Logisztikus regresszió

Kekecs Zoltan

November 10, 2021

Logisztikus regresszió

Absztrakt

Ebben a gyakorlatban megtanuljuk, hogyan készítsünk előrejelző modelleket binomiális kimeneti változókra. Elsősorban a logisztikus regresszió használatát fogjuk tárgyalni.

Loading packages

```
library(tidyverse) # for dplyr and ggplot2
library(pscl) # for pR2
library(lmtest) # for lrtest
```

Adatkezelés és leíró statisztika

Adatbazis

A Heart Disease adatbázist fogjuk használni, amely egy jól ismert adatbázis, amelyet kategorizációs problémák bemutatására használnak. Az adatkészlet különböző adatokat tartalmaz olyan betegekről, akiket szívbetegség gyanujával vizsgáltak.

Az alábbi kódban a "dec ="," " azt jelzi, hogy a tizedesjel ebben az online adatkészletben "," (az R-ben alapértelmezett "." helyett).

```
heart_data = read.csv("https://raw.githubusercontent.com/kekecsz/PSZB17-210-Data-analysis-seminar/maste
```

Az adatkészlet a következő változókat tartalmazza:

- age - életkor években kifejezve
- sex - (1 = férfi; 0 = nő)
- cp - mellkasi fájdalom típusa (0 = tünetmentes, 1 = tipikus angina, 2 = atipikus angina, 3 = nem anginás fájdalom)
- trestbps - nyugalmi szisztolés vérnyomás (mm Hg-ban a kórházba való felvételkor)
- chol - szérumkoleszterin mg/dl-ben
- fbs - (éhgyomri vércukor > 120 mg/dl) (1 = igaz; 0 = hamis)
- restecg - nyugalmi elektrokardiográfiás eredmények: (0 = normális; 1 = ST-T-hullám eltérés; 2 = valószínű vagy biztos bal kamrai hipertrófia)
- thalach - a terheléses vizsgálat során elért maximális pulzusszám.
- exang - terhelés okozta angina pectoris (1 = igen; 0 = nem)
- oldpeak - a terhelés által kiváltott ST-depresszió a nyugalomhoz képest
- meredekség - a terhelés ST-csúcsának meredeksége
- ca - a flouroszópiával színezett fő erek száma (0-3)
- thal - 3 = normális; 6 = rögzített defektus; 7 = visszafordítható defektus
- disease_status - van-e szívbetegség vagy nincs (heart_disease vs. no_heart_disease)

Az adatkészletről további információkat itt találhatsz:

Translated with www.DeepL.com/Translator (free version)

https://www.kaggle.com/ronitf/heart-disease-uci; https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Heart+Disease

Adatmenedzsment

Azzal kezdjük, hogy rendbe tesszük az adatállományunkat, a kategorikus változókat faktorokként definiáljuk, a faktorszinteket átkódoljuk, hogy informatívabbak legyenek, és olyan új változóneveket adunk, amelyek informatívabbak.

```
heart_data = heart_data %>%
  mutate(sex = factor(recode(sex,
                       "1" = "male",
                       "0" = "female")),
         cp = factor(recode(cp,
                            "0" = "asymptomatic",
                            "1" = "typical_angina",
                            "2" = "atypical angina",
                            "3" = "non_anginal_pain")),
         fbs = factor(recode(fbs,
                                    "1" = "true",
                                    "0" = "false")),
         disease_status = factor(disease_status)
         ) %>%
  rename(chest_pain = cp,
         sys_bloodpressure = trestbps,
         blood_sugar_over120 = fbs,
         max_HR = thalach,
         cholesterol = chol)

names(heart_data)[1] = "age"
```

Adatellenörzés

Mindig ellenőrizd az adatokat kódolási hibák vagy értelmetlen adatok szempontjából, és vizsgálja meg az adatokat, hogy megértd, milyen típusú adatokkal van dolgod.

```
heart_data %>%
  summary()
```

```
##       age            sex                 chest_pain  sys_bloodpressure
##  Min.   :29.00   female: 96   asymptomatic    :143   Min.   : 94.0
##  1st Qu.:47.50   male  :207   atypical angina : 87   1st Qu.:120.0
##  Median :55.00                non_anginal_pain: 23   Median :130.0
##  Mean   :54.37                typical_angina  : 50   Mean   :131.6
##  3rd Qu.:61.00                                       3rd Qu.:140.0
##  Max.   :77.00                                       Max.   :200.0
##   cholesterol    blood_sugar_over120    restecg          max_HR
##  Min.   :126.0   false:258           Min.   :0.0000   Min.   : 71.0
##  1st Qu.:211.0   true : 45           1st Qu.:0.0000   1st Qu.:133.5
##  Median :240.0                       Median :1.0000   Median :153.0
##  Mean   :246.3                       Mean   :0.5281   Mean   :149.6
##  3rd Qu.:274.5                       3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:166.0
##  Max.   :564.0                       Max.   :2.0000   Max.   :202.0
##      exang           oldpeak         slope             ca
```

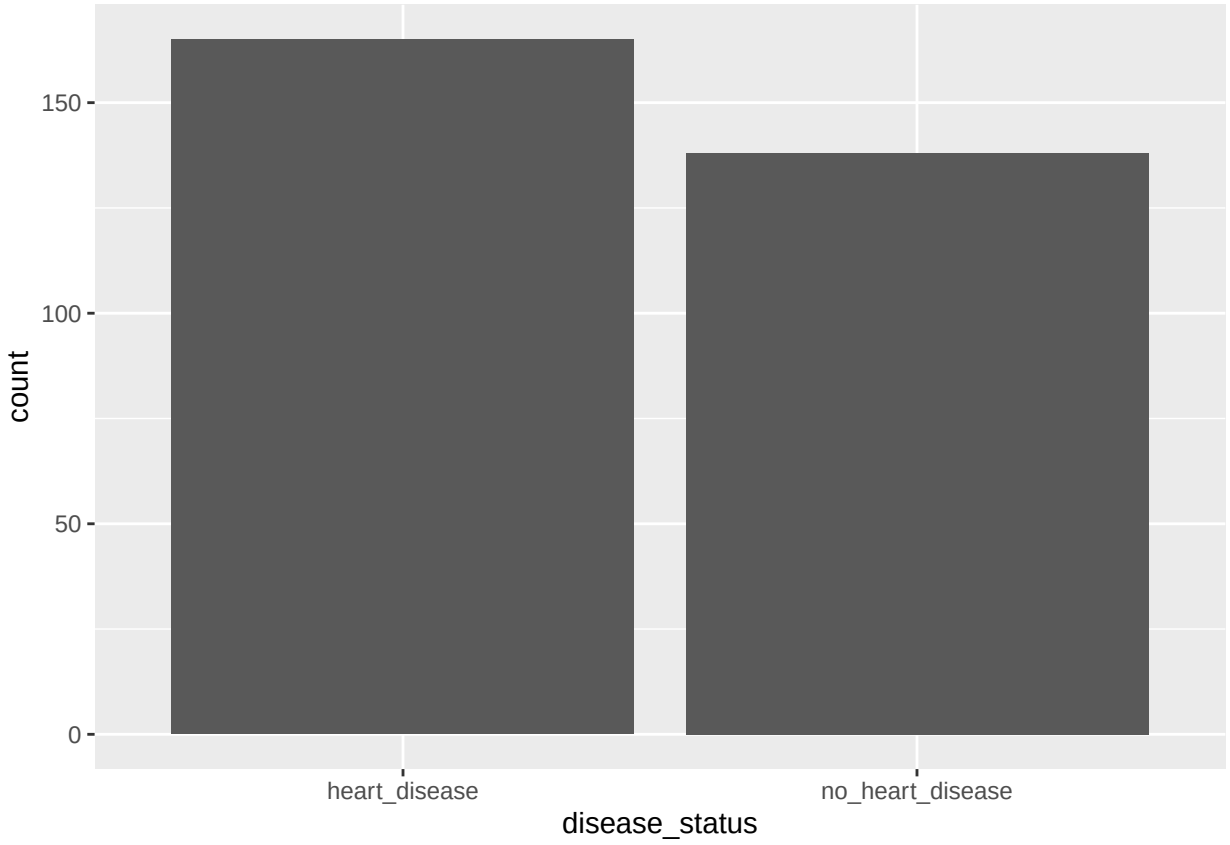
```
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.00   Min.   :0.000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.00   1st Qu.:1.000   1st Qu.:0.0000
##  Median :0.0000   Median :0.80   Median :1.000   Median :0.0000
##  Mean   :0.3267   Mean   :1.04   Mean   :1.399   Mean   :0.7294
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.60   3rd Qu.:2.000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :6.20   Max.   :2.000   Max.   :4.0000
##       thal               disease_status
##  Min.   :0.000   heart_disease   :165
##  1st Qu.:2.000   no_heart_disease:138
##  Median :2.000
##  Mean   :2.314
##  3rd Qu.:3.000
##  Max.   :3.000
```

Kutatási kérdés és feltáró adatelemzés

A fő célunk az lesz, hogy olyan modellt hozzunk létre, amely hatékonyan képes megjósolni a disease_status-t, vagyis azt, hogy az adott személynek van-e szívbetegsége vagy nincs. Ehhez három fő prediktort fogunk használni: a terheléses vizsgálat során elért maximális pulzusszámot (max_HR), a nyugalmi szisztolés vérnyomást (sys_bloodpressure) és a mellkasi fájdalom jelenlétét (chest_pain).

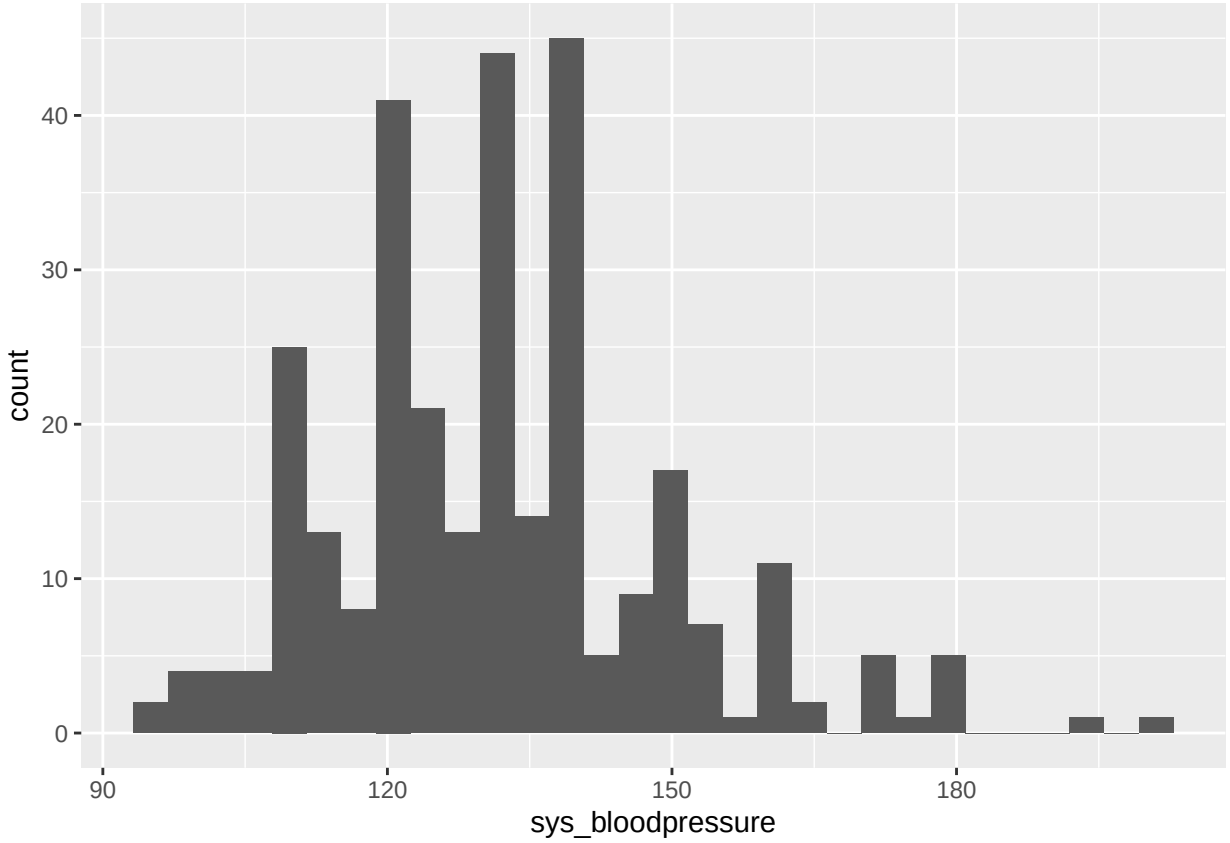
Vizsgáljuk meg tehát ezeket a változókat ábrákkal.

```
heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(x = disease_status) +
    geom_bar()
```



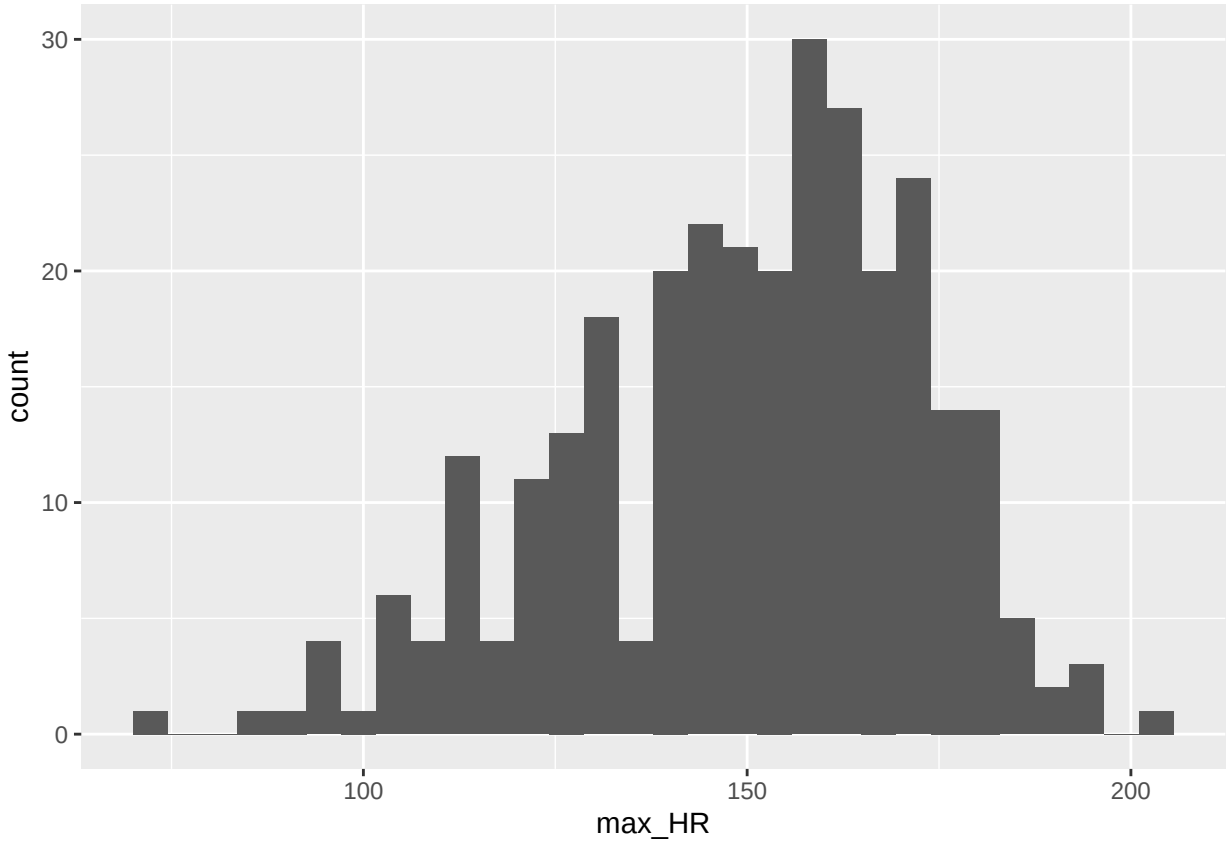
```
heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(x = sys_bloodpressure) +
    geom_histogram()
```

```
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```

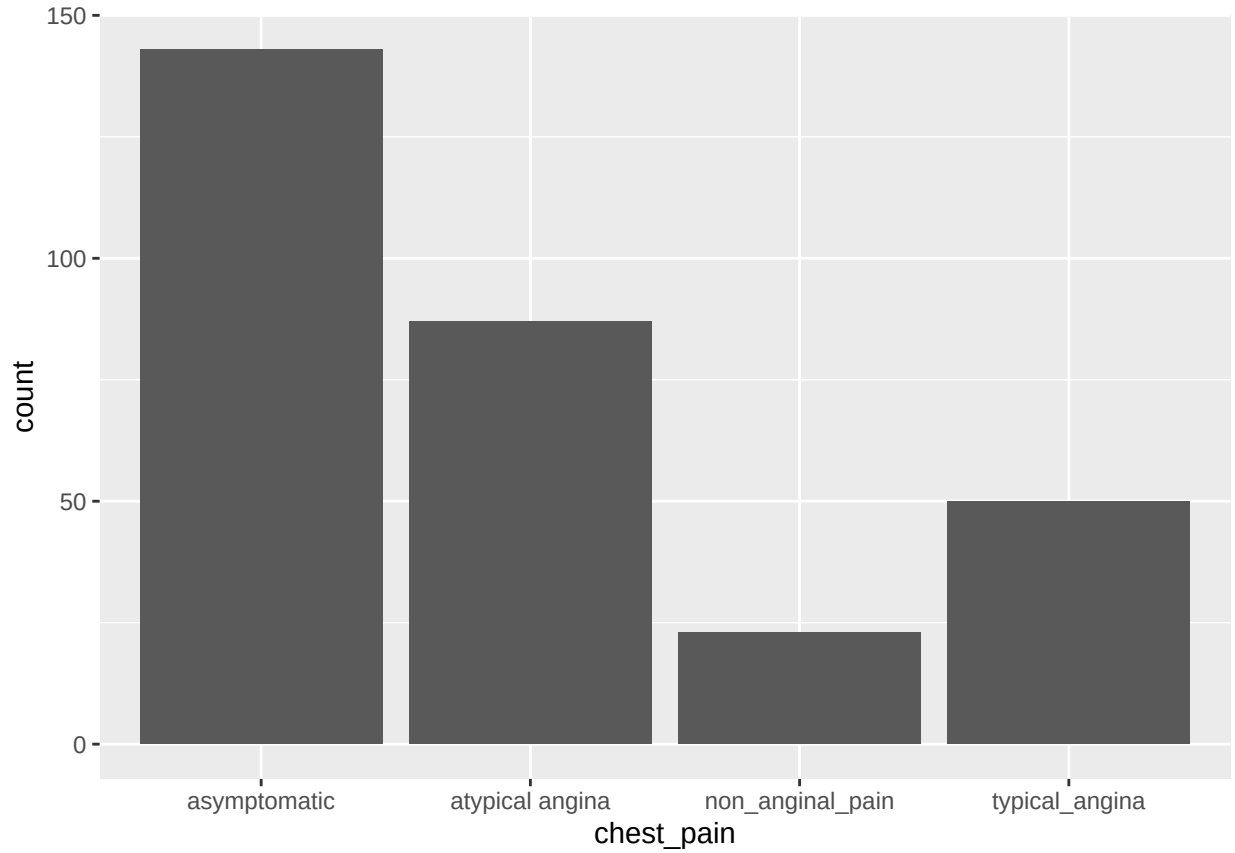



```
heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(x = max_HR) +
    geom_histogram()
```

```
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```



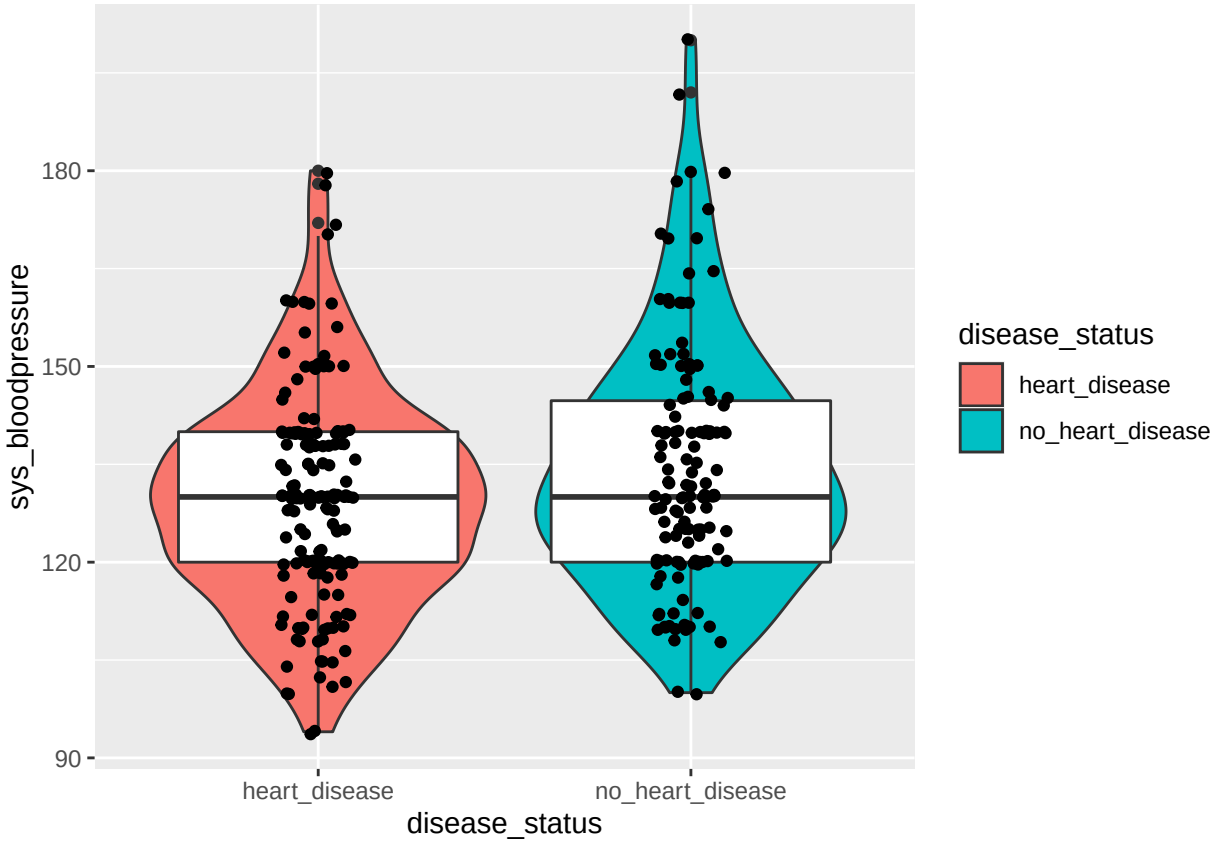

```
heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(x = chest_pain) +
    geom_bar()
```




```
heart_data %>%
  group_by(disease_status) %>%
  summarize(mean = mean(sys_bloodpressure),
            sd = sd(sys_bloodpressure))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   disease_status    mean    sd
##   <fct>            <dbl> <dbl>
## 1 heart_disease     129.  16.2
## 2 no_heart_disease  134.  18.7
```

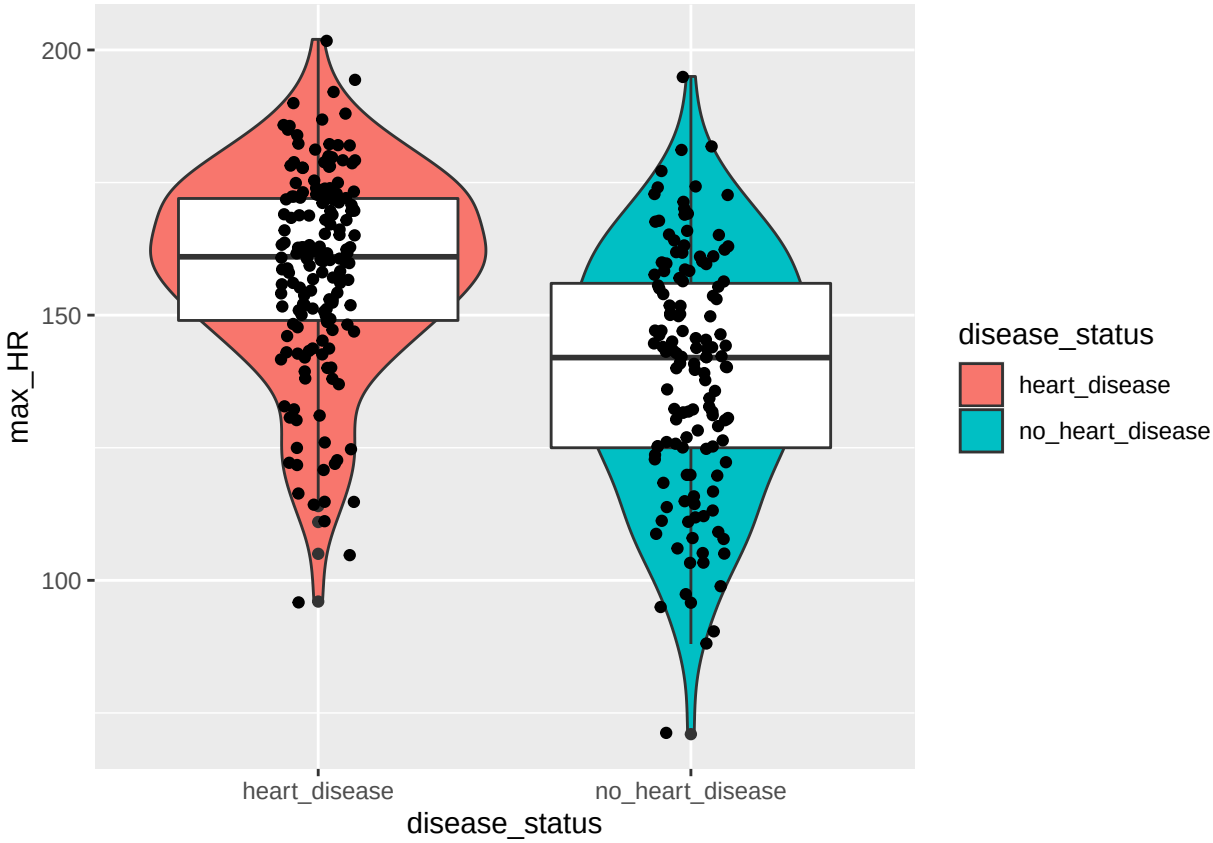
```
heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(y = sys_bloodpressure, x = disease_status) +
    geom_violin(aes(fill = disease_status)) +
    geom_boxplot() +
    geom_jitter(width = 0.1)
```




```
heart_data %>%
  group_by(disease_status) %>%
  summarize(mean = mean(max_HR),
            sd = sd(max_HR))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   disease_status    mean    sd
##   <fct>            <dbl> <dbl>
## 1 heart_disease     158.  19.2
## 2 no_heart_disease  139.  22.6
```

```
heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(y = max_HR, x = disease_status) +
    geom_violin(aes(fill = disease_status)) +
    geom_boxplot() +
    geom_jitter(width = 0.1)
```

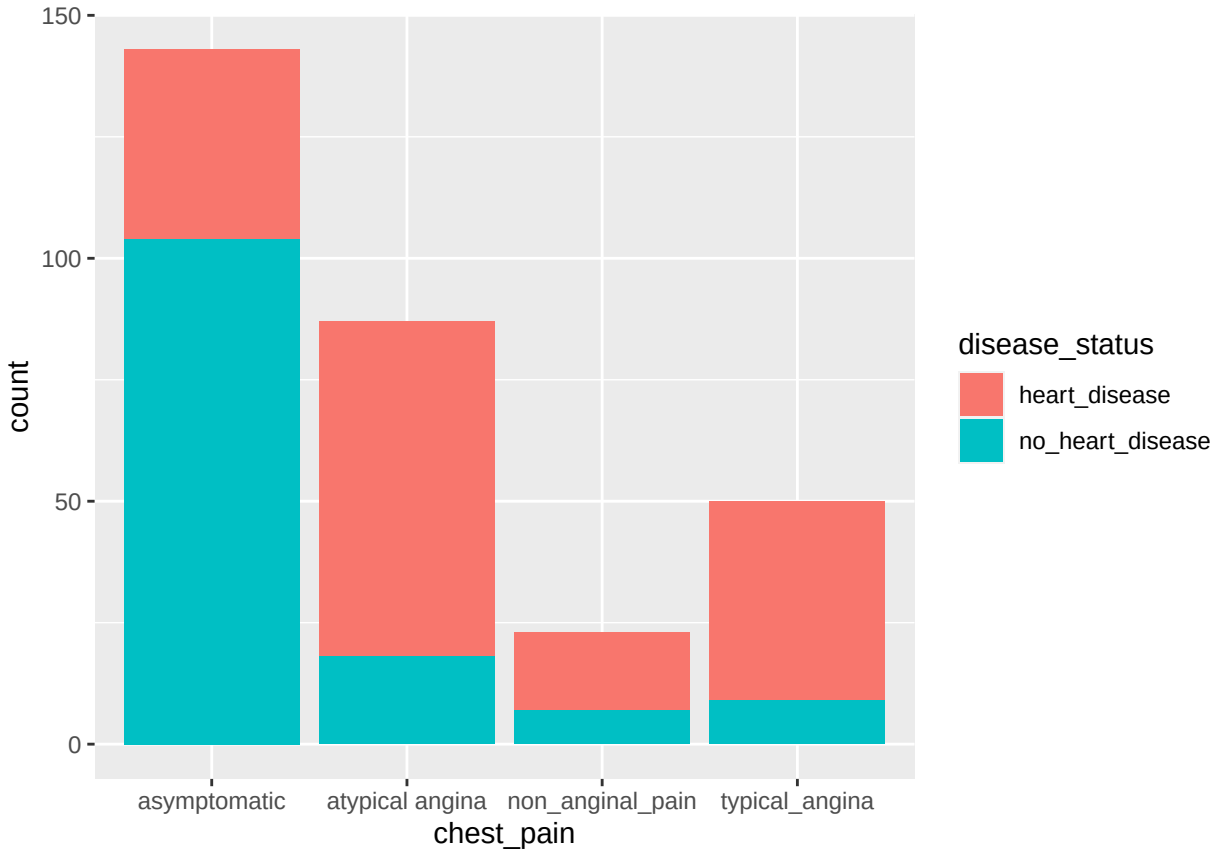



```
heart_data %>%
  group_by(disease_status, chest_pain) %>%
  summarize(n = n()) %>%
  spread(disease_status, n)
```

```
## `summarise()` has grouped output by 'disease_status'. You can override using the `.groups` argument.
```

```
## # A tibble: 4 x 3
##   chest_pain       heart_disease no_heart_disease
##   <fct>                    <int>            <int>
## 1 asymptomatic                39              104
## 2 atypical angina             69               18
## 3 non_anginal_pain            16                7
## 4 typical_angina              41                9
```

```
heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(x = chest_pain, fill = disease_status) +
    geom_bar()
```



A vérnyomás, a szívfrekvencia és a mellkasi fájdalom betegségstátussal való kapcsolatának elemzése alapján úgy tűnik, hogy a szisztolés vérnyomás csak csekély mértékben, míg a terhelés által kiváltott szívfrekvencia jelentősebb mértékben függ össze a szívbetegséggel.

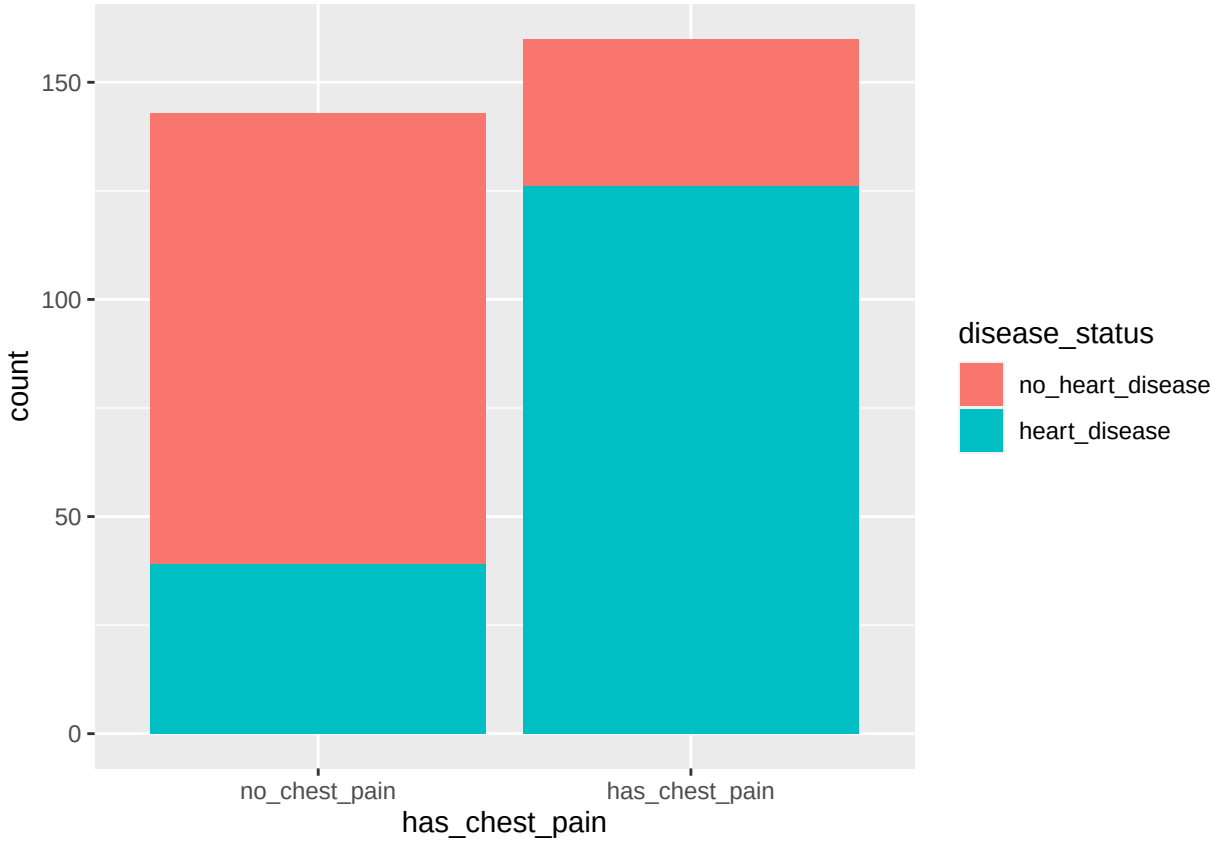
A mellkasi fájdalom is szívbetegségre utaló jelnek tűnik, de nem tűnik úgy, hogy a különböző mellkasi fájdalomkategóriák között lényeges különbség lenne, ezért egyesítjük a három mellkasi fájdalomtípust egyetlen csoportba a tünetmentes csoporttal szemben. Létrehozunk tehát egy új változót has_chest_pain néven, amelynek lehetséges szintjei "no_chest_pain" és "has_chest_pain".

Az explorátoros elemzésből az is kiderül, hogy a disease_status faktorban a referenciaszint a "heart_disease". Egy regressziós keretrendszerben, amikor egy eseményt akarunk megjósolni, jobb, ha a "nincs esemény" a referenciaszint, az "esemény" pedig nem a referenciaszint, így a pozitív regressziós együtthatók az bejósolni kívánt esemény nagyobb esélyének felelnek meg. Ezért megadjuk, hogy a "no_heart_disease" legyen a disease_status referenciaszintje. Hasonló okokból adjuk meg, hogy a "no_chest_pain" legyen a has_chest_pain változó referenciaszintje.

```
heart_data = heart_data %>%
  mutate(has_chest_pain = factor(recode(chest_pain,
                                        "asymptomatic" = "no_chest_pain",
                                        "typical_angina" = "has_chest_pain",
                                        "atypical angina" = "has_chest_pain",
                                        "non_anginal_pain" = "has_chest_pain"), levels = c("no_chest_pain", "has_c
         disease_status = factor(disease_status, levels = c("no_heart_disease", "heart_disease"))
         )

heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(x = has_chest_pain, fill = disease_status) +
```

```
  geom_bar()
```



Logosztikus regressziós elemzés

A lineáris regresszió alkalmatlansága kategorikus kimenetek előrejelzésére

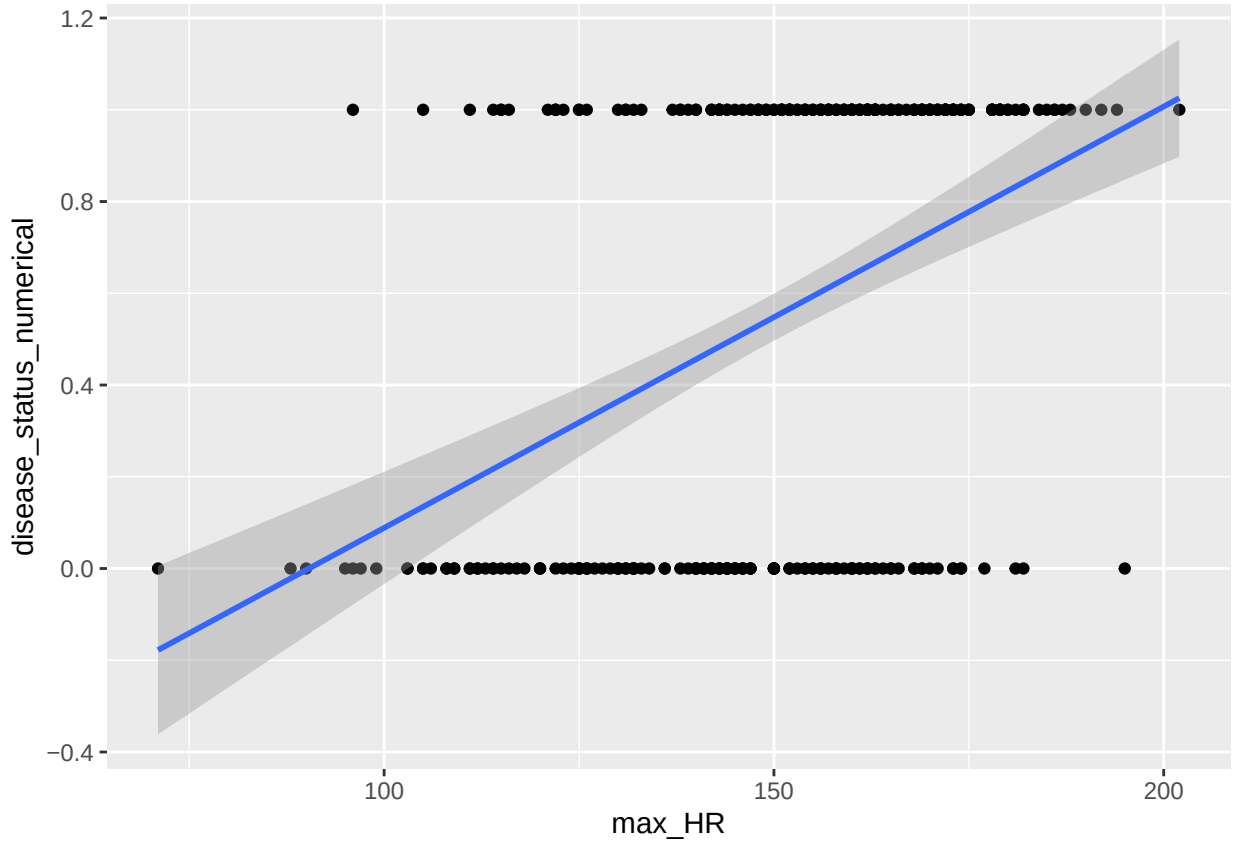
Az előző feladatok alapján azt gondolhatod, hogy egy lineáris regressziós modell illesztése az adatokra jó megoldás lenne itt, ezért kezdjük azzal, hogy megnézzük, mi lenne az eredménye egy szabályos lineáris regressziónak ezekkel az adatokkal.

Nézzük meg egy lehetséges prediktor és a megjósolt eredmény kapcsolatát. Itt a betegség állapotának és a testmozgás során elért maximális pulzusszámnak az összefüggéseit ábrázoljuk egy pontdiagram segítségével, hogy lássuk azt a regressziós egyenest, amelyet egy egyszerű lineáris regresszióval kapnánk. (Ehhez ujra kell kodolnunk a disease_status változót, hogy numerikus változó legyen, hiszen a lineáris regresszió kimeneti változója csak numerikus lehet. Ezért a “no_heart_disease” 0 kodot kap, a “heart_disease” pedig 1-es kódot.)

```
heart_data = heart_data %>%
  mutate(disease_status_numerical = recode(disease_status,
                                           "no_heart_disease" = 0,
                                           "heart_disease" = 1))

heart_data %>%
  ggplot() +
    aes(y = disease_status_numerical, x = max_HR) +
    geom_point() +
    geom_smooth(method = "lm")
```

```
## `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```




```
lm(disease_status_numerical ~ max_HR, data = heart_data)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = disease_status_numerical ~ max_HR, data = heart_data)
##
## Coefficients:
## (Intercept)       max_HR
##   -0.829920     0.009185
```

A grafikonból és a regressziós egyenletből több probléma is kitűnik:

1. A regressziós egyenes nagyon rosszul illeszkedik az adatokhoz.
2. Ha szabályos regressziós modellt illesztünk az imént létrehozott disease_status_numerical változóval mint kimenettel és a max_HR prediktorral, akkor a max_HR-re 0,009-es regressziós együtthatót kapunk. Ez azt jelenti, hogy minden 1 pontos pulzusszám-növekedés esetén 0,009 pontos növekedés következik be a kimeneti változóban. Ha most kiszámítjuk a várható kimeneti értéket egy olyan személy esetében, akinek 120 a legmagasabb elért pulzusszám. Az eredmény -0,83 + 0,009*120 = 0,25. Ennek az előrejelzésnek nem igazán van értelme, ha a kimenetel csak 0 vagy 1 lehet. Ezt az előre jelzett értéket úgy tekinthetjük, mint annak a valószínűségét, hogy a kimeneti változó értéke 0 helyett 1 lesz. De azt is láthatjuk, hogy a modell könnyen adhat negatív számokat is előrejelzésként, miközben a valószínűségek csak 0 vagy 1 értéket vehetnek fel. Például egy nagyon sportos személy csak 90-et adhatna a legmagasabb pulzusszámként a vizsgálatban használt edzésteszten. A megjósolt "valószínűsége" annak, hogy ennek a személynek szívbetegsége van, -0,02 lenne, de negatív valószínűség nem létezik. Tehát egy másik megközelítésre van szükségünk, amely reális predikcoókat adna vissza.

Logisztikus regresszió alapötlete

A megoldás az, hogy a hagyományos lineáris modell helyett generalizált lineáris modelleket (GLM) használunk az előrejelzéshez. A GLM-eket olyan kimeneti változók modellezésére tervezték, amelyek nem normális eloszlásúak. A GLM-ek családjának egyik tagja a logisztikus regresszió, amelyet kifejezetten bináris kimenetek (kategorikus kimeneti változók aminek csak két szintje lehet) modellezésére terveztek.

A GLM-ek alapgondolata az, hogy egy olyan kapcsolási függvényt (link függvényt) használnak, amely a megjósolt kimeneti változót olyan skálára transzformálja, amely a regresszió eredményeit egy reális skálára helyezi. A logisztikus regresszió által használt linkfüggvény a logit függvény (amely a bejósolni kívánt esemény esélyének természetes logaritmusa). Tehát a logisztikus regresszióban ahelyett, hogy a tényleges kimeneti értéket ("heart disease", "no heart disease") jósolnánk meg, a bejósolni kívánt esemény odds-jának természetes alapú logaritmusát jósoljuk meg. Ez a szám pedig a szokásos lineáris regressziós keretben kezelhető, mivel az log(odds) a negatív végtelen és a végtelen között bármilyen értéket felvehet. Miután tehát kiszámítottuk a bejósolni kívánt esemény log(odds)-ját a regressziós egyenlet segítségével bármely esetre, egy egyszeru számítással megkaphatjuk ebből az esemény odds-ját vagy az esemény valószínűségét is.

A logisztikus regressziós modell R-ben

Most próbáljuk ki ezt a gyakorlatban. Készítünk egy logisztikus regressziós modellt, ahol a szívbetegség meglétét a max_HR prediktorral jelezzük előre.

A regressziós modellt hasonló formulával építhetjuk fel, mint a lineáris regressziós modellt, azzal a különbséggel, hogy a glm() függvényt használjuk az lm() helyett, és meg kell adnunk a family = binomial() értéket, hogy logisztikus regressziót kapjunk.

```
mod1 = glm(disease_status_numerical ~ max_HR, family = binomial(), data = heart_data)

summary(mod1)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = disease_status_numerical ~ max_HR, family = binomial(),
##     data = heart_data)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.1383  -1.0780   0.6043   0.9200   2.1354
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -6.391452   0.987133  -6.475 9.50e-11 ***
## max_HR       0.043951   0.006531   6.729 1.71e-11 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 417.64  on 302  degrees of freedom
## Residual deviance: 359.26  on 301  degrees of freedom
## AIC: 363.26
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Odds, esélyhányados és valószínűség

Most, hogy felépítettünk egy modellt, megnézhetjük, mit jósol a modell. A regressziós egyenlet segítségével ugyanúgy kiszámíthatjuk az egyes megfigyelésekre vonatkozó előrejelzett értéket, mint korábban, de nem szabad elfelejtenünk, hogy az általunk előrejelzett érték a **bejósolni kívánt esemény bekövektezésének ay odds-jának a természetes alapú logaritmusa**, vagzis röviden az esemény log(odds)-ja. Az esemény log(odds) értékét nyers formában nehéz értelmezni, ezért általában **átváltjuk Odds-ra**. Ahhoz, hogy ennek értelme legyen, meg kell értenünk az Odds és a valószínűségek jelentését, és azt, hogy hogyan alakíthatjuk át egyiket a másikra.

Odds

Valamely esemény odds-ja azt az esélyt tükrözi, hogy az esemény milyen valószínűséggel következik be. Az odds-ot általában szám párként ábrázolják. Ha az esemény/eredmény egy repülőgép-szerencsétlenség túlélése, és a túlélés esélye 1 a 4-hez, ez azt jelenti, hogy átlagosan minden 1 túlélő személyre 4 olyan személy jut, aki nem éli túl. Ez úgy is felírható, hogy az odds 0,25, mivel $1/4 = 0{,}25$. Ha a túlélés esélye 2 az egyhez, ez azt jelenti, hogy átlagosan minden 2 túlélőre 1 ember jut, aki meghal. Az esélyt itt is fel lehet írni úgy, hogy 2, mivel $2/1 = 2$.

Az odds-t az exp() függvény segítségével kiszámíthatjuk az log(Odds) értékéből: Odds = exp(log(Odds)). Fontos felismerni, hogy az odds értéke függ a nézőpontunktól, attól, hogy mi az az esemény, ami minket érdekel. Ebben a példában a túlélés az érdekes eseményünk, és ha az érdekes eseményt a repülőgép-szerencsétlenségben való nem túlélésre (halálra) (a másik lehetséges kimenetelre) cserélnénk, akkor az odds a túlélés esélyének fordítottja lenne. Tehát ha a túlélés odds-ja 0,25, akkor a halál odds-ja $1/0{,}25 = 4$. Ha a túlélés odds-ja 2, akkor a halálozás odds-ja $1/2 = 0{,}5$.

Odds ratio

Egy másik fontos, az esélyekkel kapcsolatos fogalom az esélyhányados (odds ratio). Ez egy hatásméret-mutató, amely annak értékelésére használható, hogy egy bizonyos csoporthoz való tartozás vs. a csoporthoz való nem tartozás milyen hatással van a vizsgált esemény esélyeire. Az esélyhányados az érdekes esemény odds-jainak aránya két csoport között. Ezt úgy számítják ki, hogy a csoportban a vizsgált esemény esélyét elosztják a csoporton kívüli esemény esélyével. Alapvetően azt mutatja meg, hogy mennyivel nagyobb vagy kisebb az esemény odds-ja (kockázata) az egyik csoportban, mint a másik csoportban. Egy egyszerű példa, ha egy esemény odds-ját hasonlítjuk össze két csoportban, tehát számítsuk ki a nemhez odds ratio-t a repülőgép-balesetben való halálozásra. Képzeljük el, hogy minden 1 férfira, aki túlél egy repülőgép-szerencsétlenséget, átlagosan 6 olyan férfi jut, aki meghal a repülőgép-szerencsétlenségben, így a férfiak esetében a repülőgép-szerencsétlenségben való halálozás esélye 6 lesz. Tegyük fel, hogy valamilyen oknál fogva a nőknél kisebb a kockázata annak, hogy repülőgép-balesetben meghalnak: minden 1 nőre, aki túléli a balesetet, 2 nő jut, aki meghal, így a repülőgép-balesetben való halálozás esélye a nők esetében 2. Most kiszámíthatjuk az esélyhányadost a két odds osztásával: Tehát a repülőgép-balesetben való halálra a férfiak esélyhányadosa a nőkhöz képest 3, mivel a férfiak odds-ja a repülőgép-balesetben való halálra háromszorosa a nőkének.

Az oddshoy hasonlóan az esélyhányados is függ a nézőpontunktól: attól, hogy mi az a csoport, amelyik érdekel. Tehát ha a férfiak (a nőkhöz képest) repülőgép-szerencsétlenségben való halálának esélyhányadosa 3, akkor a nők (a férfiakhoz képest) repülőgép-szerencsétlenségben való halálának esélyhányadosa $1/3 = 0{,}3333$. A 0,33-as esélyhányados azt jelenti, hogy a repülőgép-balesetben való halál esélye 0,33-szor akkora a nőknél, mint a férfiaknál. Más szóval, a halálozás esélye 33% a nők körében a férfiakhoz képest.

Valószínűség

A valószínűség (probability) azt mutatja, hogy a sok kísérlet során várhatóan milyen arányban fordul elő az érdekes esemény. Ha a valószínűség 1/4, akkor átlagosan 4-ből 1 alkalommal számítunk arra, hogy az adott eseményt látjuk. Tehát ha a repülőgép-szerencsétlenség túlélésének valószínűsége $1/4 = 0{,}25 = 25\%$, akkor 4 emberből 1 túléli, 3 pedig meghal. Ha viszont a valószínűség $3/4 = 0{,}75 = 75\%$, akkor azt várjuk, hogy 4 emberből átlagosan 3 túléli és 1 meghal.

A valószínűséget a log(Odds)-ból a következő képlettel tudjuk kiszámítani: p = exp(log(Odds))/(1 + exp(log(Odds)), más szóval Odds / (1 + Odds).

A logisztikus regresszió eredményeinek értelmezése

Most, hogy tudjuk, mi az esély (odds), az esélyhányados és a valószínűség, és hogyan kapcsolódnak egymáshoz, készen állunk a modell eredményeinek értelmezésére. Használjuk a regressziós egyenletet, hogy megkapjuk a 182-es maximális pulzusszámú egyénre vonatkozó bejósolt értéket. A regressziós egyenlet a következő eredményt adja: -6,39 + 0,044 * 182 = 1,628. Ez a log(odds) érték. Ha az érték negatív, az azt jelenti, hogy annak a valószínűsége, hogy az adott esemény bekövetkezik, kisebb, mint annak a valószínűsége, hogy nem következik be. Tehát a mi esetünkben, mivel a log(odds) pozitív szám, azt mondhatjuk, hogy nagyobb a valószínűsége annak, hogy az illetőnek szívbetegsége van (ez számunkra az érdekes esemény), mint annak, hogy az illetőnek nincs szívbetegsége. Ezen kívül azonban nehéz tovább értelmezni a log(odds)-ot anélkül, hogy odds-á alakítanánk.

A log(odds) értéket az exp() függvény segítségével alakíthatjuk át odds-á. exp(1,628) = 5,09. Tehát annak ay esélye, hogy a személy szívbetegségben szenved ayyal szemben hogy nem szenved abban 5,09, ami azt jelenti, hogy körülbelül ötször nagyobb az esélye annak, hogy ez a személy szívbeteg, mint annak, hogy nem szenved. Ezt a fenti képlet segítségével valószínűségre is átváltoztathatjuk: p = Odds / (1 + Odds). Esetünkben 5,09/ (1 + 5,09) = 0,84, ami azt jelenti, hogy a modellünk szerint 84% a valószínűsége annak, hogy ez a személy szívbetegségben szenved.

Mint korábban is láttuk, ezt nem kell kézzel kiszámítanunk minden egyes személyre, az adathalmazunk minden egyes megfigyelésére megkaphatjuk a bejósolt log(odds) értékeket a predict() függvény használatával a modell objektumon.

```
predict(mod1)
```

```
##          1          2          3          4          5          6
##  0.2012408  1.8274384  1.1681691  1.4318768  0.7726076  0.1133383
##          7          8          9         10         11         12
##  0.3330947  1.2121204  0.7286563  1.2560717  0.6407537 -0.2822233
##         13         14         15         16         17         18
##  1.1242179 -0.0624669  0.7286563  0.5528511  1.1681691 -1.3810054
##         19         20         21         22         23         24
##  1.1242179  0.2451921  0.6847050  1.4758281  1.4318768 -0.3701259
##         25         26         27         28         29         30
##  1.4318768  0.7286563  0.5088998 -0.9854439  0.5088998  0.2891434
##         31         32         33         34         35         36
##  0.9923640 -0.2382720  1.8713897  0.2891434 -0.8975413  0.6407537
##         37         38         39         40         41         42
##  1.0802666  0.8605101  0.1133383  0.2451921 -0.1503694  1.5197794
##         43         44         45         46         47         48
##  0.1133383 -0.1064181  1.6076820  1.1681691  1.5197794  0.4649486
##         49         50         51         52         53         54
## -1.3370541  0.6407537  0.1572896  0.2451921  0.0254357  1.3000230
##         55         56         57         58         59         60
##  1.1681691  0.5528511  1.7834871  1.7395358  1.2560717  0.5968024
##         61         62         63         64         65         66
## -0.6777849  0.4649486  1.9592923 -0.5898823  0.8605101  1.6076820
##         67         68         69         70         71         72
## -0.1064181  1.3000230  1.0802666  0.7726076  0.0693870  0.3770460
##         73         74         75         76         77         78
##  2.4867077  1.7834871  0.8605101  0.6847050  0.9044614  0.8165589
##         79         80         81         82         83         84
##  1.6955846  0.3770460  1.4758281  1.0802666  0.6407537  1.4318768
```

```
##          85          86          87          88          89          90
## -1.02939513  0.64075371  0.24519214  0.46494857  0.55285114 -1.02939513
##          91          92          93          94          95          96
##  1.30002299  0.99236399  1.03631527  0.59680242 -0.32617457 -1.51285927
##          97          98          99         100         101         102
##  0.50889985  0.06938700  0.72865628  1.21212042  1.43187684 -0.01851557
##         103         104         105         106         107         108
##  1.47582813  2.13509741  0.77260756 -1.33705413 -0.63383357  0.28914343
##         109         110         111         112         113         114
##  0.72865628  0.59680242  0.37704600  1.21212042 -0.54593099  0.68470499
##         115         116         117         118         119         120
##  0.42099728  1.08026656  0.99236399  0.72865628  1.16816913  0.28914343
##         121         122         123         124         125         126
## -1.02939513  1.60768198  1.16816913  0.94841270  1.47582813  2.04719484
##         127         128         129         130         131         132
## -0.10641814  1.16816913  1.03631527 -1.07334642  0.77260756  0.72865628
##         133         134         135         136         137         138
##  0.72865628  0.33309471  0.77260756  0.77260756 -2.17212855 -0.23827200
##         139         140         141         142         143         144
## -0.85358999 -1.77656698  0.50889985  1.56373070  1.21212042 -0.15036943
##         145         146         147         148         149         150
## -1.29310284 -0.10641814  0.15728957  1.12421785  1.03631527  0.20124085
##         151         152         153         154         155         156
## -0.32617457 -0.89754128  0.42099728  0.28914343  0.28914343 -0.63383357
##         157         158         159         160         161         162
##  1.47582813  1.25607170 -0.06246686  0.77260756  1.03631527  0.90446142
##         163         164         165         166         167         168
##  1.60768198  1.21212042  1.21212042 -1.64471313 -0.72173614  0.64075371
##         169         170         171         172         173         174
##  0.06938700  0.42099728 -0.15036943  0.99236399  0.64075371  1.21212042
##         175         176         177         178         179         180
## -0.58988228 -1.38100541  0.64075371  0.55285114 -1.11729770 -1.46890799
##         181         182         183         184         185         186
## -0.58988228 -1.38100541  1.03631527  0.86051013 -0.76568742  0.33309471
##         187         188         189         190         191         192
## -0.06246686 -1.60076184  0.77260756  0.55285114 -0.15036943 -0.63383357
##         193         194         195         196         197         198
## -1.42495670 -0.15036943  0.42099728 -0.23827200  0.06938700  0.77260756
##         199         200         201         202         203         204
## -2.04027469  0.55285114  1.38792556 -0.19432071 -1.51285927  0.20124085
##         205         206         207         208         209         210
## -0.01851557  0.68470499 -0.15036943  0.50889985 -0.28222328  0.72865628
##         211         212         213         214         215         216
##  0.20124085 -0.23827200 -0.23827200  0.02543571 -0.06246686 -0.41407714
##         217         218         219         220         221         222
## -2.12817726 -0.58988228 -0.80963871  0.20124085  0.37704600 -1.51285927
##         223         224         225         226         227         228
##  1.25607170 -0.54593099 -0.85358999 -0.89754128 -1.86446955 -0.67778485
##         229         230         231         232         233         234
##  0.59680242 -0.63383357  0.28914343 -0.94149256 -0.01851557 -2.17212855
##         235         236         237         238         239         240
## -1.60076184  1.21212042  1.12421785  1.08026656  0.72865628  0.46494857
##         241         242         243         244         245         246
## -1.46890799 -0.10641814 -0.58988228 -2.52373883 -1.77656698  0.90446142
```

```
##         247         248         249         250         251         252
##  0.20124085 -1.11729770  2.17904869  0.02543571 -1.02939513 -0.10641814
##         253         254         255         256         257         258
## -1.73261570 -0.89754128 -0.89754128  0.06938700 -0.67778485 -0.85358999
##         259         260         261         262         263         264
##  0.37704600  1.60768198  0.86051013  0.64075371 -2.21607983  1.03631527
##         265         266         267         268         269         270
## -1.64471313 -0.58988228 -1.24915156 -0.85358999 -1.29310284 -1.86446955
##         271         272         273         274         275         276
## -0.06246686 -0.01851557 -3.27091068  0.46494857 -1.20520027  0.99236399
##         277         278         279         280         281         282
## -1.77656698 -0.19432071  0.28914343 -0.89754128 -0.89754128  0.46494857
##         283         284         285         286         287         288
## -0.50197971  1.56373070 -0.32617457 -1.11729770  0.72865628  0.81655885
##         289         290         291         292         293         294
## -0.10641814 -0.67778485  0.68470499 -0.23827200  0.02543571  0.20124085
##         295         296         297         298         299         300
## -0.06246686 -0.06246686 -0.41407714 -2.43583626 -0.98544385 -0.58988228
##         301         302         303
## -0.19432071 -1.33705413  1.25607170
```

Modell teljesítmény

Pszeudó R négyzet

A modell előrejelző képességének ismert mutatója az R^2 index. A logisztikus regresszióhoz azonban nem létezik pontos R^2 mutató. Ehelyett a megmagyarázott variancia arányát különböző statisztikai eljárásokkal becsüljük, amelyeket pszeudo R négyzet módszereknek nevezünk. Több pszeudo R négyzet index létezik, mint például a Cox és Snell R^2, Nagelkerke R^2 és a McFadden R^2. Ezek egyike sem általánosan elfogadott jó R^2 becslés, de a Cox és Snell R^2, valamint a Nagelkerke R^2 komoly hátrányokkal küszködik, ezért ha egyáltalán használunk R^2-t logisztikus regresszióhoz, akkor az a McFadden R^2. A Cox és Snell R^2-tel az a probléma, hogy van egy felső határa, amely alacsonyabb, mint 1. Azok számára, akik a jó öreg R^2 indexhez szoktak hozzá, amely 0 és 1 között bármilyen értéket felvehet, és így a megmagyarázott variancia arányát mutatja, ez megnehezítheti a Cox és Snell R^2 értelmezését. A Nagelkerke R^2-t ennek ellensúlyozására dolgozták ki azáltal, hogy a Cox és Snell R^2 skáláját kiterjesztették, hogy az 1-ig terjedjen. Az ehhez használt korrekciót azonban gyakran túlkompenzációnak tekintik, és ez irreálisan magas R^2-értékeket adhat vissza.

Így marad a McFadden R^2. Ezt a mutatót a pscl csomag pR2() függvényének futtatásával kaphatjuk meg.

A pR2() függvény outputja megmutatja számunkra a modell log likelihoodját is az "llh" oszlopban. Ezt a számot -2-vel megszorozva kiszámíthatjuk a -2 Log Likelihoodot (-2LL), amelyet a szakirodalomban "devianciának" is neveznek. Ennek ugyanaz az általános jelentése, mint a rezidual sum of squares-nek (RSS) a hagyományos regresszióban. Összehasonlítja a bejósolni kívánt változóra kiszámított becsült értéket a tényleges értékkel, és ezeket a különbségeket összegzi, hogy a modell teljes hibájának mértékét adja meg. Az RSS-hez és az AIC-hoz hasonlóan a -2LL-t is nehéz értelmezni az adott modell kontextusán kívül, mivel értéke függ a minta méretétől, és a modellben szereplő paraméterek számától, de ugyan azon az adaton ugyan annak a kimeneti változónak a bejóslására szolgáló két modell összehasonlítására alkalamas. Lényegében megmutatja a hiba összegét, amely a modellünkben szereplő prediktorokkal magyarázott összes variancia figyelembevétele után marad, és minél alacsonyabb ez a szám, annál jobb a modell illeszkedése. (Ez persze azt is jelenti, hogy minél magasabb a log likelihood, annál jobb a modell illeszkedése).

```
pR2(mod1)
```

```
## fitting null model for pseudo-r2
```

```
##          llh      llhNull           G2     McFadden         r2ML         r2CU
```

```
## -179.6284602 -208.8190283   58.3811363    0.1397888    0.1752517    0.2342923
```

```
# -2LL, deviance
pR2(mod1)["llh"] * -2
```

```
## fitting null model for pseudo-r2
```

```
##      llh
## 359.2569
```

Előrejelzési pontosság

Bizonyos helyzetekben nem elég, ha az érdekes esemény odds-ját kapjuk meg az egyes személyekre, hanem szeretnénk egy konkrét választ kapni arra, hogy az adott megfigyelés melyik kategóriába sorolható, abba, amiben az esemény bekövetkezik, vagy abba amiben nem következik be. (Vagyis például hogy egy személynek van-e vagy nincs szívbertegsége.) Ahhoz hogy konkrét csoportokba soroljuk a megfigyeléseket, általában egy határértéket használunk, és ez alapján a log(odds), odds, vagy valószínűségi határérték alapján soroljuk csoportba a megfigzeléseket. A legegyszerűbb megoldás, ha a megfigyeléseket a "nincs esemény" kategóriába soroljuk, ha az adott megfigyelés esetében az esemény valószínűsége 50% vagy annál kisebb, és "van esemény" kategóriába soroljuk, ha az érdekes esemény valószínűsége 50%-nál nagyobb az adott megfigyelés esetében. A fenti átváltási formulák alapján könnyen belátható hogy az 50%-os valószínűség 1-es odds-nak és 0 log(odds)-nak felel meg, így valójában közvetlenül használhatjuk a modellünk előrejelzését (amely log(odds)-ban van megadva) a kategorizáláshoz: a 0 vagy annál kisebb log(odds)-ot "no_heart_disease", míg a 0-nál nagyobb log(odds)-ot "heart_disease"-ként kódoljuk, mivel a szívbetegség az érdekes esemény a vizsgálatunkban. Az alábbi kódban ezt úgy tesszük, hogy a kimeneti változó (disease status) bejósolt értékét egy új változóba mentjük, amelynek neve "pred_mod1".

```
heart_data = heart_data %>%
  mutate(pred_mod1 = predict(mod1)) %>%
  mutate(pred_mod1 = case_when(pred_mod1 <= 0 ~ "no_heart_disease",
                               pred_mod1 > 0 ~ "heart_disease"))
```

Most már összehasonlíthatjuk a modell előrejelzéseit a tényleges disease_status értékekkel, hogy lássuk, hányszor kategorizálta helyesen a modellünk a megfigyeléseket. Az eredmények azt mutatják, hogy a 303 esetből 213 esetben (70%) a modell helyesen kategorizálta a megfigyelést, vagyis a modell 70%-ban helyesen jósolta be a max_HR alapján hogy a személynek van-e szívbetegsége vagy sem.

```
# coding correct guesses

heart_data = heart_data %>%
  mutate(correct_prediction = case_when(pred_mod1 == disease_status ~ "correct",
                                        pred_mod1 != disease_status ~ "incorrect"))


# correct categorization rate overall

heart_data %>%
  group_by(correct_prediction) %>%
  summarise(count = n()) %>%
  mutate(freq = count / sum(count))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   correct_prediction count  freq
##   <chr>              <int> <dbl>
## 1 correct              213 0.703
## 2 incorrect             90 0.297
```

Előrejelzési pontosság eredménykategóriánként

Ez a 70%-os előrejelzési arány jó eredménynek tűnhet, de a modell teljesítményét ahhoz képest kell értékelni, hogy milyen pontos lenne egy olyan modell, amely nem használ semmilyen prediktort.

A hagyományos lineáris modellekhez hasonlóan a logisztikus regresszióban is építhetünk null modellt. A lineáris regresszióban a null modell a kimeneti változó átlagát használta előrejelzésként. Ugyanezt tesszük a logisztikus regresszióban is a nullmodellben. Vagyis, az egyes megfigyelésekre vonatkozó előrejelzett log(odds)-ot az érdekes esemény előfordulási aránya alapján számítjuk ki. Például a szívbetegség adatbázisban amellyel most dolgozunk, a null modell az alapján számítja ki a becsült log(odds)-ot, hogy milyen a szívbetegség előfordulási aránya a teljes mintában. Mivel a vizsgálatban 165 (54%) résztvevőnek volt szívbetegsége, 138-nak (46%) pedig nem volt, annak ez odds-ja hogy valaki szívbetegségben szenved 1.2 (mivel az adathalmazban 1.2-szer annyi szívbeteg van, mint ahányan nem szenvednek szívbetegségben). $\log(1.2) = 0.18$. Ez az a szám, amit a null modell előrejelzett kimenetként fog használni minden egyes személyre. Szóval a null modellben minden emberre ugyan azt az esélyt jósoljuk, mint ami a teljese mintában az esemány előfordulási esélye. Ez nem egy túl szofisztikált becslés, de hát ilyen ez a null modell.

Ha ugyanazt az egyszerű módszert használjuk a megfigyelések csoportba sorolására, amit fent is említettünk, hogy a 0 vagy alacsonyabb log(odds) esetén "nem esemény" a tippünk, míg 0 feletti log(odds)-nál "esemény" a bejósolt csoport, akkor mivel a null modell által jósolt log(odds) mindenkire 0.18, ez azt eredményezi hogy a null modell mindenkit szívbeteg ("heart_disease") csoportba sorol. Ez az "előrejelzés" az esetek 54%-ára helyes, mivel az adathalmazban lévő emberek 54%-ának valóban van szívbetegsége.

```
mod_null = glm(disease_status_numerical ~ 1, family = binomial(), data = heart_data)

summary(mod_null)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = disease_status_numerical ~ 1, family = binomial(),
##     data = heart_data)
##
## Deviance Residuals:
##    Min      1Q  Median      3Q     Max
## -1.254  -1.254   1.103   1.103   1.103
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)   0.1787     0.1154   1.549    0.121
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 417.64  on 302  degrees of freedom
## Residual deviance: 417.64  on 302  degrees of freedom
## AIC: 419.64
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 3
```

```
head(predict(mod_null))
```

```
##         1         2         3         4         5         6
## 0.1786918 0.1786918 0.1786918 0.1786918 0.1786918 0.1786918
```

Más szóval, a null modell előrejelzése a két lehetséges kategória közül mindig a gyakoribb kategória lesz az adathalmaz minden megfigyelése esetén. Ez azt jelenti, hogy minél gyakoribb az egyik kategória/esemény a megfigyelt kimeneti változóban, annál pontosabb lesz összességében a null modell előrejelzése.

Tegyük fel például, hogy logisztikus regresszió segítségével szeretnénk megjósolni, hogy egy személynek van-e

COVID-ja néhány egészségügyi mérőszám alapján. Ha azonban az emberek 95%-a nem COVID-os a vizsgált személyek közül, akkor még a nullmodell is 95%-os pontossággal fogja megjósolni a kimenetet mindenféle egészséggel kapcsolatos prediktor használata nélkül, mivel mindenki számára azt fogja jósolni, hogy "nincs COVID", és mivel az emberek 95%-a nem COVID-os, ez az előrejelzés az egyének 95%-ánál helyes lesz. Valójában a null modell minden egyes esetet helyesen fog a gyakoribb kategóriába sorolni, de tévedni fog minden olyan esetben, amely a másik kategóriába tartozik.

Ez azt jelenti, hogy nem elegendő a modell predikciós hatékonyságát megnézni az összes adaton. Hanem a predikcós hatékonyságot kategóriánként külön is meg kell vizsgálni. Amint azt már megjegyeztük, a példánkban a null modell előrejelzése az esetek 54%-ában összességében helyes, és a ténylegesen szívbetegségben szenvedő esetek 100%-ában helyes, de a ténylegesen nem szívbetegek esetében 0%-ban helyes. Ehhez képest a prediktorral rendelkező modell 165 szívbetegséggel rendelkező esetből 130 esetben helyesen jósolta meg, hogy a személynek szívbetegsége van (79%), és 138 szívbetegség nélküli esetből 83 esetben helyesen jósolta meg, hogy a személynek nincs szívbetegsége (60%). Tehát a prediktorokkal ellátott modellünk előrejelzési pontossága lényegesen nagyobb mindkét lehetséges kimenetel előrejelzésében a nullmodellhez képest.

```
# percentage of heart disease

heart_data %>%
  group_by(disease_status) %>%
  summarise(count = n())  %>%
  mutate(freq = count / sum(count))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   disease_status   count  freq
##   <fct>            <int> <dbl>
## 1 no_heart_disease   138 0.455
## 2 heart_disease      165 0.545
```

```
# crosstab of disease_status and predicted values

heart_data %>%
  group_by(disease_status, pred_mod1) %>%
  summarize(n = n()) %>%
  spread(disease_status, n)
```

```
## `summarise()` has grouped output by 'disease_status'. You can override using the `.groups` argument.
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   pred_mod1        no_heart_disease heart_disease
##   <chr>                       <int>         <int>
## 1 heart_disease                  55           130
## 2 no_heart_disease               83            35
```

```
# correctly categorized as having heart disease

heart_data %>%
  filter(disease_status == "heart_disease") %>%
  group_by(correct_prediction) %>%
  summarise(count = n()) %>%
  mutate(freq = count / sum(count))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   correct_prediction count  freq
##   <chr>              <int> <dbl>
## 1 correct              130 0.788
## 2 incorrect             35 0.212
```

```r
# correctly categorized as having not having heart disease

heart_data %>%
  filter(disease_status == "no_heart_disease") %>%
  group_by(correct_prediction) %>%
  summarise(count = n()) %>%
  mutate(freq = count / sum(count))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   correct_prediction count  freq
##   <chr>              <int> <dbl>
## 1 correct               83 0.601
## 2 incorrect             55 0.399
```

A modell érzékenységének finomhangolása

Lehetőség van a modell érzékenységének finomhangolására, ha azt szeretnénk, hogy a modell érzékenyebben érzékelje az esemény jelenlétét vagy hiányát, azáltal, hogy megváltoztatjuk a küszöbértéket, amely alapján egy esetet egy bizonyos kategóriába sorolunk. Amint fentebb említettük, a küszöbérték általában log(odds) > 0 (ami megegyezik az Odds > 0 és a valószínűség $> 50\%$-val) ahhoz, hogy egy esetet a "van esemény" kategoriába soroljuk, de ha azt szeretnénk, hogy modellünk érzékenyebb legyen az esemény kimutatására, akkor csökkenthetjük ezt a küszöbértéket. Vagy ha azt akarjuk, hogy a modell érzékenyebb legyen azoknak az eseteknek a kategorizálására, ahhol nincs esemény, akkor növelhetjük ezt a küszöbértéket. Ez különösen akkor fontos, ha nagy a különbség az esemény és a "nem esemény" előfordulási aránya között a mintában.

A fenti példánkban a modellünk pontosabban kategorizálta a szívbetegséggel rendelkező eseteket (79%), mint a szívbetegséggel nem rendelkező eseteket (60%). Ha úgy akarjuk hangolni a modellt, hogy jobban tudja helyesen kategorizálni a szívbetegséggel nem rendelkezőket, akkor növelhetjük a küszöbértéket, amely alapján egy esetet szívbetegnek minősíthetünk. Az alábbi kódban a küszöbértéket log(odds) > 0-ról log(odds) $> 0{,}4$-re növeljük.

Az eredmények azt mutatják, hogy ezzel az új küszöbértékkel az esetek 72%-ában helyesen tudjuk kategorizálni a szívbetegséggel nem rendelkező eseteket, míg a szívbetegséggel rendelkezők helyes kategorizálása még mindig elfogadható: 64%. Ez előnyös lehet, ha a prioritásunk az, hogy minimalizáljuk azokat az eseteket, amikor tévesen diagnosztizáljuk a szívbetegeket. A szívbetegség helyes felismerésének pontosságával és az általános felismerési pontossággal "fizetünk ezért", de bizonyos esetekben ez még így is kívánatos lehet.

```r
heart_data = heart_data %>%
  mutate(pred_mod1_tuned = predict(mod1)) %>%
  mutate(pred_mod1_tuned = case_when(pred_mod1_tuned <= 0.4 ~ "no_heart_disease",
                                     pred_mod1_tuned > 0.4 ~ "heart_disease"))


# coding correct guesses

heart_data = heart_data %>%
  mutate(correct_prediction_tuned = case_when(pred_mod1_tuned == disease_status ~ "correct",
                                              pred_mod1_tuned != disease_status ~ "incorrect"))


# correct categorization rate overall

heart_data %>%
  group_by(correct_prediction_tuned) %>%
  summarise(count = n()) %>%
```

```
  mutate(freq = count / sum(count))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   correct_prediction_tuned count  freq
##   <chr>                   <int> <dbl>
## 1 correct                   204 0.673
## 2 incorrect                  99 0.327
```

```
# crosstab of disease_status and predicted values

heart_data %>%
  group_by(disease_status, pred_mod1_tuned) %>%
  summarize(n = n()) %>%
  spread(disease_status, n)
```

```
## `summarise()` has grouped output by 'disease_status'. You can override using the `.groups` argument.
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   pred_mod1_tuned  no_heart_disease heart_disease
##   <chr>                       <int>         <int>
## 1 heart_disease                  39           105
## 2 no_heart_disease               99            60
```

```
# correctly categorized as having heart disease

heart_data %>%
  filter(disease_status == "heart_disease") %>%
  group_by(correct_prediction_tuned) %>%
  summarise(count = n()) %>%
  mutate(freq = count / sum(count))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   correct_prediction_tuned count  freq
##   <chr>                   <int> <dbl>
## 1 correct                   105 0.636
## 2 incorrect                  60 0.364
```

```
# correctly categorized as having not having heart disease

heart_data %>%
  filter(disease_status == "no_heart_disease") %>%
  group_by(correct_prediction_tuned) %>%
  summarise(count = n()) %>%
  mutate(freq = count / sum(count))
```

```
## # A tibble: 2 x 3
##   correct_prediction_tuned count  freq
##   <chr>                   <int> <dbl>
## 1 correct                    99 0.717
## 2 incorrect                  39 0.283
```

A modell szignifikánsan jobb, mint a null modell?

Összehasonlíthatjuk a modellt amiben a prediktorok is szerepelnek null modellel egy likelihood ratio teszttel, hogy megnézzük, hogy a mi modellünk szignifikánsan jobb-e a kimenetel előrejelzésében, mint a null modell. Ezt úgy tehetjük meg, hogy a null modell objektumát és a prediktorokat tartalmazó modell objektumát is az lrtest() függvénybe helyezzük. A likelihood ratio test a két modell loglikelihoodját állítja szembe egymással,

és egy Chi-négyzet tesztstatisztikát és egy p-értéket ad. Ha ez a p-érték kisebb mint 0.05, akkor a modellek szignifikánsan különböznek egymástól az előrejelzési pontosság tekintetében. A nagyobb logLikelihooddal rendelkező modellnek jobb az illeszkedése. Az alábbi példában a teszt szignifikáns eredményt ad, ami azt jelzi, hogy a max_HR prediktort tartalmazó modell szignifikánsan jobb, mint a null modell.

A lineáris regressziós modellekhez hasonlóan az Akaike információs kritérium (AIC) segítségével is összehasonlíthatjuk két modell illeszkedését. Mint korábban, az a modell, amelynek AIC-értéke legalább 2 ponttal alacsonyabb, szignifikánsan jobb, mint a másik modell. Ha az AIC dfferencia kisebb, mint 2 pont, akkor nincs elég bizonyítékunk ahhoz, hogy elvessük a null hipotézist, miszerint a két modell előrejelzési pontossága megegyezik.

```
lrtest(mod_null, mod1)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: disease_status_numerical ~ 1
## Model 2: disease_status_numerical ~ max_HR
##   #Df  LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
## 1   1 -208.82
## 2   2 -179.63  1 58.381   2.16e-14 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
AIC(mod_null, mod1)
```

```
##          df      AIC
## mod_null  1 419.6381
## mod1      2 363.2569
```

A regressziós együtthatók értelmezése a modellben

A lineáris regresszióhoz hasonlóan a modell együtthatókat (estimate) a modell summary-ban találja, és a confint() függvény segítségével megkaphatjuk az ezekhez a regressziós együtthatókhoz tartozó konfidencia intervallumokat.

```
summary(mod1)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = disease_status_numerical ~ max_HR, family = binomial(),
##     data = heart_data)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.1383  -1.0780   0.6043   0.9200   2.1354
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -6.391452   0.987133  -6.475 9.50e-11 ***
## max_HR       0.043951   0.006531   6.729 1.71e-11 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 417.64  on 302  degrees of freedom
## Residual deviance: 359.26  on 301  degrees of freedom
```

```
## AIC: 363.26
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
confint(mod1)
```

```
## Waiting for profiling to be done...
```

```
##                   2.5 %      97.5 %
## (Intercept) -8.41257396 -4.53271457
## max_HR       0.03164292  0.05731192
```

A becsléseket ugyanúgy értelmezhetjük, mint a lineáris regresszió esetében, azzal a fontos különbséggel, hogy a logisztikus regresszióban a modell által megjósolt eredmény nem a kimeneti változó eredeti skáláján van, hanem a modell az esemény log(odds)-ját jósolja meg.

Példánkban a max_HR-nek megfelelő regressziós együttható 0.032. Ez azt jelenti, hogy a max_HR skálán minden egyes lépcsőfoknál az esemény (szívbetegség) log(odds) értéke 0.044-gyel nő. Ezt gyakran átkonvertáljuk esélyhányadossá (odds ratio), ezt az exp() függvénnyel tehetjük meg. A max_HR-nek mint prediktorhoz tartozó esélyhányados exp(0.044) = 1.045. Ez egy könnyebben értelmezhető hatásméret mint a log(odds): azt mutatja, hogy egy 1 ponttal magasabb max_HR értékkel rendelkező személynek 1.045-ször nagyobb az esélye a szívbetegségre.

Fontos, hogy amikor a regressziós egyenlet alapján kiszámítjuk az előre jelzett kimenetelt, a becsléseket mindig az eredeti log(odds) skálán kell használnunk, és csak a végén kell az eredményt odds-ra (és ha szükséges, valószínűségekre) konvertálni. Az odds-t és a valószínűséget nem lehet közvetlenül a regressziós egyenletbe behelyettesíteni.

Az interceptet a lineáris regresszióhoz hasonlóan kell értelmezni: ez a bejósolni kívánt esemény becsült log(odds) értéke, ha az összes prediktor értéke nulla.

A lineáris regresszióhoz hasonlóan a modell summary-ban a prediktorokhoz tartozó p-értékeket vagy a confint() függvény által mutatott konfidencia intervallumokat használhatjuk arra, hogy megítéljük, egy adott prediktornak van-e hozzáadott előrejelző értéke a modellben. Más szóval, hogy az adott prediktor regressziós együtthatója szignifikánsan különbözik-e nullától.

Mit kell leírni egy cikkben az eredményekről?

Most már minden adatunk megvan az eredmények leírásához.

A statisztikai elemzés részbe ezt írnánk:

"Binomiális logisztikus regressziós elemzést végeztünk, ahol a szívbetegség jelenléte (disease_status) volt a bejósolni kívánt esemény ("nincs szívbetegség" volt a referenciaszint), és a modell egy prediktort tartalmazott: a testmozgás során elért maximális pulzusszámot (max_HR).".

Az eredmények részben először a modellünk egészének modellilleszkedéséről és előrejelzési pontosságáról számolunk be:

"A max_HR prediktort tartalmazó logisztikus regressziós modell szignifikánsan jobb modellilleszkedést mutatott, mint a null modell (Chi^2 = 58.38, df = 1, p < 0.001, a modell AIC-ja = 363.26, a modell -2LL-je = 359.26, a null modell AIC-ja = 419.64, a nullmodell -2LL-je = 417.64). A modell a variancia 14%-át magyarázta meg (McFadden R^2 = 0.14). Szívbetegség a mintánkban az esetek 54.5%-ában fordult elő (303 személyből 165). A végleges modell a szívbetegség jelenlétét az esetek 79%-ában, a szívbetegség hiányát pedig a mintánkban szereplő esetek 60%-ában helyesen jósolta meg, az összesített helyes előrejelzési arány 70% volt."

Ez után általában az egyes prediktorok regressziós együtthatóira vonatkozó információkat, valamint a modellhez hozzáadott prediktív értékükre vonatkozó információkat közölné.

Ezeket táblázatos formában szoktuk bemutatni. A táblázatnak tartalmaznia kell a regressziós együtthatót és az ahhoz tartozó konfidenciaintervallumot, az esélyhányadost, a Z teszt-statisztikát, és a p-értéket minden egyes prediktorra és az interceptre külön-külön.

Gyakorlas

Jó okunk van feltételezni, hogy a terheléses vizsgálat során elért maximális pulzusszám (max_HR), a nyugalmi szisztolés vérnyomás (sys_bloodpressure) és a mellkasi fájdalom (has_chest_pain) segíthet a szívbetegség (disease_status) előrejelzésében.

1. Készíts logisztikus regressziós modellt, amelyben a bejósolt váltózó a szívbetegség jelenléte (disease_status), a prediktorok pedig a terheléses vizsgálat során elért maximális pulzusszám (max_HR), a nyugalmi szisztolés vérnyomás (sys_bloodpressure) és a mellkasi fájdalom jelenléte (has_chest_pain).
2. Mekkora ennek a modellnek az előrejelzési pontossága? Határozd meg, hogy összességében mennyire pontosak az előrejelzések.
3. Határozd meg a modell illeszkedését az AIC és a -2LL segítségével, valamint a modell pszeudo R^2 értékét.