

Menuliskan hasil analisis pemodelan analisis multivariable dengan linear regresi dengan PEF sebagai variable dependen dan age, height, sex, dan asthma menjadi variable independent.

```
library(readr)
library(dplyr)
library(lmtest)
library(knitr)

# Membuat data dan filter
data <- read_csv(url)
data_new <- data[, c("pidlink", "pef", "age", "height", "sex", "Asthma")]
data_filtered <- data_new[!is.na(data_new$Asthma), ]
data_clean <- data_filtered[complete.cases(data_filtered[, c("pef", "age", "height", "sex"))], ]
cat("\nJumlah baris data awal:", nrow(data_new), "\n")
cat("Jumlah baris setelah memfilter Asthma non-NA:", nrow(data_filtered), "\n")
cat("Jumlah baris setelah pembersihan lengkap:", nrow(data_clean), "\n")

# Memeriksa distribusi Sex dan Asthma
cat("\nDistribusi nilai Sex:\n")
print(table(data_clean$sex, useNA = "ifany"))
cat("\nDistribusi nilai Asthma:\n")
print(table(data_clean$Asthma, useNA = "ifany"))

# memeriksa Sex dan Asthma sebagai faktor
data_clean$sex <- as.factor(data_clean$sex)
data_clean$Asthma <- as.factor(data_clean$Asthma)

# Pemeriksaan jumlah kategori
sex_categories <- length(unique(na.omit(data_clean$sex)))
asthma_categories <- length(unique(na.omit(data_clean$Asthma)))
if (sex_categories != 2 || asthma_categories != 2) {
  cat("\nPeringatan: Analisis regresi linier memerlukan dua kategori untuk variabel kategorik.\n")
  if (sex_categories != 2) cat("Sex memiliki", sex_categories, "kategori:",
  paste(unique(na.omit(data_clean$sex)), collapse = ", "), "\n")
  if (asthma_categories != 2) cat("Asthma memiliki", asthma_categories, "kategori:",
  paste(unique(na.omit(data_clean$Asthma)), collapse = ", "), "\n")
  stop("Silakan perbaiki data sebelum melanjutkan.")
}

# Membuat model regresi linier
model <- lm(pef ~ age + height + sex + Asthma, data = data_clean)
```

```

summary_model <- summary(model)

# Membuat Tampilkan ringkasan model
cat("\nRingkasan Model Regresi Linier:\n")
print(summary_model)

# melakukan Ekstrak koefisien untuk tabel
coefs <- as.data.frame(summary_model$coefficients)
coefs <- cbind(Variable = rownames(coefs), coefs)
colnames(coefs) <- c("Variable", "Estimate", "Std.Error", "t.value", "P.Value")
coefs$P.Value <- round(coefs$P.Value, 4)
coefs$Significance <- ifelse(coefs$P.Value < 0.05, "Significant", "Not Significant")
cat("\nTabel Koefisien Model Regresi Linier:\n")
print(kable(coefs, format = "markdown"))

# Melakukan Pemeriksaan asumsi regresi linier
# Normalitas residu
residu <- residuals(model)
shapiro_residu <- shapiro.test(residu)
cat("\nUji Normalitas Residu (Shapiro-Wilk):\n")
cat("p-value:", shapiro_residu$p.value, "\n")
cat(ifelse(shapiro_residu$p.value < 0.05, "Residu tidak normal (p < 0.05).\n", "Residu normal (p
>= 0.05).\n"))

# Homoskedastisitas
bp_test <- bptest(model)
cat("\nUji Homoskedastisitas (Breusch-Pagan):\n")
cat("p-value:", bp_test$p.value, "\n")
cat(ifelse(bp_test$p.value < 0.05, "Varians tidak konstan (p < 0.05).\n", "Varians konstan (p
0.05).\n"))

# Visualisasi asumsi
par(mfrow = c(2, 2))
plot(model, which = 1:2) # Residuals vs Fitted, Q-Q Plot
plot(model, which = 3) # Scale-Location (homoskedastisitas)
plot(model, which = 5) # Residuals vs Leverage

# Interpretasi R-squared
cat("\nR-squared dan Adjusted R-squared:\n")
cat("R-squared:", summary_model$r.squared, "\n")
cat("Adjusted R-squared:", summary_model$adj.r.squared, "\n")
cat("Interpretasi: ", round(summary_model$r.squared * 100, 2), "% variasi dalam PEF dapat
dijelaskan oleh model.\n")

```