Blatt 7

Christian Peters

H14)

Karten

a)

Lese die Daten ein, zentriere sie und berechne die empirische Kovarianzmatrix:

Die Hauptkomponenten ergeben sich aus den normierten Eigenvektoren der empirischen Kovarianzmatrix. Die zugehörigen Koeffizientenvektoren befinden sich in den Spalten der Matrix, die von der Funktion eigen als Resultat zurückgegeben wird:

6.552288 25.192810

Gegentore -41.970588 -21.591503 46.879085 6.552288

-7.624183

-4.617647

b)

Kriterium der totalen Variabilität:

```
variances <- eigen_results$values
(p_total <- min(which(cumsum(variances) / sum(variances) >= 0.75)))
```

[1] 2

Kriterium der mittleren Variabilität:

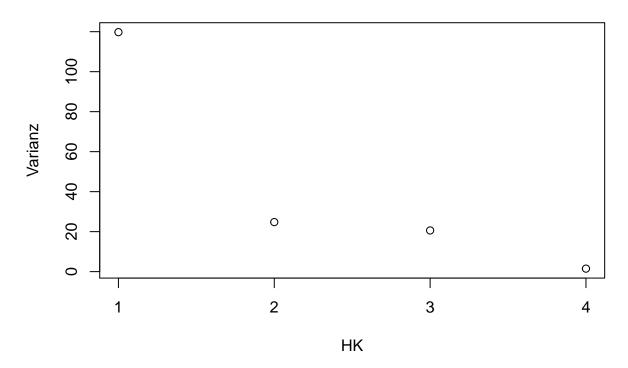
```
(p_mean <- max(which(variances > mean(variances))))
```

[1] 1

Scree-Graph:

```
plot(variances, main = "Scree-Graph", xlab = 'HK', ylab = 'Varianz', xaxt = "n")
axis(1, at = 1:4)
```

Scree-Graph



Anhand des Scree-Graphen würde man sich hier nur für die erste Hauptkomponente entscheiden.

c)

Durch die erste Hauptkomponente lassen sich Mannschaften, die viele Punkte und viele Tore erzielen von Mannschaften trennen, die viele Gegentore kassieren. Das Attribut "Karten" läd nur schwach auf HK1 und sollte daher bei der Interpretation nicht überbewertet werden.

Mit HK2 allerdings lassen sich Mannschaften, die viele Karten kassieren von Mannschaften trennen, die nur wenige Karten kassieren. Hieran lassen sich "faire" Teams von weniger fairen Teams unterscheiden. Die anderen Attribute laden nur schwach auf HK2, daher sollte man sie auch hier nicht überinterpretieren.

d)

Kommunalitäten der Variablen mit der ersten Hauptkomponente:

```
H1 <- diag(variances[1] * principal_components[, 1] %*% t(principal_components[, 1]))
H1 <- rbind(H1, H1 / diag(S)) # percentages
colnames(H1) <- colnames(data)
rownames(H1) <- c('Kommunalitaeten', 'Anteil')
H1</pre>
```

```
## Punkte Tore Gegentore Karten
## Kommunalitaeten 54.994304 27.9690231 35.3510898 1.44119583
## Anteil 0.967308 0.7418325 0.7540909 0.05720663
```

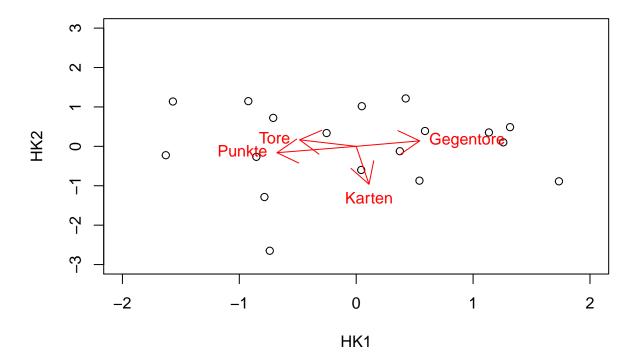
Kommunalitäten der Variablen mit den ersten beiden Hauptkomponenten:

Transformiere die Daten zunächst in den Raum der ersten beiden Hauptkomponenten und skaliere sie anhand der Standardabweichung entlang der jeweiligen Hauptkomponente:

Erzeuge nun anhand dieser Daten den Biplot:

```
plot(data_transformed, xlim = c(-2, 2), ylim = c(-3, 3), xlab = 'HK1', ylab = 'HK2',
    main = 'Biplot')
arrows(0, 0, principal_components[, 1], principal_components[, 2], col = 'red')
text(principal_components[, 1], principal_components[, 2], labels = colnames(data),
    col = 'red', pos = c(2, 2, 4, 1))
```

Biplot



In diesem Biplot ist keine klare Trennung der Daten in Gruppen zu erkennen. Dies deutet darauf hin, dass

die Daten im Raum der ersten beiden Hauptkomponenten recht gleichmäßig verteilt sind. Da HK1 die Mannschaften mit vielen Toren und Punkten von denen mit vielen Gegentoren trennt, bedeutet das in etwa, dass es ungefähr gleich viele "gute" wie "schlechte" Teams gibt. Für HK2 sind hauptsächlich die Karten ausschlaggebend. Hier erkennt man auch keine Clusterbildung.

H16)

Lese zunächst die Daten ein:

```
(R <- matrix(c(1, 0.83, 0.78, 0.83, 1, 0.67, 0.78, 0.67, 1), nrow = 3))

## [,1] [,2] [,3]

## [1,] 1.00 0.83 0.78

## [2,] 0.83 1.00 0.67

## [3,] 0.78 0.67 1.00
```

Im Folgenden wird die Hauptkomponentenmethode verwendet um zu einer Approximation $\ddot{R} = LL' + V$ zu gelangen.

```
Erste Iteration:
eigen_res <- eigen(R)
L <- sqrt(eigen_res$values[1]) * eigen_res$vectors[, 1]</pre>
V <- diag(diag(R - L %*% t(L)))</pre>
L
## [1] -0.9514150 -0.9098748 -0.8881720
V
##
               [,1]
                         [,2]
## [1,] 0.09480941 0.0000000 0.0000000
## [2,] 0.00000000 0.1721278 0.0000000
## [3,] 0.00000000 0.0000000 0.2111505
Zweite Iteration:
eigen res <- eigen(R - V)
L <- sqrt(eigen_res$values[1]) * eigen_res$vectors[, 1]
V old <- V
V <- diag(diag(R - L %*% t(L)))</pre>
## [1] -0.9457019 -0.8758364 -0.8395906
٧
##
                         [,2]
                                   [,3]
              [,1]
## [1,] 0.1056479 0.0000000 0.0000000
## [2,] 0.0000000 0.2329106 0.0000000
## [3,] 0.0000000 0.0000000 0.2950876
Iteriere nun solange, bis sich die Matrix V stabilisiert:
iterations <- 2
while(norm(V - V_old, type = 'F') > 1e-6){
  eigen res <- eigen(R - V)
```

L <- sqrt(eigen_res\$values[1]) * eigen_res\$vectors[, 1]

V old <- V

V <- diag(diag(R - L %*% t(L)))</pre>

##

[,1]

[1,] 1.0000000 0.8299996 0.7799995 ## [2,] 0.8299996 1.0000000 0.6700008 ## [3,] 0.7799995 0.6700008 1.0000000

[,2]

[,3]

```
iterations <- iterations + 1
}
L
## [1] 0.9829885 0.8443635 0.7934980
V
               [,1]
                         [,2]
                                    [,3]
##
## [1,] 0.03373358 0.0000000 0.0000000
## [2,] 0.00000000 0.2870502 0.0000000
## [3,] 0.00000000 0.0000000 0.3703609
iterations
## [1] 39
Probe zum Vergleich mit der ursprünglichen Korrelationsmatrix:
L %*% t(L) + V
```

Man erkennt also, dass sich das gewählte Modell mit einem Faktor recht gut zur Beschreibung der Daten eignet. Das hier gefundene L ist nur bis auf orthogonale Transformationen (Rotationen) eindeutig.