Session 06:
Simple Lineare Regression

Dominic Schmitz & Janina Esser

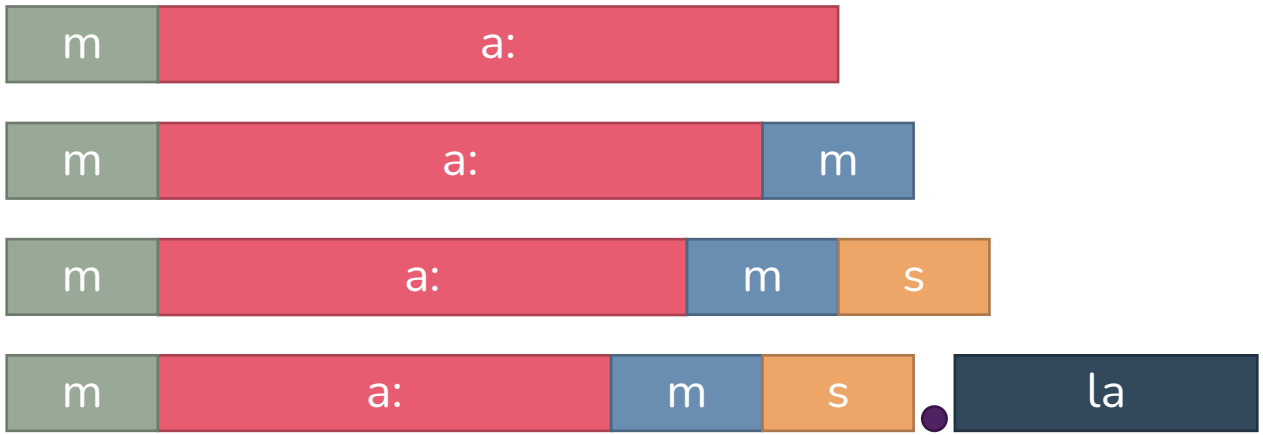
Verein für Diversität in der Linguistik

Beispieldaten

- Für die folgenden Beispiele werden wir Daten folgender Studie nutzen:

Compensatory Vowel Shortening in German[1]

- Stressed Vowels sind kürzer je nachdem wie viele Konsonanten ihnen folgen:



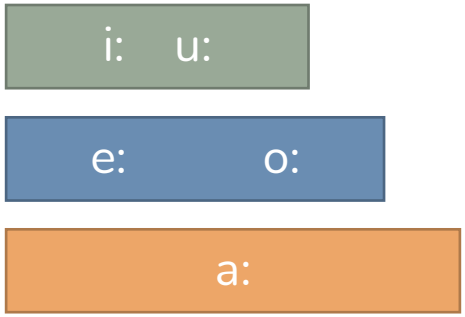
[1] Schmitz, D., Cho, H.-E., & Niemann, H. (2018). Vowel shortening in German as a function of syllable structure. Proceedings 13. Phonetik Und Phonologie Tagung (P&P13), 181–184.

Beispieldaten

- Für die folgenden Beispiele werden wir Daten folgender Studie nutzen:

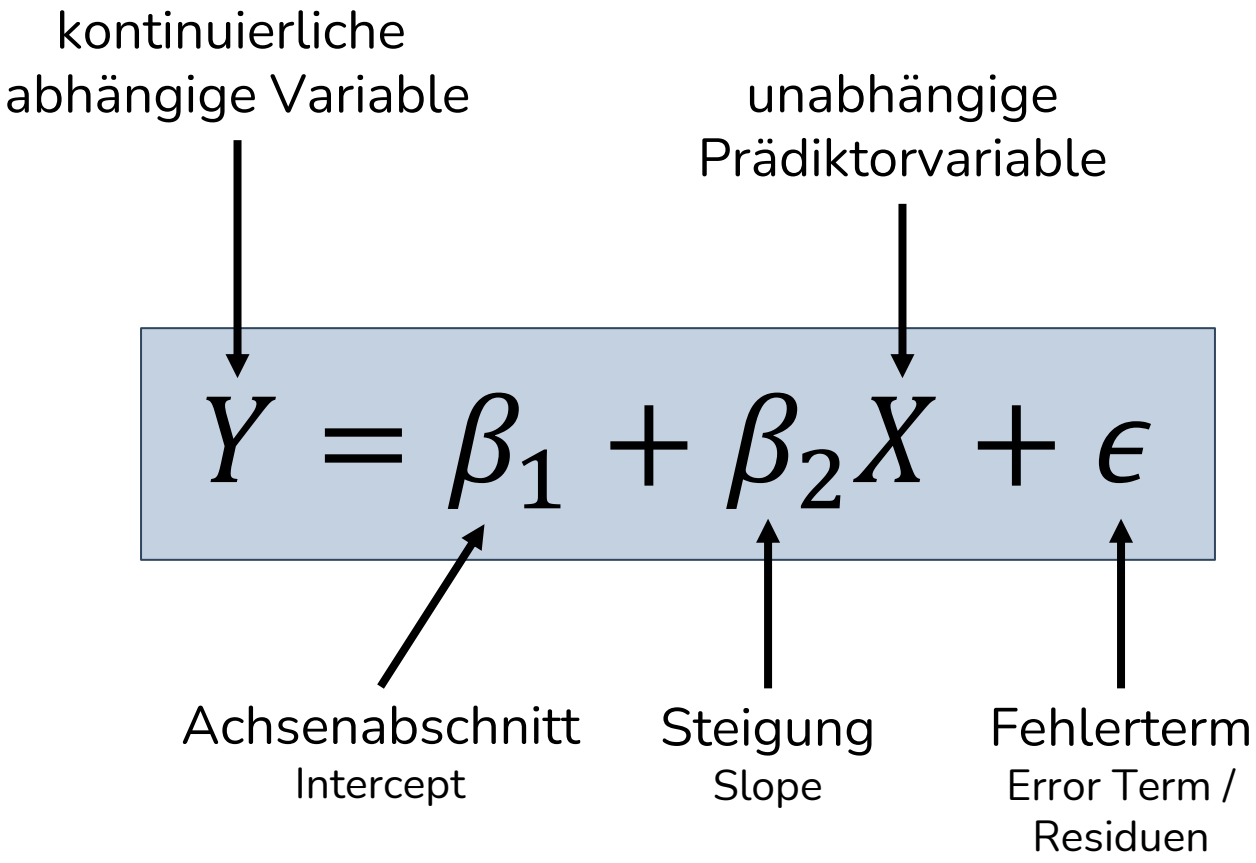
Compensatory Vowel Shortening in German[1]

- Unabhängig von diesem Vowel Shortening gilt, dass offene Vokale länger sind als halb-offene Vokale, und halb-offene Vokale sind länger als geschlossene Vokale:



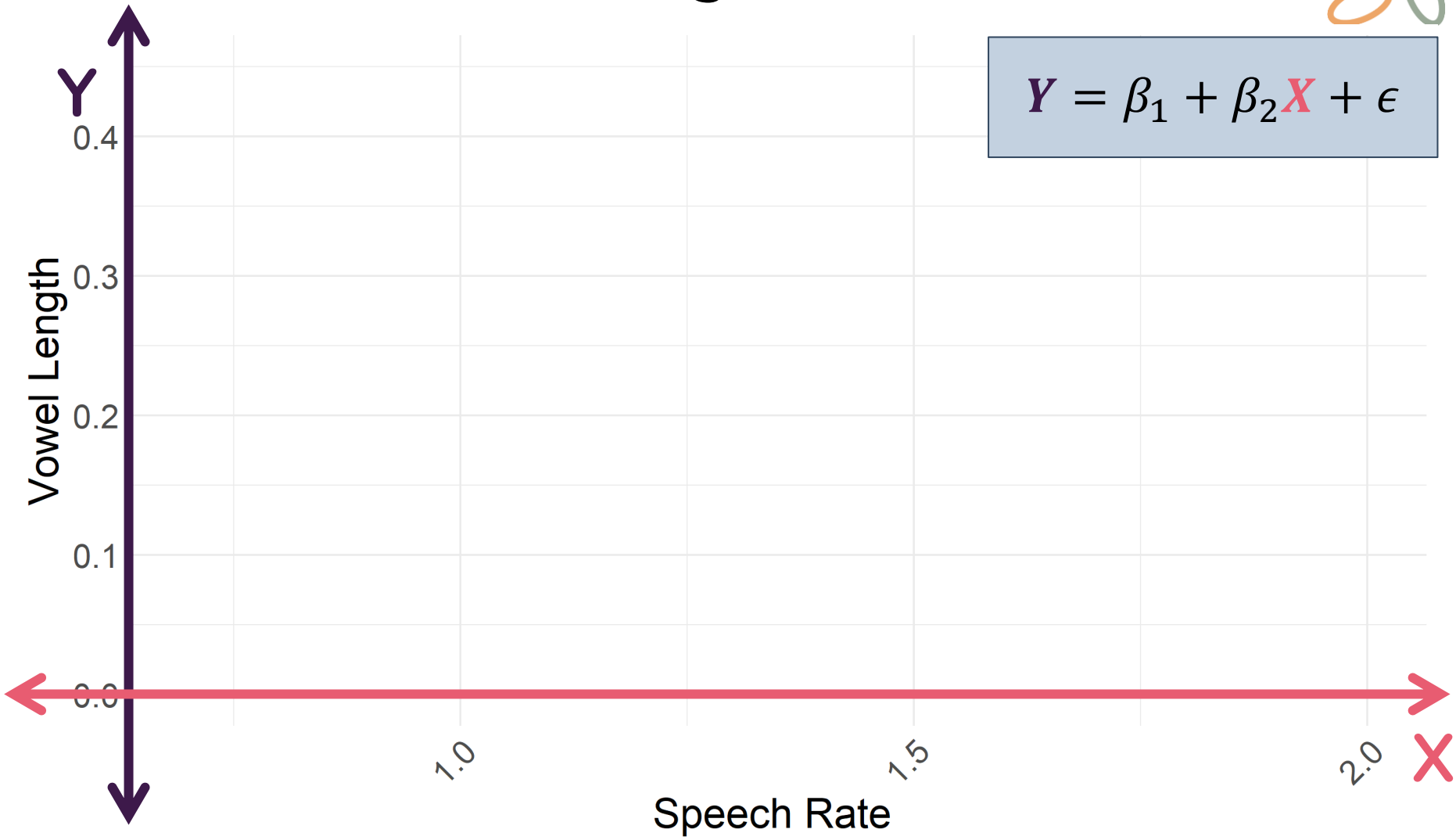
[1] Schmitz, D., Cho, H.-E., & Niemann, H. (2018). Vowel shortening in German as a function of syllable structure. Proceedings 13. Phonetik Und Phonologie Tagung (P&P13), 181–184.

Einfache Lineare Regression: Formel



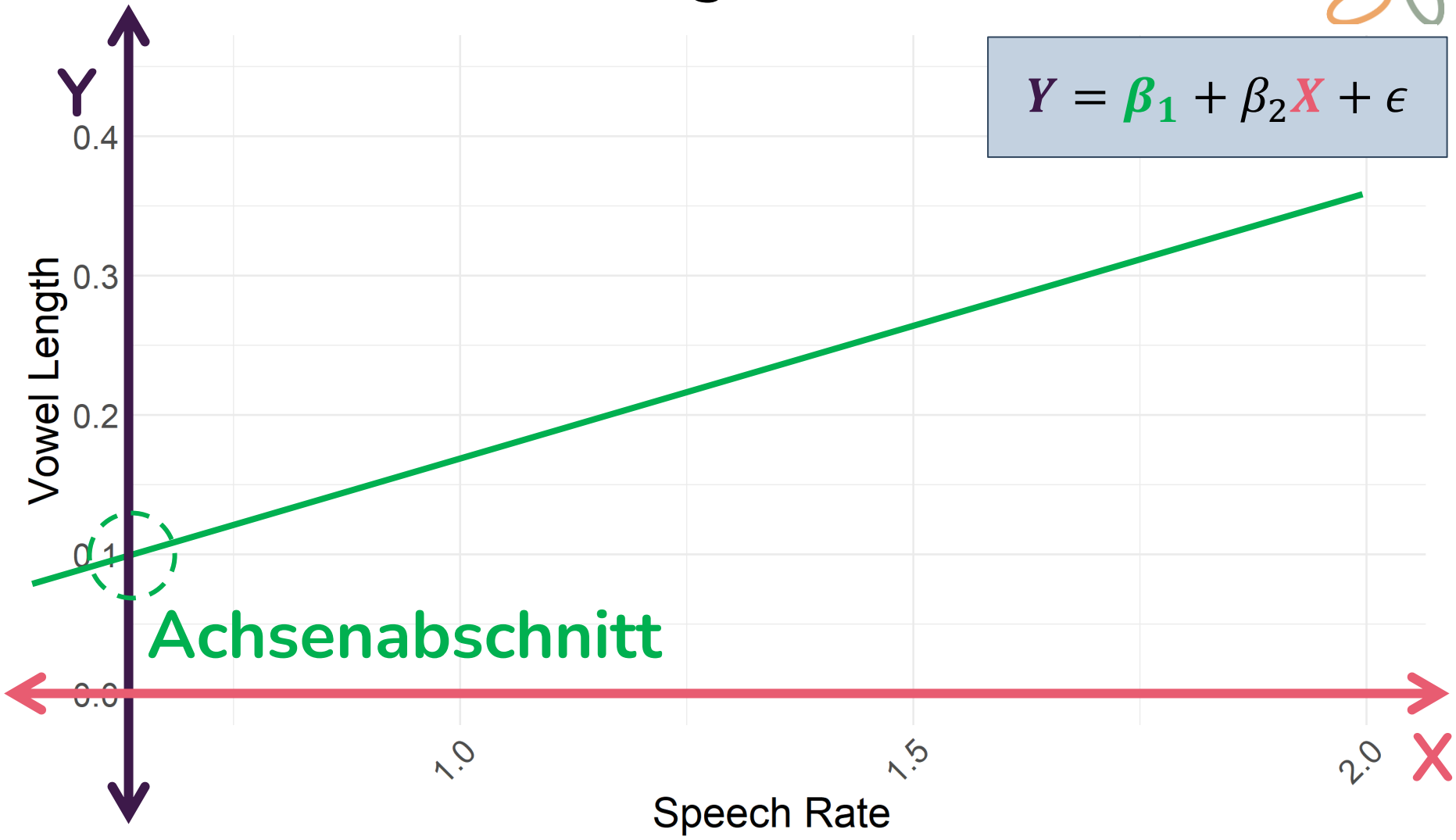
Einfache Lineare Regression: Formel

$$Y = \beta_1 + \beta_2 X + \epsilon$$

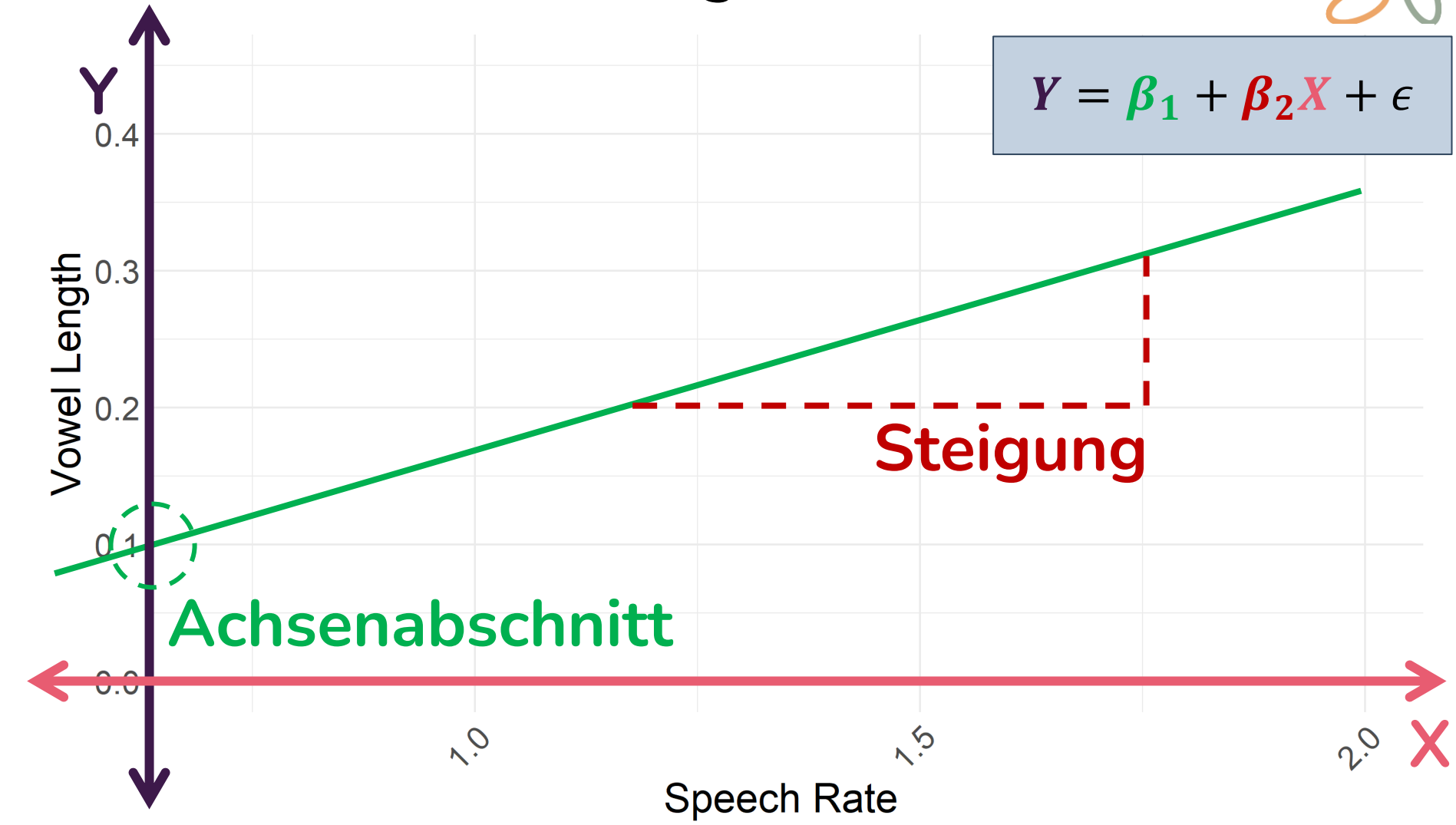


Einfache Lineare Regression: Formel

$$Y = \beta_1 + \beta_2 X + \epsilon$$

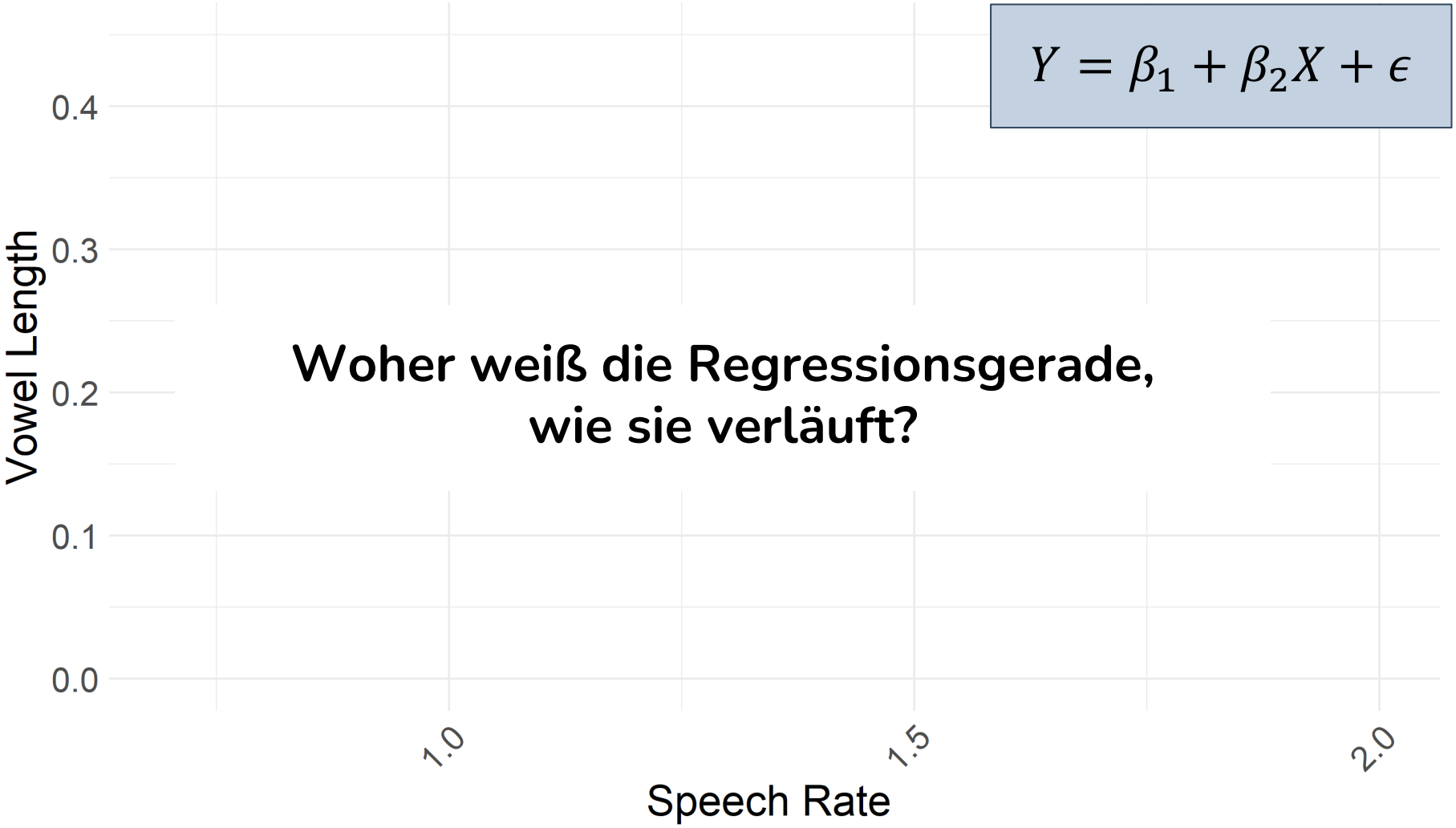


Einfache Lineare Regression: Formel



Einfache Lineare Regression: Formel

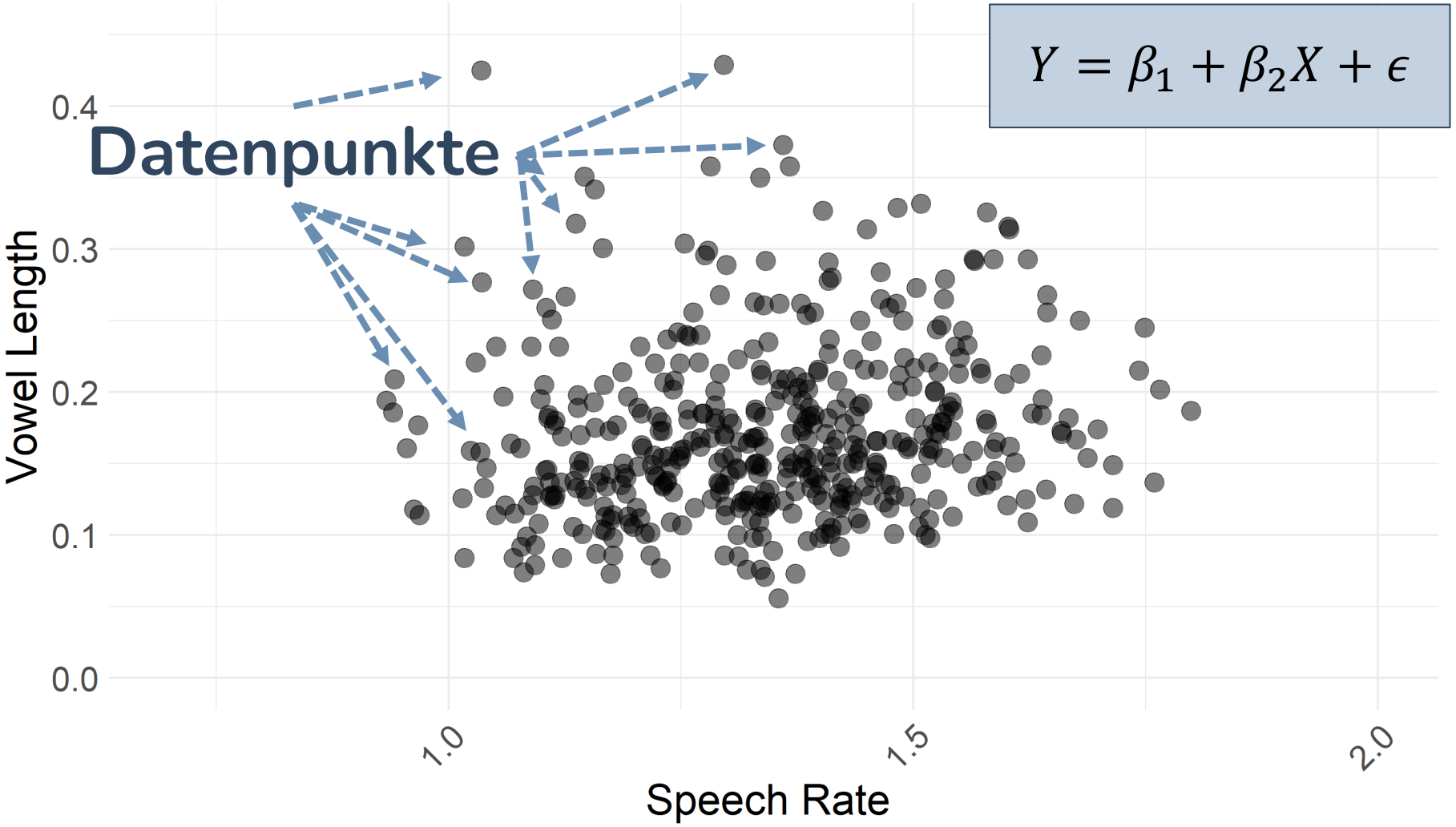
$$Y = \beta_1 + \beta_2 X + \epsilon$$



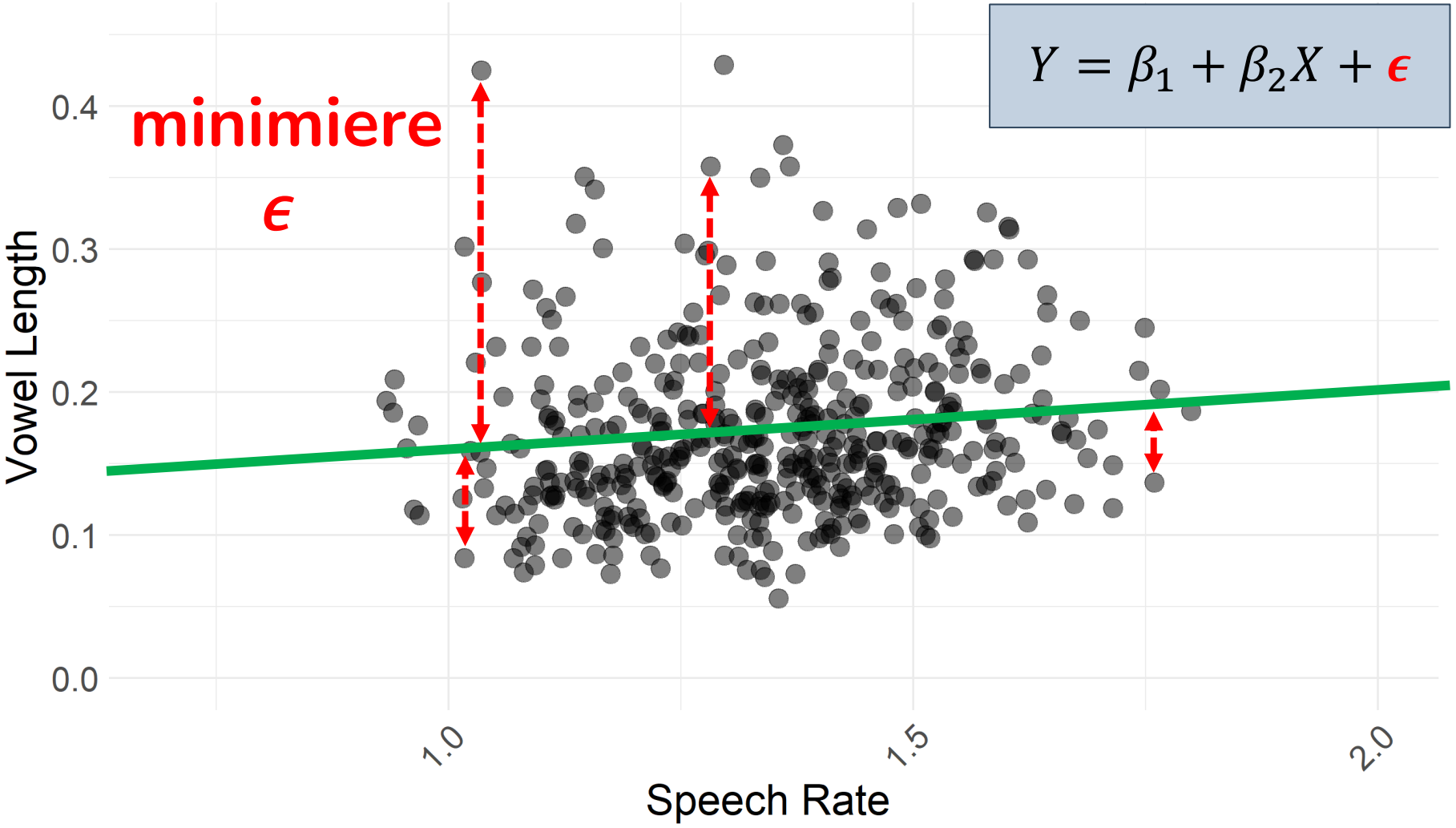
Woher weiß die Regressionsgerade, wie sie verläuft?

Einfache Lineare Regression: Formel

$$Y = \beta_1 + \beta_2 X + \epsilon$$



Einfache Lineare Regression: Formel



Einfache Lineare Regression in R

- In R erstellt man ein simples lineares Regressionsmodell

$$Y = \beta_1 + \beta_2 X + \epsilon$$

- mit folgendem Befehl und folgender Syntax:

```
lm(Y ~ X, data)
```

- Intercept und Slope berechnet R indem es die Residuen zwischen tatsächlichen Datenpunkten und der Regressionsgeraden minimiert

Einfache Lineare Regression in R

- Beispiel: vowel duration modelliert durch speech rate

```
model = lm(duration ~ rate, data)
```

- Nach der Berechnung erhalten wir folgende Information zum Modell:

```
Call:
lm(formula = duration ~ rate, data = data)

Coefficients:
(Intercept)         rate
    0.22301     -0.03687
```

Einfache Lineare Regression in R

- Beispiel: vowel duration modelliert durch speech rate

```
model = lm(duration ~ rate, data)
```

- Nach der Berechnung erhalten wir folgende Information zum Modell:

```
Call:
lm(formula = duration ~ rate, data = data)

Coefficients:
(Intercept)         rate
    0.22301     -0.03687
```

Achsenabschnitt **Steigung**

Einfache Lineare Regression in R

- Einen *p*-Wert erhalten wir mit der `anova()` Funktion:

```
anova(model)
Analysis of Variance Table

Response: duration
           Df  Sum Sq   Mean Sq F value  Pr(>F)
rate        1 0.01787 0.0178734  4.8468 0.02821 *
Residuals 446 1.64468 0.0036876
```

Einfache Lineare Regression in R

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
rate	1	0.01787	0.0178734	4.8468	0.02821	*
Residuals	446	1.64468	0.0036876			

- **Freiheitsgrade / Degrees of Freedom**

  Die Anzahl der unabhängigen Beobachtungswerte abzüglich der Anzahl der geschätzten Parameter. Sie sind die Anzahl der "überflüssigen" Messungen, die nicht zur Bestimmung des Parameters benötigt werden.

Einfache Lineare Regression in R

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
rate	1	0.01787	0.0178734	4.8468	0.02821	*
Residuals	446	1.64468	0.0036876			

- **Quadratsumme / Squared Sum**

  Je höher der Wert, desto wichtiger ist der Faktor für das Modell.

Einfache Lineare Regression in R

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
rate	1	0.01787	0.0178734	4.8468	0.02821	*
Residuals	446	1.64468	0.0036876			

- **Quadrierter Mittelwert / Squared Mean**

  Je höher der Wert, desto wichtiger ist der Faktor für das Modell.

Einfache Lineare Regression in R

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
rate	1	0.01787	0.0178734	4.8468	0.02821	*
Residuals	446	1.64468	0.0036876			

- **Fisher- Wert / Fisher Value**

  Je höher der Wert ist, desto mehr Einfluss hat der Faktor auf die abhängige Variable.

Einfache Lineare Regression in R

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
rate	1	0.01787	0.0178734	4.8468	0.02821 *
Residuals	446	1.64468	0.0036876		

- **Wahrscheinlichkeitswert / Probability Value**

  Gibt an, ob ein einbezogener Faktor einen signifikanten Einfluss auf die abhängige Variable hat.

Einfache Lineare Regression in R

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
rate	1	0.01787	0.0178734	4.8468	0.02821	*
Residuals	446	1.64468	0.0036876			

- **Residuum / Residuals**

  Die Abweichung bzw. der Fehler, die/der nicht durch die unabhängigen Variablen/Faktoren erklärt wird. → ϵ

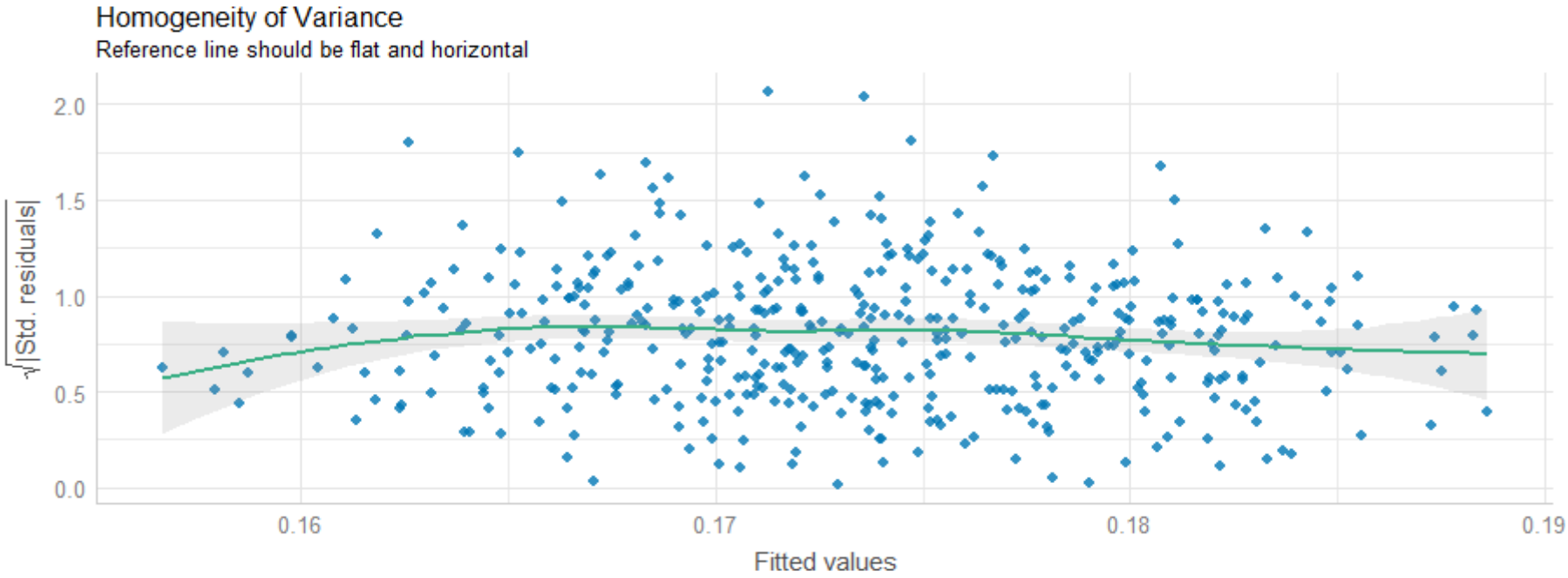
Annahmen / Assumptions

- Laut unserem Modell sinkt die Vowel Duration significant, wenn die Speaking Rate ansteigt
- Allerdings wissen wir gar nicht, ob unser Modell zuverlässig ist – wir haben nicht überprüft, ob es den **Annahmen** linearer Regression folgt:
  - Linearität / Linearity
  - Homoskedastizität / Homoscedasticity
  - Normalität / Normality
  - Unabhängigkeit / Independence

Annahmen: Linearität

- Annahme:

  Die Beziehung zwischen X and dem Mittelwert von Y ist linear.

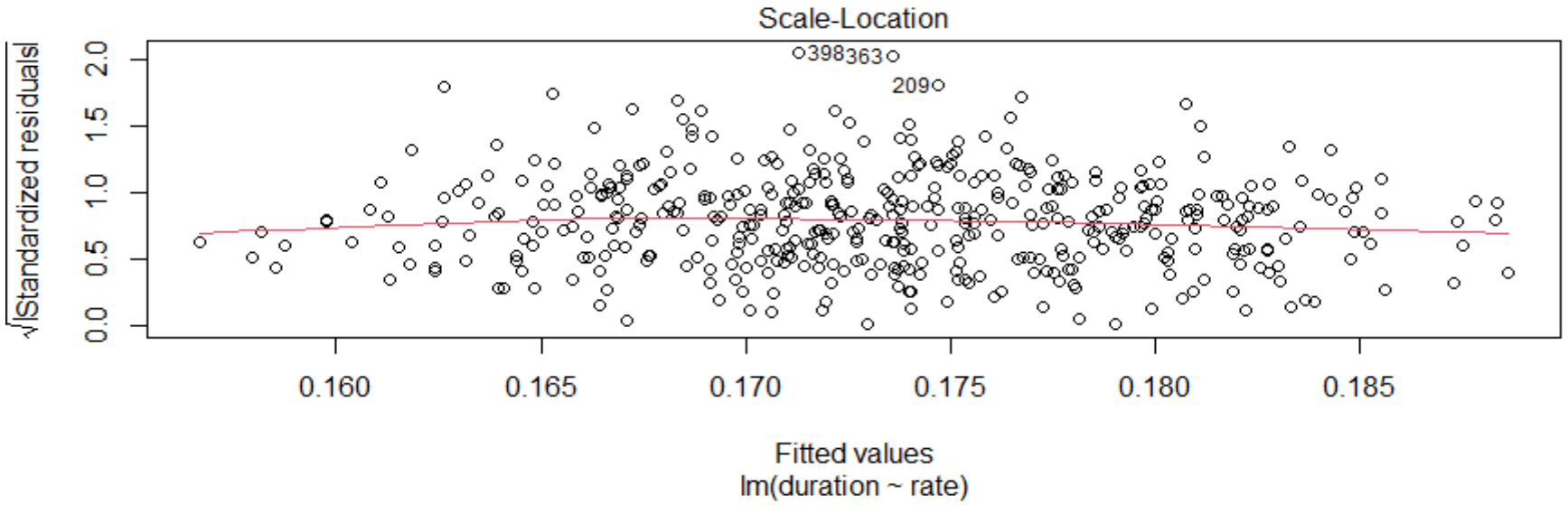


- Die Linie sollte horizontal und flach verlaufen.

Annahmen: Homoskedastizität

- Annahme:

  Die Varianz der Residuen ist für jeden Wert von X gleich groß.

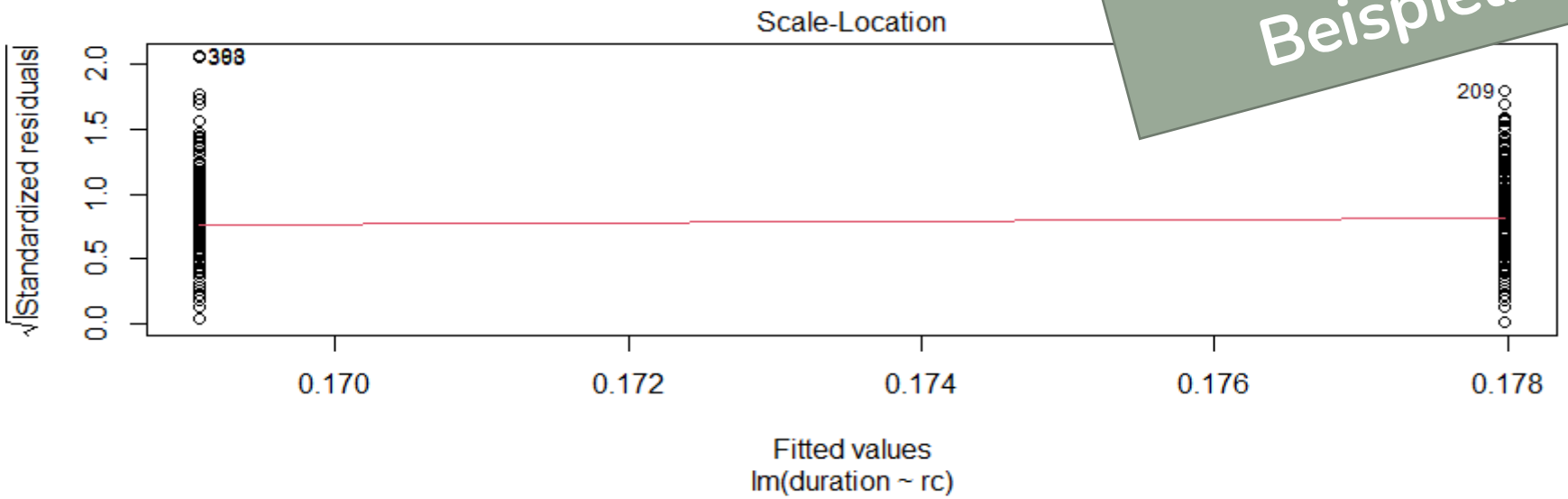


- Die Daten sollten gleichmäßig über die Linie verteilt sein, wobei keine offensichtlichen Muster erkennbar sein sollten.

Annahmen: Homoskedastizität

- Annahme:

  Die Varianz der Residuen ist für jeden Wert von X gleich groß

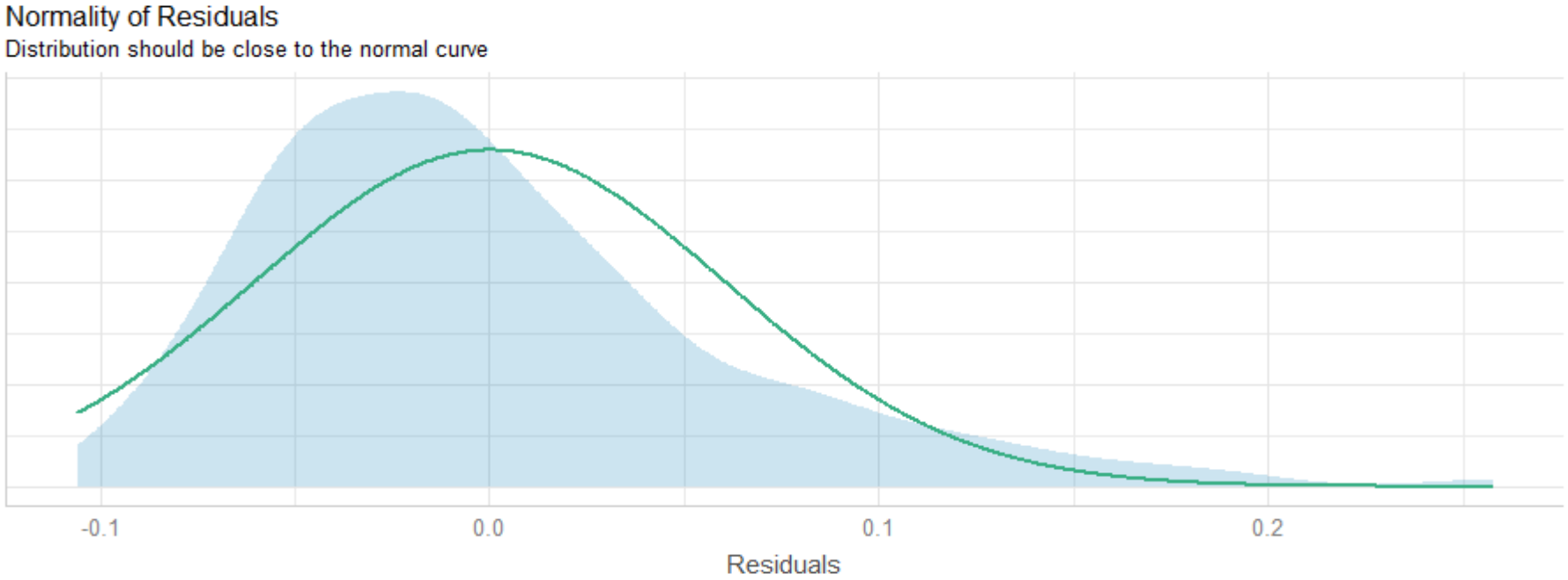


- Die Daten sollten gleichmäßig über die Linie verteilt sein, wobei keine offensichtlichen Muster erkennbar sein sollten.

Annahmen: Normalität

- Annahme:

  Für jeden festen Wert von X ist Y normalverteilt.

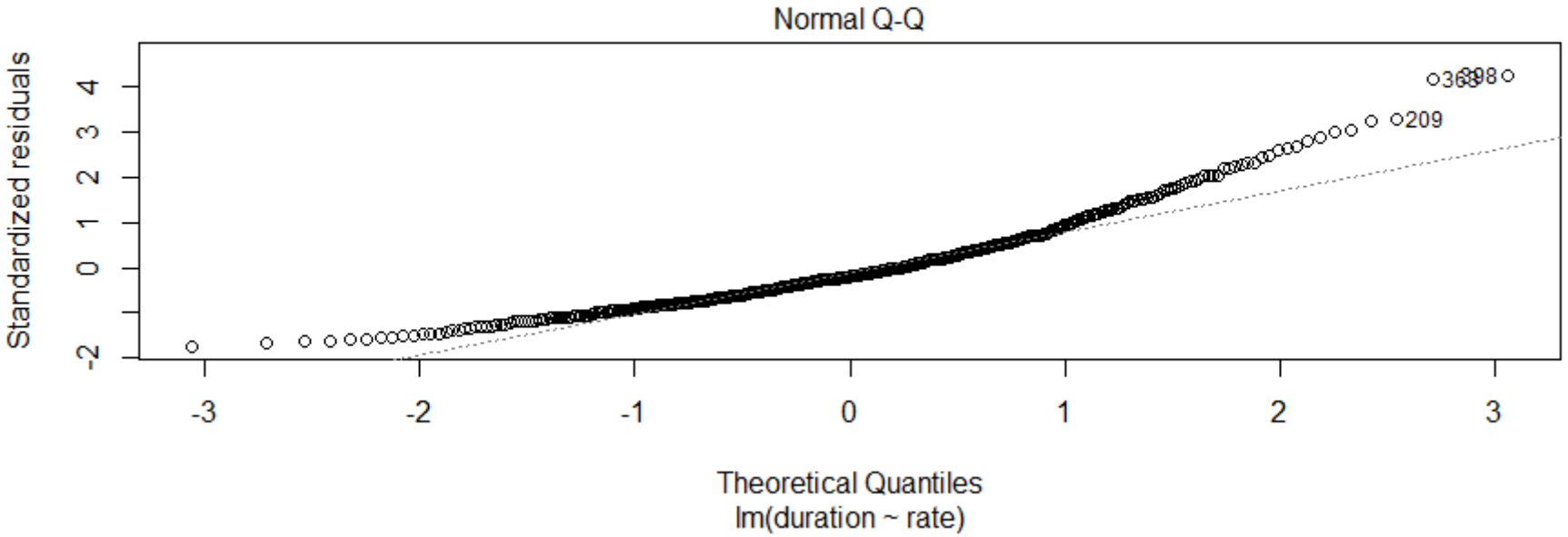


- Die Verteilung der Residuen eines linearen Modells sollte einer Normalverteilung folgen.

Annahmen: Normalität

- Annahme:

  Für jeden festen Wert von X ist Y normalverteilt.



- Die Punkte der Residuen sollten der Linie folgen.

Annahmen: Unabhängigkeit

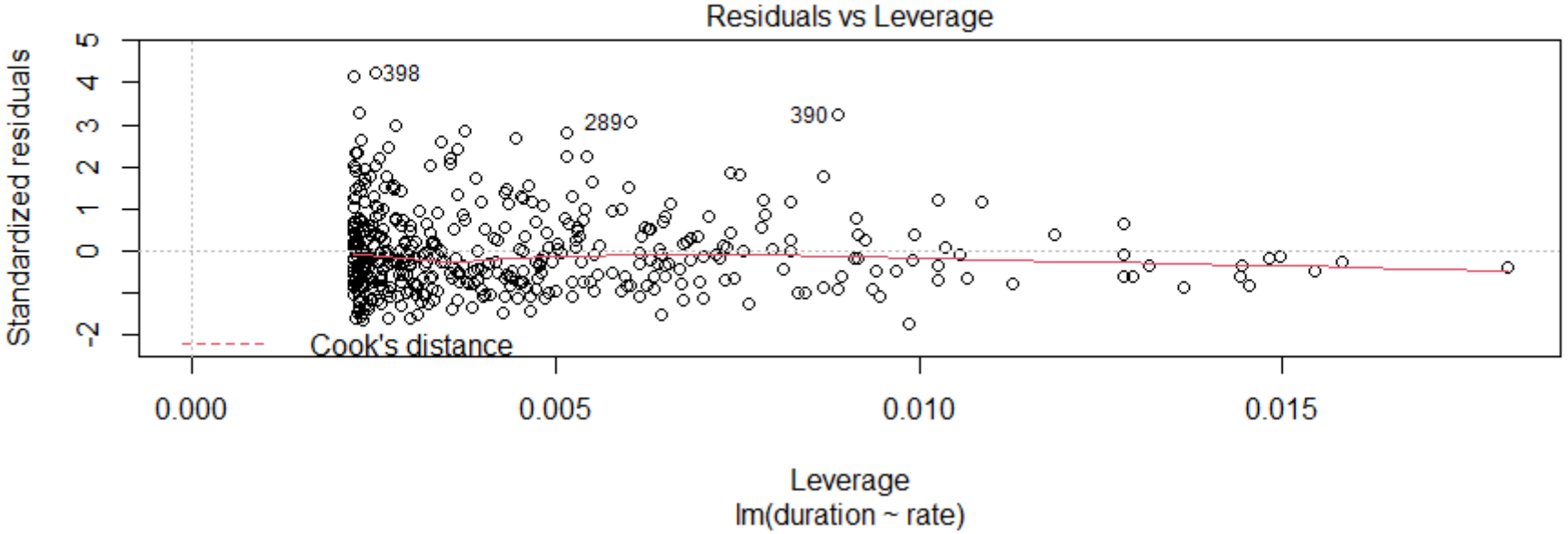
- Annahme:

  Die Beobachtungen sind unabhängig voneinander.

- Die Unabhängigkeit kann nicht visuell überprüft werden
- Es handelt sich um eine Annahme, die man durch Untersuchung des Studiendesigns überprüfen kann

Extra: Beeinflussende Datenpunkte

- Cook-Abstand:
  - Ein Maß für den Einfluss der einzelnen Beobachtungen auf die Regressionskoeffizienten
  - Jede Beobachtung, bei der der Cook-Abstand nahe bei 1 liegt oder die wesentlich größer ist als andere Cook-Abstände, muss untersucht werden.



Abhängige Variable Verteilungsprüfung

- Lineare Regressionsmodelle sind zuverlässiger, wenn ihre abhängige Variable einer Normaldistribution folgt
- Daher sollte man vor dem Erstellen von Modellen überprüfen, ob die abhängige Variable diese Voraussetzung erfüllt
- Falls die Verteilung fernab einer Normalverteilung ist, ist es ratsam die Variable zu transformieren
- In seltenen Fällen hilft keine Transformation dabei, die Variable näher an eine Normalverteilung zu bringen – hier kann Lineare Regression dennoch genutzt werden

Abhängige Variable Verteilungsprüfung

- Wie wir bereits gelernt haben, kann man die Verteilung einer Variable mit einem Shapiro-Wilk Test überprüfen
- Je höher der *p*-Wert, desto normaler verteilt die Variable

```
shapiro.test(data$duration)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  data$duration
W = 0.93844, p-value = 1.171e-12
```

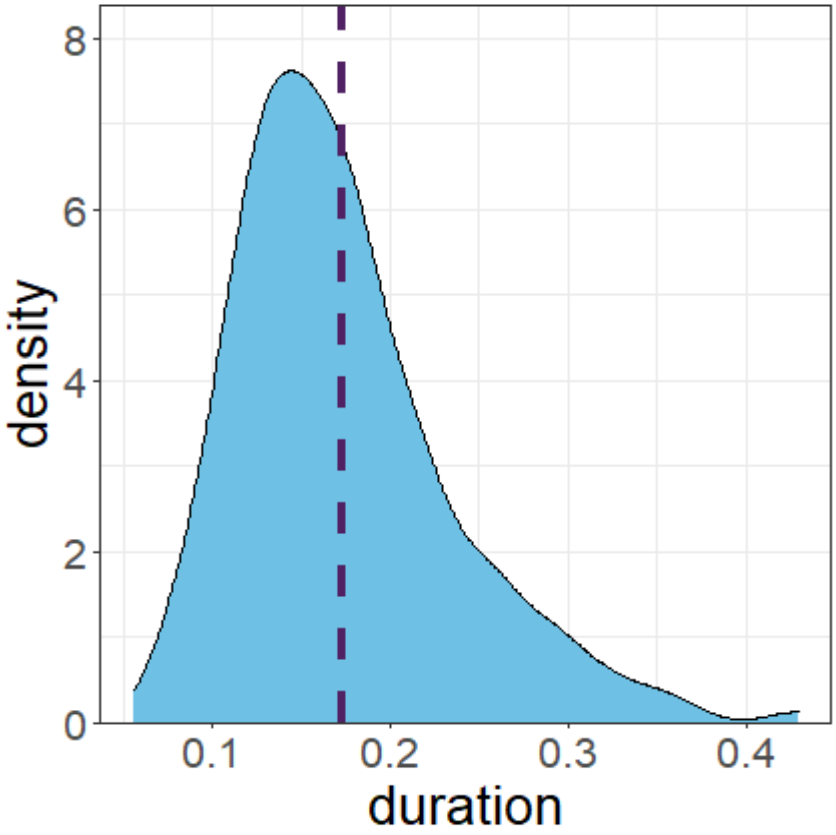
Abhängige Variable Verteilungsprüfung

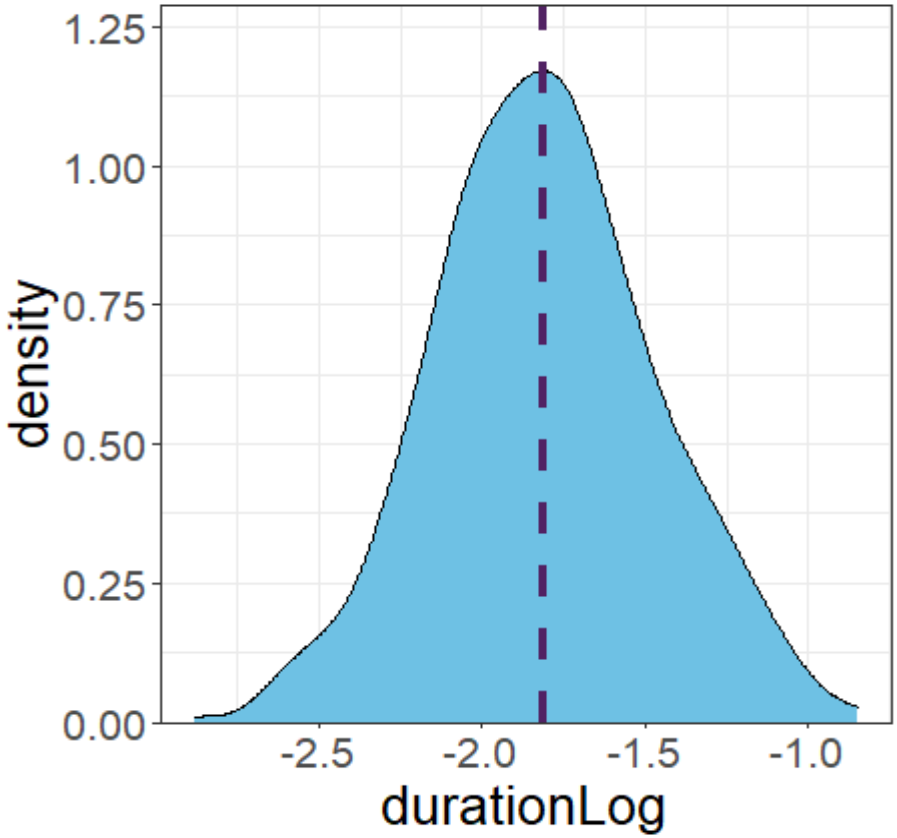
- Duration ist nicht normal verteilt; der *p*-Wert ist extrem niedrig
- Daher erstellen wir eine log-transformierte (= logarithmierte) Version

```
data$durationLog = log(data$duration)

shapiro.test(data$durationLog)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  data$duration
W = 0.99762, p-value = 0.7798
```

Abhängige Variable Verteilungsprüfung

- Eine Visualisierung zeigt deutlich, dass die transformierte Variable normalverteilter ist





Abhängige Variable Verteilungsprüfung

- Wenn wir das zuvor erstellte Modell nun mit der log-transformierten Duration-Variable erneut erstellen, finden wir eine Verbesserung für die Normality of Residuals Assumption