

Projekt 2 WdAD

Filip Cebula 151410

31 stycznia 2025

1 Zadanie 1

1.1 Model regresji

Tworzymy model regresji w R, używając polecenia `lm()` i sprawdzamy jego parametry korzystając z polecenia `summary`. Na potrzeby zadania analizie poddamy zestaw danych *crabs* z biblioteki MASS, który zawiera informacje o rozmiarach badanych krabów.

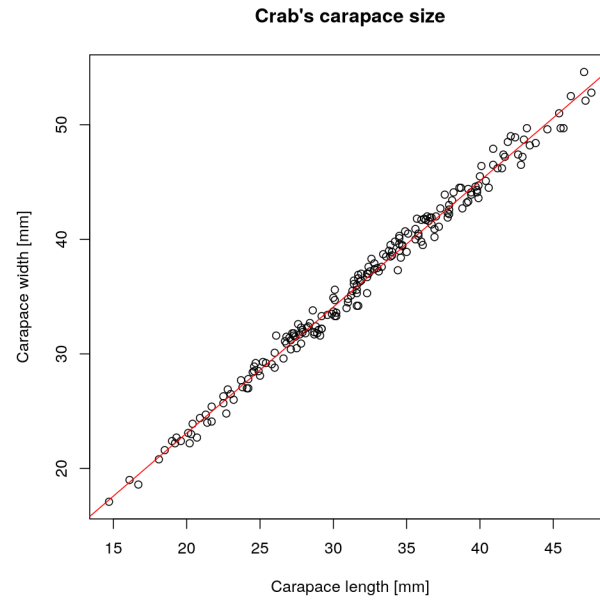
```
1 regression = lm(CW ~ CL, data = crabs);
2 cat("\nRegression model width~length of crabs body\n");
3 summary(regression);
4 cat("\n");
5
6 # OUTPUT:
7 # Regression model width~length of crabs body
8 #
9 # Call:
10 # lm(formula = CW ~ CL, data = crabs)
11 #
12 # Residuals:
13 #      # Min       1Q   Median       3Q      Max
14 # -1.7683 -0.6088  0.1075  0.5394  1.8092
15 #
16 # Coefficients:
17 #             # Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
18 # (Intercept) 1.089919    0.257490   4.233 3.53e-05 ***
19 # CL          1.100266    0.007831 140.504 < 2e-16 ***
20 # Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
21 #
22 # Residual standard error: 0.7864 on 198 degrees of freedom
23 # Multiple R-squared:  0.9901, Adjusted R-squared:  0.99
24 # F-statistic: 1.974e+04 on 1 and 198 DF, p-value: < 2.2e-16
```

1.2 Wykresy

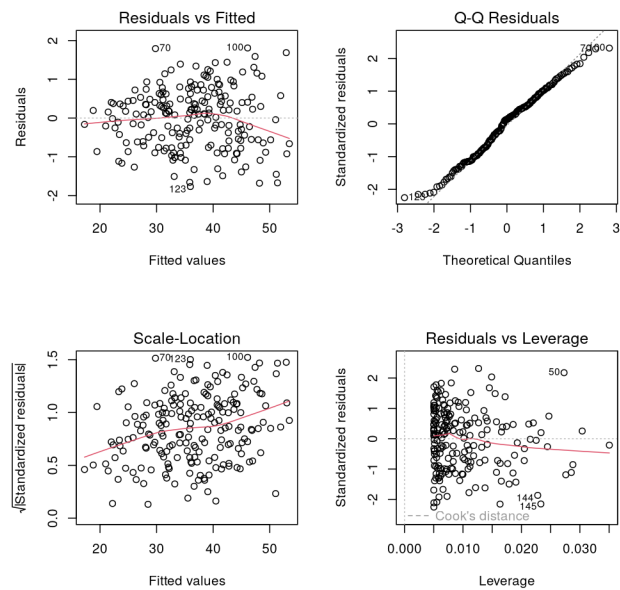
Generujemy wykresy do zadania, które pozwolą nam na lepszą analizę naszego modelu.

```
1 png(file = "plots/scatterplot.png", height=1000, width=1000, res=150);
2 plot(x=crabs$CL, y=crabs$CW, xlab="Carapace length [mm]",
3      ylab="Carapace width [mm]", main="Crab's carapace size");
4 abline(reg = regression, col = "red");
5 dev.off();
6
7 png(file = "plots/model_plots.png", height=1000, width=1000, res=150);
8 par(mfrow = c(2,2));
9 plot(regression);
10 dev.off();
```

1.3 Scatterplot



1.4 Wykresy diagnostyczne



1.5 Wnioski

Patrząc na wartość R-squared możemy wywnioskować, że nasz model wyjaśnia 99% zmienności szerokości ciała kraba na podstawie jego długości. Sugeruje to, że długość ciała ma silny wpływ na jego szerokość.

Widzimy że wszystkie residuals, mieszczą się w przedziale $[-2;2]$, co oznacza, że wartości faktyczne są bardzo mało oddalone od wartości, które przewiduje nasz model.

Na podstawie wartości F-statistic i p-value, możemy odrzucić hipotezę zerową, że nie ma relacji pomiędzy szerokością a długością ciała kraba.

Patrząc na scatterplot widzimy, że wszystkie punkty są blisko czerwonej linii (lini przewidywanej przez nasz model) i nie ma wartości odstających, co sugeruje że model jest dobrze dopasowany.

Z wykresu Residuals vs Fitted, możemy odczytać że liniowość jest zachowana (patrząc na czerwoną linię), nie ma dużych wartości odstających (wszystkie są w miarę zgrupowane), oraz że nasze wartości są homoskedastyczne (tzn. mają podobną wariancję). Wykres Scale-Location potwierdza homoskedastyczność, którą ustaliliśmy wcześniej.

Z wykresu kwantyl-kwantyl widzimy, że nasze wartości mają rozkład podobny do normalnego, co wskazuje, że założenie o normalności reszt jest spełnione i nasz model może być odpowiedni. Możemy jednak zwrócić uwagę na lekko długie ogony naszego rozkładu, ale ich odchylenie od linii prostej wykresu jest stosunkowo małe i występuje dla bardzo małej ilości wartości.

Z wykresu Residuals vs Leverage widzimy, że rozpiętość wartości na wykresie jest stosunkowo równa i żadna wartość nie przekracza dystansu Cook'a, przez co możemy stwierdzić, że nasz model nie ma dużo wartości odstających.

Na podstawie powyższych obserwacji możemy stwierdzić, że nasz model regresji liniowej jest dobrze dopasowany do danych.

2 Zadanie 2

2.1 Współczynniki regresji

2.2 Dowód

2.3 Wzór na współczynnik b_1