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)</pre>
```

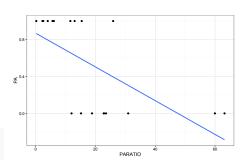
```
X.ISLAND PARATIO UTA PA PREDICT
             15.41
       Bota
                           0.555
     Cabeza 5.63
                           0.915
    Cerraja 25.92
                           0.111
4 Coronadito 15.17
                           0.568
     Flecha
            13.04
                           0.678
   Gemelose
             18.85
                           0.370
```



Зависит ли встречаемость ящериц от размера острова?

Обычную линейную регрессию подобрать можно, Зависимая переменная: РА - (есть ящерицы "1" - нет ящериц "0") Предиктор: РARATIO (отношение периметра к площади)

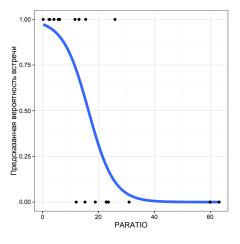
```
fit <- lm(PA ~ PARATIO, data = liz)
summary(fit)</pre>
```



но она категорически не годится



Эти данные лучше описывает логистическая кривая



Логистическая кривая описывается такой формулой

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



1. Дискретный результат: 1 или 0



- 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



- 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 использем фразы, наподобие такой "шансы на победу 1 κ 3"



- 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 использем фразы, наподобие такой "шансы на победу $1 \kappa 3$ "
- 4. Шансы преобразуются в *Логиты* (logit): $ln(odds) = ln(\frac{\pi}{1-\pi})$ варьируют от $-\infty$ до $+\infty$. Логиты гораздо удобнее для построения моделей.



Немного алгебры

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

$$g(x) = \ln(rac{\pi(x)}{1 - \pi(x)}) = \ln(rac{rac{e^{x}}{1 + e^{x}}}{1 - rac{e^{x}}{1 + e^{x}}})$$



Немного алгебры

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

$$\begin{split} g(x) &= \ln(\frac{\pi(x)}{1 - \pi(x)}) = \ln(\frac{\frac{e^z}{1 + e^z}}{1 - \frac{e^z}{1 + e^z}}) \\ g(x) &= \ln(\frac{e^z}{1 + e^z}) - \ln(1 - \frac{e^z}{1 + e^z}) \end{split}$$



Немного алгебры

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

$$\begin{split} g(x) &= \ln(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}) = \ln(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}) \\ g(x) &= \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(1-\frac{e^z}{1+e^z}) \\ g(x) &= \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(\frac{1+e^z-e^z}{1+e^z}) = \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(\frac{1}{1+e^z}) \end{split}$$



Немного алгебры

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

$$\begin{split} g(x) &= \ln(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}) = \ln(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}) \\ g(x) &= \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(1-\frac{e^z}{1+e^z}) \\ g(x) &= \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(\frac{1+e^z-e^z}{1+e^z}) = \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(\frac{1}{1+e^z}) \\ g(x) &= \ln(e^z) - \ln(1+e^z) - (\ln(1) - \ln(1+e^z)) \end{split}$$



Немного алгебры

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

$$\begin{split} g(x) &= \ln(\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)}) = \ln(\frac{\frac{e^z}{1+e^z}}{1-\frac{e^z}{1+e^z}}) \\ g(x) &= \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(1-\frac{e^z}{1+e^z}) \\ g(x) &= \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(\frac{1+e^z-e^z}{1+e^z}) = \ln(\frac{e^z}{1+e^z}) - \ln(\frac{1}{1+e^z}) \\ g(x) &= \ln(e^z) - \ln(1+e^z) - (\ln(1) - \ln(1+e^z)) \\ g(x) &= \ln(e^z) - \ln(1+e^z) - 0 + \ln(1+e^z) = \ln(e^z) = z \end{split}$$



Логистическая модель после логит-преобразования становится линейной

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

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

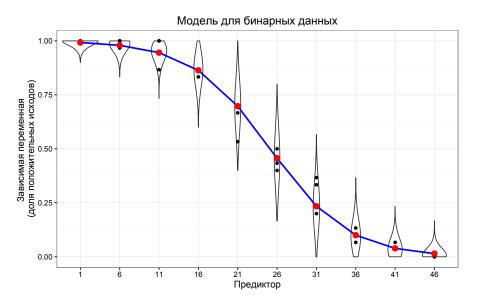
В результате итеративных процедур происходит подбор таких значений коэффициентов, при которых правдоподобие - вероятность получения имеющегося у нас набора данных - оказывается максимальным, при условии справедливости данной модели.

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

где $\mathit{f}(\mathit{x};\theta)$ - 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)</pre>
summary(liz model)
#
# Call:
# glm(formula = PA ~ PARATIO, family = "binomial", data = liz)
# Deviance Residuals:
    Min 10 Median 30
                                  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 '**' 0.05 '.' 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 10 Median
                           30
                                  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 п точек имеет свой собственный параметр, следовательно надо подобрать п 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. $q(x) = \beta_0$.

$$logLik_{nul}
eq 0$$

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

"Предложенная" модель - модель, подобранная в нашем анализе $g(x)=eta_0+eta_1 x$ $logLik_{prop}
eq 0$

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



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(logLik_{satur} - logLik_{prop}) = -2logLik_{prop}
```

Нулевая девианса:

```
Dev_{nul} = 2(logLik_{satur} - logLik_{nul}) = -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

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

Вспомним тест отношения правдоподобий:

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

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



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



- $ightharpoonup G^2$ это девианса полной (предложенной) и редуцированной модели (нулевой)
- $\triangleright G^{2'}$ аналог частного F критерия в обычном регрессионном анализе



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



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

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



Решение

[1] 0.000513

```
#Остаточная девианса
Dev resid <- -2*as.numeric(logLik(liz model))</pre>
#Нулевая девианса
Dev nul <- -2*as.numeric(logLik(update(liz model, ~-PARATIO))))</pre>
# Значение критерия
(G2 <- Dev nul - Dev resid)
# [1] 12.1
(p value \leftarrow 1 - pchisq(G2, df = 1))
```



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)
                                     26.3
 NULL
                            18
 PARATIO 1
                12.1
                                     14.2 0.00051 ***
                            17
# Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



Интерпретация коэффициентов логистической регрессии



Как трактовать коэффициенты подобранной модели?

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

coef(liz_model)

(Intercept) PARATIO

3.61 -0.22

 eta_0 - не имеет особого смысла, просто поправочный коэффициент

 eta_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 $g(x) = \ln(rac{\pi(x)}{1-\pi(x)})$ 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

$$\begin{split} \mathit{In}(\frac{\mathit{odds}_{x+1}}{\mathit{odds}_{x}}) &= \beta_0 + \beta_1(x+1) - \beta_0 - \beta_1 x = \beta_1 \\ \\ \mathit{In}(\frac{\mathit{odds}_{x+1}}{\mathit{odds}_{x}}) &= \beta_1 \\ \\ \frac{\mathit{odds}_{x+1}}{\mathit{odds}_{x}} &= e^{\beta_1} \end{split}$$



Полученная величина имеет определенный смысл

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

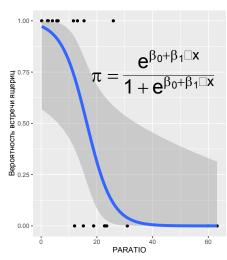
- # PARATIO
- # 0.803

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



Задание:

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

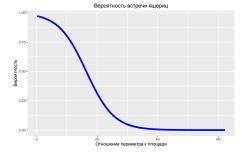
Hint 1: Используйте функцию predict(), изучите значения параметра "type"

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(PARATI0 =</pre>



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

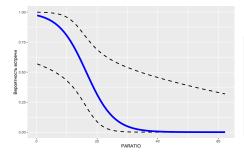
```
# Вычисляем стандартные отшибки путем перемножения матриц
MyData$se <- sqrt(diag(X %*% Covbetas %*% t(X)))

# 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: Paca
- 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 Hq)
- HRA: Пульс (beats/min)

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 = $^{3}7.25$, 1 < 7.25) - РСО: Концентрция углекислого газа в крови (0 = 245, 1 = > 45) - BIC: Bicarbonate from initial blood gases (0 = $^{3}18$, 1 = < 18) - CRE: Уровень креатина (0 = $^{2}2.0$, 1 = > 2.0) - LOC: Уровень сознания пациента при реанимации (0 = no coma or stupor, 1 =deep stupor, 2 = coma)

- PRE: Была ли госпитализация в

предыдущие 6 месяцев (0 = No, 1 =

Смотрим на данные

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

```
STA AGE
                SEX
                      RAC
                                SER CAN CRN INF CPR SYS HRA PRE
                                                                         TYP
#
         27
            Female White
                           Medical
 1
                                     No
                                         No Yes
                                                  No 142
                                                           88
                                                               No Emergency
         59
              Male White
                           Medical
                                                  No 112
                                                           80 Yes Emergency
                                     No
                                         No
                                              No
 3
         77
              Male White Surgical
                                              No
                                                  No 100
                                                           70
                                                               No
                                                                   Elective
                                     No
                                         No
 4
         54
              Male White
                          Medical
                                     Nο
                                         No Yes
                                                  No 142 103
                                                               No Emergency
#
 5
            Female White Surgical
                                         No Yes
                                                  No 110 154 Yes Emergency
                                     No
         69
              Male White
                           Medical
                                     Nο
                                         No Yes
                                                  No 110 132
                                                               No Emergency
    FRA P02
            PH PCO BIC CRE LOC
  1
     Nο
 2
                               1
     No
# 3
                      1
     Nο
    Yes
                      1
  5
     No
              1
                  1
                      1
                      2
 6
     Nο
```



Сделаем факторами те дискретные предикторы, которые обозначенны цифрами

```
surviv$P02 <- factor(surviv$P02)
surviv$PH <- factor(surviv$PH)
surviv$PC0 <- factor(surviv$PC0)
surviv$BIC <- factor(surviv$BIC)
surviv$CRE <- factor(surviv$CRE)
surviv$LOC <- factor(surviv$LOC)</pre>
```



Строим модель

```
M1 <- glm(STA ~ ., family = "binomial", data = surviv)
summary (M1)
#
# Call:
# glm(formula = STA ~ ., family = "binomial", data = surviv)
#
# Deviance Residuals:
#
     Min
              10 Median
                              30
                                      Max
# -1.5052 -0.5372 -0.1787 -0.0002
                                   3.0171
#
# Coefficients:
               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
#
              -22.44426 1314.00889 -0.02
# (Intercept)
                                          0.9864
# AGF
                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
                                          0.2840
                          0.62894
                                   -1.07
# CANYes
               3.48260 1.12114 3.11
                                          0.0019 **
               0.11914 0.84488 0.14
                                          0.8879
# CRNYes
# INFYes
               -0.10812 0.55570
                                   -0.19 0.8457
# CPRYes
                1.03223
                          0.99008
                                  1.04
                                          0.2971
```

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.
                                               Pr(>Chi)
                                      Dev
 NULL
                          199
                                      200
# AGE
                7.9
                          198
                                      192
                                                0.00507 **
# SEX
                0.0
                                      192
                                                0.97572
                          197
# RAC
                1.3
                          195
                                      191
                                                0.53364
# SER
                8.3
                          194
                                      183
                                                0.00392 **
# CAN
                0.7
                          193
                                      182
                                                0.39726
# CRN
                2.6
                          192
                                      179
                                                0.10559
# INF
                2.0
                          191
                                      177
                                                0.15391
# CPR
                3.9
                          190
                                      173
                                                0.04777 *
# SYS
                5.7
                          189
                                      168
                                                0.01741 *
# HRA
                0.8
                          188
                                      167
                                                0.37537
                          107
                                      100
```



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
# М2 вложена в М1 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 +
     PRF + TYP + FRA + PO2 + PH + PCO + BTC + CRF + 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)?



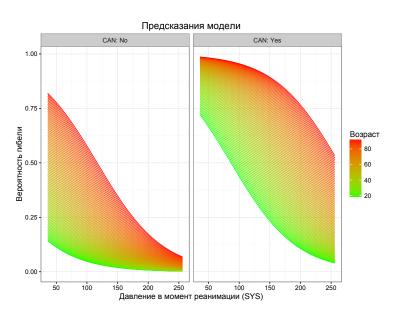
Решение

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

- # CANYes
- # 15.7

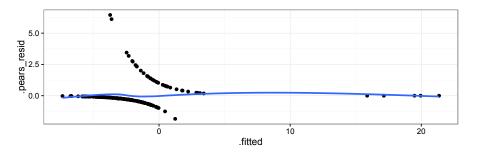


Визуализируем предсказания модели





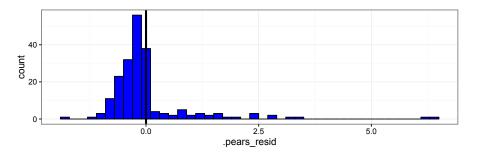
Диагностика модели



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$PH),
  PC0 = levels(surviv$PC0),
  LOC =levels(surviv$LOC)
# Предсказываем для этих данных вероятности
# гибели в соответствии с моделью М2
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)))</pre>
```



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!



 При построении модели для бинарной зависимой перменной применяется логистическая регрессия.



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



- 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.



- 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.

