

统计学导论: R语言实验12

回归模型

主讲人: 郑盼盼

12.0 Outline

- 1. 回归模型和函数模型
- 2. 线性回归模型的参数估计

12.1 函数模型和回归模型

12.1.1 函数模型

$$y = f(x \mid \theta)$$

函数模型是简述因变量 y 和自变量 x 之间关系的一种模型,其中 θ 是模型参数,当确定模型参数后,这种模型的 x 能够唯一确定因变量 y。

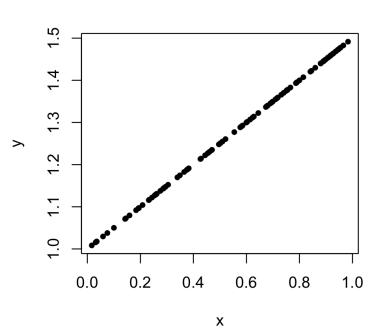
4

12.1.1 函数模型

$$y = f(x \mid \theta)$$

函数模型是简述因变量 y 和自变量 x 之间关系的一种模型,其中 θ 是模型参数,当确定模型参数后,这种模型的 x 能够唯一确定因变量 y。比如

$$y = 0.5x + 1$$

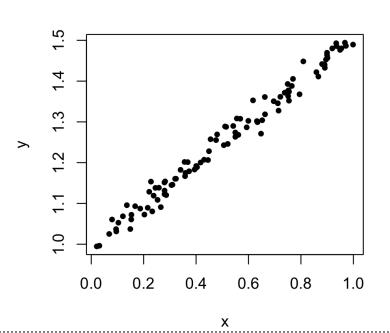


12.1.2 回归模型

$$egin{cases} Y = f(x \,|\, heta) + arepsilon \ \mathbb{E}(arepsilon) = 0, D(arepsilon) = \sigma^2 \end{cases}$$

回归模型是描述**响应变量** Y 和**解释变量** x 之间关系的另一种模型,其中 θ 是模型参数,当确定模型参数后,这种模型的响应变量只能用 $f(x \mid \theta)$ 所近似。

$$Y = 0.5x + 1 + \varepsilon$$



12.1.3 模型图像绘制

当我们拥有数据点 (x_i, y_i) 后,我们可以绘制这些数据点的散点图,可根据散点图判断模型的类型:

```
a <- 1; b <- 0.5
x <- runif(100) # 生成[0,1]内服从均匀分布的随机数
y <- a + b*x # 生成函数模型的数据点
Y <- a + b*x + rnorm(100, 0, 0.02) # 生成回归模型的数据点
plot(x, y, type="p", pch=20)
plot(x,Y, type="p", pch=20)
```

例 我们获得了 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

• 函数 lm()

```
h <- runif(1000, min = 160, max = 195) # 模拟身高 w <- (h-100) * 0.9 + rnorm(1000, 0, 3) # 模拟体重 tmpData <- data.frame(h = h, w = w) tmpLm <- lm(w ~ h, data=tmpData) # 使用 lm 进行线性模型的回归拟合 summary(tmpLm) # 总结模型信息
```

例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

1. 我们所执行的拟合数据的代码

例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

```
Call:
lm(formula = w ~ h, data = tmpData)
```

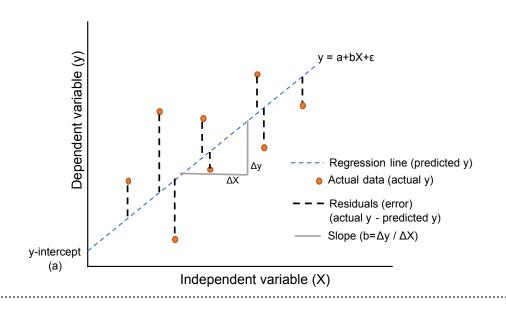
Residuals:

Min 1Q Median 3Q Max -8.887 -2.056 0.007 2.164 10.143

Coefficients:

F-statistic: 8677 on 1 and 998 DF, p-value: < 2.2e-16

- 1. 我们所执行的拟合数据的代码
- 2. 残差的五数概括



例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

Call:

Residual standard error: 3.038 on 998 degrees of freedom Multiple R-squared: 0.8968, Adjusted R-squared: 0.8967 F-statistic: 8677 on 1 and 998 DF, p-value: < 2.2e-16

- 1. 我们所执行的拟合数据的代码
- 2. 残差的五数概括
- 3. 模型拟合结果: Estimate 这一列即模型参数 b, a 的估计值; 后面三列用于检验原假设 $H_0: a=0$ 和 $H_0: b=0$ 是否成立。

例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

- 1. 我们所执行的拟合数据的代码
- 2. 残差的五数概括
- 3. 模型拟合结果
- $4.\varepsilon$ 的标准差估计

例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

- 1. 我们所执行的拟合数据的代码
- 2. 残差的五数概括
- 3. 模型拟合结果
- $4.\varepsilon$ 的标准差估计
- 5. 对于 R^2 的估计,其描述响应 变量的变异在多大程度上能由 自变量所解释。

例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们拟用如下的线性模型来进行拟合

$$W = a + bh + \varepsilon$$

- 1. 我们所执行的拟合数据的代码
- 2. 残差的五数概括
- 3. 模型拟合结果
- $4.\varepsilon$ 的标准差估计
- 5. 对于 R^2 的估计
- 6. 对于整个模型的检验:

 H_0 :响应变量和解释变量无关系

例 我们获得了 1000 个人的身高 h 及其体重 W,我们将之前的线性模型改成一个更为复杂的模型

$$W = a + bh + ch^2 + \varepsilon$$

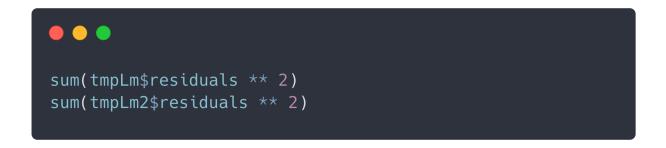
我们可以使用如下的R语言代码进行拟合:



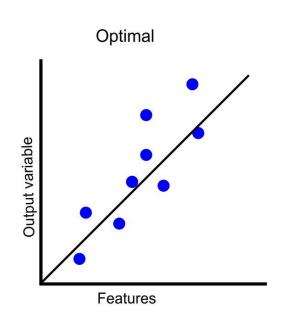
我们可以对比两个模型的残差平方和:

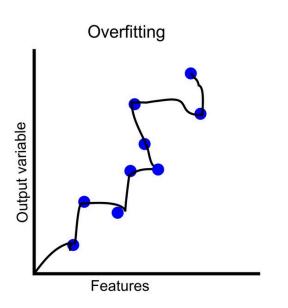
$$ext{RSS} = \sum_{i=1}^n (\hat{Y}_i - Y_i)^2$$

我们可以使用如下的R语言代码分别计算两个模型的残差平方和:



我们可以对比两个模型的残差平方和,通过计算,我们可以发现第二个模型的残差平方和小于第一个模型,但是它真的更好吗?





12.2.2 AIC准则

为了得到一个相对合适的拟合效果,前人提出了AIC准则,即挑选使得

$$ext{AIC} = n \log \left(Q(\hat{ heta})
ight) + 2k,$$

最小的模型,其中

- *k* 为模型参数的个数
- n 为样本量
- $Q(\hat{\theta})$ 为残差平方和

我们可以用R语言计算两个模型的AIC

```
1000 * log(sum(tmpLm$residuals^2)) - 2 * length(tmpLm$coefficients)
1000 * log(sum(tmpLm2$residuals^2)) - 2 * length(tmpLm2$coefficients)
```