

# Domaca uloha 1 - Moderná aplikovaná regresia 2

Prosím odovzdať do 27.2.2017 21:00.

## 1

Majme model,

```
library(faraway)
```

```
data(aflatoxin)
```

```
# nas model
```

```
logitmo = glm(cbind(tumor,total-tumor) ~ dose, family=binomial, data=aflatoxin)
```

pričom vieme:

$$l(\beta) = \sum_{i=1}^n \left( \log \binom{n_i}{y_i} + y_i \eta_i - n_i \log(1 + e^{\eta_i}) \right), \quad (1)$$

$$\eta_i = \beta_0 + \beta_1 x_{i1} + \beta_2 x_{i2} + \dots + \beta_p x_{ip}$$

kde  $p$  je počet parametrov v modeli. V tomto prípade nemáme exaktný vzorec na odhad parametrov a vašou úlohou bude spočítať odhady iteračne za pomoci funkcie `optim`. (hint, najprv si napíšte (1) ako osobitnú funkciu, ktorú budete volať funkciou `optim`.)

## 2

Za pomoci cvičenia vyššie spočítajte devianciu:

$$D = 2 \log \frac{L_L}{L_S} \quad (2)$$

na pripomenutie `Null deviance` je podiel Likelihood-u saturovaného modelu a modelu len s interceptom, zase `Residual deviance` je podiel saturovaného a nášho modelu. Ako na to:

```
# saturovany model
```

```
a = factor(1:length(aflatoxin$dose))
```

```
satmo = glm(cbind(tumor,total-tumor) ~ a , family=binomial, data=aflatoxin)
```

```
lsat=logLik(satmo)
```

výsledky skontrolujete z výstupmi funkcie `glm`.

## 3

Na základe školských cvičení zanalyzujte dáta `turtle` z knižnice `faraway`. To znamená zostavte podľa vás najlepší model, popíšte všetky vaše kroky detailne a urobte diagnostiku.