

# **Регрессионный анализ, часть 1**

## **Математические методы в зоологии с использованием R**

Марина Варфоломеева

## Вы сможете

- посчитать и протестировать различные коэффициенты корреляции между переменными
- подобрать модель линейной регрессии и записать ее в виде уравнения
- интерпретировать коэффициенты простой линейной регрессии
- протестировать значимость модели и ее коэффициентов при помощи t- или F-теста
- оценить долю изменчивости, которую объясняет модель, при помощи  $R^2$

## Пример: стерильность пыльцы гибридов

Гибриды отдаленных видов часто бывают стерильны.

Но насколько они должны быть разными для этого?

Как зависит плодовитость межвидовых гибридов **смолевок** рода *Silene* от их генетической удаленности?

- `proportionSterile` — доля стерильных пыльцевых зерен
- `geneticDistance` — генетическая удаленность видов



Смолевка обыкновенная *Silene vulgaris*, by Rhododendrites [CC BY-SA 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0>)], from Wikimedia Commons

Moyle et al. 2004; данные из Whitlock, Schluter, 2015, глава 17, упр.10; Данные в файлах HybridPollenSterility.xlsx и HybridPollenSterility.csv

## Читаем данные из файла

Чтение из xlsx:

```
library(readxl)
hybrid <- read_excel(path = 'data/HybridPollenSterility.xlsx', sheet = 1)
```

Чтение из csv:

```
hybrid <- read.table(file = 'data/HybridPollenSterility.csv', header = TRUE,
```

## Все ли правильно открылось?

```
str(hybrid)      # Структура данных
```

```
# 'data.frame': 23 obs. of  2 variables:  
# $ geneticDistance  : num  0 0 0 0 0 0.03 0.02 0.03 0.04 0.04 ...  
# $ proportionSterile: num  0.02 0.06 0.14 0.24 0.3 0.62 0.28 0.23 0.15 0.45 ...
```

```
head(hybrid)     # Первые несколько строк файла
```

```
#   geneticDistance proportionSterile  
# 1              0.00              0.02  
# 2              0.00              0.06  
# 3              0.00              0.14  
# 4              0.00              0.24  
# 5              0.00              0.30  
# 6              0.03              0.62
```

## Сделаем более короткие имена

Сейчас переменные называются так:

```
colnames(hybrid)
```

```
# [1] "geneticDistance" "proportionSterile"
```

Сделаем более удобные короткие названия:

```
colnames(hybrid) <- c('Distance', 'Sterile')
```

Теперь переменные стали называться так:

```
colnames(hybrid)
```

```
# [1] "Distance" "Sterile"
```

## Знакомимся с данными

Есть ли пропущенные значения?

```
colSums(is.na(hybrid))
```

```
# Distance Sterile  
#          0        0
```

Каков объем выборки?

Поскольку пропущенных значений нет, можем просто посчитать число строк:

```
nrow(hybrid)
```

```
# [1] 23
```

Теперь все готово, чтобы мы могли ответить на вопрос исследования.

# Графики средствами пакета ggplot2



# Грамматика графиков

- 1 Откуда брать данные?
- 2 Какие переменные изображать на графике?
- 3 В виде чего изображать?
- 4 Какие подписи нужны?
- 5 Какую тему оформления нужно использовать?

Давайте поэтапно построим график

## С чего начинаются графики?

- `library(ggplot2)` — активирует пакет `ggplot2` со всеми его функциями
- `ggplot()` — создает пустой “базовый” слой — основу графика

```
library(ggplot2)  
ggplot()
```



## Откуда брать данные?

Обычно в основе графика пишут, откуда брать данные

```
ggplot(data = hybrid)
```

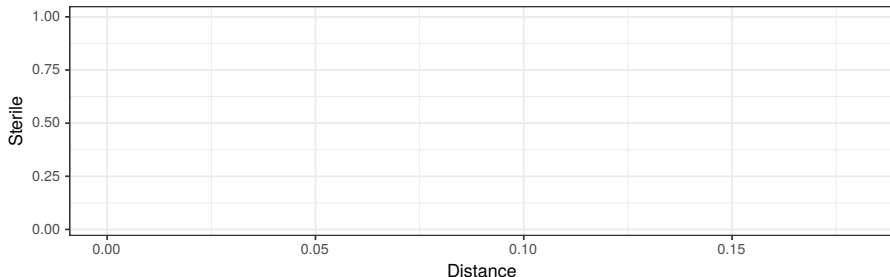


## Какие переменные изображать на графике?

Эстетики — это свойства будущих элементов графика, которые будут изображать данные (x, y, colour, fill, size, shape, и т.д.)

`aes()` — функция, которая сопоставляет значения эстетик и переменные из источника данных (название происходит от англ. *aesthetics*)

```
ggplot(data = hybrid, aes(x = Distance, y = Sterile))
```

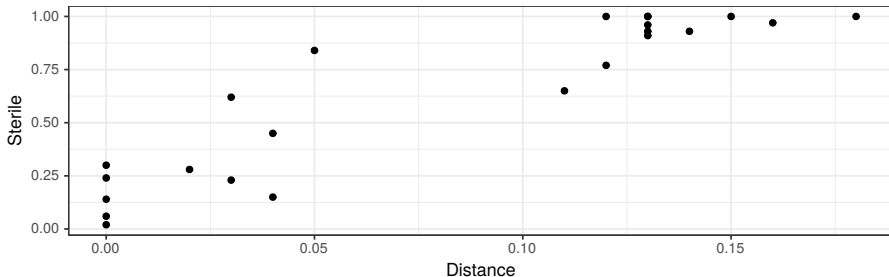


## В виде чего изображать?

Геомы — графические элементы (`geom_point()`, `geom_line()`, `geom_bar()`, `geom_smooth()` и т.д., их очень много)

`geom_point()` — точки

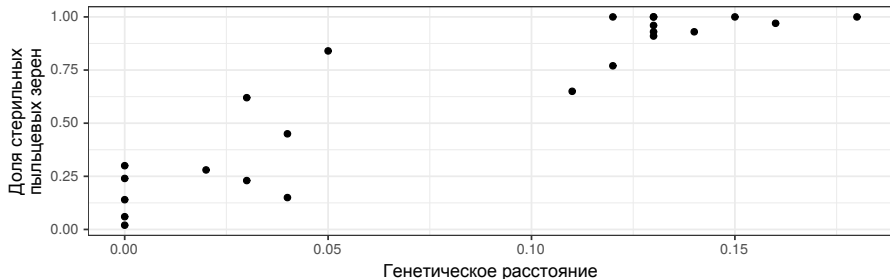
```
ggplot(data = hybrid, aes(x = Distance, y = Sterile)) +  
  geom_point()
```



## Подписи осей, заголовков и т.д.

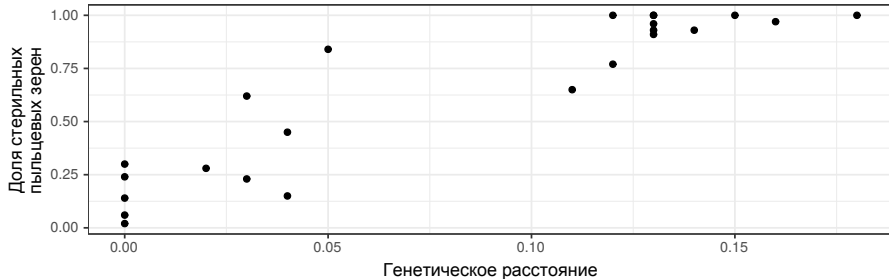
Элемент `labs()` — создает подписи. Аргументы — это имена эстетик, например, `x`, `y` и т.д. Заголовок графика называется `title`

```
ggplot(data = hybrid, aes(x = Distance, y = Sterile)) +  
  geom_point() +  
  labs(x = 'Генетическое расстояние',  
       y = 'Доля стерильных\ппыльцевых зерен')
```



## Графики ggplot можно сохранять в переменные

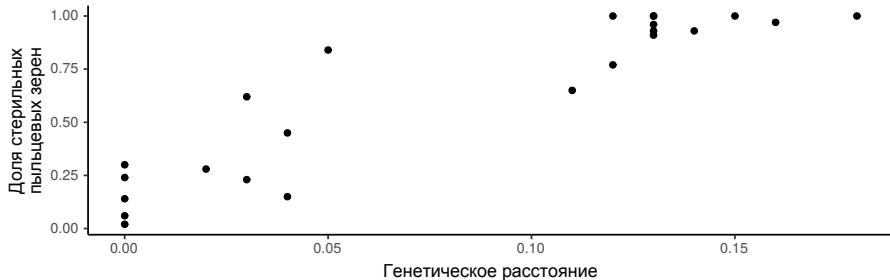
```
gg_hybrid <- ggplot(data = hybrid, aes(x = Distance, y = Sterile)) +
  geom_point() +
  labs(x = 'Генетическое расстояние',
       y = 'Доля стерильных\ппыльцевых зерен')
gg_hybrid
```



## Темы оформления графиков можно менять и настраивать

`theme()` — меняет отдельные элементы (см. справку) `theme_bw()`, `theme_classic()` и т.д. — стили оформления целиком

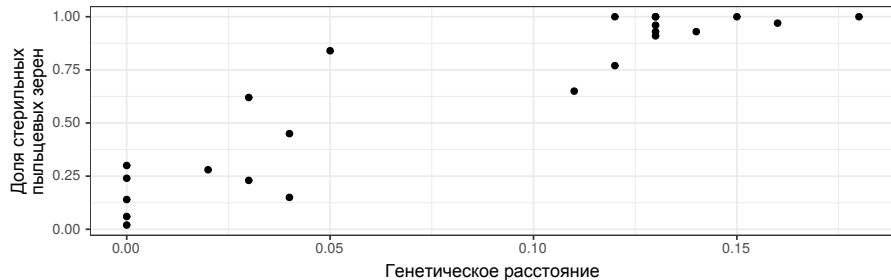
```
gg_hybrid + theme_classic()
```





## Можно установить любимую тему для всех последующих графиков

```
theme_set(theme_bw())  
gg_hybrid
```



## Графики можно сохранять в файлы

Функция `ggsave()` позволяет сохранять графики в виде файлов во множестве разных форматов ("eps", "ps", "tex", "pdf", "jpeg", "tiff", "png", "bmp", "svg" или "wmf"). Параметры изображений настраиваются (см. справку)

```
ggsave(filename = 'hybrids_Sterile.png', plot = gg_hybrid)
ggsave(filename = 'hybrids_Sterile.pdf', plot = gg_hybrid)
```

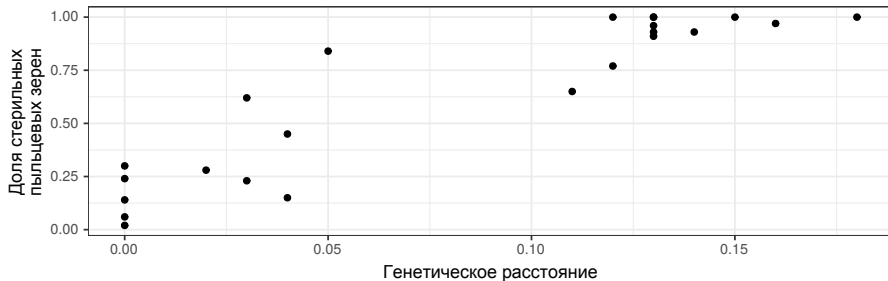
# Корреляция

## Есть ли связь между переменными?

Судя по всему, да, скажем мы, глядя на график.

Но насколько сильна эта связь?

```
gg_hybrid
```



# Коэффициент корреляции — способ оценки силы связи между двумя переменными

## Коэффициент корреляции Пирсона

- Оценивает только линейную составляющую связи
- Параметрические тесты значимости (t-тест) применимы если переменные распределены нормально

В других случаях используются ранговые коэффициенты корреляции (например, кор. Кендалла и кор. Спирмена).

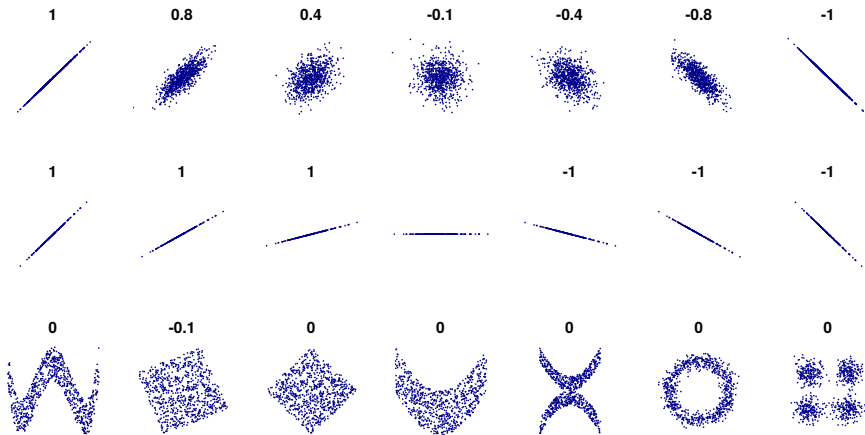
# Интерпретация коэффициента корреляции

$$-1 < \rho < 1$$

$|\rho| = 1$  — сильная связь

$\rho = 0$  — нет связи

- В тестах для проверки значимости тестируется гипотеза  $H_0 : \rho = 0$



## Можно посчитать корреляцию между долей стерильной пыльцы и генетическим расстоянием

```
p_cor <- cor.test(hybrid$Distance, hybrid$Sterile,
  alternative = 'two.sided', method = 'pearson')
p_cor
```

```
#
# Pearson's product-moment correlation
#
# data: hybrid$Distance and hybrid$Sterile
# t = 10.54, df = 21, p-value = 0.00000000007659
# alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
# 95 percent confidence interval:
#  0.8116979 0.9646238
# sample estimates:
#      cor
# 0.9170651
```

Можно описать результаты несколькими способами:

- Доля стерильной пыльцы у межвидовых гибридов смолевков положительно коррелирует с генетическим расстоянием ( $r = 0.92$ ,  $p < 0.01$ )
- Стерильной пыльцы у межвидовых гибридов смолевков становится больше с увеличением генетического расстояния между родителями ( $r = 0.92$ ,  $p < 0.01$ )

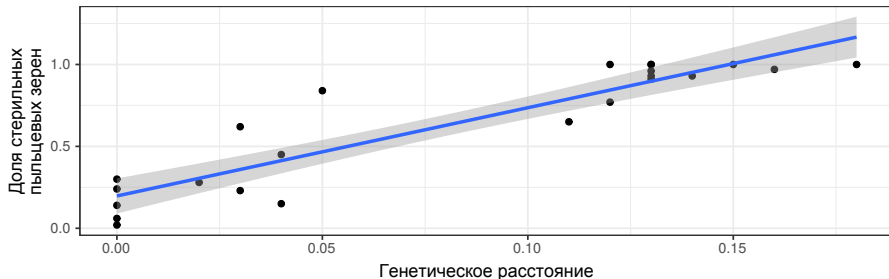
# Линейная регрессия



# Линейная регрессия

- позволяет описать зависимость между количественными величинами
- позволяет предсказать значение одной величины, зная значения других

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \varepsilon_i$$



- В этой картинке есть подвох, но о нем мы поговорим позже...

# Линейная регрессия бывает простая и множественная

- простая

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i$$

- множественная

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \dots + \varepsilon_i$$

# Линейная регрессия в генеральной совокупности и в выборке

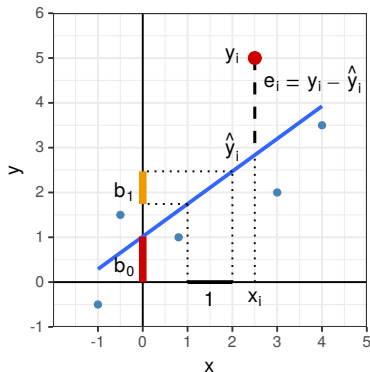
В уравнении линейной регрессии, описывающей зависимость в генеральной совокупности, обозначения записываются греческими буквами:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \varepsilon_i$$

Обозначения в уравнении модели, построенной по выборке — латинскими:

$$y_i = b_0 + b_1 x_i + e_i$$

# Что есть что в уравнении линейной регрессии



$$y_i = b_0 + b_1 x_i + e_i$$

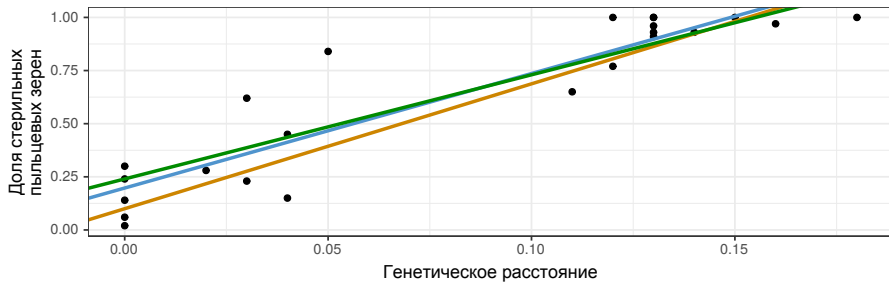
- $y_i$  — наблюдаемое значение зависимой переменной
- $\hat{y}_i$  — предсказанное значение зависимой переменной
- $e_i$  — остатки (отклонения наблюдаемых от предсказанных значений)

- $b_0$  — отрезок (Intercept), отсекаемый регрессионной прямой на оси  $y$
- $b_1$  — коэффициент угла наклона регрессионной прямой

# Подбор коэффициентов линейной регрессии

# Как провести линию регрессии?

$$\hat{y}_i = b_0 + b_1 x_i$$



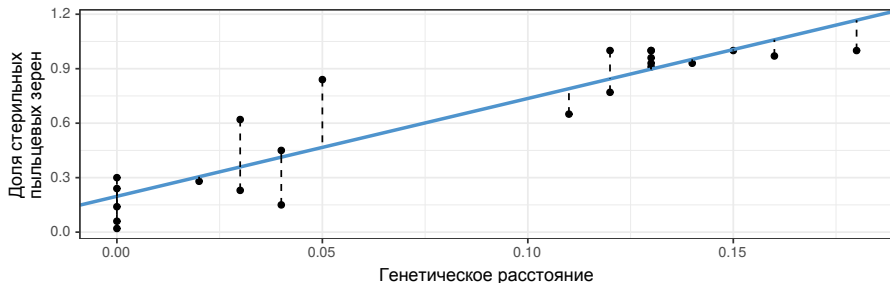
Нужно получить оценки  $b_0$  и  $b_1$  значений параметров линейной модели  $\beta_0$  и  $\beta_1$ .

Но как это сделать?

# Метод наименьших квадратов — один из способов подбора параметров

$$\hat{y}_i = b_0 + b_1 x_i$$

Оценки параметров линейной регрессии  $b_0$  и  $b_1$  подбирают так, чтобы минимизировать сумму квадратов остатков  $\sum \varepsilon_i^2$ , т.е.  $\sum (y_i - \hat{y}_i)^2$ .



# Оценки параметров линейной регрессии

Параметр	Оценка	Стандартная ошибка
$\beta_0$	$b_0 = \bar{y} - b_1 \bar{x}$	$SE_{b_0} = \sqrt{MS_e \left[ \frac{1}{n} + \frac{\bar{x}^2}{\sum (x_i - \bar{x})^2} \right]}$
$\beta_1$	$b_1 = \frac{\sum [(x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})]}{\sum (x_i - \bar{x})^2}$	$SE_{b_1} = \sqrt{\frac{MS_e}{\sum (x_i - \bar{x})^2}}$
$\varepsilon_i$	$e_i = y_i - \hat{y}_i$	$\approx \sqrt{MS_e}$

Таблица из кн. Quinn, Keough, 2002, стр. 86, табл. 5.2

## Стандартные ошибки коэффициентов

- используются для построения доверительных интервалов
- нужны для статистических тестов

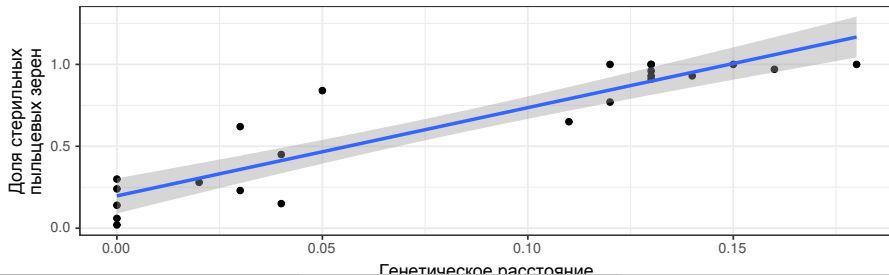


## Неопределенность оценки положения регрессии

**Доверительный интервал коэффициента** — это зона, в которой при повторных выборках из генеральной совокупности с заданной вероятностью будет лежать среднее значение оценки коэффициента. Если  $\alpha = 0.05$ , то получается 95% доверительный интервал.

$$b_1 \pm t_{\alpha, df=n-2} \cdot SE_{b_1}$$

**Доверительная зона регрессии** — это зона, в которой при повторных выборках из генеральной совокупности с заданной вероятностью лежит регрессионная прямая.

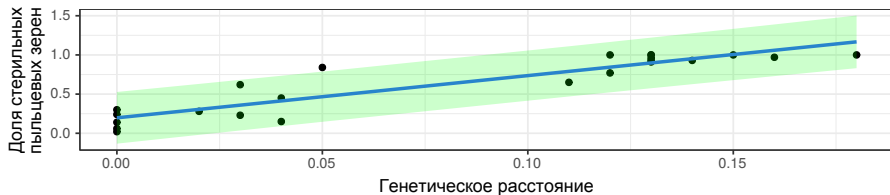


## Неопределенность оценок предсказанных значений

**Доверительный интервал к предсказанному значению** — это зона, в которую попадает заданная доля значений  $\hat{y}_i$  при данном  $x_i$

$$\hat{y}_i \pm t_{\alpha, n-2} \cdot SE_{\hat{y}_i}, SE_{\hat{y}} = \sqrt{MS_e \left[ 1 + \frac{1}{n} + \frac{(x_{prediction} - \bar{x})^2}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \right]}$$

**Доверительная область значений регрессии** — это зона, в которую попадает  $(1 - \alpha) \cdot 100\%$  всех предсказанных значений



# Линейная регрессия в R

## Как в R задать формулу линейной регрессии

`lm(формула, данные)` - функция для подбора регрессионных моделей

Формат формулы: зависимая\_переменная ~ независимые\_переменные

$\hat{y}_i = b_0 + b_1 x_i$  (простая линейная регрессия с  $b_0$  (intercept))

- $Y \sim X$
- $Y \sim 1 + X$
- $Y \sim X + 1$

$\hat{y}_i = b_1 x_i$  (простая линейная регрессия без  $b_0$ )

- $Y \sim X - 1$
- $Y \sim -1 + X$

$\hat{y}_i = b_0$  (уменьшенная модель, линейная регрессия  $Y$  от  $b_0$ )

- $Y \sim 1$
- $Y \sim 1 - X$

## Примеры формул линейной регрессии

$$\hat{y}_i = b_0 + b_1x_{1i} + b_2x_{2i} + b_3x_{3i}$$

(множественная линейная регрессия с  $b_0$ )

- $Y \sim X1 + X2 + X3$
- $Y \sim 1 + X1 + X2 + X3$

$$\hat{y}_i = b_0 + b_1x_{1i} + b_3x_{3i}$$

(уменьшенная модель множественной линейной регрессии, без  $x_2$ )

- $Y \sim X1 + X3$
- $Y \sim 1 + X1 + X3$

## Подбираем параметры линейной модели

```
hybrid_lm <- lm(Sterile ~ Distance, hybrid)
summary(hybrid_lm)

#
# Call:
# lm(formula = Sterile ~ Distance, data = hybrid)
#
# Residuals:
#      Min       1Q   Median       3Q      Max
# -0.26276 -0.10907 -0.00538  0.08237  0.37336
#
# Coefficients:
#              Estimate Std. Error t value      Pr(>|t|)
# (Intercept)  0.19726    0.05149   3.831    0.000973 ***
# Distance     5.38747    0.51117  10.540 0.000000000766 ***
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# Residual standard error: 0.1501 on 21 degrees of freedom
# Multiple R-squared:  0.841,    Adjusted R-squared:  0.8334
# F-statistic: 111.1 on 1 and 21 DF,  p-value: 0.0000000007659
```

Коэффициенты линейной регрессии:

- $b_0 = 0.2 \pm 0.05$
- $b_1 = 5.4 \pm 0.5$

# Записываем уравнение линейной регрессии

Коэффициенты модели:

$$\hat{y}_i = b_0 + b_1 x_i$$

```
coef(hybrid_lm)
```

```
# (Intercept)    Distance  
#    0.1972632    5.3874710
```

Уравнение регрессии:

$$\widehat{Sterile}_i = 0.2 + 5.4 Distance_i$$

# Тестирование значимости модели и ее коэффициентов



# Способы проверки значимости модели и ее коэффициентов

Существует несколько способов проверки значимости модели

Значима ли модель целиком?

- F критерий: действительно ли объясненная моделью изменчивость больше, чем случайная (=остаточная) изменчивость

Значима ли связь между предиктором и откликом?

- t-критерий: отличается ли от нуля коэффициент при этом предикторе
- F-критерий: действительно ли объясненная предиктором изменчивость больше, чем случайная (=остаточная)?

## Тестируем значимость коэффициентов $t$ -критерием

$$t = \frac{b_1 - \theta}{SE_{b_1}}$$

$H_0 : b_1 = \theta$ , для  $\theta = 0$

$H_A : b_1 \neq \theta$

$t$ -статистика подчиняется  $t$ -распределению с числом степеней свободы  $df = n - p$ , где  $p$  — число параметров.

Для простой линейной регрессии  $df = n - 2$ .

# Тестируем значимость коэффициентов t-критерием

```
summary(hybrid_lm)

#
# Call:
# lm(formula = Sterile ~ Distance, data = hybrid)
#
# Residuals:
#      Min       1Q   Median       3Q      Max
# -0.26276 -0.10907 -0.00538  0.08237  0.37336
#
# Coefficients:
#              Estimate Std. Error t value      Pr(>|t|)
# (Intercept)  0.19726    0.05149   3.831    0.000973 ***
# Distance     5.38747    0.51117  10.540 0.000000000766 ***
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# Residual standard error: 0.1501 on 21 degrees of freedom
# Multiple R-squared:  0.841,    Adjusted R-squared:  0.8334
# F-statistic: 111.1 on 1 and 21 DF,  p-value: 0.0000000007659
```

Результаты можно описать в тексте так:

- Доля стерильной пыльцы у межвидовых гибридов значимо возрастает с увеличением генетического расстояния ( $b_1 = 5.39$ ,  $t = 10.54$ ,  $p < 0.01$ )

# Тестируем значимость модели целиком при помощи F-критерия

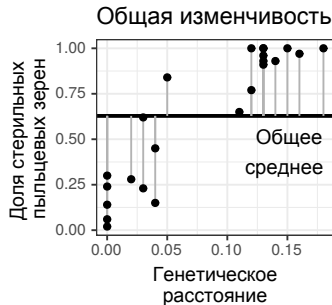
$$F = \frac{MS_{regression}}{MS_{error}}$$

$$H_0 : \beta_1 = 0$$

Число степеней свободы  $df_{regression}$ ,  $df_{error}$

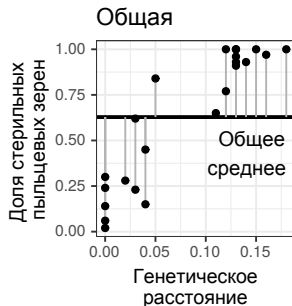
## Общая изменчивость

Общая изменчивость —  $SS_{total}$ , сумма квадратов отклонений от общего среднего значения



# Общая изменчивость делится на объясненную и остаточную

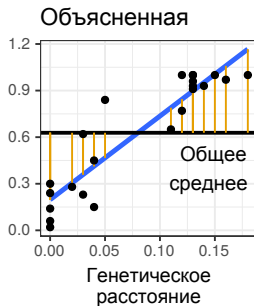
$$SS_t = SS_r + SS_e \quad MS_t \neq MS_r + MS_e$$



$$SS_t = \sum (\bar{y} - y_i)^2$$

$$df_t = n - 1$$

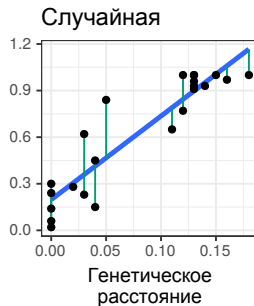
$$MS_t = \frac{SS_t}{df_t}$$



$$SS_r = \sum (\hat{y} - \bar{y})^2$$

$$df_r = p - 1$$

$$MS_r = \frac{SS_r}{df_r}$$



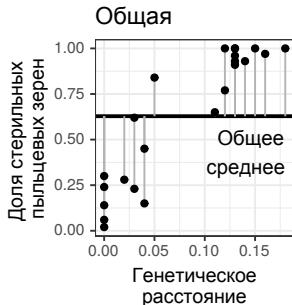
$$SS_e = \sum (\hat{y} - y_i)^2$$

$$df_e = n - p$$

$$MS_e = \frac{SS_e}{df_e}$$

## Если зависимости нет, $b_1 = 0$

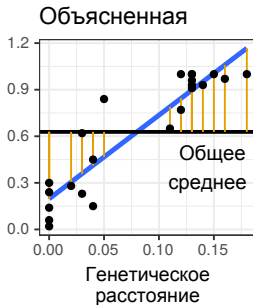
Тогда  $\hat{y}_i = \bar{y}_i$  и  $MS_{\text{regression}} \approx MS_{\text{error}}$



$$SS_t = \sum (\bar{y} - y_i)^2$$

$$df_t = n - 1$$

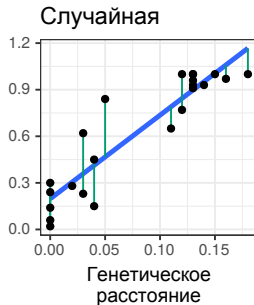
$$MS_t = \frac{SS_t}{df_t}$$



$$SS_r = \sum (\hat{y} - \bar{y})^2$$

$$df_r = p - 1$$

$$MS_r = \frac{SS_r}{df_r}$$



$$SS_e = \sum (\hat{y} - y_i)^2$$

$$df_e = n - p$$

$$MS_e = \frac{SS_e}{df_e}$$

## F-критерий и распределение F-статистики

Если  $b_1 = 0$ , тогда  $\hat{y}_i = \bar{y}_i$  и  $MS_r \approx MS_e$

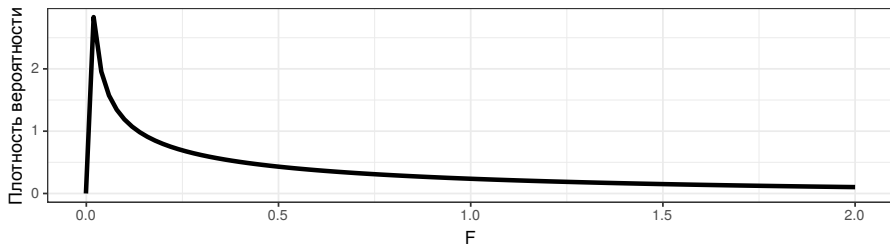
F - соотношение объясненной и не объясненной изменчивости:

$$F = \frac{MS_{regression}}{MS_{error}}$$

Подчиняется F-распределению с параметрами  $df_r$  и  $df_e$ .

Для простой линейной регрессии  $df_r = 1$  и  $df_e = n - 2$ .

**F-распределение,  $df_1 = 1$ ,  $df_2 = 21$**





## Таблица результатов дисперсионного анализа

Источник изменчивости	df	SS	MS	F	P
Регрессия	$df_r = 1$	$SS_r = \sum (\bar{y} - \hat{y}_i)^2$	$MS_r = \frac{SS_r}{df_r}$	$F_{df_r, df_e} = \frac{MS_r}{MS_e}$	$p$
Остаточная	$df_e = n - 2$	$SS_e = \sum (y_i - \hat{y}_i)^2$	$MS_e = \frac{SS_e}{df_e}$		
Общая	$df_t = n - 1$	$SS_t = \sum (\bar{y} - y_i)^2$			

Минимальное упоминание результатов в тексте должно содержать  $F_{df_r, df_e}$  и  $p$ .

## Проверяем значимость модели при помощи F-критерия

```
library(car)
Anova(hybrid_lm)
```

```
# Anova Table (Type II tests)
#
# Response: Sterile
#           Sum Sq Df F value    Pr(>F)
# Distance  2.50194  1  111.08 0.00000000007659 ***
# Residuals 0.47299 21
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Результаты дисперсионного анализа можно описать в тексте (или представить в виде таблицы):

- Доля стерильной пыльцы межвидовых гибридов смолевков значимо зависит от генетического расстояния ( $F_{1,21} = 111.08$ ,  $p < 0.001$ ).

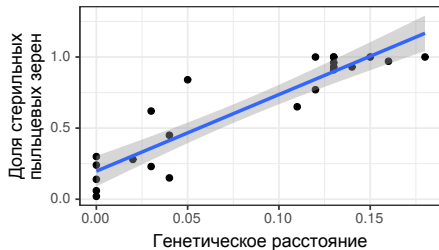
## График линейной регрессии

## Строим доверительную зону регрессии

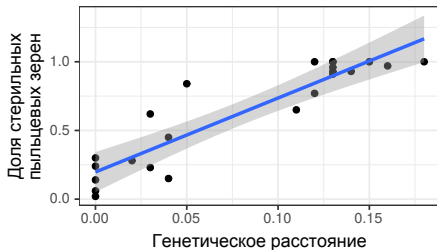
```
gg_hybrid + geom_smooth(method = 'lm') +  
  labs(title = '95% доверительная зона регрессии')
```

```
gg_hybrid + geom_smooth(method = 'lm', level = 0.99) +  
  labs(title = '99% доверительная зона регрессии')
```

95% доверительная зона регрессии



99% доверительная зона регрессии



## Оценка качества подгонки модели

## Коэффициент детерминации $R^2$

доля общей изменчивости, объясненная линейной связью  $x$  и  $y$

$$R^2 = \frac{SS_r}{SS_t} = 1 - \frac{SS_e}{SS_t}$$

$$0 \leq R^2 \leq 1$$

Иначе рассчитывается как квадрат коэффициента корреляции  $R^2 = r^2$

**Не используйте обычный  $R^2$  для множественной регрессии!**

## Коэффициент детерминации можно найти в сводке модели

```
summary(hybrid_lm)
```

```
#
# Call:
# lm(formula = Sterile ~ Distance, data = hybrid)
#
# Residuals:
#      Min       1Q   Median       3Q      Max
# -0.26276 -0.10907 -0.00538  0.08237  0.37336
#
# Coefficients:
#              Estimate Std. Error t value      Pr(>|t|)
# (Intercept)  0.19726    0.05149   3.831    0.000973 ***
# Distance     5.38747    0.51117  10.540 0.0000000000766 ***
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# Residual standard error: 0.1501 on 21 degrees of freedom
# Multiple R-squared:  0.841,    Adjusted R-squared:  0.8334
# F-statistic: 111.1 on 1 and 21 DF,  p-value: 0.00000000007659
```

## Сравнение качества подгонки моделей при помощи

 $R_{adj}^2$ 

$R_{adj}^2$  — скорректированный  $R^2$

$$R_{adj}^2 = 1 - \frac{SS_e/df_e}{SS_t/df_t}$$

где  $df_e = n - p$ ,  $df_t = n - 1$

$R_{adj}^2$  учитывает число переменных в модели, вводится штраф за каждый новый параметр.

Используйте  $R_{adj}^2$  для сравнения моделей с разным числом параметров.



# Использование линейной регрессии для предсказаний

# Использование линейной регрессии для предсказаний

Для конкретного значения предиктора мы можем сделать два типа предсказаний:

- предсказываем среднее значение отклика — это оценка точности положения линии регрессии
- предсказываем значение отклика у 95% наблюдений — это оценка точности предсказаний

## Предсказываем Y при заданном X

Какова доля стерильной пыльцы межвидового гибрида, если генетическое расстояние между родителями 0.07 или 0.055?

```
# значения, для которых предсказываем
newdata <- data.frame(Distance = c(0.07, 0.055))
(pr1 <- predict(hybrid_lm, newdata, interval = 'confidence', se = TRUE))
```

```
# $fit
#           fit           lwr           upr
# 1 0.5743862 0.5084456 0.6403267
# 2 0.4935741 0.4232788 0.5638693
#
# $se.fit
#           1           2
# 0.03170808 0.03380207
#
# $df
# [1] 21
#
# $residual.scale
# [1] 0.1500776
```

- Если генетическое расстояние между родителями 0.07 или 0.055, то стерильно будет  $0.6 \pm 0.1$  и  $0.5 \pm 0.1$  всей пыльцы, соответственно.

## Предсказываем изменение Y для 95% наблюдений при заданном X

В каких пределах находится доля стерильной пыльцы, если генетическое расстояние между родителями 0.07 или 0.055?

*# значения, для которых предсказываем*

```
newdata <- data.frame(Distance = c(50, 100))
(pr2 <- predict(hybrid_lm, newdata, interval = 'prediction', se = TRUE))
```

```
# $fit
#      fit      lwr      upr
# 1 269.5708 216.5035 322.6382
# 2 538.9444 432.7261 645.1626
#
# $se.fit
#      1      2
# 25.51744 51.07574
#
# $df
# [1] 21
#
# $residual.scale
# [1] 0.1500776
```

- У 95% межвидовых гибридов, у которых генетическое расстояние между родителями 0.07 или 0.055, доля стерильной пыльцы будет в пределах  $269.6 \pm 53.1$  и  $538.9 \pm 106.2$ , соответственно.

## Данные для доверительной области значений

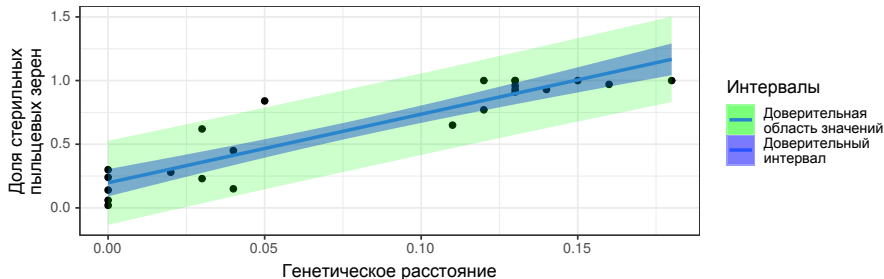
Предсказанные значения для исходных данных объединим с исходными данными в новом датафрейме - для графиков

```
pr_all <- predict(hybrid_lm, interval = 'prediction')
hybrid_with_pred <- data.frame(hybrid, pr_all)
head(hybrid_with_pred)
```

#	Distance	Sterile	fit	lwr	upr
# 1	0.00	0.02	0.1972632	-0.13270028	0.5272267
# 2	0.00	0.06	0.1972632	-0.13270028	0.5272267
# 3	0.00	0.14	0.1972632	-0.13270028	0.5272267
# 4	0.00	0.24	0.1972632	-0.13270028	0.5272267
# 5	0.00	0.30	0.1972632	-0.13270028	0.5272267
# 6	0.03	0.62	0.3588873	0.03567102	0.6821036

# Строим доверительную область значений и доверительный интервал одновременно

```
gg_hybrid +
  geom_smooth(method = 'lm',
    aes(fill = 'Доверительный \n интервал'),
    alpha = 0.4) +
  geom_ribbon(data = hybrid_with_pred,
    aes(y = fit, ymin = lwr, ymax = upr,
      fill = 'Доверительная \n область значений'),
    alpha = 0.2) +
  scale_fill_manual('Интервалы', values = c('green', 'blue'))
```

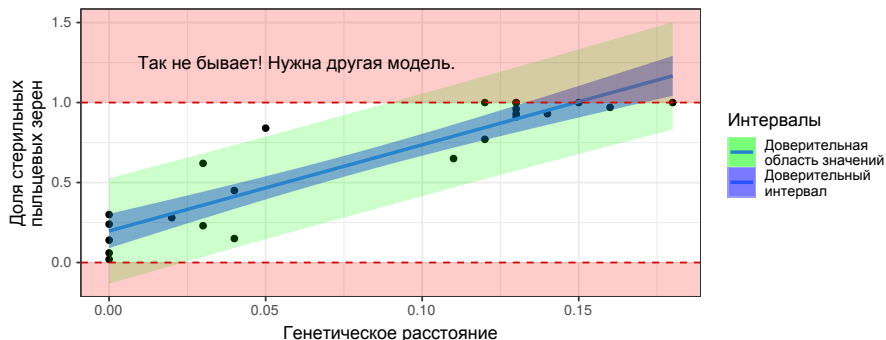


## Осторожно! У такой линейной регрессии есть проблемы!

Для некоторых значений генетического расстояния построенная нами модель предсказывает больше 100% стерильной пыльцы.

Так не бывает!

**Вместо простой линейной регрессии нужно использовать более сложную линейную модель** (это за рамками курса)



## Take home messages

- Модель простой линейной регрессии  $y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i$
- В оценке коэффициентов регрессии ( $b_0$  и  $b_1$ ) и предсказанных значений ( $\hat{y}_i$ ) существует неопределенность. Доверительные интервалы можно рассчитать, зная стандартные ошибки.
- Значимость всей регрессии и ее параметров можно проверить при помощи t- или F-теста. Для простой линейной регрессии  $H_0 : \beta_1 = 0$ .
- Качество подгонки модели можно оценить при помощи коэффициента детерминации  $R^2$
- Не всякие данные можно описать при помощи простой линейной регрессии.



## Дополнительные ресурсы

- Гланц, 1999, стр. 221-244
- OpenIntro: Statistics
- Quinn, Keough, 2002, pp. 78-110
- Logan, 2010, pp. 170-207
- Sokal, Rohlf, 1995, pp. 451-491
- Zar, 1999, pp. 328-355