372  -0.1787  -0.0002   3.0171
#
# Coefficients:
#               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
# (Intercept)   -22.44426 1314.00889   -0.02   0.9864
# AGE             0.05645    0.01848    3.05   0.0023 **
# SEXMale         0.72146    0.54600    1.32   0.1864
# RACOther       16.75746 1314.00721    0.01   0.9898
# RACWhite       16.17455 1314.00665    0.01   0.9902
# SERSurgical    -0.67386    0.62894   -1.07   0.2840
# CANYes          3.48260    1.12114    3.11   0.0019 **
# CRNYes          0.11914    0.84488    0.14   0.8879
# INFYes         -0.10812    0.55570   -0.19   0.8457
# CPRYes          1.03223    0.99008    1.04   0.2971
# SYS             0.03084    0.00944    3.21   0.0373 *
```

Задание

Проведите анализ девиансы для данной модели

Решение

```
anova(M1, test = "Chi")
```

```
# Analysis of Deviance Table
#
# Model: binomial, link: logit
#
# Response: STA
#
# Terms added sequentially (first to last)
#
#
#      Df Deviance Resid. Df Resid. Dev     Pr(>Chi)
# NULL                   199        200
# AGE   1      7.9       198        192      0.00507 **
# SEX   1      0.0       197        192      0.97572
# RAC   2      1.3       195        191      0.53364
# SER   1      8.3       194        183      0.00392 **
# CAN   1      0.7       193        182      0.39726
# CRN   1      2.6       192        179      0.10559
# INF   1      2.0       191        177      0.15391
# CPR   1      3.9       190        173      0.04777 *
# SYS   1      5.7       189        168      0.01741 *
# HRA   1      0.8       188        167      0.37537
# PRE   1      0.9       187        166      0.33955
```

Упростим модель с помощью функции step()

```
step(M1, direction = ”backward”)
```

Эта фукнция автоматически применяет функцию drop1(), пошагово отбрасывая избыточные предикторы.

Рассмотрим финальную модель

```
M2 <- glm(formula = STA ~ AGE + CAN + SYS + TYP + PH + PCO + LOC, family = "b

# M2 вложена в M1 следовательно их можно сравнить тестом отношения правдоподо
anova(M1, M2, test = "Chi")
```

```
# Analysis of Deviance Table
#
# Model 1: STA ~ AGE + SEX + RAC + SER + CAN + CRN + INF + CPR + SYS + HRA +
#     PRE + TYP + FRA + PO2 + PH + PCO + BIC + CRE + LOC
# Model 2: STA ~ AGE + CAN + SYS + TYP + PH + PCO + LOC
#   Resid. Df Resid. Dev  Df Deviance Pr(>Chi)
# 1       178        112
# 2       191        123 -13    -11.1      0.6
```

Вопрос

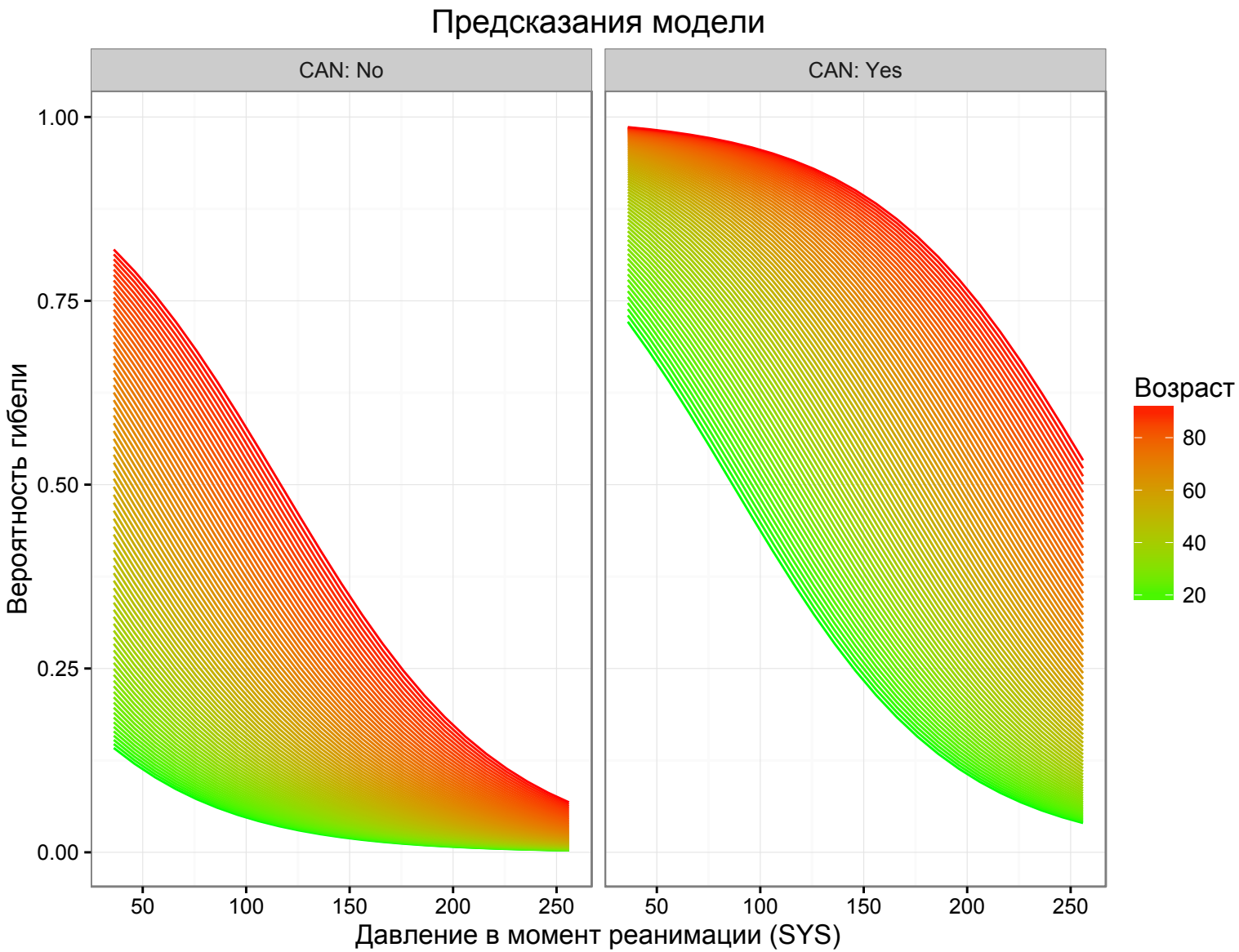
Во сколько раз изменяется отношение шансов на выживание при условии, что пациент онкологический больной (при прочих равных условиях)?

Решение

```
exp(coef(M2)[3])
```

```
# CANYes
#   15.7
```

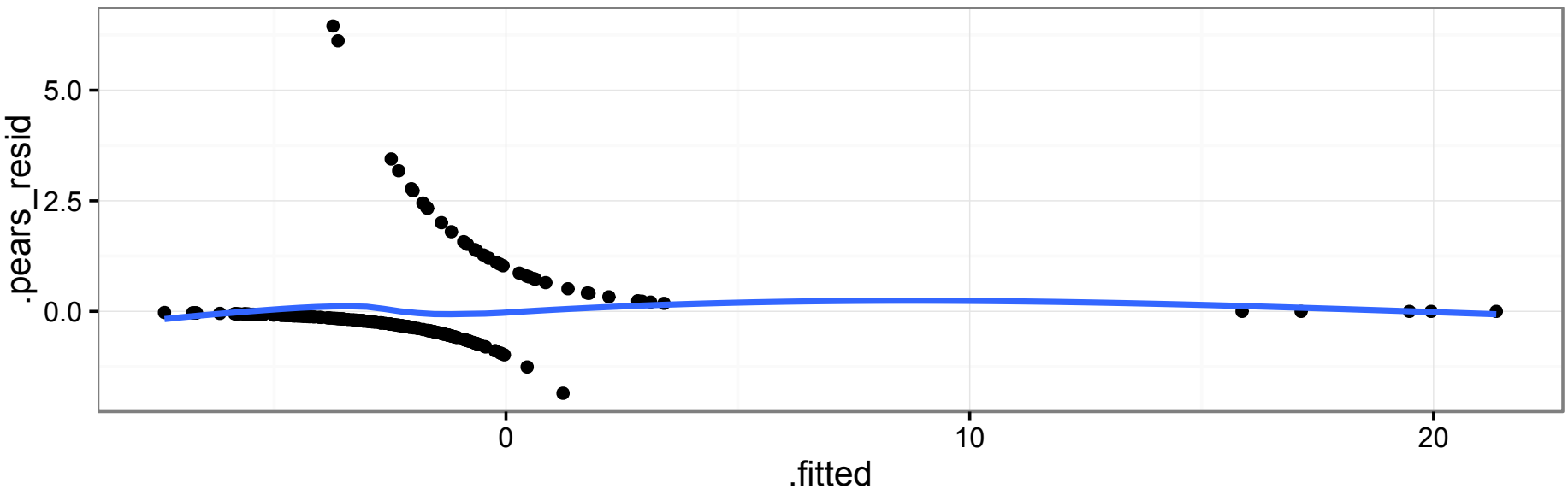
Визуализируем предсказания модели



Диагностика модели

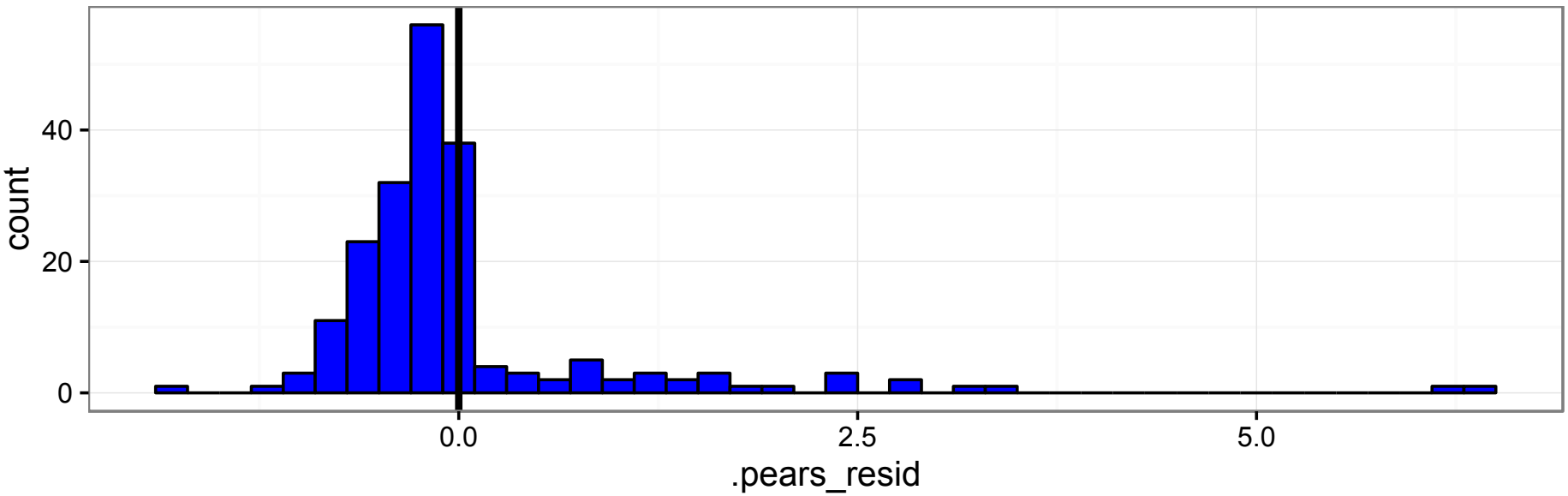
```
M2_diag <- data.frame(.fitted = predict(M2),
    .pears_resid = residuals(M2, type = "pearson"))

ggplot(M2_diag, aes(x = .fitted, y = .pears_resid)) +
  geom_point() + geom_smooth(se = FALSE)
```



Явного паттерна в остатках нет, но есть другая проблема

Zero inflation



Преобладают отрицательные остатки. Это связано с проблемой, называемой *“zero inflation”*, - в зависимой переменной слишком много нулей.

Сколько должно быть нулей?

```
#Формируем искусственный набор данных
MyData = expand.grid(
  AGE = seq(min(surviv$AGE),
            max(surviv$AGE), 1),
  CAN = levels(surviv$CAN),
  SYS = seq(min(surviv$SYS),
            max(surviv$SYS), 10),
  TYP =  levels(surviv$TYP),
  PH = levels(surviv$PH),
  PCO = levels(surviv$PCO),
  LOC =levels(surviv$LOC)
  )

# Предсказываем для этих данных вероятности
# гибели в соответствии с моделью M2
Predicted <-predict(M2, newdata = MyData, type =”response”)

# Вычисляем долю нулей, ожидаемую
# в соответствии с биномиальным
# распределением
Zero_perc <- sum((1-Predicted)) / (sum((1-Predicted)) + sum((Predicted))) * 1
```

Сколько должно быть нулей?

Нулей должно быть 41 %.

А в наших данных доля нулей составляет 80 %.

Это больше, чем должно быть в соответствии с биномиальным распределением.

Нужна более сложная модель!

Summary

- При построении модели для бинарной зависимой перменной применяется логистическая регрессия.

Summary

- При построении модели для бинарной зависимой перменной применяется логистическая регрессия.
- При построении такой модели 1 и 0 в перменной отклика заменяются логитами.

Summary

- При построении модели для бинарной зависимой перменной применяется логистическая регрессия.
- При построении такой модели 1 и 0 в перменной отклика заменяются логитами.
- Угловые коэффициенты подобранной логистической регрессии говорят о том, во сколько раз изменяется соотношение шансов события при увеличении предиктора на единицу.

Summary

- При построении модели для бинарной зависимой перменной применяется логистическая регрессия.
- При построении такой модели 1 и 0 в перменной отклика заменяются логитами.
- Угловые коэффициенты подобранной логистической регрессии говорят о том, во сколько раз изменяется соотношение шансов события при увеличении предиктора на единицу.
- Оценить статистическую значимость модели можно с помощью анализа девиансы.

Что почитать

- Кабаков Р.И. R в действии. Анализ и визуализация данных на языке R. М.: ДМК Пресс, 2014.
- Quinn G.P., Keough M.J. (2002) Experimental design and data analysis for biologists, pp. 92-98, 111-130
- Zuur, A.F. et al. 2009. Mixed effects models and extensions in ecology with R. - Statistics for biology and health. Springer, New York, NY.