

Na przełaj przez Data Mining z pakietem R

Przemysław Biecek, Krzysztof Trajkowski

2019-04-13

Spis treści

1	Kilka słów zamiast wstępu	7
2	Redukcja wymiaru	9
2.1	Analiza składowych głównych (PCA, ang. Principal Components Analysis)	9
2.2	Nieliniowe skalowanie wielowymiarowe (Sammon Mapping)	14
2.3	Skalowanie wielowymiarowe Kruskalla (MDS, ang. Multidimensional Scaling)	15
3	Analiza skupień	19
3.1	Metoda k-średnich	19
3.2	Metoda grupowania wokół centroidów (PAM, ang. Partitioning Around Medoids)	21
3.3	Metoda aglomeracyjnego klastrowania hierarchicznego	23
3.4	Ile skupień wybrać?	26
3.5	Inne metody analizy skupień	27
3.6	Case study	31
4	Analiza dyskryminacji	33
4.1	Dyskryminacja liniowa i kwadratowa	33
4.2	Metoda najbliższych sąsiadów	36
4.3	Naiwny klasyfikator Bayesowski	38
4.4	Drzewa decyzyjne	40
4.5	Lasy losowe	42
4.6	Inne klasyfikatory	45
5	Analiza kanoniczna	47
5.1	Problem	47
5.2	Rozwiązanie	47
5.3	Założenia	48
5.4	Jak to zrobić w R	48
5.5	Przykładowe wyniki	49
5.6	Studium przypadku	49
6	Analiza korespondencji (odpowiedniości)	51
6.1	Problem	51
6.2	Rozwiązanie	51
6.3	Jak to zrobić w R?	52
6.4	Studium przypadku	52
7	Przykład analizy szeregów czasowych	59
7.1	Wprowadzenie	59
7.2	Identyfikacja trendu i sezonowości	61
7.2.1	Analiza wariancji - ANOVA	61
7.2.2	Funkcja autokorelacji - ACF	64
7.3	Modele autoregresyjne ARIMA	66

7.3.1	Estymacja	66
7.3.2	Weryfikacja	68
7.3.3	Prognozowanie	69
7.4	Modele adaptacyjne	71
7.4.1	Estymacja	71
7.4.2	Prognozowanie	72
8	Przykład analizy tabel wielozmiennych	75
8.1	Wprowadzenie	75
8.2	Test chi-kwadrat	75
8.3	Model logitowy	79
8.4	Model logitowy	85
9	Przykład badania rozkładu stopy zwrotu z akcji	89
9.1	Wprowadzenie	89
9.2	Statystyki opisowe	90
9.3	Rozkład normalny	95
9.4	Rozkład Cauchy'ego	96
9.5	Rozkład Laplace'a	98
9.6	Rozkład Stabilny	100
10	Przykład budowy dynamicznego modelu liniowego	105
10.1	Wprowadzenie	105
10.2	Badanie wewnętrznej struktury procesu	106
10.2.1	Trend	106
10.2.2	Sezonowość	107
10.2.3	Stopień autoregresji – funkcja PACF	108
10.2.4	Stopień integracji – test ADF/PP	109
10.3	Weryfikacja modelu	112
10.3.1	Estymacja dynamicznego modelu liniowego	112
10.3.2	Ocena jakości modelu	114
10.4	Diagnostyka modelu	114
10.4.1	Normalność procesu resztowego	114
10.4.2	Autokorelacja procesu resztowego	116
10.4.3	Heteroskedastyczność procesu resztowego	116
10.4.4	Stabilność parametrów modelu	117
10.4.5	Postać analityczna modelu	118
11	Przegląd wybranych testów statystycznych	121
11.1	Testy normalności	121
11.2	Testy asymptotyczne	138
11.3	Testy dla proporcji	142
12	Przykład analizy liczby przestępstw w Polsce w 2009 r.	149
12.1	Wprowadzenie	149
12.2	Mapy	150
12.3	Analiza wariancji	154
12.4	Modele dla liczebności	157
12.5	Modele dla częstości	161

13 Modele regresji	169
13.1 Wprowadzenie	169
13.2 Estymacja modelu liniowego	170
13.2.1 Metoda najmniejszych kwadratów	170
13.2.2 Poprawność specyfikacji modelu	173
13.2.3 Normalność	175
13.2.4 Heteroskedastyczność	177
13.2.5 Obserwacje odstające	178
13.2.6 Metoda najmniejszych wartości bezwzględnych	182
13.3 Estymacja modelu nieliniowego	183
13.3.1 Model kwadratowy	183
13.3.2 Model wykładniczy	185
13.3.3 Model hiperboliczny	187
14 Zbiory danych	189
14.1 Zbiór danych GUSowskich	189
Bibliografia	191

Rozdział 1

Kilka słów zamiast wstępu

na przełaj „najkrótszą drogą, nie trzymając się wytycznej trasy”

— Słownik Języka Polskiego PWN

“Kto chodzi na skróty, ten nie śpi w domu”

— Mądrość ludowa ;-)

“Nie ma drogi na skróty, do miejsca do którego, warto dojść”

— Edith

W połowie roku 2010 te notatki zostały “otwarte”. Osoby chcące je rozwijać są do tego gorąco zachęcane. Poniżej znajduje się aktualna lista autorów kolejnych rozdziałów:

- Rozdziały 2 do 6 przygotowuje Przemek Biecek
. przemyslaw.biecek@gmail.com
- Rozdziały 7 do 13 przygotowuje Krzysiek Trajkowski
. seaproject@poczta.onet.pl

Notatki zatytułowane „na przełaj” przygotowane są jako materiały pomocnicze. Każdy może z nich korzystać, pamiętając jednak że:

- Notatki zostały przygotowane tak, bym ułatwić wykonywanie pewnych analiz w R, nacisk został położony na poznanie pakietu R jako narzędzia do wykonywania danych analiz.
- Notatki NIE ZOSTAŁY przygotowane tak by uczyć się z nich metodologii. NIE SĄ tutaj dyskutowane zagadnienia teoretyczne, nie ma tu wyprowadzeń, nie ma sprawdzenia niektórych założeń. Od tego są książki, staram się w bibliografii zamieszać lepsze pozycje które udało mi się znaleźć.
- Notatki przygotowuję ucząc się danych metod, NIE SĄ więc to materiały zebrane przez eksperta, czasami nie są to nawet materiały czytane po raz drugi. Chętnie usłyszę co w takich notatkach powinno się znaleźć dodatkowo, co jest niejasne lub co jest błędem tak merytorycznym jak i językowym.

Analiza danych to nie tylko klasyczna statystyka z zagadnieniami estymacji i testowania (najczęściej wykładanymi na standardowych kursach statystyki). Znaczny zbiór metod analizy danych nazywany technikami eksploracji danych lub data mining dotyczy zagadnień klasyfikacji, identyfikacji, analizy skupień oraz modelowania złożonych procesów. Właśnie te metody będą nas interesować w poniższym rozdziale.

Data mining to szybko rosnąca grupa metod analizy danych rozwijana nie tylko przez statystyków ale głównie przez biologów, genetyków, cybernetyków, informatyków, ekonomistów, osoby pracujące nad rozpoznawaniem obrazów, myśli i wiele innych grup zawodowych. Podobnie jak w poprzednich rozdziałach nie będziemy dokładnie omawiać poszczególnych algorytmów ani szczegółowo dyskutować kontekstu

aplikacyjnego danej metody. Zakładamy, że czytelnik zna te metody, zna ich założenia i podstawy teoretyczne ale jest zainteresowany w jakich funkcjach pakietu R są one zaimplementowane. Stąd też skrótowe traktowanie wielu zagadnień. Osoby szukające więcej informacji o sposobie działania poszczególnych algorytmów znajdą z pewnością wiele pozycji poświęconym konkretnym metodom, szczególnie polecam książki ([Koronacki and Ćwik, 2005](#)) oraz ([Hastie et al., 2001](#)).

Przedstawione metody zostały podzielone na trzy grupy. Pierwsza z nich to metody związane z zagadnieniem redukcji wymiaru. Te metody są również wykorzystywane do ekstrakcji cech oraz do wstępnej obróbki danych, stanowią więc często etap pośredni w analizach. Druga grupa metod związana jest z zagadnieniem analizy skupień (w innej nomenklaturze nazywanym uczeniem bez nadzoru). Przedstawiane będą metody hierarchiczne oraz grupujące. Ostatnia grupa metod związana jest z zagadnieniem dyskryminacji (w innej nomenklaturze - uczeniem pod nadzorem lub klasyfikacją).

Rozdział 2

Redukcja wymiaru

Metody redukcji wymiaru umożliwiają przedstawienie obserwacji w przestrzeni o zadanym wymiarze, niższym niż w przypadku oryginalnych danych.

Przedstawimy wybrane metody na przykładzie danych z różnych województw (zbiór danych `daneGUS`, patrz ostatni rozdział). Dla każdego z województw zebrano informację o liczbie studentów w tych województwach w rozbiciu na 16 grup kierunków. Każde województwo jest więc opisane wektorem 16 liczb.

Przypuśćmy, że chcemy przedstawić graficznie te województwa. Jak uwzględnić wszystkie 16 parametrów? Jednym z rozwiązań jest użycie metod redukcji wymiaru i liczby zmiennych z 16 do 2. Opisanie każdego z województw dwoma liczbami ułatwi przedstawianie graficzne tych województw.

Więc do dzieła!

Redukcja wymiaru często jest pośrednim etapem w zagadnieniu klasyfikacji, analizy skupień czy regresji. W określonych sytuacjach pozwala na poprawę skuteczności tych metod, zwiększa stabilność a czasem pozwala na uwzględnienie w analizach dużej liczby zmiennych. Jest też popularnie wykorzystywaną metodą do wizualizacji wielowymiarowych zmiennych, dane są redukowane do przestrzeni dwuwymiarowej, w której już łatwo je przedstawić na wykresie. Metody z tej grupy są również nazywane metodami ekstrakcji cech, ponieważ w wyniku redukcji wymiaru tworzone są nowe cechy, które mogą być wykorzystane do innych zagadnień.

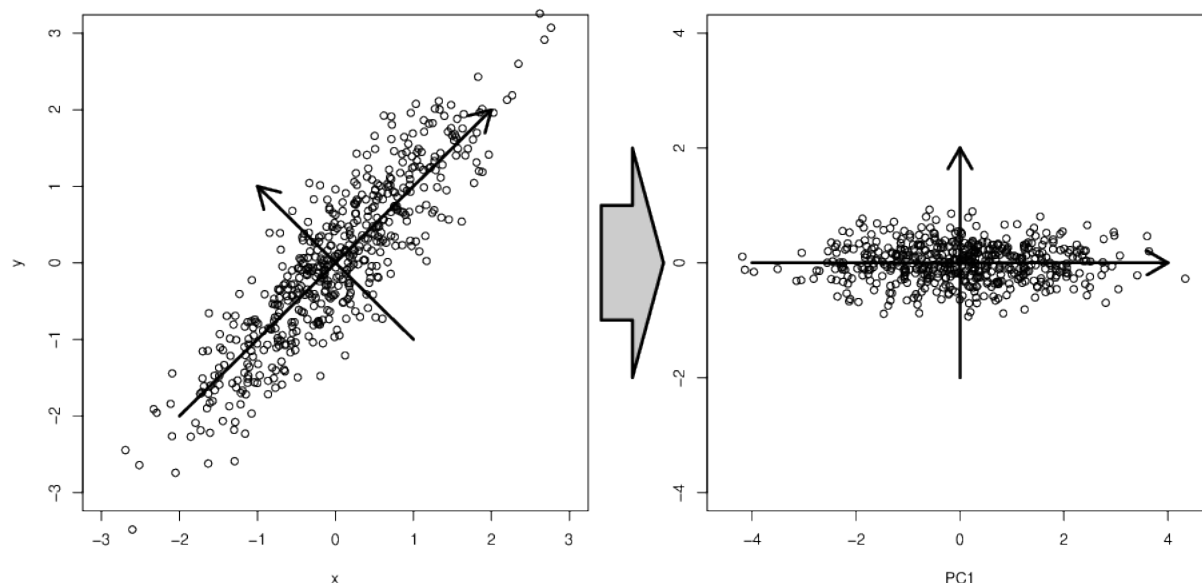
2.1 Analiza składowych głównych (PCA, ang. Principal Components Analysis)

Analiza składowych głównych służy do wyznaczania nowych zmiennych, których możliwie mały podzbiór będzie mówił możliwie dużo o całej zmienności w zbiorze danych. Nowy zbiór zmiennych będzie tworzył bazę ortogonalną w przestrzeni cech. Zmienne będą wybierane w ten sposób by pierwsza zmienna odwzorowywała możliwie dużo zmienności w danych (po rzutowaniu obserwacji na ten wektor, chcemy by wariancja rzutów była najwyższa). Po wyznaczeniu pierwszej zmiennej wyznaczamy drugą, tak by była ortogonalna do pierwszej, i wyjaśniała możliwie dużo pozostałej zmienności, kolejną zmienną wybieramy tak by była ortogonalna do dwóch pierwszych itd.

Tak uzyskany zbiór wektorów tworzy bazę ortogonalną w przestrzeni cech, a co więcej pierwsze współrzędne wyjaśniają większość zmienności w obserwacjach. Celem metody składowych głównych jest więc znalezienie transformacji układu współrzędnych, która lepiej opisze zmienność pomiędzy obserwacjami. Przykład takiej transformacji pokazujemy na rysunku 2.1. Przedstawiamy obserwacje w oryginalnym układzie współrzędnych (lewy rysunek) i w nowym układzie współrzędnych (prawy rysunek).

W pakiecie R dostępnych jest kilka implementacji metody składowych głównych. Przedstawione poniżej najpopularniejsze wersje znajdują się w funkcjach `prcomp(stats)` i `princomp(stats)` z pakietu `stats`. Inne popularne wersje znaleźć można w funkcjach `PCA(FactoMineR)`, `cmdscale(stats)` lub `pca(pcurve)`.

Poszczególne implementacje różnią się metodami wykorzystanymi do znalezienia nowego układu zmiennych. W przypadku funkcji `prcomp()` nowe zmienne wyznaczane są z użyciem dekompozycji na



Rysunek 2.1: Przykład transformacji zmiennych z użyciem metody PCA.

wartości osobliwe SVD. Ten sposób wyznaczania składowych głównych jest zalecany z uwagi na dużą dokładność numeryczną. W funkcji `princomp()` składowe główne są wyznaczone poprzez wektory własne macierzy kowariancji pomiędzy zmiennymi, używana jest więc dekompozycja spektralna. Teoretyczne właściwości wyznaczonych składowych głównych będą identyczne, jednak w określonych sytuacjach otrzymane wyniki dla poszczególnych funkcji mogą się różnić.

Poniższy kod pokazuje w jaki sposób działa funkcja `princomp()`. Wyznaczane są wektory własne macierzy kowariancji, tworzą one macierz przekształcenia dla danych.

```
kowariancja = cov(dane)
eig = eigen(kowariancja)
noweDane = dane %*% eig$eigenvectors
```

Poniższy kod pokazuje w jaki sposób działa funkcja `prcomp()`. Wykorzystywana jest dekompozycja SVD.

```
svdr = svd(dane)
noweDane = dane %*% svdr$v
```

Obu funkcji do wyznaczania składowych głównych używa się w podobny sposób, kolejne argumenty określają zbiór danych (można wskazać macierz, ramkę danych, lub formułę określającą które zmienne mają być transformowane) oraz informacje czy zmienne powinny być uprzednio wycelowane i przeskalowane. To czy dane przed wykonaniem analizy składowych głównych mają być przeskalowane zależy od rozwiązywanego problemu, w większości sytuacji skalowanie pozwala usunąć wpływ takich artefaktów jak różne jednostki dla poszczególnych zmiennych. W obiektach przekazywanych jako wynik przez obie funkcje przechowywane są podobne informacje, choć w polach o różnej nazwie. Wynikiem funkcji `prcomp()` jest obiekt klasy `prcomp`, którego pola są wymienione w tabeli 2.1.

Dla obiektów klasy `prcomp` dostępne są przeciążone wersje funkcji `plot()`, `summary()`, `biplot()`. Poniżej przedstawiamy przykładowe wywołanie tych funkcji. Graficzny wynik ich działania jest przedstawiony na rysunku 2.2. Lewy rysunek przedstawia wynik dla funkcji `plot()` a prawy przedstawia wynik funkcji `biplot()` wykonanych dla argumentu klasy `prcomp`. Na lewym rysunku przedstawione są wariacje

Tablica 2.1: Pola obiektu klasy prcomp.

.	opis
\$sdev	Wektor odchyleń standardowych dla obserwacji. Kolejne zmienne odpowiadają odchyleniom standardowym liczonym dla kolejnych składowych głównych.
\$rotation	Macierz obrotu przekształcająca oryginalny układ współrzędnych w nowy układ współrzędnych.
\$center	Wektor wartości wykorzystanych przy centrowaniu obserwacji.
\$scale	Wektor wartości wykorzystanych przy skalowaniu obserwacji.
\$x	Macierz współrzędnych kolejnych obserwacji w nowym układzie współrzędnych, macierz ta ma identyczne wymiary co oryginalny zbiór zmiennych.

wyjaśnione przez kolejne wektory nowego układu współrzędnych. Ta informacja jest podawana również przez funkcję `summary()`. Prawy rysunek przedstawia biplot, na którym umieszczone są dwa wykresy. Jeden przedstawia indeksy obserwacji przedstawione na układzie współrzędnych określonych przez dwie pierwsze składowe główne (w tym przypadku dwie współrzędne wyjaśniają około 50% całej zmienności). Drugi rysunek przedstawia kierunki w których działają oryginalne zmienne, innymi słowy przedstawiają jak wartość danej zmiennej wpływa na wartości dwóch pierwszych składowych głównych.

Jeżeli wektory mają przeciwne zwroty to dane zmienne są ujemnie skorelowane (nie można jednak ocenić wartości korelacji), jeżeli zwroty są prostopadłe to zmienne są nieskorelowane, a jeżeli zwroty są bliskie to zmienne są dodatnio skorelowane.

```
dane0 <- read.table("http://www.biecek.pl/R/dane/dane0.csv", sep=";", header = TRUE)
# przygotowujemy dane, usuwamy zmienne jakościowe i brakujące przypadki
dane = na.omit(dane0[, -c(4,5,6,7)])
# wykonujemy analizę składowych głównych, normalizując wcześniej zmienne
wynik = prcomp(dane, scale=T)
# jak wygląda obiekt z wynikami od środka
str(wynik)

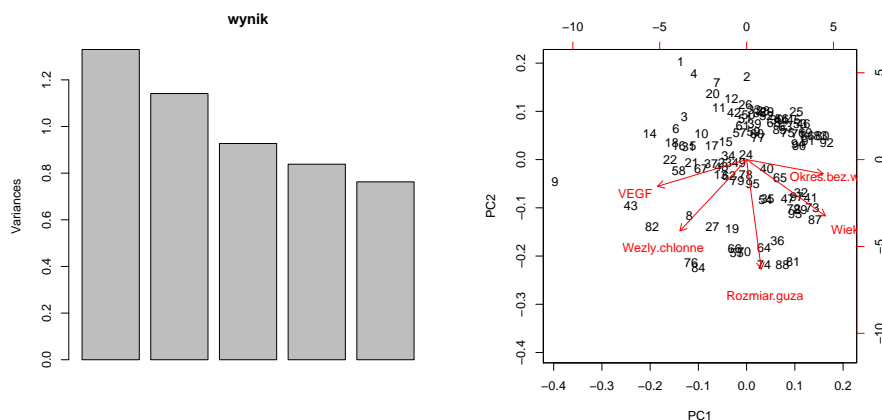
## List of 5
## $ sdev      : num [1:5] 1.153 1.068 0.963 0.916 0.873
## $ rotation: num [1:5, 1:5] 0.5016 0.0935 -0.4244 0.4878 -0.5671 ...
## .. attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : chr [1:5] "Wiek" "Rozmiar.guza" "Wezly.chlonne" "Okres.bez.wznowy" ...
## .. ..$ : chr [1:5] "PC1" "PC2" "PC3" "PC4" ...
## $ center   : Named num [1:5] 45.417 1.271 0.417 37.406 2640.896
## .. attr(*, "names")= chr [1:5] "Wiek" "Rozmiar.guza" "Wezly.chlonne" "Okres.bez.wznowy" ...
## $ scale    : Named num [1:5] 6.206 0.447 0.496 9.527 3616.045
## .. attr(*, "names")= chr [1:5] "Wiek" "Rozmiar.guza" "Wezly.chlonne" "Okres.bez.wznowy" ...
## $ x        : num [1:96, 1:5] -1.5446 0.0105 -1.4565 -1.2352 -1.2541 ...
## .. attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : chr [1:96] "1" "2" "3" "4" ...
## .. ..$ : chr [1:5] "PC1" "PC2" "PC3" "PC4" ...
## - attr(*, "class")= chr "prcomp"

# zamiast obrazka możemy tę informację mieć przedstawioną jako ramkę danych
summary(wynik)

## Importance of components:
##              PC1      PC2      PC3      PC4      PC5
## Standard deviation  1.1534 1.0684 0.9629 0.9157 0.8733
```

```
## Proportion of Variance 0.2661 0.2283 0.1854 0.1677 0.1525
## Cumulative Proportion 0.2661 0.4943 0.6798 0.8475 1.0000
```

```
par(mfcol=c(1,2))
# ten wykres przedstawia ile wariancji jest wyjaśnione przez kolejne zmienne
plot(wynik)
# narysujmy biplot dla tych wyników
biplot(wynik)
```



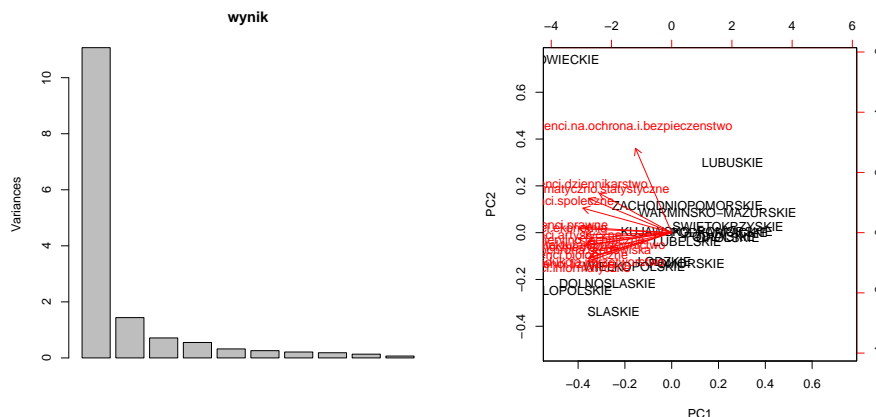
Rysunek 2.2: Graficzna reprezentacja wyników funkcji prcomp().

I jeszcze przykład dla danych GUSowskich

```
daneGUS <- read.table("http://www.biecek.pl/R/dane/Dane2007GUS.csv", sep=";", h=T, dec=",")
# przygotowujemy dane, wybieramy tylko kolumny dotyczące studentów
dane = daneGUS[,5:19]
# wykonujemy analizę składowych głównych
wynik = prcomp(dane, scale=T)
# zamiast obrazka możemy tę informację mieć przedstawioną jako ramkę danych
summary(wynik)
```

```
## Importance of components:
##          PC1      PC2      PC3      PC4      PC5      PC6
## Standard deviation  3.3274 1.19941 0.84435 0.74182 0.5666 0.50895
## Proportion of Variance 0.7381 0.09591 0.04753 0.03669 0.0214 0.01727
## Cumulative Proportion 0.7381 0.83400 0.88153 0.91821 0.9396 0.95688
##          PC7      PC8      PC9     PC10     PC11     PC12
## Standard deviation  0.45921 0.42930 0.36576 0.25868 0.16275 0.11174
## Proportion of Variance 0.01406 0.01229 0.00892 0.00446 0.00177 0.00083
## Cumulative Proportion 0.97094 0.98323 0.99215 0.99661 0.99837 0.99920
##          PC13     PC14     PC15
## Standard deviation  0.09009 0.06113 0.008919
## Proportion of Variance 0.00054 0.00025 0.000010
## Cumulative Proportion 0.99975 0.99999 1.000000
```

```
par(mfcol=c(1,2))
# ten wykres przedstawia ile wariancji jest wyjaśnione przez kolejne zmienne
plot(wynik)
# narysujmy biplot dla tych wyników
biplot(wynik)
```



Rysunek 2.3: Graficzna reprezentacja wyników PCA dla danych GUSowych.

Zobaczmy jak wygląda macierz przekształcenia. Można z niej odczytać w jaki sposób poszczególne współrzędne wpływają na kolejne składowe.

W przypadku pierwszej składowej współczynniki przy praktycznie każdej zmiennej wynoszą około $-0,25$. W przybliżeniu oznacza to, że pierwsza składowa będzie odpowiadała łącznej liczbie studentów w danym województwie. A więc im więcej studentów tym mniejsza wartość pierwszej składowej.

Druga składowa jest już ciekawsza, ponieważ różnym województwom odpowiadają różne współczynniki. Województwa o dużych wartościach na drugiej składowej to województwa z "nadreprezentacją" studentów z kierunków społecznych, dziennikarstwa, matematyki i ochrony a "niedomiary" studentów z nauk biologicznych, fizycznych, informatycznych i produkcji.

```
# macierz przekształcenia
wynik$rotation[,1:4]
```

	PC1	PC2	PC3
## studenci.artystyczne	-0.2668431	-0.01935350	-0.39012931
## studenci.spoleczne	-0.2769475	0.21209089	-0.06445972
## studenci.ekonomia	-0.2908474	0.03508728	-0.12031553
## studenci.prawne	-0.2724967	0.04551798	-0.11257234
## studenci.dziennikarstwo	-0.2258601	0.34018454	0.43605864
## studenci.biologiczne	-0.2496580	-0.16285221	0.32214165
## studenci.fizyczne	-0.2604590	-0.22242474	-0.24023057
## studenci.matematyczno.statystyczne	-0.2599768	0.29657185	0.03841079
## studenci.informatyczne	-0.2621867	-0.24703158	-0.01225057
## studenci.medyczne	-0.2654754	-0.10490797	-0.44763987
## studenci.inzynieryjno.techniczne	-0.2913698	-0.05414636	0.02117248
## studenci.produkcja.i.przetworstwo	-0.2521053	-0.20996741	0.24515891
## studenci.architektura.i.budownictwo	-0.2621286	-0.08025265	0.42188743
## studenci.na.ochrona.srodowiska	-0.2744594	-0.11530401	0.07394037
## studenci.na.ochrona.i.bezpieczenstwo	-0.1129936	0.72998765	-0.13728919
##	PC4		
## studenci.artystyczne	0.06339131		
## studenci.spoleczne	-0.18107667		
## studenci.ekonomia	0.01692755		
## studenci.prawne	0.27527826		
## studenci.dziennikarstwo	0.37212854		
## studenci.biologiczne	0.40296643		
## studenci.fizyczne	0.28846603		
## studenci.matematyczno.statystyczne	0.13851583		

Tablica 2.2: Pola obiektu będącego wynikiem funkcji `sammon()`.

.	opis
<code>\$points</code>	Macierz współrzędnych obiektów w nowej k -wymiarowej przestrzeni.
<code>\$stress</code>	Uzyskana wartość optymalizowanego parametru stresu.

```
## studenci.informatyczne      -0.33688023
## studenci.medyczne           0.09636022
## studenci.inzynieryjno.techniczne -0.08996322
## studenci.produkcja.i.przetworstwo -0.39126146
## studenci.architektura.i.budownictwo -0.15234913
## studenci.na.ochrona.srodowiska -0.29601767
## studenci.na.ochrona.i.bezpieczenstwo -0.29845944
```

2.2 Nieliniowe skalowanie wielowymiarowe (Sammon Mapping)

W przypadku metody PCA nowe współrzędne konstruowano tak, by były one kombinacjami liniowymi oryginalnych danych. To oczywiście nie jest jedyna możliwość konstrukcji nowych zmiennych. Postawmy zagadnienie skalowania następująco.

Dane: mamy n obiektów oraz macierz odległości pomiędzy każdą parą obiektów. Oznaczmy przez d_{ij} odległość pomiędzy obiektem i -tym i j -tym. Szukane: reprezentacja obiektów w przestrzeni k wymiarowej, tak by zminimalizować

$$stress = \frac{\sum_{ij} (d_{ij} - \bar{d}_{ij})^2 / d_{ij}}{\sum_{ij} d_{ij}}$$

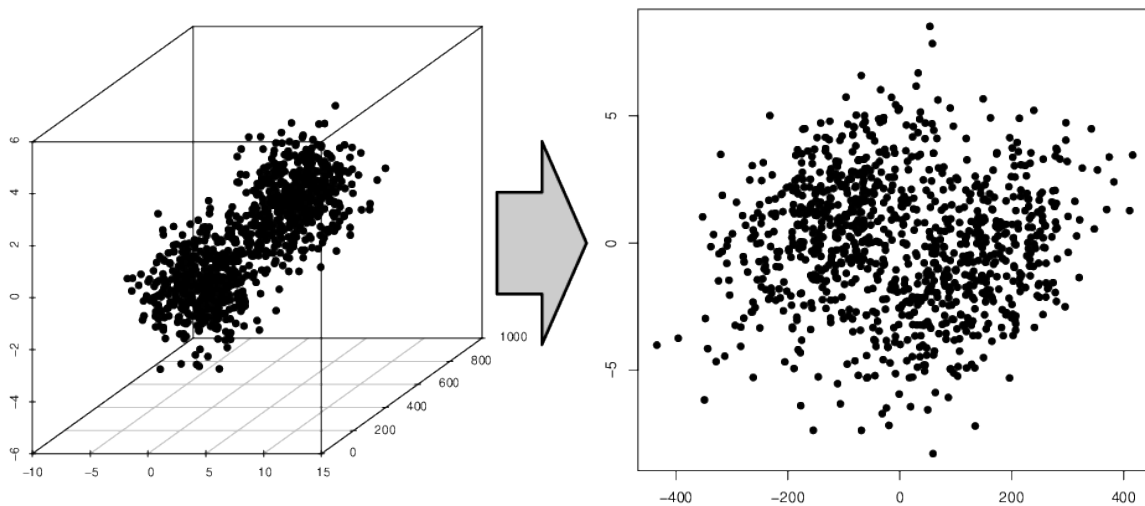
gdzie \bar{d}_{ij} to odległość pomiędzy obiektami i i j w nowej k -wymiarowej przestrzeni.

Innymi słowy, szukamy (niekoniecznie liniowego) przekształcenia, które możliwie najwierniej (w sensie ważonego błędu kwadratowego) zachowa odległości pomiędzy obiektami. Takie przekształcenie poszukiwane jest iteracyjnie.

Jak to zrobić w R? Można np. używając funkcji `sammon(MASS)`. Pierwszym argumentem tej funkcji powinna być macierz odległości pomiędzy obiektami (np. wynik funkcji `dist()`) a argument `k` określa na iluwymiarową przestrzeń chcemy skalować dane (domyślnie $k = 2$).

```
# wyznaczamy macierz odległości
odleglosci = dist(dane)
# wyznaczamy nowe współrzędne w przestrzeni dwuwymiarowej
noweSammon = MASS::sammon(odleglosci, k=2, trace=FALSE)
# jak wyglądać nowe współrzędne
head(noweSammon$points)
```

```
##           [,1]      [,2]
## DOLNOSLASKIE 15211.180 3403.2348
## KUJAWSKO-POMORSKIE -7063.770 3448.9048
## LODZKIE      1251.418 -916.5612
## LUBELSKIE    -4912.805 1058.6175
## LUBUSKIE     -12775.224 3090.0001
## MALOPOLSKIE  21526.869 1963.5498
```



Rysunek 2.4: Przykład skalowania wielowymiarowego.

2.3 Skalowanie wielowymiarowe Kruskalla (MDS, ang. Multidimensional Scaling)

Jak już wspominaliśmy, metody redukcji wymiaru są często wykorzystywane do wizualizacji danych. W przypadku analizy składowych głównych po znalezieniu współrzędnych obiektów w nowej bazie wystarczy wziąć dwie pierwsze współrzędne by móc przedstawiać zbiór obserwacji na wykresie dwuwymiarowym, trzy pierwsze by móc przedstawić zbiór obserwacji na wykresie trójwymiarowym itp. Wadą analizy składowych głównych jest uwzględnianie wyłącznie zmiennych ilościowych. Kolejnym minusem jest konieczność posiadania wartości pomiarów dla kolejnych zmiennych, nie można tej metody użyć w sytuacji gdy mamy wyłącznie informacje o podobieństwie lub odległości pomiędzy obiektami.

Metody skalowania Sammona i Kruskalla nie mają tych wad. Są to metody ekstrakcji cech, na podstawie macierzy odległości lub macierzy niepodobieństwa pomiędzy obiektami. Celem tych metod jest wyznaczenie współrzędnych w nowym układzie współrzędnych, w taki sposób by odległości pomiędzy obiektami w nowym układzie współrzędnych były podobne do oryginalnych odległości pomiędzy obiektami. Przykład skalowania wielowymiarowego przedstawiliśmy na rysunku 2.4.

W przypadku skalowania Kruskalla minimalizowana jest wartość

$$stress = \frac{\sum_{ij} (f(d_{ij}) - \tilde{d}_{ij})^2}{\sum_{ij} f(d_{ij})^2},$$

gdzie \tilde{d}_{ij} to odległość pomiędzy obiektami i i j w nowej k -wymiarowej przestrzeni a d_{ij} to oryginalne odległości pomiędzy obiektami przekształcone przez pewną monotoniczną funkcję $f()$ (więc d_{ij} i \tilde{d}_{ij} mogą być w różnych skalach!).

Skalowanie wielowymiarowe jest w R dostępne w kilku funkcjach:

- funkcja `isoMDS(MASS)` wyznacza niemetryczne skalowanie Kruskalla,
- funkcja `sammon(MASS)` wyznacza niemetryczne skalowanie Sammona (patrz poprzedni podrozdział [TODO: uspojnić!!]),
- funkcja `cmdscale(stats)` wyznacza skalowanie metryczne inaczej PCA (patrz poprzedni podrozdział [TODO: uspojnić!!]).

Poniżej przedstawimy przykłady użycia dla funkcji `isoMDS()`, z pozostałych korzysta się podobnie. Najważniejszym argumentem wejściowym do algorytmu skalowania wielowymiarowego jest macierz odległości pomiędzy obserwacjami. Wyznaczyć ją można np. funkcją `dist(stats)`. W funkcji `dist()` zaimplementowane są wszystkie popularne metody liczenia odległości pomiędzy obserwacjami, w tym odległość euklidesowa (najpopularniejsza, odpowiadająca sumie kwadratów różnic poszczególnych współrzędnych, tej odległości odpowiada argument `method="euclidean"`), odległość Manhattan, nazywana też odległością taksówkową lub miejską (suma modułów różnic pomiędzy współrzędnymi, argument `method="manhattan"`), odległość Mińkowskiego (argument `method="minkowski"`) oraz kilka innych mniej popularnych odległości. Jeżeli w zbiorze danych znajdują się zmienne jakościowe to funkcja `dist()` sobie z nimi nie poradzi. W takiej sytuacji lepiej wykorzystać funkcję `daisy(cluster)` wyznaczającą macierz niepodobieństwa pomiędzy obiektami. Funkcja `daisy()` uwzględnia również zmienne jakościowe (poniżej przedstawiamy przykład użycia). Macierz odległości jest obiektem klasy `dist()` i nie jest pamiętana jako macierz, a jedynie jako połowa macierzy (ponieważ odległość jest symetryczna szkoda pamięci na przechowywanie nadmiarowych danych). Jeżeli potrzebujemy przekształcić obiekt `dist()` na macierz to możemy wykorzystać funkcję `as.matrix()`.

Wynikiem algorytmu skalowania wielowymiarowego są współrzędne obserwacji w pewnym nowym układzie współrzędnych. Możemy wybrać wymiar przestrzeni na jaką mają być przeskalowane dane (argument `k` funkcji `isoMDS`). Z pewnością po wykonaniu skalowania interesować nas będzie na ile skalowanie zachowało odległości pomiędzy obiektami, czy dużo jest znacznych zniekształceń. Do oceny wyników skalowania wykorzystać można wykres Sheparda przedstawiający na jednej osi oryginalne odległości pomiędzy obiektami a na drugiej osi odległości w nowym układzie współrzędnych. Do wyznaczenia obu wektorów odległości służy funkcja `Shepard(MASS)`, można też skorzystać z wrappera na tę funkcję, czyli z funkcji `stressplot(vegan)`.

Poniżej przedstawiamy przykład skalowania wielowymiarowego. Wykorzystamy tę metodę do przedstawienia za pomocą dwuwymiarowego wykresu podobieństw pomiędzy pacjentkami ze zbioru danych `dane0`. Graficzny wynik tych analiz jest przedstawiony na rysunku 2.5. Lewy rysunek przedstawia pacjentki w nowym dwuwymiarowym układzie współrzędnych, w tym przypadku pacjentki przedstawiane są jako punkty. Wypełniony punkt oznacza dla niepowodzenie leczenia a więc wznowę, a pusty w środku w oznacza wyleczenie pozytywne (widzimy, że pacjentki z niepowodzeniami grupują się blisko siebie). Ciekawym byłoby naniesienie na ten wykres nazwisk pacjentek i porównanie, które pacjentki pod względem zmierzonych wartości były do siebie podobne. Prawy rysunek przedstawia dokładność skalowania, a więc jak oryginalne odległości mają się do odległości w nowym układzie współrzędnych.

```
dane0 <- read.table("http://www.biecek.pl/R/dane/dane0.csv", sep=";", header = TRUE)
# konstruujemy macierz niepodobieństwa pomiędzy pacjentkami, również zmienne jakościowe są uwzględnione
niepodobienstwa = cluster::daisy(dane0)
```

```
## Warning in cluster::daisy(dane0): binary variable(s) 2, 3 treated as
## interval scaled
```

```
# przeprowadzamy skalowanie niemetryczne, skalujemy do przestrzeni o
# dwóch wymiarach
skalowanie = MASS::isoMDS(niepodobienstwa, k=2)
```

```
## initial value 30.138174
## iter 5 value 25.846808
## final value 25.531983
## converged
```

```
# obiekt wynikowy zawiera współrzędne obserwacji w nowym układzie współrzędnych
str(skalowanie)
```

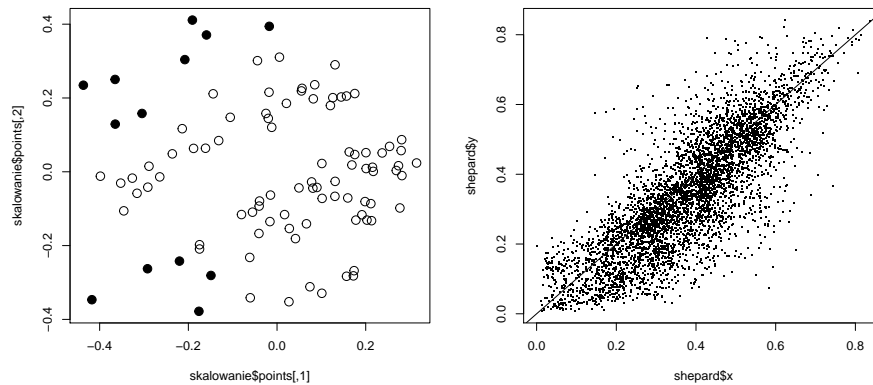
```
## List of 2
## $ points: num [1:97, 1:2] 0.1011 0.3147 -0.1055 0.2811 -0.0604 ...
```


2.3. SKALOWANIE WIELOWYMIAROWE KRUSKALLA (MDS, ANG. MULTIDIMENSIONAL SCALING)¹⁷

```
##    ... attr(*, "dimnames")=List of 2
##    .. ..$ : chr [1:97] "1" "2" "3" "4" ...
##    .. ..$ : NULL
##    $ stress: num 25.5

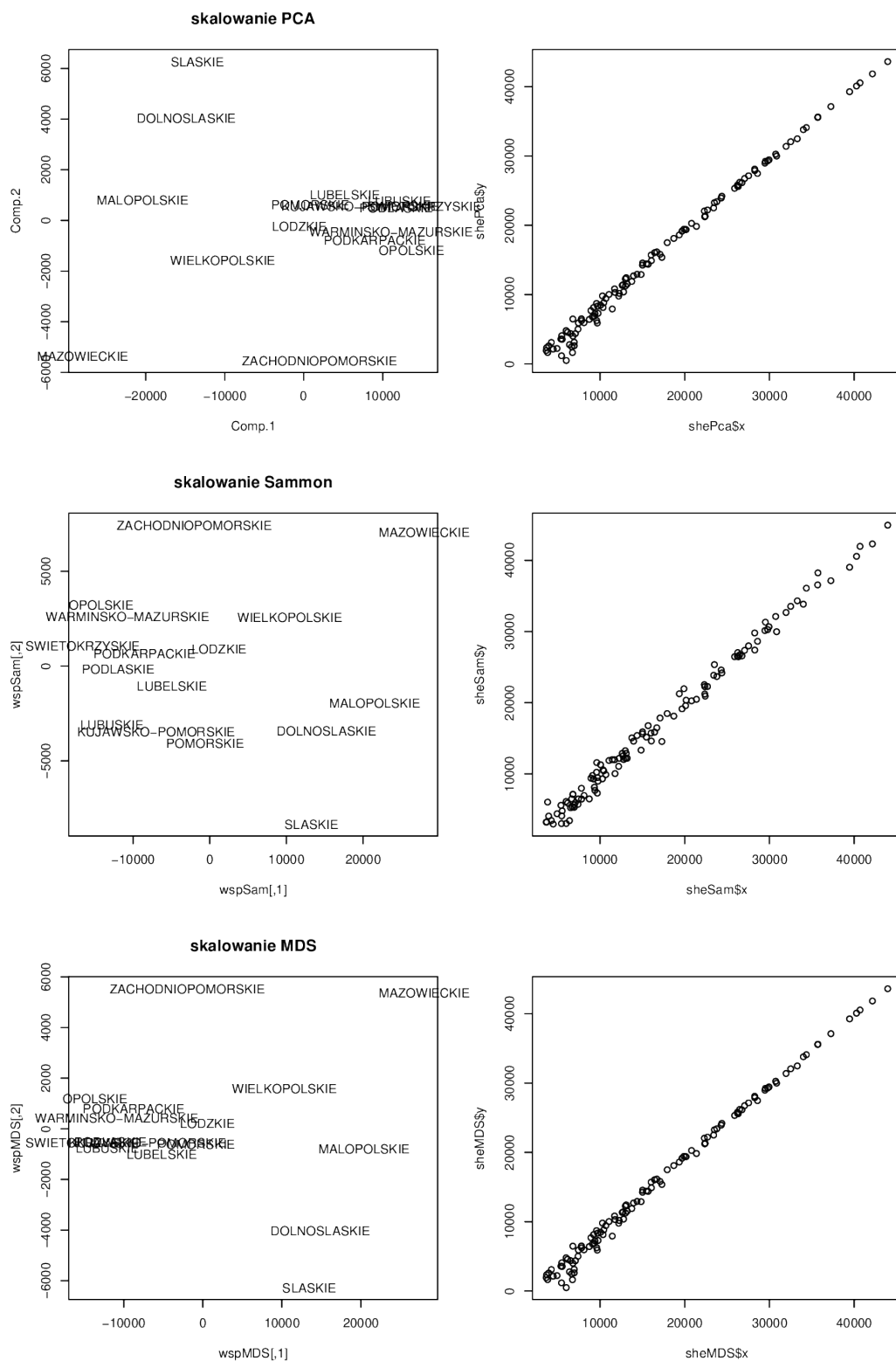
# konstruujemy wektor pomocniczy do rysowania
ksztalty = ifelse(dane0$Niepowodzenia=="brak", 21, 19)

par(mfcol=c(1,2))
# rysujemy pacjentki w nowym układzie współrzędnych
plot(skalowanie$points, type = "p", pch=ksztalty, cex=1.5)
# rysujemy również diagram Sheparda
shepard <- MASS::Shepard(niepodobienstwa, skalowanie$points)
plot(shepard, pch = ".")
abline(0,1)
```



Rysunek 2.5: Graficzna reprezentacja wyników funkcji `isoMDS()` i `Shepard()`.

Zobaczmy jak wyglądają dane o województwach po przeskalowaniu różnymi metodami. Na wykresie 2.6 po lewej stronie przedstawiamy przeskalowane dane a po prawej wykresy Sheparda.



Rysunek 2.6: Graficzna reprezentacja wyników różnych funkcji skalowania, na przykładach danych GUS.

Rozdział 3

Analiza skupień

Analiza skupień to zbiór metod pozwalających na wyróżnienie zbiorów obserwacji (nazywanych skupieniami lub klastrami) podobnych do siebie. Proces szukania podziału na grupy, nazywany jest czasem klastrowaniem. W pakiecie R dostępnych jest bardzo wiele metod do przeprowadzania analizy skupień. Poniżej omówimy jedynie kilka wybranych funkcji z pakietów `cluster` i `stats`. Osoby zainteresowane tym tematem powinny przyrzeć się również funkcjom z pakietów `flexclust` oraz `mclust02`.

Wyniki działania wybranych procedur analizy skupień przedstawimy na przykładzie zbioru danych benchmarkowych. W pakiecie `mlbench` (skrót od Machine Learning Benchmark Problems) umieszczonych jest wiele ciekawych zbiorów danych wykorzystywanych do testowania właściwości algorytmów dyskryminacji lub analizy skupień. W tym pakiecie znajdują się zbiory rzeczywistych danych, jak również funkcje do generowania zbiorów danych o określonych kształtach lub właściwościach. Dwa zbiory wygenerowanych danych na których będziemy testować metody analizy skupień przedstawione są na rysunku 3.1. Zostały one wygenerowane funkcjami `mlbench.cassini(mlbench)` i `mlbench.2dnormals(mlbench)`.

Do wyznaczania skupisk wystarczy macierz odległości pomiędzy obiektami. Domyślnie wyznaczone są odległości euklidesowe (może więc warto skalować dane?) ale można te odległości liczyć korzystając z innych funkcji `dist.BC(clusterSim)`, `dist.GDM(clusterSim)`, `dist.SM(clusterSim)`, `dist(stats)`, `dist.binary(ade4)`.

3.1 Metoda k-średnich

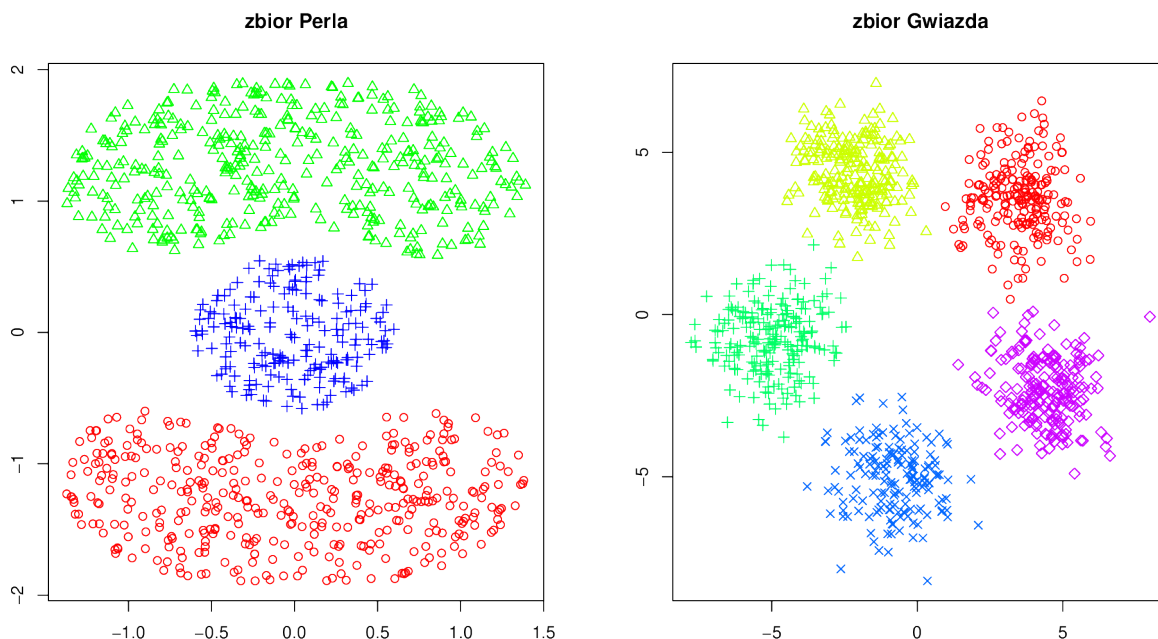
Celem tej metody jest podział zbioru danych na k klastrów. Dobry podział to taki, w którym suma odległości obserwacji należących do klastra jest znacznie mniejsza od sumie odległości obserwacji pomiędzy klastrami. Metoda k-średnich polega na wyznaczeniu współrzędnych k punktów, które zostaną uznane za środki klastrów. Obserwacja będzie należała do tego klastra, którego środek jest najbliższy niej.

Metoda k-średnich jest zaimplementowana w funkcji `kmeans(stats)`. Pierwszym argumentem tej funkcji jest ramka danych określająca wartości zmiennych dla kolejnych obserwacji. Drugim argumentem może być pojedyncza liczba określająca ile klastrów chcemy identyfikować (w tym przypadku środki klastrów będą wyznaczone iteracyjnym algorytmem) lub wektor środków klastrów. Algorytm wyboru środków klastrów jest algorytmem zrandomizowanym, może też dawać różne wyniki nawet na tym samym zbiorze danych! Dlatego też zalecane jest uruchomienie kilkakrotnie tego algorytmu oraz wybranie najlepsze go podziału na klastry. Można to zrobić też automatycznie, określając argument `nstart` funkcji `kmeans()`.

Algorytm k-średnich minimalizuje $tr(W)$ gdzie W to macierz kowariancji wewnątrz klas. Opisuje go poniższa sekwencja

1. wybierany jest wstępny podział (w razie potrzeby można ten wybór powtórzyć wielokrotnie by znaleźć globalne maksimum),
2. przypisuje się obiekty do klasy z najbliższym środkiem ciężkości
3. przelicza się środki ciężkości dla nowych klas

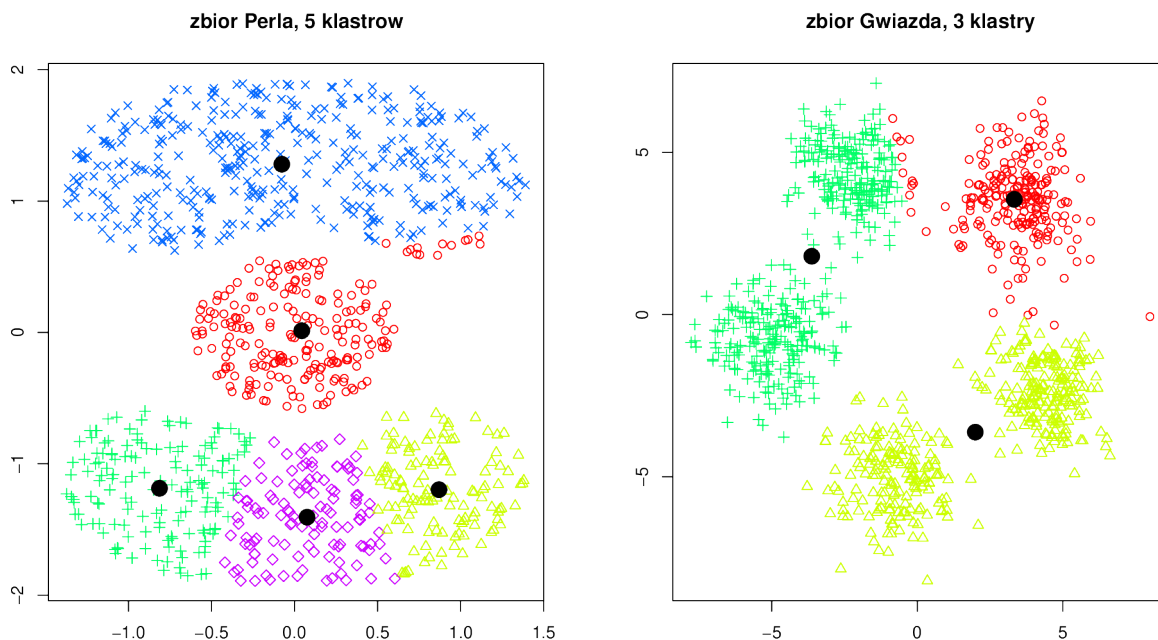
4. kroki 2-3 powtarza się tak długo aż nie będą zachodziły żadne zmiany.



Rysunek 3.1: Dane, na których będziemy przedstawiać metody analizy skupień.

Poniżej prezentujemy przykład użycia funkcji `kmeans()`. Wyniki analizy skupień przedstawione są graficznie na rysunku 3.2. Różne klastry zaznaczono punktami o różnych kształtach. Czarne pełne punkty wskazują na środki znalezionych klastrów. Oczywiście właściwszym byłoby dopasowanie do lewego przykładu 3 klastrów, a do prawego 5 klastrów. Na przedstawionych przykładach możemy prześledzić ci się dzieje, jeżeli źle określimy liczbę klastrów (czytelnik powinien spróbować powtórzyć te analizy, wyniki najprawdopodobniej otrzyma inne!).

```
# szukamy 5 klastrów, nie trafiło się nam najlepsze dopasowanie
> klaster = kmeans(zbiorPerla,5)
# jak wygląda wynik w środku?
# pole $cluster określa numer klastra dla kolejnych punktów, $centers
# określa współrzędne środków klastrów
> str(klaster)
List of 4
 $ cluster : int [1:1000] 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 ...
 $ centers : num [1:5, 1:2] 0.03203 -0.00749 -0.08380 -0.81601 0.91808
 ...
 .. attr(*, "dimnames")=List of 2
 .. ..$ : chr [1:5] "1" "2" "3" "4" ...
 .. ..$ : NULL
 $ withinss: num [1:5] 22.4 10.9 126.9 11.5
 9.8
 $ size
 : int [1:5] 103 69 197 70 61
 - attr(*, "class")= chr "kmeans"
# rysujemy punkty, różne klastry oznaczamy innymi kształtami punktów
```



Rysunek 3.2: Graficzna prezentacja działania funkcji kmeans().

```
> plot(zbiorPerla, pch=klaster$cluster)
# dorysujmy środki klastrów
> points(klaster$centers, cex=2, pch=19)
> klaster = kmeans(zbiorGwiazda,2)
> plot(zbiorGwiazda, pch=klaster$cluster)
> points(klaster$centers, cex=2, pch=19)
```

Na powyższym przykładzie przedstawiliśmy pola w obiektach przekazanych przez funkcję kmeans(). Pole \$cluster określa do jakiego klastra została przyporządkowana dana obserwacja, a pole \$centers to współrzędne środków poszczególnych klastrów.

3.2 Metoda grupowania wokół centroidów (PAM, ang. Partitioning Around Medoids)

Metoda PAM działa na podobnej zasadzie jak k-średnich, z tą różnicą, że środkami klastrów są obserwacje ze zbioru danych (nazywane centroidami lub centrami klastrów). W metodzie PAM zbiór możliwych środków klastrów jest więc znacznie mniejszy, niż w metodzie k-średnich, zazwyczaj też wyniki działania metody PAM są stabilniejsze. Na rysunku 3.3 przedstawiony jest wynik działania poniższego przykładowego wywołania tej funkcji. Podobnie jak poprzednio różne klastry zaznaczono punktami o różnych kształtach. Czarne pełne punkty to środki klastrów (w tej metodzie odpowiadają przypadkom ze zbioru danych).

```
# ponownie szukamy 5 klastrów
> klaster = pam(zbiorPerla,5)
> # jak wygląda wynik w środku?
# pole $medoids określa współrzędne środków klastrów (wybranych
# przypadków), $in.med określa indeksy obserwacji, które są środkami
# klastrów, $clustering to wektor indeksów kolejnych klastrów, $silinfo
```

```

# to informacje o dopasowaniu danego obiektu do klastra w którym się
# znajduje (wartość silhouette)
> str(klaster)
List of 10
 $ medoids
 : num [1:5, 1:2] 6.47e-01 -6.26e-01 -6.38e-01 5.87e-01
 1.59e-05 ...
 $ id.med
 : int [1:5] 24 126 230 267 464
 $ clustering: int [1:1000] 1 1 2 1 1 2 1 1 1 2 ...
 $ objective : Named num [1:2] 0.526 0.461
 ..- attr(*, "names")= chr [1:2] "build" "swap"
 $ isolation : Factor w/ 3 levels "no","L","L*": 1 1 1 1 1
 ..- attr(*, "names")= chr [1:5] "1" "2" "3" "4" ...
 $ clusinfo : num [1:5, 1:5] 87 113 101 99 100 ...
 ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
 .. ..$ : NULL
 .. ..$ : chr [1:5] "size" "max_diss" "av_diss" "diameter" ...
 $ silinfo
 :List of 3
 ..$ widths
 : num [1:1000, 1:3] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 .. ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
 .. .. ..$ : chr [1:500] "12" "96" "133" "155" ...
 .. .. ..$ : chr [1:3] "cluster" "neighbor" "sil_width"
 ..$ clus.avg.widths: num [1:5] 0.434 0.440 0.482 0.443 0.508
 ..$ avg.width
 : num 0.462
 $ diss
 : NULL
 $ call
 : language pam(x = zb1$x, k = 5)
 $ data
 : num [1:1000, 1:2] 0.0964 0.6938 -0.5325 1.2839 0.1743
 ...
 - attr(*, "class")= chr [1:2] "pam" "partition"
> # rysujemy punkty, różne klastry oznaczamy innymi kształtami punktów
> plot(zbiorPerla, pch=klaster$clustering)
> # dorysujmy środki klastrów
> points(klaster$medoids, cex=2, pch=19)

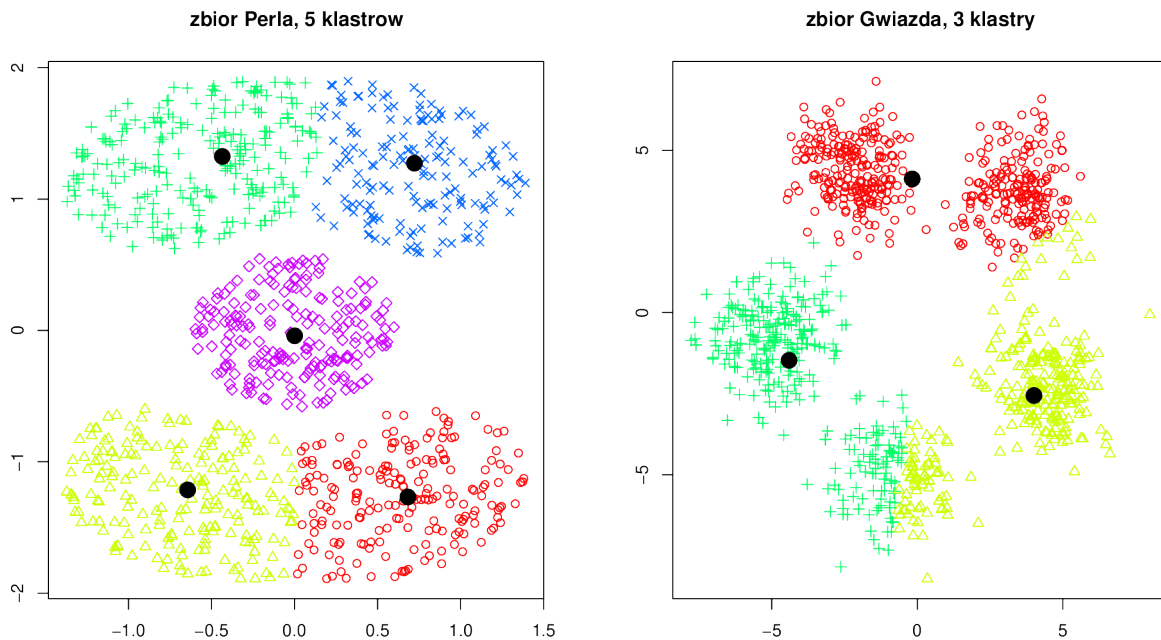
```

Obiekt, będący wynikiem funkcji `pam()` ma sporo pól, najistotniejsze to `$medoids` ze współrzędnymi medoidów, `$id.med` z indeksami medoidów i `$clustering` z indeksami klastrów, do których zostały przypisane kolejne obserwacje.

Metoda PAM jest obliczeniowo złożona. Może być niemożliwym obliczeniowo wykonanie jej na dużym zbiorze danych. Do klastrowania dużych zbiorów polecana jest metoda clara (Clustering Large Applications) zaimplementowana w funkcji `clara(cluster)`. Wykonuje ona wielokrotnie metodę PAM na mniejszych zbiorach danych i scala wyniki w jeden podział na klastry.

Algorytm PAM (k-medoidów) opisuje następująca sekwencja

1. wybiera się początkowy zbiór medoidów,
2. przepisuje się obiekty do klas o najbliższym medoidzie,
3. zmienia się medoidy o ile jest taka potrzeba, w takiej sytuacji wraca się do kroku 2.



Rysunek 3.3: Graficzna prezentacja działania funkcji pam().

Minimalizowana jest $\sum_{r=1}^u d(r)$, gdzie $d(r)$ to najmniejsza z sum odległości jednego punktu z klasy r do wszystkich pozostałych punktów z tej klasy.

3.3 Metoda aglomeracyjnego klastrowania hierarchicznego

Klastrowanie hierarchiczne różni się od przedstawionych powyżej metod tym, że zamiast dzielić obserwacje na określoną liczbę klastrów, określa się stopień podobieństwa poszczególnych obiektów i wyznacza się drzewo odpowiadające tym podobieństwom. Do budowy takich drzew wykorzystywane są różne algorytmy.

Algorytm AGglomerative NESTing (AGNES) jest metodą aglomeracyjną, co oznacza, że w pierwszym kroku każda obserwacja traktowana jest jak osobny klaster. W kolejnych krokach klastry najbardziej podobne do siebie są łączone w coraz większe klastry, tak długo aż nie powstanie tylko jeden klaster. Algorytm aglomeracyjnego klastrowania hierarchicznego jest dostępny w funkcji `agnes(cluster)`. Pierwszym argumentem może być macierz danych (podobnie jak w przypadku innych algorytmów klastrowania) określająca współrzędne poszczególnych obserwacji lub też macierz odległości pomiędzy obserwacjami, a więc obiekt klasy `dist` (jak tworzyć takie obiekty pisaliśmy w poprzednim podrozdziale). Duże znaczenie ma metoda liczenia odległości pomiędzy obserwacjami. Z reguły zmiana metody liczenia odległości (np. z euklidesowej na taksówkową) prowadzi do otrzymania zupełnie innego wyniku.

Algorytm grupowania hierarchicznego można opisać następująco:

1. Każdą obserwację traktujemy jako osobne skupienie.
2. Znajdujemy dwa skupiska najbliższe sobie. Odległość pomiędzy skupiskami można wyznaczać na różne sposoby. Trzy najpopularniejsze opisane są poniżej.
3. Łączymy dwa najbliższe skupiska w jedno.
4. Jeżeli pozostało więcej niż jedno skupisko to wracamy do kroku 2.

Kolejnym istotnym argumentem jest argument `method`. Określa on kolejność łączenia małych klastrow w coraz większe klastry. W każdym kroku łączone są najbliższe klastry, ale odległość pomiędzy dwoma klasterami można liczyć na trzy sposoby:

- `method="single"`, liczona jest odległość pomiędzy najbliższymi punktami każdego z klastrow, do jednego klastra dołączany jest klaster którego dowolny element jest najbliżej. Ta metoda odpowiada zachłannemu dodawaniu do skupiska obiektów bliskich brzegowi skupiska, możliwe jest tworzenie się tzw. łańcuchów kolejno dołączanych obiektów, być może już nie tak podobnych do całego skupiska, coś w stylu „przyjaciele naszych przyjaciół są naszymi przyjaciółmi”,
- `method="average"`, liczona jest średnia odległość pomiędzy punktami każdego z klastrow, łączone są więc klastry średnio podobnych obserwacji, to jedna z popularniejszych metod (`unweighted pair-group average method`, `UPGMA`),
- `method="complete"`, liczona jest odległość pomiędzy najdalszymi punktami każdego z klastrow, jeżeli dwa skupiska są w odległości d oznacza to, że każda para punktów w tych skupiskach jest nie bardziej odległa niż d .
- `method="ward"` skupiska o minimalnej wariancji, w wyniku otrzymuje się zwarte skupiska.
- `method="flexible"`, elastyczność tej metody polega na możliwości określenia jak liczona ma być odległość pomiędzy łączonymi klastrami. Tą odległość sparametryzowano czterema współczynnikami (więcej informacji znaleźć można w [Kaufman and Rousseeuw \(1990\)](#), p.237 lub w opisie funkcji `agnes()`). Korzystanie z tej opcji polecane jest bardziej doświadczonym użytkownikom, działa zasada: nie wiesz jak to działa nie używaj.
- `method="weighted"` odpowiada metodzie elastyczne z parametrem `par.method = 0.5`.

Dla funkcji `agnes()` domyślnie stosowana jest metoda `average`, a dla funkcji `hclust()` domyślnie stosowana jest `complete`. Funkcja `agnes()` w porównaniu do innych implementacji ma dwie dodatkowe cechy: wyznacza „agglomerative coefficient” i umożliwia rysowanie „`banner.plot`”.

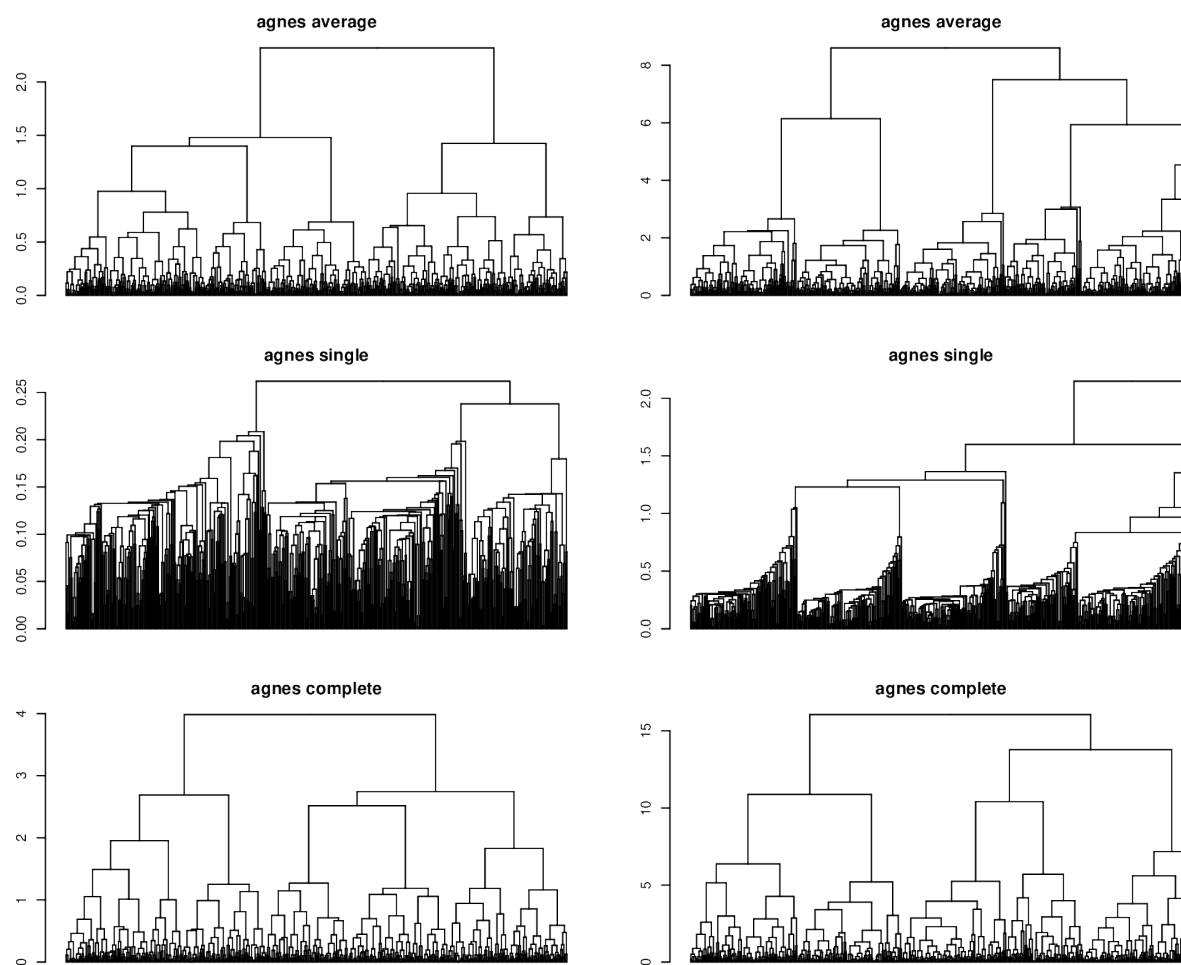
Użycie każdej z tych metod prowadzi do wygenerowania innego drzewa. Wyniki dla każdej z tych trzech wymienionych metod łączenia klastrow oraz dla obu zbiorów danych przedstawiamy na rysunku 3.4. Na tym rysunku przedstawione są wyniki analizy skupień dla 1000 obiektów, jeżeli analizujemy mniejszą liczbę obiektów, to na osi poziomej można odczytać nazwy poszczególnych obiektów a tym samym wizualizować, które obiekty są do siebie bardziej, a które mniej podobne (przykład takiego drzewa przedstawiliśmy na rysunku 3.5).

Wracając do rysunku 3.4 w przypadku zbioru Gwiazda sensowniejsze wyniki otrzymuje się dla metod łączenia `average` i `complete` (na drzewie można wydzielić 5 podgałęzi odpowiadającym spodziewanym skupiskom). Dla zbioru Perła najlepiej radzi sobie metoda łączenia `single` wyodrębniająca dosyć szybko trzy rozłączne skupiska. Najczęściej wykorzystywaną metodą łączenia jest `average`, nie oznacza to że zawsze daje najlepsze wyniki.

Aby na podstawie hierarchicznego klastrowania przypisać obserwacje do określonej liczby klastrow należy drzewo przyciąć na pewnej wysokości. Do przycinania drzewa służy funkcja `cutree(stats)`, jej pierwszym argumentem jest obiekt będący wynikiem metody hierarchicznej. Kolejnym argumentem, który należy wskazać jest `k` (określa do ilu klastrow chcemy przyciąć drzewo) lub `h` (określa na jakiej wysokości chcemy przyciąć drzewo). Wysokość drzewa na której chcemy odciąć klastry można odczytać z rysunków wygenerowanych dla tego drzewa.

Poniżej przedstawiamy przykład wywołania funkcji `agnes()` i `cuttree()`.

```
# wywołanie funkcji AGNES
> klaster = agnes(zbiorPerla, method="average")
# wynik możemy narysować przeciążoną funkcją plot
> plot(klaster)
# otrzymane drzewo możemy przyciąć do określonej liczby klastrow
> etykietyKlastrow = cutree(klaster, k=2)
```

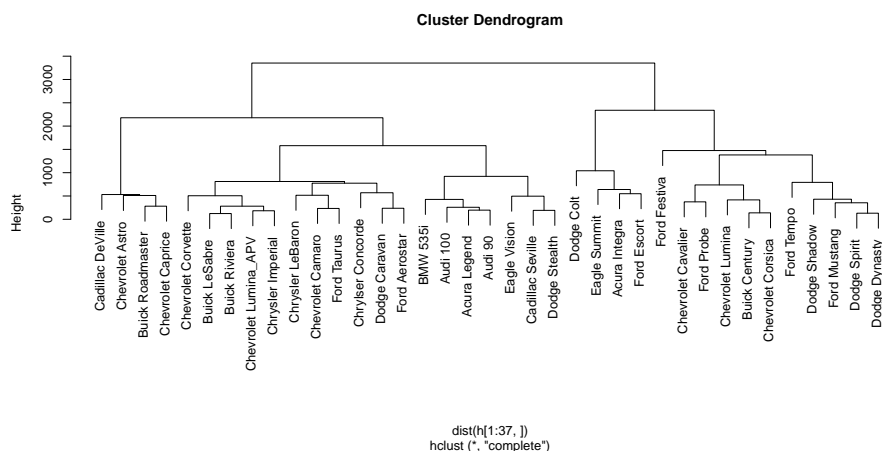
Rysunek 3.4: Graficzny przykład wyników funkcji agnes().

```
library("MASS")
```

```
##
## Attaching package: 'MASS'

## The following object is masked from 'package:dplyr':
##
##      select
```

```
data(Cars93)
Cars93$y = sapply(1:93,function(i) paste(Cars93[i,1],Cars93[i,2],sep=" "))
h = Cars93[,c(4,5,6,7,8,11,12,13,14,15,17,18,19,20,21,22,23,24,25)]
rownames(h) = Cars93$y
c = hclust(dist(h[1:37,]))
plot(c)
```



Rysunek 3.5: Drzewo dla wybranych modeli samochodów na bazie zbioru danych (Cars93(MASS)).

3.4 Ile skupień wybrać?

Krótką odpowiedź na to pytanie brzmi 5. Długa wymaga odpowiedzi na dodatkowe pytanie, na czym nam zależy wybierając liczbę skupień? Co chcemy z tymi skupieniami robić i po co je wyznaczmy.

Popularną techniką wyboru liczby skupień jest rysowanie pewnej statystyki jako funkcji liczby skupień i wybór takiej liczby skupień dla której dana statystyka spełnia nasze oczekiwania (np. osiąga maksimum lub najszybciej maleje). Wiele przydatnych statystyk opisujących jakość podziału na grupy znajduje się w pakiecie `clusterSim`.

Popularne indeksy służące do wyboru liczby klastrow to:

- $tr(B)/tr(W)$ gdzie B to macierz kowariancji wewnątrzklasowej a W to macierz kowariancji międzyklasowej,
- $B_u/(u-1)/W_u(n-u)$ czyli miara zaproponowana przez Calińskiego i Harabasz (viva Poznań),
- sylwetka (silhouette) $S(u) = 1/n \sum_{i=1}^n (b(i) - a(i)) / \max(a(i), b(i))$ średnie podobieństwo obiektów do klastrow w których się znajdują, $a(i)$ to średnia odległość pomiędzy obiektem i a pozostałymi w tym samym klastrze, $b(i)$ to średnia odległość obiektu i od obiektów z najbliższego skupiska do i (do którego i nie należy).

Wiele indeksów wyznaczyć można korzystając z funkcji `index.G1(clusterSim)`, `index.G2(clusterSim)`, `index.G3(clusterSim)`, `index.S(clusterSim)`, `index.KL(clusterSim)`, `index.H(clusterSim)`, `index.Gap(clusterSim)`, `index.DB(clusterSim)`.

Funkcja `index.G1(clusterSim)` wyznacza indeks Calińskiego i Harabasza, funkcja `index.S(clusterSim)` wyznacza średnią sylwetkę (*silhouette*).

TODO: opisać funkcję `cluster.Description(clusterSim)` pozwalającą na opisywanie znalezionych klas.

3.5 Inne metody analizy skupień

Poza wymienionymi powyżej trzema metodami, w pakiecie R dostępnych jest wiele innych metod do analizy skupień. Poniżej wymienimy inne popularne.

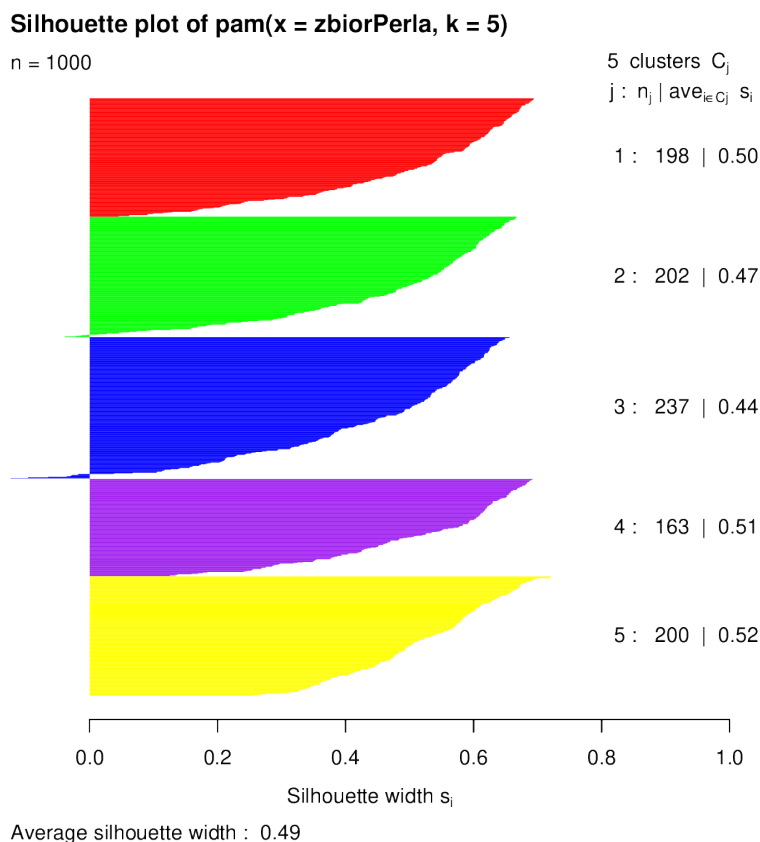
- **Metoda hierarchicznej analizy skupień przez dzielenie.** Metoda hierarchicznego klastrowania przez łączenie działała w ten sposób, że zaczynając od małych, jednopunktowych klastrów w procesie łączenia klastrów otrzymywało się hierarchiczną zależność. Metoda analizy skupień przez dzielenie działa w przeciwnym kierunku. Zaczynając od jednego dużego klastra, w kolejnych krokach ten klaster jest dzielony na mniejsze klastry, aż do otrzymania jednoelementowych klastrów. Ta metoda jest zaimplementowana w funkcji `diana(cluster)`.

Algorytm działania metody `diana()` opisany jest poniżej

1. dla każdego skupiska wyznaczamy maksymalną odległość pomiędzy dwoma obserwacjami w skupisku,
 2. wybieramy skupisko o największej średnicy, w tym skupisku szukamy obiektu o największej średniej odległości od pozostałych, to będzie załazek nowego skupiska,
 3. dla każdego obiektu sprawdzamy czy nie jest średnio bliżej obiektom z klasy nowej niż obiektom z klasy starej, w razie potrzeby zmieniana jest klasa
 4. punkt 3 powtarzany jest tak długo aż nie będzie potrzeby zmieniać przynależności żadnego punktu
- **Metoda klastrowania rozmytego.** Jeżeli w procesie klastrowania dopuszczamy rozmytą przynależność do klastra (np. obserwacja może z pewnymi współczynnikami przynależeć do różnych klastrów) to uzasadnionym jest użycie metody klastrowania rozmytego. Ta metoda jest zaimplementowana w funkcji `fanny(cluster)`.
 - **Inne metody hierarchicznego klastrowania.** Podobna w działaniu do `agnes()` metoda klastrowania hierarchicznego dostępna w funkcji `hclust(stats)`. Umożliwia ona większy wybór metody łączenia klastrów. Argumentem `method` należy wskazać jeden z wielu dostępnych indeksów do określania odległości pomiędzy klastrami, dostępne są indeksy znane z funkcji `agnes()` oraz "mcquitty", "ward" i "centroid".

Wykonać klastrowanie jest stosunkowo prosto, jednak to jeszcze nie jest koniec pracy, potrzebne są metody oceny jakości podziału na skupiska. Do oceny jakości klastrowania można wykorzystać współczynnik *silhouette*, określający podobieństwo obiektu do innych obiektów w tym samym klastrze. Ten indeks jest wyznaczany przez funkcję `silhouette(cluster)`. Poniżej przedstawiamy przykład użycia tej funkcji, a na rysunku 3.6 przedstawiamy dopasowania poszczególnych punktów do klastrów. Wiele innych metod do oceny wyników klastrowania oraz badania zgodności dwóch podziałów na klastry jest dostępnych w pakiecie `clv`.

```
> kluster <- pam(zbiorPerla, 5)
> sil <- silhouette(kluster)
> summary(sil)
Silhouette of 1000 units in 5 clusters from pam(x = zbiorPerla, k = 5) :
```



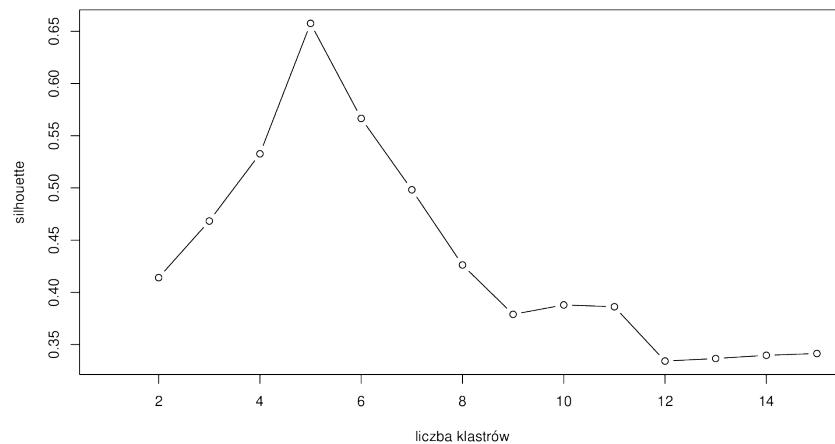
Rysunek 3.6: Wykres dopasowania punktów do poszczególnych klastrow z użyciem miary silhouette.

```
Cluster sizes and average silhouette widths:
      198      202      237      163      200
0.5005513 0.4711742 0.4402300 0.5146160 0.5240964
Individual silhouette widths:
  Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
-0.1238 0.3895  0.5330  0.4873 0.6111  0.7220
> plot(sil, col = c("red", "green", "blue", "purple", "yellow"))
```

Miara silhouette może być użyta do wyznaczenia liczby klastrow, na które należy podzielić dane. Na rysunku 3.7 przedstawiono zależność pomiędzy średnim współczynnikiem silhouette a liczbą klastrow wyznaczonych algorytmem PAN dla zbioru danych Gwiazda. W tym przypadku wyraźnie najlepszym wyborem jest 5 klastrow. Niestety w rzeczywistych problemach wybór klastrow nie jest tak prosty.

```
# cztery skupiska, dla pewności inicjujemy 25 razy
#
dane = daneGUS[,c(22:25)]
gus.k4 = kmeans(dane, 4, nstart=25)
cluster::silhouette(gus.k4$clust, dist(dane))[,3]
```

```
## [1] 0.6668668 0.5333699 0.7582641 0.1737391 0.6816338 0.7810743 0.0000000
## [8] 0.6555324 0.4582927 0.6822569 0.2905566 0.0000000 0.6603414 0.6923861
## [15] 0.7719109 0.6278821
```



Rysunek 3.7: Wartości funkcji silhouette dla różnych liczb klastrow wyznaczonych algorytmem PAM na zbiorze danych Gwiazda.

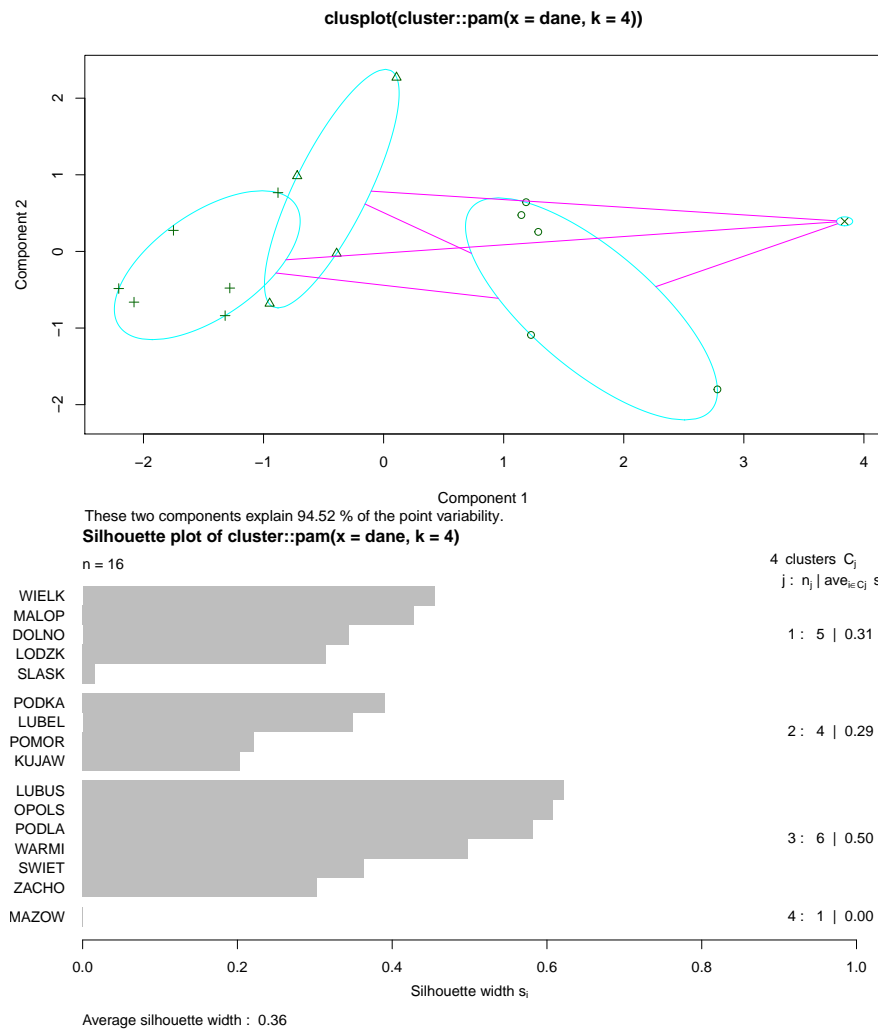
```
gus.p4 = cluster::pam(dane, 4)
```

```
plot(gus.p4)
```

```
# analiza skupieŃ
#
```

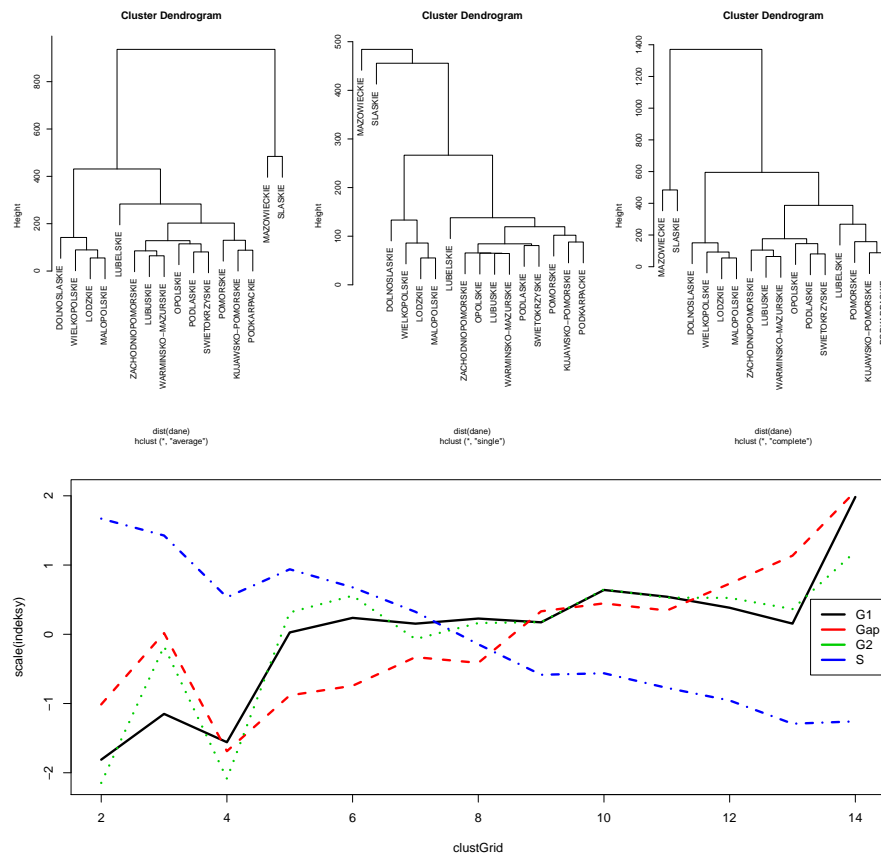
```
par(mfrow=c(1,3))
h = hclust(dist(dane), method="average")
plot(h)
h = hclust(dist(dane), method="single")
plot(h)
h = hclust(dist(dane), method="complete")
plot(h)
```

```
library(cluster)
# cztery przykładowe indeksy
mNiep = daisy(dane)
clustGrid = 2:14
indeksy = matrix(0,length(clustGrid),4)
indeksy[,1] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.G1(dane, pam(dane, x)$clustering)})
indeksy[,2] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.Gap(dane, cbind(pam(
dane, x)$clustering, pam(dane, x+1)$clustering))$diffu})
indeksy[,3] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.G2(mNiep, pam(dane, x)$clustering)})
indeksy[,4] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.S(mNiep, pam(dane, x)$clustering)})
matplot(clustGrid, scale(indeksy), type="l",lwd=3)
legend("right",c("G1", "Gap", "G2", "S"),lwd=3,bg="white",col=1:4)
```



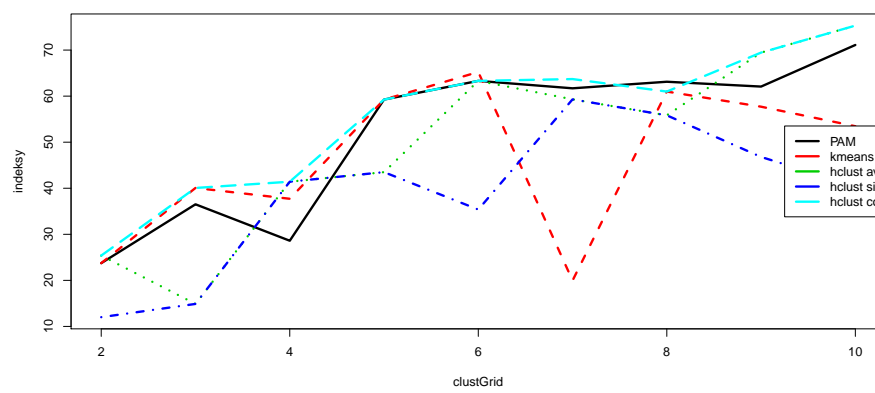
```
# cztery metody porównane indeksem G1
#
clustGrid = 2:10
indeksy = matrix(0,length(clustGrid),5)
indeksy[,1] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.G1(dane,
  pam(dane, x)$clustering)})
indeksy[,2] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.G1(dane,
  kmeans(dane, x)$cluster)})
indeksy[,3] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.G1(dane,
  cutree(hclust(dist(dane),"average"), k = x))})
indeksy[,4] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.G1(dane,
  cutree(hclust(dist(dane),"single"), k = x))})
indeksy[,5] = sapply(clustGrid, function(x) {clusterSim::index.G1(dane,
  cutree(hclust(dist(dane),"complete"), k = x))})

matplot(clustGrid, indeksy, type="l",lwd=3)
legend("right",c("PAM","kmeans","hclust av","hclust si","hclust co"),
  lwd=3,bg="white",col=1:5)
```



```
# profile skupień
#
gus.p4 = pam(dane,4)$clustering
desc = clusterSim::cluster.Description(dane, gus.p4)
```

3.6 Case study



Rozdział 4

Analiza dyskryminacji

W wielu dziedzinach potrzebne są metody, potrafiące automatycznie przypisać nowy obiekt do jednej z wyróżnionych klas. W medycynie interesować nas może czy pacjent jest chory, a jeżeli tak to na co (zbiorem klas do którego chcemy przypisać mogą być możliwe choroby, lub tylko informacja czy jest chory czy nie). W analizie kredytowej dla firm chcemy przewidzieć czy firma spłaci kredyt czy nie. W analizie obrazów z fotoradarów policyjnych będzie nas interesowało określenie numeru rejestracji samochodu który przekroczył prędkość a również typu pojazdu (w końcu ograniczenia dla ciężarówek są inne niż dla samochodów).

W rozdziale ?? używaliśmy regresji logistycznej do znalezienia parametrów, które można by wykorzystać w określeniu ryzyka pojawienia się wznowienia choroby u operowanych pacjentek. Okazuje się więc, że regresja logistyczna jest klasyfikatorem, pozwalającym na przypisanie nowego obiektu do jednej z dwóch klas. Poniżej przedstawimy szereg funkcji implementujących inne popularne metody analizy dyskryminacji.

Celem procesu dyskryminacji (nazywanego też klasyfikacją, uczeniem z nauczycielem lub uczeniem z nadzorem) jest zbudowanie reguły, potrafiącej przypisywać możliwie dokładnie nowe obiekty do znanych klas. W przypadku większości metod możliwe jest klasyfikowanie do więcej niż dwie klasy.

4.1 Dyskryminacja liniowa i kwadratowa

Dyskryminacja liniowa, a więc metoda wyznaczania (hiper)płaszczyzn separujących obiekty różnych klas, jest dostępna w funkcji `lda(MASS)`. Rozszerzeniem tej metody jest dyskryminacja kwadratowa, umożliwiająca dyskryminację powierzchniami, w opisie których mogą pojawić się człony stopnia drugiego. Metoda klasyfikacji kwadratowej jest dostępna w funkcji `qda(MASS)`. Wynikami obu funkcji jest klasyfikator, wyznaczony na zbiorze uczącym. Aby użyć go do predykcji klas dla nowych obiektów możemy wykorzystać przeciążoną funkcję `predict()`.

Poniżej przedstawiamy przykład użycia funkcji `lda()`. Z funkcji `qda()` korzysta się w identyczny sposób. Na potrzeby przykładu wykorzystaliśmy zbiór danych dotyczących występowania cukrzycy u Indian Pima, ten zbiór danych jest dostępny w zbiorze `PimaIndiansDiabetes2(mlbench)`. Interesować nas będą dwie zmienne z tego zbioru danych, opisujące poziom glukozy i insuliny, w zbiorze danych jest znacznie więcej zmiennych, ale na potrzeby wizualizacji wybraliśmy tę parę. Na bazie tych dwóch zmiennych będziemy badać skuteczność oceny czy dana osoba jest cukrzykiem z wykorzystaniem obu algorytmów klasyfikacji. Zbiór danych podzielimy na dwie części, uczącą i testową. Klasyfikator zostanie „nauczony” na zbiorze uczących, a później będziemy weryfikować jego właściwości na zbiorze testowym. Pierwszym argumentem funkcji `lda()` jest zbiór zmiennych na bazie których budowany będzie klasyfikator (ramka danych lub macierz). Drugim argumentem `grouping` jest wektor określający klasy kolejnych obiektów. Kolejnym wykorzystanym poniżej argumentem jest `subset`, określający indeksy obiektów, na bazie których budowany ma być klasyfikator. Jeżeli argument `subset` nie będzie podany, to do konstrukcji klasyfikatora wykorzystane będą wszystkie obiekty. Jako pierwszy argument funkcji `lda()` można również podać również formułę, określającą, które zmienne mają być użyte do konstrukcji klasyfikatora a która zmienna opisuje klasy.

```
library("mlbench")
# wczytujemy zbiór danych z pakietu mlbench, usuwamy brakujące dane i
# logarytmujemy poziom insuliny
data(PimaIndiansDiabetes2)
dane = na.omit(PimaIndiansDiabetes2)[,c(2,5,9)]
dane[,2] = log(dane[,2])
# zbiór danych chcemy podzielić na dwie części, uczącą i testową,
# funkcję sample wylosujemy indeksy obiektów, które trafia do zbioru uczącego
zbior.uczacy = sample(1:nrow(dane), nrow(dane)/2, FALSE)
# wywołujemy funkcję lda
klasyfikatorLDA = lda(dane[,1:2], grouping = dane[,3], subset=zbior.uczacy)
# jak wygląda wynik w środku?
str(klasyfikatorLDA)
```

```
## List of 8
## $ prior : Named num [1:2] 0.694 0.306
## .. attr(*, "names")= chr [1:2] "neg" "pos"
## $ counts : Named int [1:2] 136 60
## .. attr(*, "names")= chr [1:2] "neg" "pos"
## $ means : num [1:2, 1:2] 110.07 140.25 4.63 5.19
## .. attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : chr [1:2] "neg" "pos"
## .. ..$ : chr [1:2] "glucose" "insulin"
## $ scaling: num [1:2, 1] 0.0272 0.7621
## .. attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : chr [1:2] "glucose" "insulin"
## .. ..$ : chr "LD1"
## $ lev : chr [1:2] "neg" "pos"
## $ svd : num 8.05
## $ N : int 196
## $ call : language lda(x = dane[, 1:2], grouping = dane[, 3], subset = zbior.uczacy)
## - attr(*, "class")= chr "lda"
```

Zbudowanie klasyfikatora to dopiero pierwszy krok, kolejnym jest jego ocena. Na bazie obserwacji niewykorzystanych do budowania klasyfikatora zbadamy jaką była zgodność klasyfikatora z rzeczywistymi danymi (ponieważ zbiór uczący wybraliśmy losowo, to dla różnych powtórzeń otrzymalibyśmy inny błąd klasyfikacji). Do klasyfikacji nowych obiektów użyjemy funkcji `predict()`. Jest to funkcja przeciążona, działająca dla większości klasyfikatorów. Wynikiem tej funkcji mogą być prognozowane klasy dla nowych obserwacji, lub też prawdopodobieństwa a posteriori przynależności do danej klasy.

```
# używając metody predict wykonujemy klasyfikacje obiektów ze zbioru testowego
oceny = predict(klasyfikatorLDA, newdata=dane[-zbior.uczacy,1:2])
# jak wyglądają wyniki? Pole $class wskazuje na przewidzianą klasę, pole
# $posterior określa wyznaczone prawdopodobieństwo przynależności do
# każdej z klas, na podstawie tej wartości obiekt był przypisywany do
# bardziej prawdopodobnej dla niego klasy
str(oceny)
```

```
## List of 3
## $ class : Factor w/ 2 levels "neg","pos": 1 2 1 1 1 2 1 1 2 1 ...
## $ posterior: num [1:196, 1:2] 0.944 0.309 0.636 0.816 0.567 ...
## .. attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : chr [1:196] "7" "15" "17" "20" ...
## .. ..$ : chr [1:2] "neg" "pos"
```

```
## $ x      : num [1:196, 1] -1.369 1.544 0.449 -0.298 0.683 ...
##    ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
##    .. ..$ : chr [1:196] "7" "15" "17" "20" ...
##    .. ..$ : chr "LD1"
```

```
# porównajmy macierz kontyngencji oceny i rzeczywiste etykiety dla kolejnych obiektów
table(predykcja = oceny$class, prawdziwe = dane[-zbior.uczacy,3])
```

```
##           prawdziwe
## predykcja neg pos
##           neg 106  30
##           pos  20  40
```

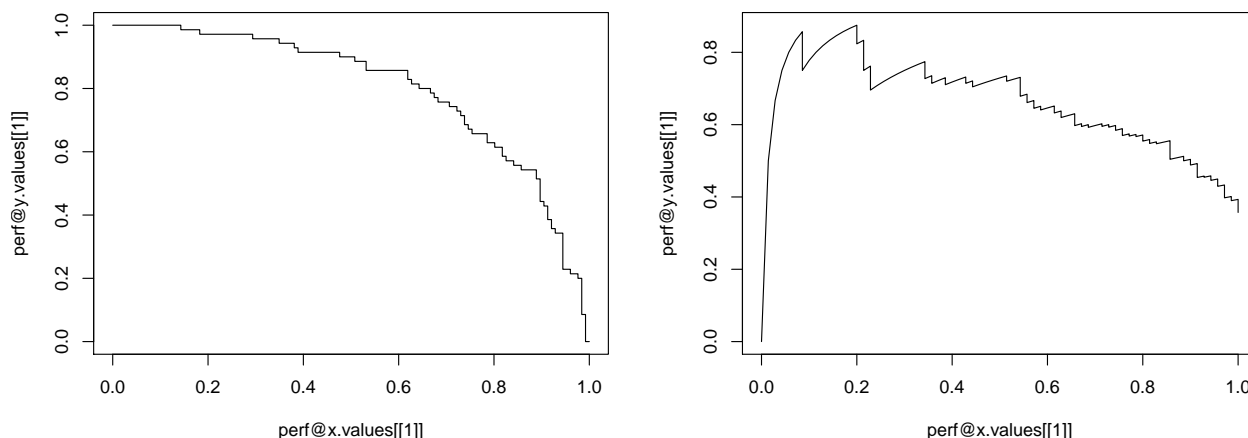
W powyższym przykładzie w ostatnim poleceniu wyznaczyliśmy tablice kontyngencji dla wyników. Na bazie tak otrzymanej tablicy kontyngencji można wyznaczyć błąd predykcji. Jest wiele wskaźników opisujących błąd predykcji, począwszy od popularnych: czułość (ang. sensitivity TP/(TP+FN) opisuje jaki procent chorych zostanie poprawnie zdiagnozowanych jako chorzy), specyficzność (ang. (Specificity) TN/(TN+FP) określa jaki procent zdrowych zostanie poprawnie zdiagnozowanych jako zdrowi), przez mniej popularne aż po takie o których mało kto słyszał (np. mutual information, współczynnik ϕ itp.). Bogata lista takich współczynników wymieniona jest w opisie funkcji performance(ROCR) (definiując błąd klasyfikacji używa się oznaczeń TP, TN, FP, FN określających kolejno liczbę poprawnie wykrytych sygnałów pozytywnych, poprawnie wykrytych braków sygnału, fałszywie wykrytych sygnałów pozytywnych oraz fałszywie wykrytych braków sygnałów. W powyższym przypadku czułość wyniosła $31/(31 + 29) \approx 0,517$ a specyficzność $115/(115 + 21) \approx 0,846$.

Jeżeli już jesteśmy przy pakiecie ROCR to na przykładzie przedstawimy w jaki sposób wyznaczać krzywe ROC dla klasyfikatorów. Proszę zauważyć, że funkcja predict() poza ocenionymi klasami jako wynik przekazuje również prawdopodobieństwo przynależności do jednej z klas (pole posterior wyniku funkcji predict()). Krzywa ROC to zbiór punktów wyznaczonych dla różnych poziomów odcięcia (ang. threshold) dla wspomnianego prawdopodobieństwa przynależności do jednej z klas. Współrzędne każdego punktu to czułość i specyficzność (dokładniej rzecz biorąc 1-specyficzność) otrzymana dla zadanego punktu odcięcia.

Poniżej przykład użycia funkcji z pakietu ROCR, służącej do rysowania krzywych ROC i innych o podobnych właściwościach. Wynik graficzny przedstawiony jest na rysunku 4.1. Na osiach tego wykresu mogą być przedstawiane różne miary dokładności klasyfikacji, w zależności od argumentów funkcji performance().

```
# wyznaczamy obiekt klasy prediction, zawierający informacje o prawdziwych
# klasach, i prawdopodobieństwu przynależności do wybranej klasy
pred <- ROCR::prediction(oceny$posterior[,2], dane[-zbior.uczacy,3])
# wyznaczamy i wyrysowujemy wybrane miary dobroci klasyfikacji
perf <- ROCR::performance(pred, "sens", "spec")
par(mfcol=c(1,2))
plot(perf@x.values[[1]], perf@y.values[[1]],type="l")
perf <- ROCR::performance(pred, "prec", "rec")
plot(perf@x.values[[1]], perf@y.values[[1]],type="l")
```

Na rysunku 4.2 przedstawiamy kształty obszarów decyzyjnych dla obu klasyfikatorów (do wyznaczania obszarów decyzyjnych można się posłużyć funkcją partimat(klaR) lub drawparti(klaR)). Obszary decyzyjne wyznaczone są dla wytrenowanego klasyfikatora, przedstawiają do której klasy zostałby przypisany punkt o określonych współrzędnych. Osoby chore na cukrzycę oznaczane są czarnymi krzyżykami, osoby zdrowe czerwonymi okręgami. Punkty w których przewidzianą klasą była by cukrzyca zaznaczone są ciemnoszarym kolorem a punkty dla których klasyfikowalibyśmy do grona osób zdrowych zaznaczono jaśniejszym szarym kolorem.



Rysunek 4.1: Wykres zależności czułości od specyficzności oraz miary prediction od recall dla klasyfikacji z użyciem funkcji `lda()`.

```
PimaIndiansDiabetes2 = na.omit(PimaIndiansDiabetes2)
dat = PimaIndiansDiabetes2[,c(2,5)]
dat[,2] = log(dat[,2])

colnames(dat) = c("glucose", "log(insulin)")
klasa = as.numeric(PimaIndiansDiabetes2$diabetes)

seqx = seq(30,210,2)
seqy = seq(2.5,7,0.07)
siata = as.data.frame(expand.grid(seqx, seqy))
colnames(siata) = c("glucose", "log(insulin)")

kol = c("grey90", "grey70")
kol2 = c("red", "black")
par(mfcol=c(1,2))
klasyfikatorLDA = MASS::lda(dat, klasa)
wub = predict(klasyfikatorLDA, newdata=siata)

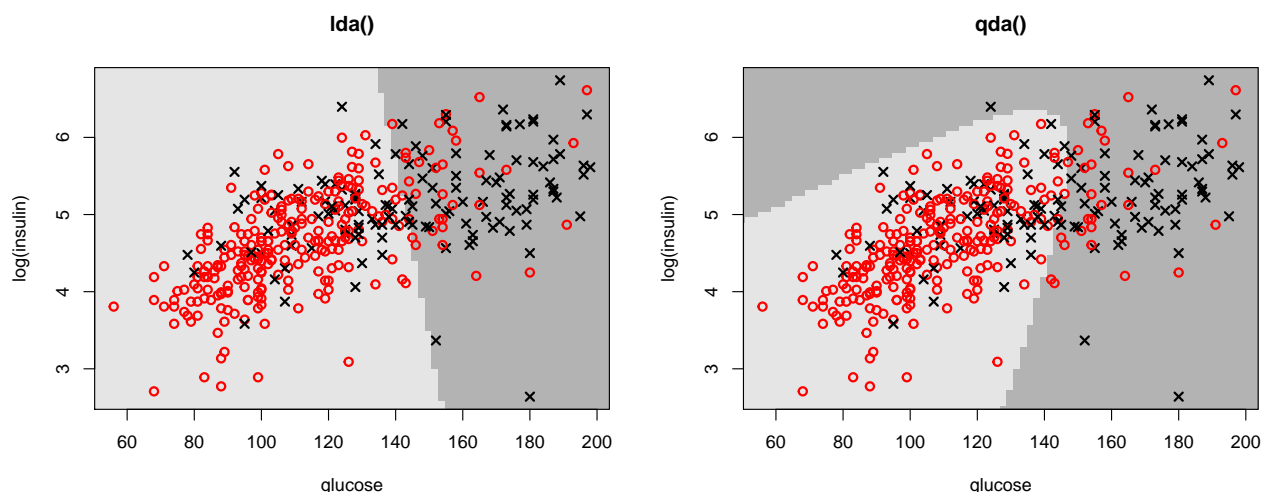
plot(siata, col=kol[as.numeric(wub$class)],
     pch=15,xlim=range(dat[,1]),ylim=range(dat[,2]), main="lda()")
points(dat,pch=c(1,4)[klasa], cex=1, col=kol2[klasa], lwd=2)

klasyfikatorLDA = MASS::qda(dat, klasa)
wub = predict(klasyfikatorLDA, newdata=siata)

plot(siata, col=kol[as.numeric(wub$class)],
     pch=15,xlim=range(dat[,1]),ylim=range(dat[,2]), main="qda()")
points(dat,pch=c(1,4)[klasa], cex=1, col=kol2[klasa], lwd=2)
```

4.2 Metoda najbliższych sąsiadów

Bardzo popularną metodą klasyfikacji jest metoda k-sąsiadów. Idea jej działania jest prosta i intuicyjna. Nowemu obiektowi przypisuje się klasę, która występuje najczęściej wśród jego k sąsiadów (k najbliższych obiektów znajdujących się w zbiorze uczącym, najbliższych w sensie określonej miary odległości). Ten



Rysunek 4.2: Przykładowe obszary decyzyjne dla liniowej i kwadratowej dyskryminacji dostępne w funkcjach `lda()` o `qda()`.

klasyfikator dostępny jest w różnych funkcjach, począwszy od `knn(class)` (zwykły klasyfikator najbliższych sąsiadów), przez `kknn(kknn)` (ważony klasyfikator k-sąsiadów) oraz `knncat(knncat)` (klasyfikator k-sąsiadów, również dla zmiennych jakościowych). Poniżej przedstawimy implementację metody k-sąsiadów z funkcji `ipredknn(ipred)`. Na rysunku 4.3 prezentujemy obszary decyzyjne wyznaczone dla różnej liczby sąsiadów (odpowiednio $k=3$ i $k=21$) w omawianym zagadnieniu klasyfikacji na osoby zdrowe i chore na cukrzycę. Ponieważ metoda k-sąsiadów bazuje silnie na odległościach pomiędzy obiektami (jakoś trzeba mierzyć odległość od sąsiadów), przed rozpoczęciem obliczeń wykonamy skalowanie danych.

```
# zaczynamy od przeskalowania danych
dane[,1:2] = scale(dane[,1:2])
# budujemy klasyfikator k-sąsiadów, dla 3 sąsiadów
klasyfikatorKNN = ipred::ipredknn(diabetes~glucose+insulin,
                                   data = dane, subset=zbior.uczacy, k=3)
# wykonujemy predykcję klas i wyświetlamy macierz kontyngencji
oceny = predict(klasyfikatorKNN, dane[-zbior.uczacy, ], "class")
table(predykcja = oceny, prawdziwe = dane[-zbior.uczacy,3])

##           prawdziwe
## predykcja neg pos
##      neg  99  26
##      pos  27  44
```

Błąd klasyfikacji można liczyć na palcach (powyższą procedurę należało by uśrednić po kilku wstępnych podziałach na zbiór uczący i testowy). Można też błąd klasyfikacji wyznaczyć wykorzystając funkcję `errorest(ipred)`. Wylicza ona błąd klasyfikacji (określony jako procent źle zaklasyfikowanych obiektów) używając różnych estymatorów tego błędu, w tym opartego na walidacji skróśnej (ocenie krzyżowej, ang. cross validation, domyślnie z podziałem na 10 grup), metodzie bootstrap lub estymatorze 632+. Estymator błędu możemy wybrać określając argument `estimator`. W funkcji `errorest()` jako kolejne argumenty należy wskazać zbiór danych, metodę budowy klasyfikatora (argument `model`) oraz metodę wyznaczania ocen dla zbioru testowego (argument `predict`). Funkcja `errorest()` pozwala na jednolity sposób wyznaczenia błędu dla dowolnej metody klasyfikacji. Przedstawimy poniżej przykład dla metody najbliższych sąsiadów.

```
# wyznaczmy błąd klasyfikacji dla metody 3 sąsiadów
ipred::errorest(diabetes~glucose+insulin, data = dane, model=ipred::ipredknn, k=3,
```

```

        estimator = "632plus",
        predict= function(ob, newdata) predict(ob, newdata, "class"))

##
## Call:
## errorest.data.frame(formula = diabetes ~ glucose + insulin, data = dane,
##      model = ipred::ipredknn, predict = function(ob, newdata) predict(ob,
##      newdata, "class"), estimator = "632plus", k = 3)
##
##      .632+ Bootstrap estimator of misclassification error
##      with 25 bootstrap replications
##
## Misclassification error:  0.2976

# wyznaczmy błąd klasyfikacji dla metody 21 sąsiadów, powinna być stabilniejsza
blad = ipred::errorest(diabetes~glucose+insulin, data = dane, model=ipred::ipredknn, k=21,
        estimator = "632plus",
        predict= function(ob, newdata) predict(ob, newdata, "class"))
blad$error

## [1] 0.2623483

dane[,1:2]=scale(dane[,1:2])
seqx = seq(-2.7,2.7,0.09)
seqy = seq(-3.2,3.2,0.09)
siata = as.data.frame(expand.grid(seqx, seqy))
colnames(siata) = colnames(dane[,1:2])

par(mfrow=c(1,2))

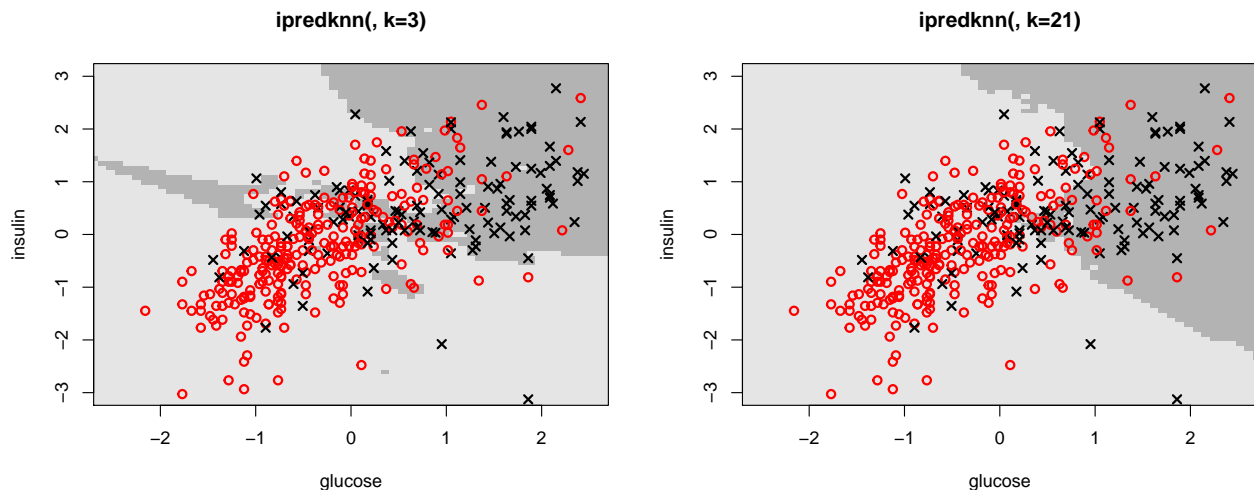
klasyfikatorKNN = ipred::ipredknn(diabetes~glucose+insulin,
        data = dane, subset=zbior.uczacy, k=3)
#predict(klasyfikatorKNN, dane[-zbior.uczacy, ], "class")
wub = predict(klasyfikatorKNN, newdata=siata, "class")
plot(siata, col=kol[as.numeric(wub)], pch=15, main="ipredknn(, k=3)",
        ylim=c(-3,3),xlim=c(-2.5,2.5))
points(dane[,1:2],pch=c(1,4)[as.numeric(dane[,3])], cex=1,
        col=kol2[as.numeric(dane[,3])], lwd=2)

klasyfikatorKNN = ipred::ipredknn(diabetes~glucose+insulin,
        data = dane, subset=zbior.uczacy, k=21)
#predict(klasyfikatorKNN, dane[-zbior.uczacy, ], "class")
wub = predict(klasyfikatorKNN, newdata=siata, "class")
plot(siata, col=kol[as.numeric(wub)], pch=15, main="ipredknn(, k=21)",
        xlim=c(-2.5,2.5),ylim=c(-3,3))
points(dane[,1:2],pch=c(1,4)[as.numeric(dane[,3])], cex=1,
        col=kol2[as.numeric(dane[,3])], lwd=2)

```

4.3 Naiwny klasyfikator Bayesowski

Do klasyfikacji wykorzystać można szeroką grupę metod bazujących na ocenie prawdopodobieństwa przynależności do określonej grupy. Dla każdej z klas ocenia się częstość (w przypadku ciągłym gęstość)



Rysunek 4.3: Przykładowe obszary decyzyjne dla metody k-sąsiadów z parametrami $k=3$ i $k=21$.

występowania obiektów o określonych parametrach. Następnie dla nowego obiektu wyznacza się częstości występowania obiektów poszczególnych klas i wybiera się klasę występującą dla tych parametrów najczęściej.

Do tej grupy metod należy naiwny klasyfikator Bayesowski. Bayesowski, ponieważ bazuje na regule Bayesa użytej do wyznaczenia prawdopodobieństwa a posteriori należenia do poszczególnych klas. Naiwność w tym kontekście oznacza przyjęte założenie, że łączna gęstość występowania obiektów jest iloczynem gęstości brzegowych. Naiwny klasyfikator Bayesowski jest dostępny w funkcjach `naiveBayes(e1071)` i `NaiveBayes(klaR)`. Poniżej przedstawimy tę drugą implementację. Sposób użycia tej funkcji jest podobny do użycia innych opisanych powyżej klasyfikatorów. Na rysunku 4.4 przedstawione są warunkowe brzegowe oceny gęstości dla obu zmiennych dla każdej z klas, na bazie tych gęstości wykonywana jest klasyfikacja. Na rysunku 4.5 przedstawiamy przykładowe obszary decyzyjne dla naiwnego klasyfikatora Bayesowskiego.

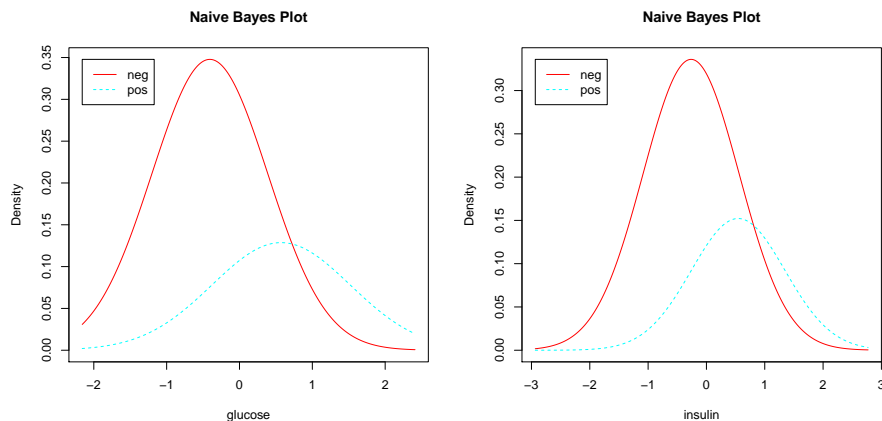
```
# konstruujemy naiwny klasyfikator Bayesowski
mN <- klaR::NaiveBayes(diabetes~glucose+insulin, data=dane, subset=zbior.uczacy)
# wyznaczamy oceny
oceny <- predict(mN, dane[-zbior.uczacy,])$class
table(predykcja = oceny, prawdziwe = dane[-zbior.uczacy,3])
```

```
##           prawdziwe
## predykcja neg pos
##      neg 102  29
##      pos  24  41
```

```
par(mfcol=c(1,2))
plot(mN)
```

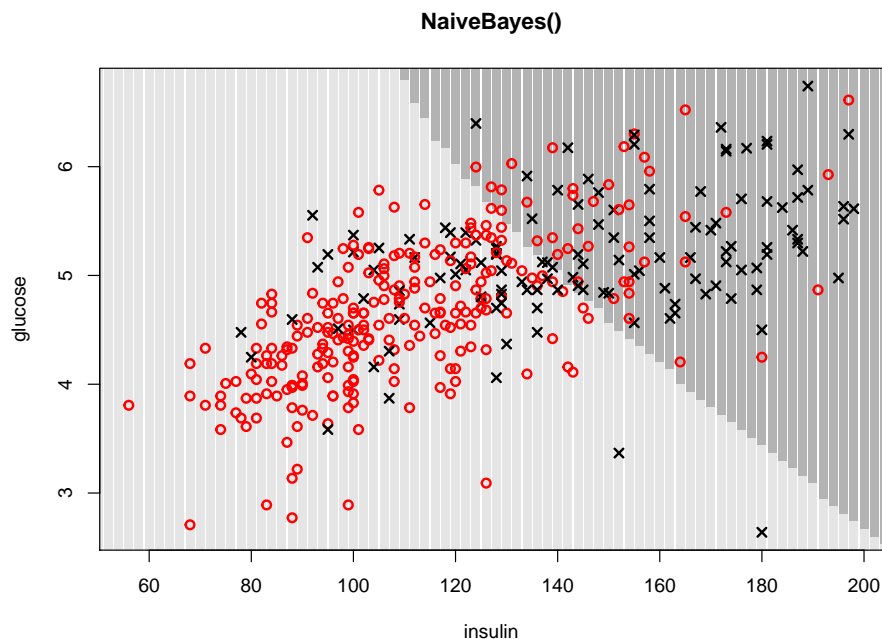
```
PimaIndiansDiabetes2 = na.omit(PimaIndiansDiabetes2)
dane = PimaIndiansDiabetes2[,c(2,5,9)]
dane[,2] = log(dane[,2])

seqx = seq(30,210,2)
seqy = seq(2.5,7,0.07)
siata = as.data.frame(expand.grid(seqx, seqy))
```

Rysunek 4.4: Warunkowe brzegowe oceny gęstości, na ich bazie funkcjonuje naiwny klasyfikator Bayesowski.

```
kol = c("grey90", "grey70")
klasyfikatorKNN = klaR::NaiveBayes(diabetes~glucose+insulin, data = dane)
wub = predict(klasyfikatorKNN, newdata=siata)$class
plot(siata, col=kol[as.numeric(wub)], pch=15, main="NaiveBayes()",
     xlab="insulin", ylab="glucose", xlim=range(dat[,1]), ylim=range(dat[,2]))
points(dane[,1:2], pch=c(1,4)[as.numeric(dane[,3])], cex=1,
       col=kol2[as.numeric(dane[,3])], lwd=2)
```



Rysunek 4.5: Przykładowe obszary decyzyjne dla naiwnego klasyfikatora Bayesowskiego.

4.4 Drzewa decyzyjne

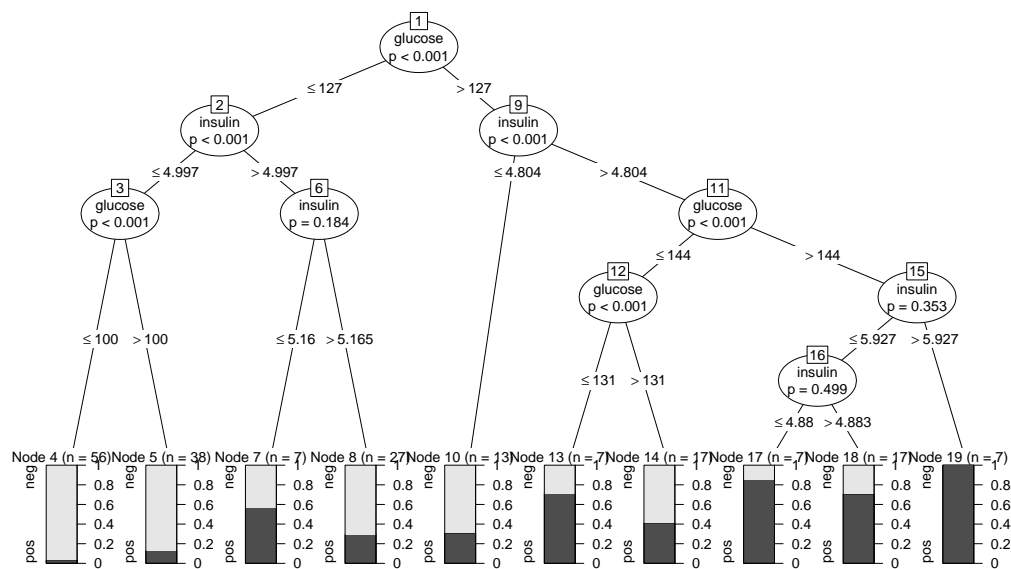
Inną klasą klasyfikatorów są cieszące się dużą popularnością metody bazujące na drzewach decyzyjnych (klasyfikacyjnych). W tym przypadku klasyfikator jest reprezentowany przez drzewo binarne, w którego

węzłach znajdują się pytania o wartości określonej cechy, a w liściach znajdują się oceny klas. Przykład drzewa klasyfikacyjnego przedstawiamy na rysunku 4.6. Dodatkowo w liściach przedstawiono proporcje obiektów z obu klas, które znalazły się w danym węźle, a więc spełniły warunki określone w poszczególnych węzłach drzewa. Jeżeli nowe obiekty będziemy przypisywać do klasy, która w danym liściu występowała najczęściej, to dla trzech liści (czwartego, szóstego i siódmego) klasyfikować będziemy do grupy osób chorych, a w pozostałych liściach będziemy klasyfikować do grupy osób zdrowych.

W pakiecie R metoda wyznaczania drzew decyzyjnych dostępna jest w wielu różnych funkcjach. Popularnie wykorzystywane są funkcje `tree(tree)`, `rpart(rpart)` oraz `cpart(party)`. Poniżej przedstawimy tylko tą ostatnią, ponieważ są dla niej opracowane najbardziej atrakcyjne funkcje do prezentacji graficznej. Z wszystkich wymienionych funkcji do konstrukcji drzew korzysta się podobnie. Wymienione funkcje mogą służyć zarówno do wyznaczania drzew regresyjnych jak i klasyfikacyjnych, ale w tym miejscu przedstawimy tylko ich klasyfikacyjną naturę. Do wizualizacji drzew klasyfikacyjnych można wykorzystać (w zależności od tego jaką funkcją wyznaczaliśmy drzewo) funkcje `plot.BinaryTree(party)`, `plot.tree(tree)`, `text.tree(tree)`, `draw.tree(maptree)`, `plot.rpart(rpart)` oraz `text.rpart(rpart)`.

Aby zbudować drzewo klasyfikacyjne należy określić kryterium podziału, a więc na jaką wartość ma być minimalizowana przy tworzeniu kolejnych gałęzi (najczęściej jest to błąd klasyfikacji) oraz kryterium stopu (a więc jak długo drzewo ma być dzielone). Różne warianty drzew umożliwiają kontrolę różnych kryteriów, w przypadku metody `ctree()` zarówno kryterium stopu jak i podziału można określić argumentem `control` (patrz opis funkcji `ctree_control(party)`). Poniżej przedstawiamy przykładową sesję z budową drzewa klasyfikacyjnego.

```
# określamy kryteria budowy drzewa klasyfikacyjnego
ustawienia <- party::ctree_control(mincriterion = 0.5, testtype = "Teststatistic")
# uczymy drzewo
drzewo <- party::ctree(diabetes~glucose+insulin,
                       data=dane, subset = zbior.uczacy, controls = ustawienia)
# narysujmy je
plot(drzewo)
```

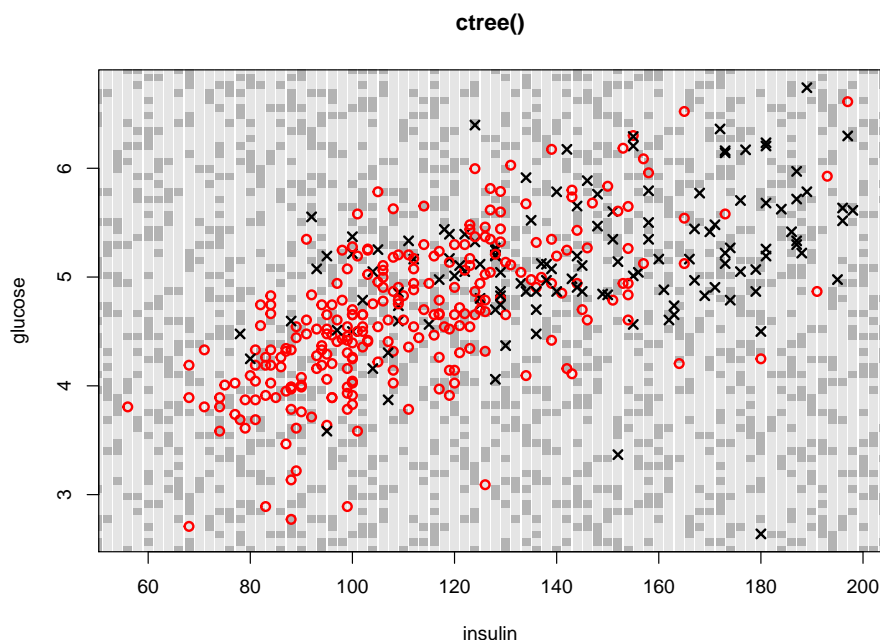


Rysunek 4.6: Przykładowe drzewo klasyfikacyjne wyznaczone funkcją `ctree()`.

```
# w standardowy sposób przeprowadzamy klasyfikacje
oceny = predict(drzewo, dane[-zbior.uczacy,])
table(predykcja = oceny, prawdziwe = dane[-zbior.uczacy,3])
```

```
##          prawdziwe
## predykcja neg pos
##      neg  98  33
##      pos  28  37

drzewo <- party::ctree(dane$diabetes~dane$glucose+dane$insulin, data=dane,
                      controls = party::ctree_control(
                        mincriterion = 0.5, teststat = c("max")))
wub = predict(drzewo, siata)
plot(siata, col=kol[as.numeric(wub)], pch=15, main="ctree()",
     xlab="insulin", ylab="glucose", xlim=range(dat[,1]), ylim=range(dat[,2]))
points(dane[,1:2], pch=c(1,4)[as.numeric(dane[,3])], cex=1,
       col=kol2[as.numeric(dane[,3])], lwd=2)
```



Rysunek 4.7: Przykładowe obszary decyzyjne dla drzewa klasyfikacyjnego.

Zaletą drzew jest ich łatwość w interpretacji. Narysowany klasyfikator może być oceniony i poprawiony, przez eksperta z dziedziny, której problem dotyczy.

Dla drzew zapisanych jako obiekty klasy `tree` lub `rpart` dostępne są dwie przydatne funkcje umożliwiające modyfikację drzewa. Pierwsza to `prune.tree(tree)` (`prune.rpart(rpart)`). Pozwala ona na automatyczne przycinanie drzewa, poszczególnymi argumentami tej funkcji możemy ustalić jak drzewo ma być przycięte. Można określić pożądaną liczbę węzłów w drzewie, maksymalny współczynnik błędu w liściu drzewa oraz inne kryteria. Nie zawsze przycinanie automatyczne daje satysfakcjonujące rezultaty. W sytuacji gdy drzewo potrzebuje ludzkiej ingerencji można wykorzystać funkcję `snip.tree(tree)` (`snip.rpart(rpart)`) pozwalającą użytkownikowi na wskazanie myszką które węzły drzewa mają być usunięte. Inne ciekawe funkcje to `misclass.tree(tree)` (wyznacza błąd klasyfikacji dla każdego węzła z drzewa) oraz `partition.tree(tree)` (wyznacza obszary decyzyjne dla drzew).

4.5 Lasy losowe

Wadą drzew klasyfikacyjnych jest ich mała stabilność. Są jednak sposoby by temu zaradzić. Takim sposobem jest konstruowanie komitetu klasyfikatorów a więc użycie metody bagging lub boosting. Nie wystarczyło tu

miejsca by przedstawić te metody w ich ogólnej postaci, wspomnimy o nich na przykładzie lasów losowych.

Idea, która przyświeca metodzie lasów losowych może być streszczona w zdaniu “Niech lasy składają się z drzew”. Jak pamiętamy w metodzie bootstrap generowano replikacje danych, by ocenić zachowanie statystyki dla oryginalnego zbioru danych. Odmianą metody bootstrap w zagadnieniu klasyfikacji jest bagging. Na bazie replikacji zbioru danych konstruowane są klasyfikatory, które na drodze głosowania większością wyznaczają ostateczną klasę dla danej obserwacji. W przypadku lasów losowych komitet klasyfikatorów składa się z drzew klasyfikacyjnych, które są trenowane na replikacjach zbioru danych, dla ustalonego podzbioru zmiennych.

Ponieważ drzew w lesie jest dużo, do komitet głosujący demokratycznie charakteryzuje się większą stabilnością. Dodatkową zaletą drzew jest naturalny nieobciążony estymator błędu klasyfikacji. Generując replikacje losując metodą z powtórzeniami, średnio do replikacji nie trafia około jednej trzeciej obserwacji (w ramach ćwiczeń warto to sprawdzić). Te obserwacje, które nie trafiły do replikacji, można wykorzystać do oceny klasyfikatora nauczonego na danej replikacji. Taka ocena błędu określana jest błędem OOB (ang. out-of-bag). Jeszcze inną zaletą drzew losowych jest możliwość oceny zdolności dyskryminujących dla poszczególnych zmiennych (dzięki czemu możemy wybrać najlepszy zbiór zmiennych).

Lasy losowe dostępne są w funkcji `randomForest` (`randomForest`). Poniżej przedstawiamy przykład jej użycia. Ponieważ przy konstrukcji lasów losowych generowane są losowe replikacje zbioru danych, to aby móc odtworzyć uzyskane wyniki warto skorzystać z funkcji `set.seed()`.

```
# ustawiamy ziarno generatora, by można było odtworzyć te wyniki
set.seed(1)

# ćwiczymy las
klasyfikatorRF <- randomForest::randomForest(diabetes~glucose+insulin,
                                             data=dane,
                                             subset=zbior.uczacy, importance=TRUE, proximity=TRUE)

# podsumowanie lasu
print(klasyfikatorRF)

##
## Call:
## randomForest(formula = diabetes ~ glucose + insulin, data = dane, importance = TRUE, proximity
##               Type of random forest: classification
##               Number of trees: 500
## No. of variables tried at each split: 1
##
## OOB estimate of error rate: 27.04%
## Confusion matrix:
##      neg pos class.error
## neg 113  23  0.1691176
## pos  30  30  0.5000000

# podobnie jak dla innych klasyfikatorów funkcją predict() możemy ocenić
# etykiety na zbiorze testowym i porównać błąd klasyfikacji z błędem z
# innych metod
oceny = predict(klasyfikatorRF, dane[-zbior.uczacy,])
table(predykcja = oceny, prawdziwe = dane[-zbior.uczacy,"diabetes"])

##           prawdziwe
## predykcja neg pos
##      neg 101  29
##      pos  25  41
```

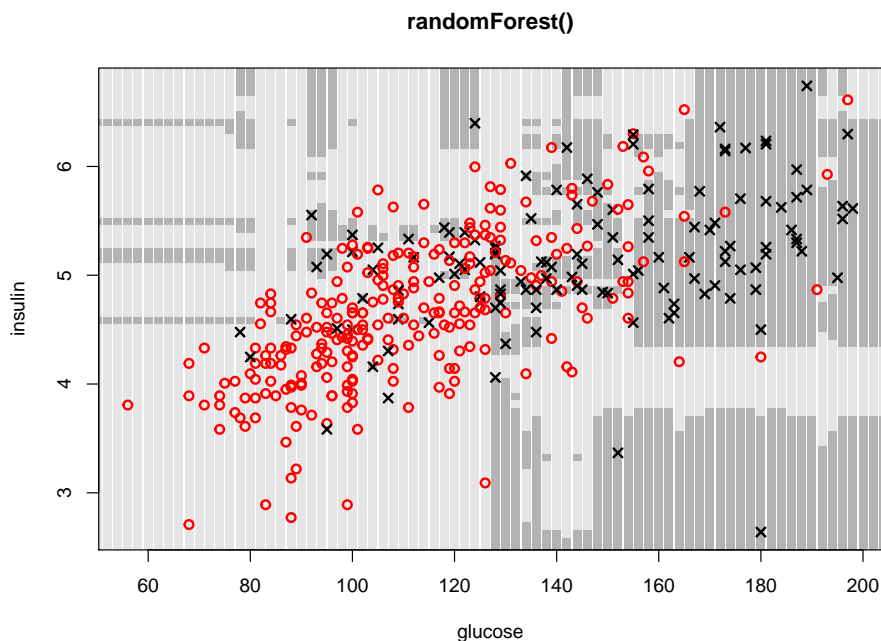
```

PimaIndiansDiabetes2 = na.omit(PimaIndiansDiabetes2)
dane = PimaIndiansDiabetes2
dane[,5] = log(dane[,5])

seqx = seq(30,210,2)
seqy = seq(2,7,0.07)
siata = as.data.frame(expand.grid(seqx, seqy))
colnames(siata) = c("glucose", "insulin")

klasyfikatorRF <- randomForest::randomForest(diabetes~glucose+insulin,
                                             data=dane,importance=TRUE, proximity=TRUE)
#klasyfikatorRF <- randomForest(diabetes~., data=dane,importance=TRUE, proximity=TRUE)
wub = predict(klasyfikatorRF, siata)
plot(siata, col=kol[as.numeric(wub)], pch=15,
     main="randomForest()", xlim=range(dane[, "glucose"]), ylim=range(dane[, "insulin"]),
     cex=1)
points(dane[,c("glucose", "insulin")], pch=c(1,4)[as.numeric(dane[, "diabetes"])],
      cex=1, col=kol2[as.numeric(dane[, "diabetes"])], lwd=2)

```



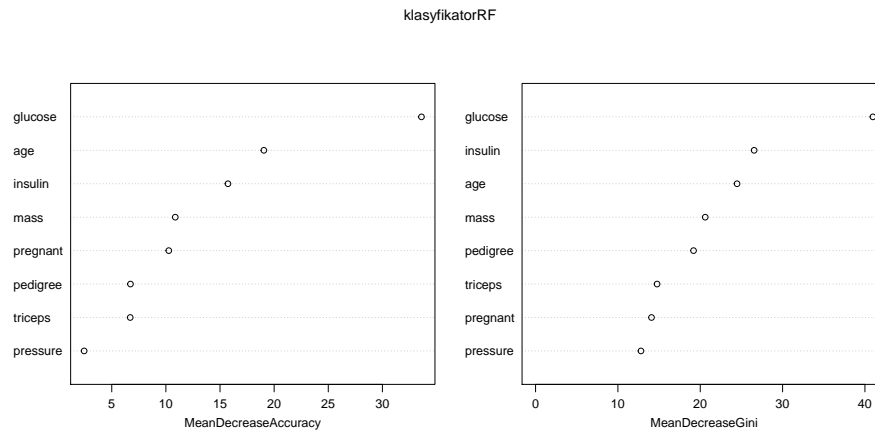
Rysunek 4.8: Przykładowe obszary decyzyjne dla lasów losowych.

Lasy losowe są uznawane za jedną z najlepszych metod klasyfikacji. Ich dodatkową zaletą jest możliwość użycia nauczonego lasu losowego do innych zagadnień niż tylko do klasyfikacji. Przykładowo na podstawie drzew z lasu można wyznaczyć ranking zmiennych, a tym samym określić które zmienne mają lepsze właściwości predykcyjne a które gorsze. Taką informację przekazuje funkcja `importance(randomForest)`, można tę informację również przedstawić graficznie z użyciem funkcji `varImpPlot(randomForest)` (przykład dla naszego zbioru danych jest przedstawiony na rysunku 4.9).

Używając lasów losowych (regresyjnych) można również wykonać imputację, a więc zastąpić brakujące obserwacje w zbiorze danych. Do tego celu można posłużyć się funkcją `rfImpute(randomForest)`. Można również zdefiniować na podstawie lasów losowych miarę odstępstwa i wykrywać nią obserwacje odstające (do tego celu służy funkcja `outlier(randomForest)`). Można również używając lasów losowych przeprowadzać skalowanie wielowymiarowe, osoby zainteresowane tym tematem powinny zaznajomić się z funkcją

```
MDSplot(randomForest)
```

```
klasyfikatorRF <- randomForest::randomForest(diabetes~ .,
                                              data=PimaIndiansDiabetes2,
                                              importance=TRUE,proximity=TRUE)
randomForest::varImpPlot(klasyfikatorRF)
```



Rysunek 4.9: Ranking zmiennych wykonany przez las losowy.

4.6 Inne klasyfikatory

Powyżej wymienione metody to zaledwie początek góry lodowej funkcji do klasyfikacji dostępnych w pakiecie R. Poniżej wymienimy jeszcze kilka nazw popularnych klasyfikatorów, oraz pokażemy w których funkcjach i pakietach dane metody są dostępne.

- **Sieci neuronowe.** Sieci neuronowe gotowe do użycia w zagadnieniach klasyfikacji są dostępne w funkcjach `nnet` (`nnet`) (prosta w użyciu sieć z jedną warstwą neuronów ukrytych) i `train` (`AMORE`) (bardziej zaawansowana funkcja do uczenia sieci neuronowych).
- **Metoda wektorów podpierających (SVM, ang. Support Vector Machines).** Idea wykorzystywana w tej technice jest zwiększenie wymiaru przestrzeni obserwacji (przez dodanie nowych zmiennych np. transformacji zmiennych oryginalnych) tak by obiekty różnych klas można było rozdzielić hiperpłaszczyznami. Ta technika zyskała wielu zwolenników, funkcje pozwalające na jej wykorzystanie znajdują się w kilku pakietach np. `ksvm` (`kernlab`), `svm` (`1071`), `svmlight` (`klaR`), `svmpath` (`svmpath`).
- **Nearest mean classification i Nearest Shrunken Centroid Classifier.** Zasady działania podobne jak dla metod analizy skupień k-średnich i PAM. Metoda Nearest mean classification dostępna w funkcji `nm` (`klaR`) wyznacza średnie dla obiektów z danej klasy i nowe obiekty klasyfikuje do poszczególnych klas na podstawie wartości odległości nowej obserwacji od wyznaczonych średnich. Metoda Nearest Shrunken Centroid Classifier dostępna w funkcji `pamr.train` (`pamr`) działa podobnie, tyle, że zamiast średnich wyznacza centroidy.
- **Metody bagging i boosting.** Idea obu metod opiera się na tworzeniu replikacji zbioru danych, na których uczone są klasyfikatory. Wiele funkcji ze wsparciem dla tych metod znajduje się w pakiecie `boost` (`boosting`) i `ipred` (`bagging`), np. funkcje `adaboost` (`boost`), `bagboost` (`boost`), `l2boost` (`boost`), `logitboost` (`boost`), `ipredbagg` (`ipred`).

Rozdział 5

Analiza kanoniczna

Podstawowe problemy i wyniki analizy kanonicznej zostały sformułowane przez Harolda Hotellinga (wybitny ekonomista, matematyk, statystyk) w latach 1935-36. Powstała jako metoda do badania zależności pomiędzy dwoma zbiorami zmiennych. Do dziś doczekała się wielu uogólnień i rozszerzeń, np. na badanie relacji pomiędzy wieloma zbiorami zmiennych, na badane relacji w obecności współliniowych zmiennych (przez regularyzację) itp.

5.1 Problem

Mamy dwa zbiory zmiennych $\{X_1, \dots, X_p\}$ i $\{Y_1, \dots, Y_p\}$.

Chcemy znaleźć taką kombinację liniową zmiennych z pierwszego zbioru, aby korelowała ona możliwie najsilniej ze zmiennymi z drugiego zbioru.

Innymi słowy, szukamy wektorów współczynników a i b , takich, że

$$\text{cor}(a'X, b'Y)$$

jest możliwie największa.

5.2 Rozwiązanie

Wektor współczynników a to wektor własny odpowiadający największej wartości własnej macierzy

$$S_{22}^{-1}S_{21}S_{11}^{-1}S_{12}$$

a wektor współczynników b to wektor własny odpowiadający największej wartości własnej macierzy

$$S_{11}^{-1}S_{12}S_{22}^{-1}S_{21}$$

Korelacja $\text{cor}(a'X, b'Y)$ to wartość największa wartość własna z powyższych macierzy.

[Wyprowadzenie na tablicy]

Nowe zmienne $u_1 = a'X$ i $v_1 = b'Y$ wyjaśniają największą część korelacji pomiędzy zbiorami wektorów X i Y , ale nie całą.

Kolejnym krokiem jest znalezienie kolejnych zmiennych $u_i = a_i'X$ i $v_i = b_i'Y$, tak by:

- wektory u_i są nieskorelowane pomiędzy sobą,
- wektory v_i są nieskorelowane pomiędzy sobą,
- korelacje $\text{cor}(u_i, v_i)$ tworzą nierosnący ciąg odpowiadający możliwie największym cząstkowym korelacjom.

Jeżeli obserwacje pochodzą z wielowymiarowego modelu normalnego $N(\mu, \Sigma)$ to możemy testować:

$$H_0 : R_i = 0 \forall_i$$

Statystyka testowa dla testu ilorazu wiarygodności

$$LRT = -n \sum_{i=k+1}^s \log(1 - R_i^2)$$

ma asymptotyczny rozkład $\chi^2_{(p-k)(q-k)}$.

Wartość n w statystykach testowych zamienia się czasem na $n - \frac{1}{2}(p + q + 3)$, co poprawia test.

5.3 Założenia

- wielowymiarowa normalność,
- brak obserwacji odstających (miara Cooka, Leverage, test Grubbsa, test Dixona)
- brak współliniowości (reguła kciuka, wyznacznik $> 10^{-5}$)

Liczba obserwacji powinna być większa od około 20*liczba zmiennych.

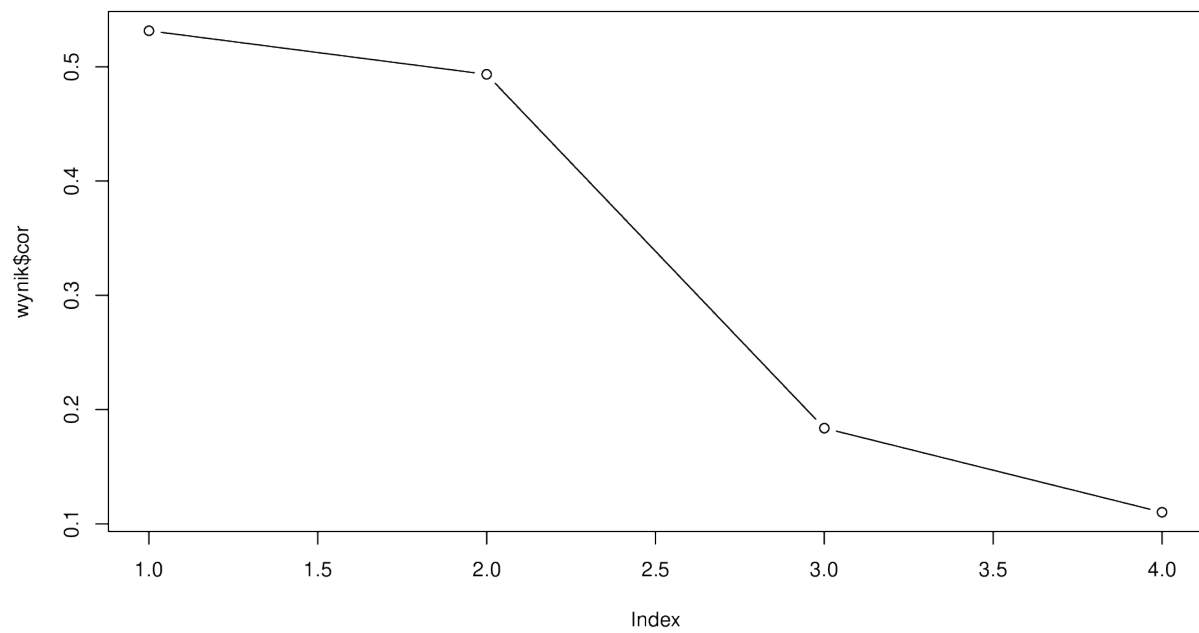
5.4 Jak to zrobić w R

Analiza kanoniczna jest zaimplementowana między innymi w pakiecie CCA w funkcji `cc()`.

Prześledźmy poniższy kod

```
> library(CCA)
> dane = read.table("dane.csv", header=T, sep=";")
> X = dane[,c(9:10)]
# kolumny z waga
> Y = dane[,c(11:17)]
# kolumny z MDRD
> wynik = cc(X,Y)
> wynik$cor
[1] 0.3754946 0.1907164

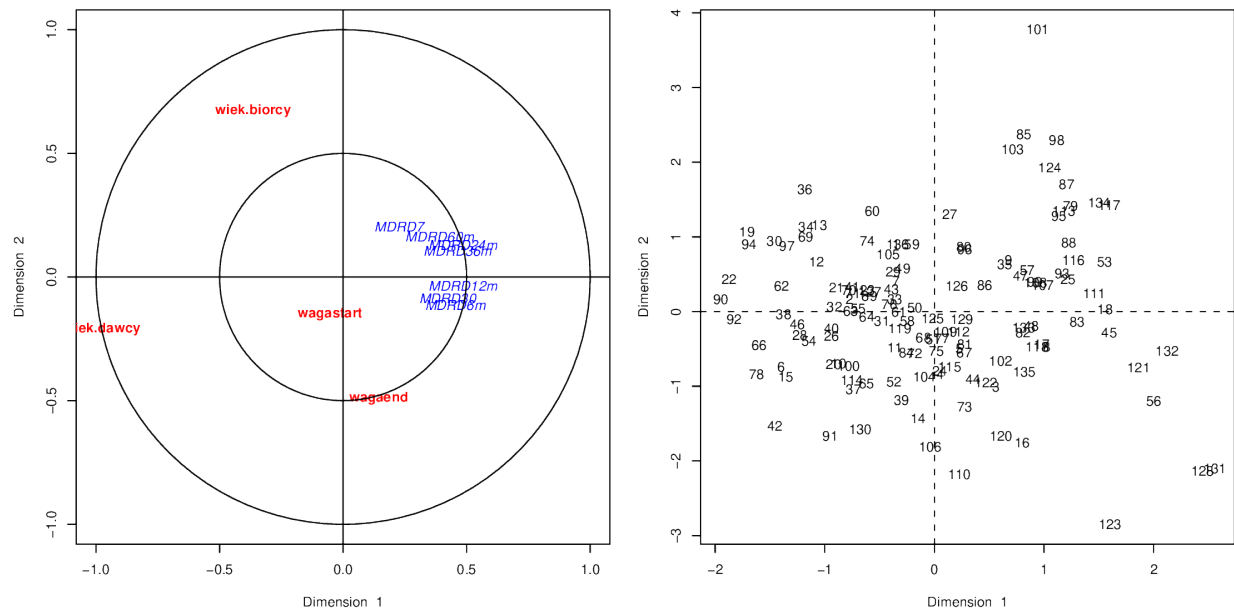
> wynik$xccoef
[,1]
[,2]
wagastart 0.1047822 -0.09276486
wagaend
-0.1154909 0.01404359
> wynik$ycoef
[,1]
[,2]
MDRD7
0.056059823 0.05799373
MDRD30 -0.059196976 -0.03981322
MDRD6m -0.006987328 0.02870234
MDRD12m -0.094082377 0.07732582
MDRD24m 0.119735985 -0.09688825
MDRD36m -0.024980200 -0.01744831
MDRD60m -0.007345604 0.04083270
> plot(wynik$cor, type="b")
> plt.cc(wynik, var.label=T)
```

Rysunek 5.1: w1

5.5 Przykładowe wyniki

5.6 Studium przypadku



Rysunek 5.2: w2

Rozdział 6

Analiza korespondencji (odpowiedniości)

6.1 Problem

Obserwujemy dwie zmienne jakościowe. Pierwsza zmienna przyjmuje wartości z n_1 poziomów, druga z n_2 poziomów.

Interesuje nas, czy zmienne te są od siebie niezależne, a jeżeli nie są niezależne to które kombinacje poziomów występują ze sobą znacznie częściej. Dane z którymi mamy do czynienia to macierz kontyngencji (tabela wielodziel- cza) o wymiarach $k \times l$ wyznaczona dla dwóch zmiennych o odpowiednio k i l poziomach. Jeżeli k i l są małe, to taką macierz można ogarnąć rzutem oka. Jednak dla zmiennych występujących na wielu poziomach potrzebne są już dodatkowe narzędzia.

6.2 Rozwiązanie

Aby ocenić niezależność dwóch zmiennych można wykorzystać test χ^2 z funkcji `chisq.test()` lub inny test dla macierzy kontyngencji (jeżeli poziomy są uporządkowane to dobrym rozwiązaniem będzie test Cochran-Armitage). Testem tym zweryfikujemy hipotezę o niezależności częstości występowania poszczególnych zmiennych. Jeżeli jednak odrzucimy tę hipotezę zerową, czyli przyjmimy że jest JAKAŚ zależność, to naturalnym pytaniem będzie jaka to zależność i pomiędzy którymi poziomami. Aby ocenić, które zmienne występują częściej ze sobą można wykonać się tzw. analizę korespondencji. Jeżeli zmienne były by niezależne od siebie, to zachodziłoby by równanie

$$p_{ij} = p_{i \cdot} p_{\cdot j}, \quad i \in \{1 \dots k\}, \quad j \in \{1 \dots l\}.$$

gdzie p_{ij} to prawdopodobieństwo zaobserwowania pierwszej zmiennej na poziomie i i jednocześnie drugiej na poziomie j , $p_{i \cdot}$ to prawdopodobieństwo zaobserwowania zmiennej pierwszej na poziomie i a $p_{\cdot j}$ to prawdopodobieństwo zaobserwowania zmiennej drugiej na poziomie j .

Żeby ocenić, które zmienne występują częściej lub rzadziej niż wynikałoby to z niezależności, wyznaczmy standaryzowane reszty Pearsonowskie, zastąpimy też prawdopodobieństwa ich częstościowymi ocenami (czyli \hat{p} to liczba obserwowanych zdarzeń podzielona przez liczbę wszystkich obserwowanych zdarzeń)

$$\hat{e}_{ij} = \frac{\hat{p}_{ij} - \hat{p}_{i \cdot} \hat{p}_{\cdot j}}{\hat{p}_{i \cdot} \hat{p}_{\cdot j}}$$

Duże dodatnie wartości \hat{e}_{ij} odpowiadają wysokiemu współwystępowaniu, ujemne $E = [\hat{e}_{ij}]$ przedstawić w postaci graficznej używając tzw. biplotu. Innymi słowy wyznaczamy dekompozycję SVD macierzy E wartości odpowiadają występowaniu rzadszemu niż losowe. Możemy teraz macierz

$$E_{k \times l} = U_{k \times k} \sum_{k \times k} V_{l \times l}^T$$

Kolumny macierzy $U_{k \times k}$ to wektory własne macierzy $E^T E$ a kolumny macierzy V to wektory własne macierzy EE^T . Na przekątnej macierzy diagonalnej σ znajdują się tzw. wartości singularne (osobliwe?) równe pierwiastkom z wartości własnych macierzy $E^T E$ i EE^T . "Przy okazji" kolumny macierzy U rozpinają ortonormalną bazę na kolumnach macierzy E a kolumny macierzy V rozpinają ortonormalną bazę na wierszach macierzy E . Można więc przedstawić macierz E (lub możliwie dużo informacji z tej macierzy) we nowej przestrzeni określonej na bazie współrzędnych wierszy i kolumn macierzy E .

6.3 Jak to zrobić w R?

Przedstawimy funkcje `ca(ca)` oraz `corresp(MASS)`. Obie służą do wykonania analizy korespondencji. Wykonują ją jednak w odrobinę odmienny sposób przez co wyniki końcowe też są inne.

6.4 Studium przypadku

Przedstawmy przykład bazujący na danych o zatrudnieniu w poszczególnych województwach. Zmienne które chcemy porównać to Województwo (16 poziomów) i Sektor pracy (4 poziomy: rolnictwo, przemysł, usługi, bezrobotni). Podejrzewamy, że struktura zatrudnienia różni się pomiędzy województwami.

```
library("MASS")
library("ca")
library("RColorBrewer")
# przygotujemy wektor kolorow
kolory = rev(brewer.pal(11,"Spectral"))

# wybierzmy interesujące nas kolumny
# konwertujemy tabele na macierz, takiego formatu spodziewa się funkcja heatmap()
dane = as.matrix(daneGUS[,c(22:25)])
colSums(dane)
```

```
## pracujacy.rolnictwo  pracujacy.przemysl  pracujacy.uslugi
##                2249                4680                8309
##      bezrobotni
##                743
```

```
rowSums(dane)
```

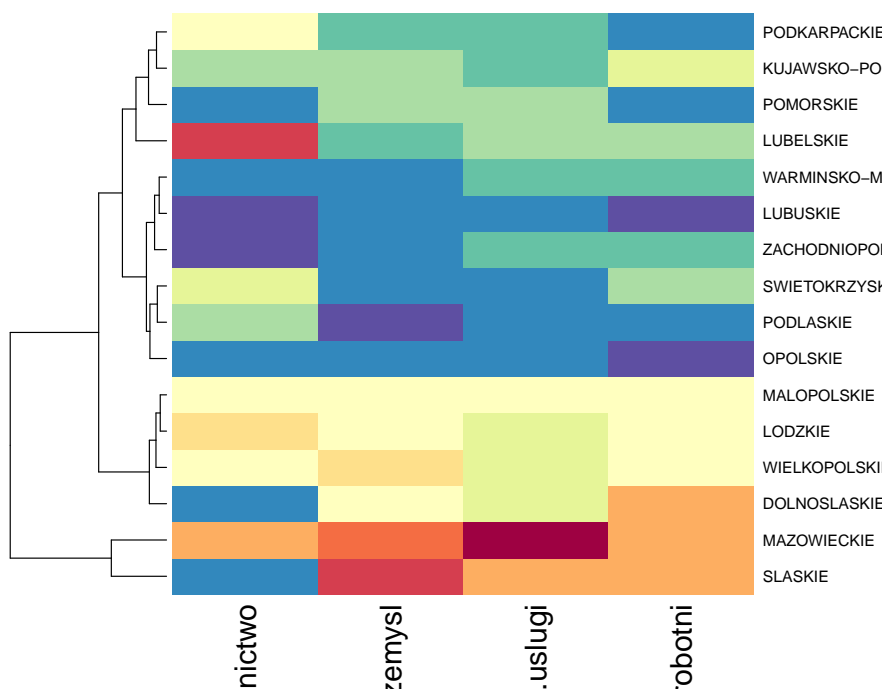
```
##      DOLNOSLASKIE  KUJAWSKO-POMORSKIE      LODZKIE
##      1218          791          1304
##      LUBELSKIE    LUBUSKIE      MALOPOLSKIE
##      1018          451          1336
##      MAZOWIECKIE  OPOLSKIE    PODKARPACKIE
##      2373          379          852
##      PODLASKIE    POMORSKIE      SLASKIE
##      478           792          1845
##      SWIETOKRZYSKIE  WARMINSKO-MAZURSKIE  WIELKOPOLSKIE
##      622           573          1371
##      ZACHODNIOPOMORSKIE
##      578
```

```
# jak wygląda macierz z danymi?
head(dane)
```

```
##          pracujacy.rolnictwo pracujacy.przemysl pracujacy.uslugi
## DOLNOSLASKIE                74                415                651
## KUJAWSKO-POMORSKIE          128                245                369
## LODZKIE                     220                384                636
## LUBELSKIE                   328                197                447
## LUBUSKIE                    43                 151                244
## MALOPOLSKIE                 205                381                689
##          bezrobotni
## DOLNOSLASKIE                78
## KUJAWSKO-POMORSKIE          49
## LODZKIE                    64
## LUBELSKIE                   46
## LUBUSKIE                    13
## MALOPOLSKIE                 61
```

Macierz 64 liczb jest trudno ogarnąć nieuzbrojonym okiem. Możemy zauważyć, że biorąc pod uwagę, że najwięcej ludzi pracuje w sektorze usługowym (8309 tys.) również łatwo zauważyć, że najludniejsze jest województwo Mazowieckie (2373 tys.) ale z tych surowych danych ciężko wyciągnąć głębszy wniosek.

```
# tę macierz można przedstawić w postaci graficznej
# czerwony odpowiada dużym liczbom, niebieski małym
heatmap(dane,scale="col",Colv=NA,col= kolory)
```



Rysunek 6.1: Mapa ciepła dla danych oryginalnych (kolory normalizowane po kolumnach).

```
# zobaczymy czy sa zaleznosci pomiedzy kolumnami i wierszami, wyglada na to ze nie sa to niezalezne cechy
chisq.test(dane)
```

```
##
## Pearson's Chi-squared test
```

```
##
## data: dane
## X-squared = 1031.9, df = 45, p-value < 2.2e-16
```

Wykonaliśmy test χ^2 i otrzymaliśmy bardzo małą p-wartość, która upewniła nas w przekonaniu, że województwa mają inną strukturę zatrudnienia.

```
# zobaczymy które kombinacje występują częściej niż w przypadku niezależności
# policzymy residua Pearsonowskie
P = dane/sum(dane)
# macierz czestosci oczekiwanych
PP = outer(rowSums(P), colSums(P))
# macierz residuow Pearsonowskich
E = (P-PP)/sqrt(PP)
head(E)
```

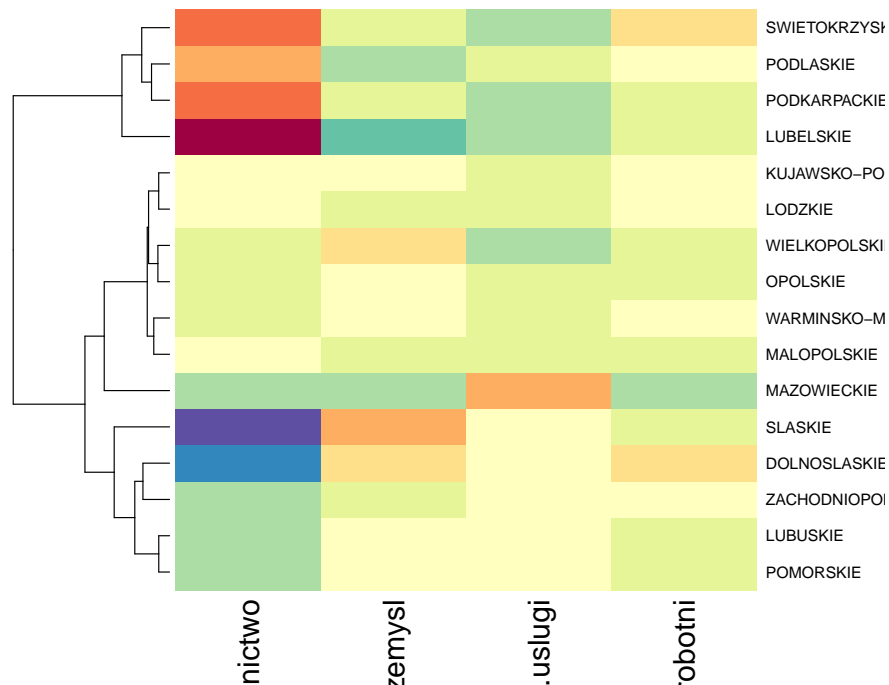
```
##          pracujacy.rolnictwo pracujacy.przemysl pracujacy.uslugi
## DOLNOSLASKIE          -0.058854443          0.024423457          0.005571820
## KUJAWSKO-POMORSKIE      0.012508000          0.006942431         -0.016485942
## LODZKIE                0.021307056          0.000860813         -0.012756112
## LUBELSKIE              0.122091621         -0.046327197         -0.028293827
## LUBUSKIE               -0.020324264          0.013026864          0.004913504
## MALOPOLSKIE            0.009798815         -0.004097028         -0.001688693
##          bezrobotni
## DOLNOSLASKIE          0.022465943
## KUJAWSKO-POMORSKIE    0.015945574
## LODZKIE               0.003427270
## LUBELSKIE            -0.001528783
## LUBUSKIE             -0.013765063
## MALOPOLSKIE          -0.001118379
```

```
# tę macierz również można przedstawić za pomocą mapy ciepła
heatmap(E, scale="none", Colv=NA, col= kolory)
```

Wyznaczyliśmy macierz reszt Pearsonowskich E (którą też przedstawiliśmy graficznie z użyciem mapy ciepła) i z tej macierzy możemy już odczytać w których województwach poszczególne sektory są popularniejsze. Największe reszty obserwujemy dla sektora rolnictwa, zarówno duże dodatnie wartości (w województwie lubelskim, podlaskim, podkarpackim i świętokrzyskim) jak i duże (co do modułu) ujemne wartości (w województwie śląskim i dolnośląskim). Możemy teraz przedstawić graficznie macierz E z użyciem biplotu (z wykorzystaniem dekompozycji SVD).

```
# wykonujemy dekompozycje na wartosci osobliwe (singularne/szczególne)
A = svd(E)
X = t(apply(A$u, 1, "*", sqrt(A$d)))
Y = t(apply(A$v, 1, "*", sqrt(A$d)))
# zwykle współrzędne liczone są ze wzorow, w których A jest dekompozycja innej macierzy
# [TODO: uzupełnić albo pominąć]
# A = Dr(-1/2) A$u A$d
# B = Dc(-1/2) A$v a$d

plot(rbind(X[,1:2], Y[,1:2]), xlab="", ylab="", main="Bramka nr. 1", lwd
=3)
```



Rysunek 6.2: Mapa ciepła dla reszt Pearsonowskich.

```
# analiza korespondencji z użyciem pakietu MASS
```

```
biplot(MASS::corresp(dane, nf = 2))
```

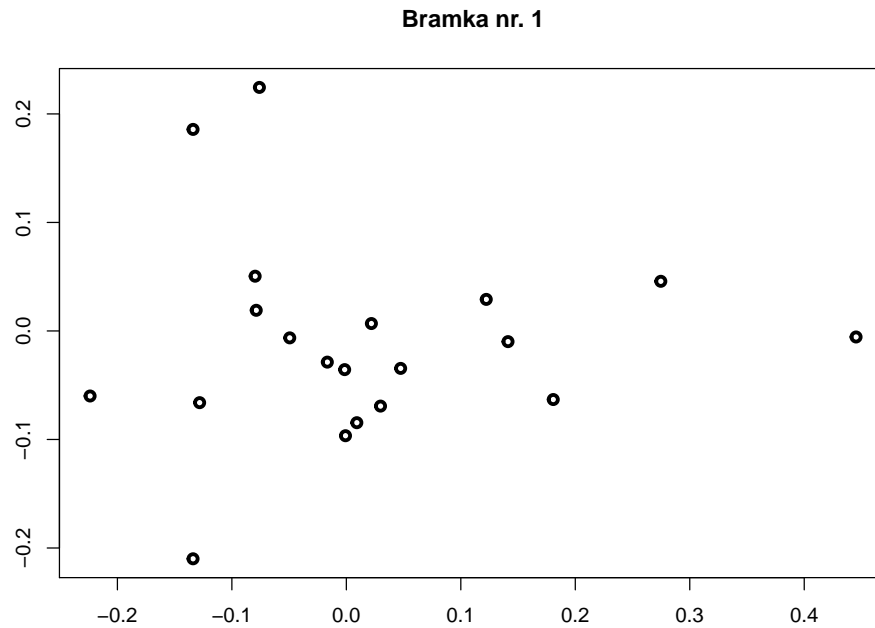
```
# analiza korespondencji z użyciem pakietu ca
```

```
# argument mass powoduje że liczebności komórek odpowiadają wielkościom punktów na wykresie
```

```
plot(ca::ca(dane), mass=c(T,T))
```

```
summary(ca::ca(dane))
```

```
##
## Principal inertias (eigenvalues):
##
## dim    value    %    cum%    scree plot
## 1      0.054859 85.0  85.0  *****
## 2      0.007352 11.4  96.3  ***
## 3      0.002360  3.7 100.0  *
##
## -----
## Total: 0.064571 100.0
##
##
## Rows:
##      name  mass  qlt  inr   k=1 cor ctr   k=2 cor ctr
## 1 | DOLN |   76  918   71 | -225 837  70 |  -70  81  51 |
## 2 | KUJA |   49  848   11 |   65 286   4 |  -91 563  56 |
## 3 | LODZ |   82 1000   10 |   80 838  10 |  -35 162  14 |
## 4 | LUBE |   64 1000  277 |  527 990 322 |   53  10  24 |
## 5 | LUBU |   28  723   12 | -142 719  10 |  -11   4   0 |
```



Rysunek 6.3: ?

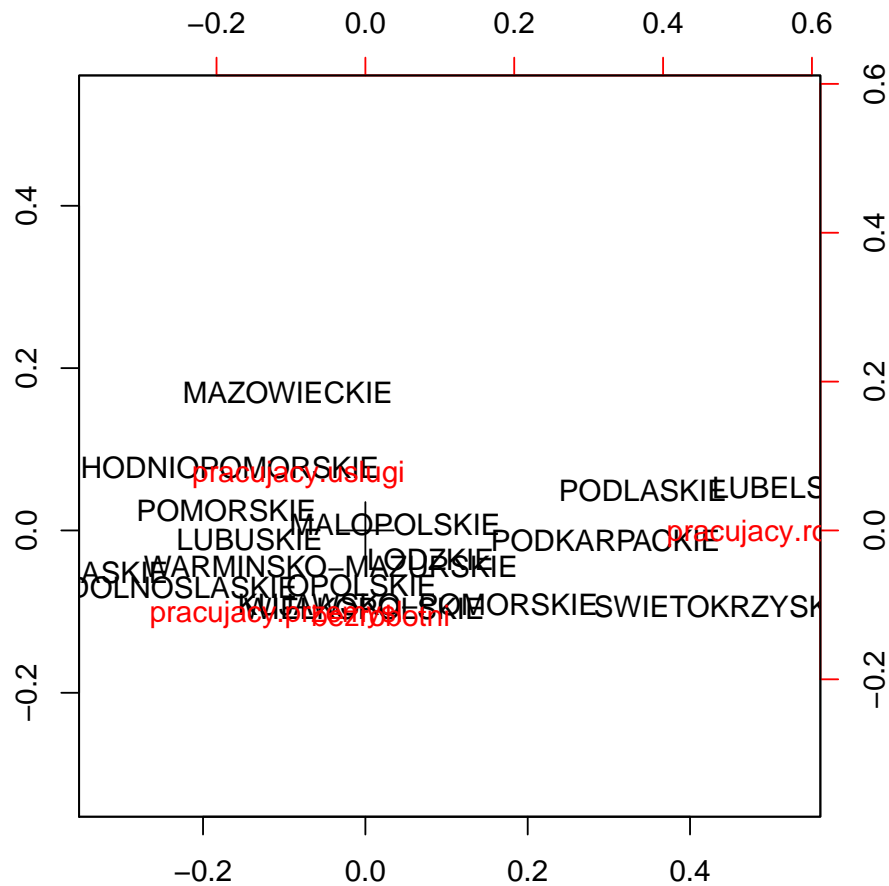
```
## 6 | MALO | 84 995 2 | 37 960 2 | 7 34 1 |
## 7 | MAZO | 148 1000 88 | -95 238 25 | 171 762 587 |
## 8 | OPOL | 24 496 3 | -5 2 0 | -68 494 15 |
## 9 | PODK | 53 926 78 | 296 925 85 | -12 2 1 |
## 10 | PODL | 30 994 56 | 342 974 64 | 49 20 10 |
## 11 | POMO | 50 939 24 | -171 919 26 | 25 20 4 |
## 12 | SLAS | 115 995 187 | -319 970 214 | -52 25 42 |
## 13 | SWIE | 39 968 128 | 443 926 139 | -94 41 47 |
## 14 | WARM | 36 515 4 | -42 246 1 | -44 269 10 |
## 15 | WIEL | 86 808 15 | -1 0 0 | -97 808 109 |
## 16 | ZACH | 36 806 33 | -203 702 27 | 78 103 30 |
##
## Columns:
##      name  mass  qlt  inr    k=1 cor ctr    k=2 cor ctr
## 1 | prcjcyr | 141 999 720 | 574 999 847 | -4 0 0 |
## 2 | prjcyp | 293 967 128 | -120 509 77 | -114 458 514 |
## 3 | prjcys | 520 1000 111 | -90 587 77 | 75 413 402 |
## 4 | bzrb | 46 236 42 | 21 7 0 | -115 228 83 |
```

Przy opisie analizy korespondencji często wymienianym czynnikiem jest inercja, nazywana czasem bezwładnością (przez podobieństwo do inercji w fizyce). Aby opisać formalnie czym jest ta miara musimy zacząć od kilku innych pojęć.

Niech masa wiersza i masa kolumny będzie określona jako brzegowe częstości macierzy kontyngencji.

```
(masa.kolumny = colSums(prop.table(dane)))
```

```
## pracujacy.rolnictwo  pracujacy.przemysl  pracujacy.uslugi
##      0.14072962      0.29284776      0.51992992
##      bezrobotni
##      0.04649271
```

Rysunek 6.4: ?

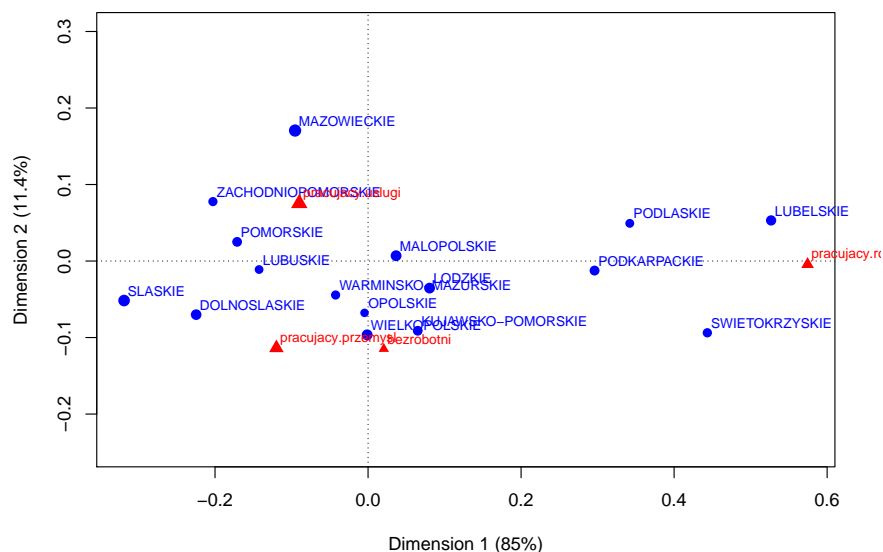
```
(masa.wiersza = rowSums(prop.table(dane)))
```

```
##      DOLNOSLASKIE  KUJAWSKO-POMORSKIE      LODZKIE
##      0.07621551      0.04949628      0.08159690
##      LUBELSKIE      LUBUSKIE      MALOPOLSKIE
##      0.06370064      0.02822101      0.08359927
##      MAZOWIECKIE      OPOLSKIE      PODKARPACKIE
##      0.14848883      0.02371566      0.05331331
##      PODLASKIE      POMORSKIE      SLASKIE
##      0.02991052      0.04955885      0.11544960
##      SWIETOKRZYSKIE WARMINSKO-MAZURSKIE WIELKOPOLSKIE
##      0.03892122      0.03585508      0.08578937
##      ZACHODNIOPOMORSKIE
##      0.03616795
```

Profilom wiersza (kolumny) będą wartości w wierszu (kolumnie) unormowane przez masę kolumny (wiersza).

```
head(profil.kolumny <- dane/rowSums(dane))
```

```
##      pracujacy.rolnictwo pracujacy.przemysl pracujacy.uslugi
## DOLNOSLASKIE      0.06075534      0.3407225      0.5344828
## KUJAWSKO-POMORSKIE      0.16182048      0.3097345      0.4664981
```



Rysunek 6.5: Przykład analizy korespondencji.

##	LODZKIE	0.16871166	0.2944785	0.4877301
##	LUBELSKIE	0.32220039	0.1935167	0.4390963
##	LUBUSKIE	0.09534368	0.3348115	0.5410200
##	MALOPOLSKIE	0.15344311	0.2851796	0.5157186
##	bezrobotni			
##	DOLNOSLASKIE	0.06403941		
##	KUJAWSKO-POMORSKIE	0.06194690		
##	LODZKIE	0.04907975		
##	LUBELSKIE	0.04518664		
##	LUBUSKIE	0.02882483		
##	MALOPOLSKIE	0.04565868		

Tak unormowane profile wierszy i kolumn mogą być ze sobą porównywane. Im większa odległość pomiędzy profilami kolumn tym mniejsza zależność pomiędzy czynnikami opisanymi w tych kolumnach (oczywiście dla wierszy jest tak samo). Średni profil kolumnowy to masa wiersza a średni profil wierszowy to masa kolumn.

Inercja to odległość (w mierze χ^2) pomiędzy daną kolumną (wierszem, punktem) a średnią wartością dla kolumn (wierszy). Całkowita inercja to suma odległości dla wszystkich kolumn (wierszy). **Im większa inercja tym punkty są oddalone dalej od średniego profilu wiersza/kolumny.**

[TODO: uzupełnić. nawiązać do wyników funkcji `summary.ca()`]

Wyniki powyższych instrukcji oglądać można na wykresie 6.1 i kolejnych.

Analizując ten wykres można zauważyć ciekawe zróżnicowanie województw. Na osi X największą współrzędną ma zmienna pr. rolnictwo, a więc to ta zmienna odpowiada największemu zróżnicowaniu województw. Wysoki wartości na tej osi osiągają województwa gdzie zatrudnienie w rolnictwie było wyższe niż średnie. Druga oś rozróżnia województwa w których dominuje zatrudnienie w sektorze usług (dodatnie wartości) versus zatrudnieniu w przemyśle lub braku zatrudnienia (niestety profil zatrudnienia w przemyśle i braku zatrudnienia jest podobny).

Osoby w województwach Mazowieckim i Zachodniopomorskim częściej pracują w sektorze usług, w województwach Lubelskim, Podlaskim, Świętokrzyskim i Podkarpackim dominuje zatrudnienie w sektorze rolniczym, w województwach Śląskim i Dolnośląskim dominuje zatrudnienie w przemyśle te województwa mają też większe problemy z bezrobociem.

[TODO: opisać podobieństwa i różnice do PCA]

Rozdział 7

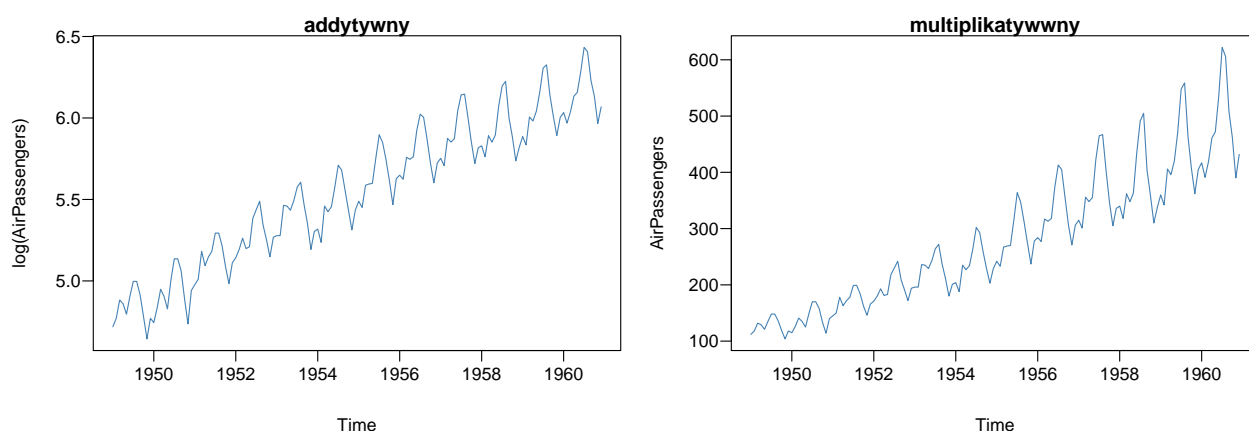
Przykład analizy szeregów czasowych

7.1 Wprowadzenie

W skład szeregu czasowego mogą wchodzić następujące elementy:

- trend
 - deterministyczny
 - stochastyczny
- wahania sezonowe
 - addytywne
 - multiplikatywne

```
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)  
plot(log(AirPassengers),col="SteelBlue"); title("addytywny")  
plot(AirPassengers,col="SteelBlue"); title("multiplikatywny")
```



Rysunek 7.1: Przykłady szeregów czasowych.

Wśród szeregów czasowych rozróżniamy dwa rodzaje procesów stochastycznych: stacjonarne (w których nie występuje trend) oraz niestacjonarne (w których występuje trend). Aby wyeliminować tendencję rozwojową z danego procesu można wykorzystać do tego celu różnicowanie:

- jednokrotne różnicowanie:

$$\Delta y_t = y_t - y_{t-1} \quad (7.1)$$

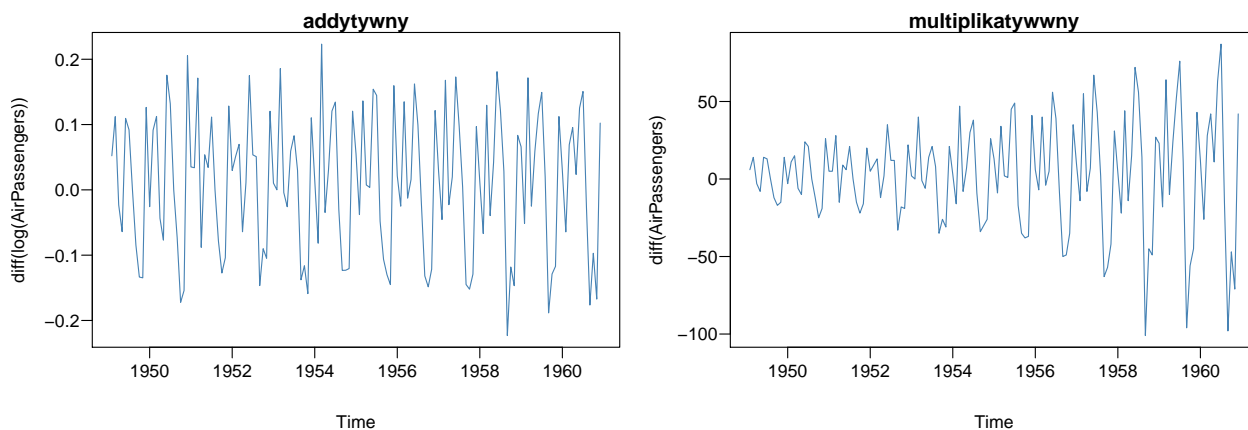
```
dy <- diff(AirPassengers)
```

- dwukrotne różnicowanie:

$$\Delta \Delta y_t = y_t - y_{t-1} \quad (7.2)$$

```
ddy <- diff(AirPassengers, lag= 1, differences= 2)
```

```
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(diff(log(AirPassengers)),col="SteelBlue"); title("addytywny")
plot(diff(AirPassengers),col="SteelBlue"); title("multiplikatywny")
```



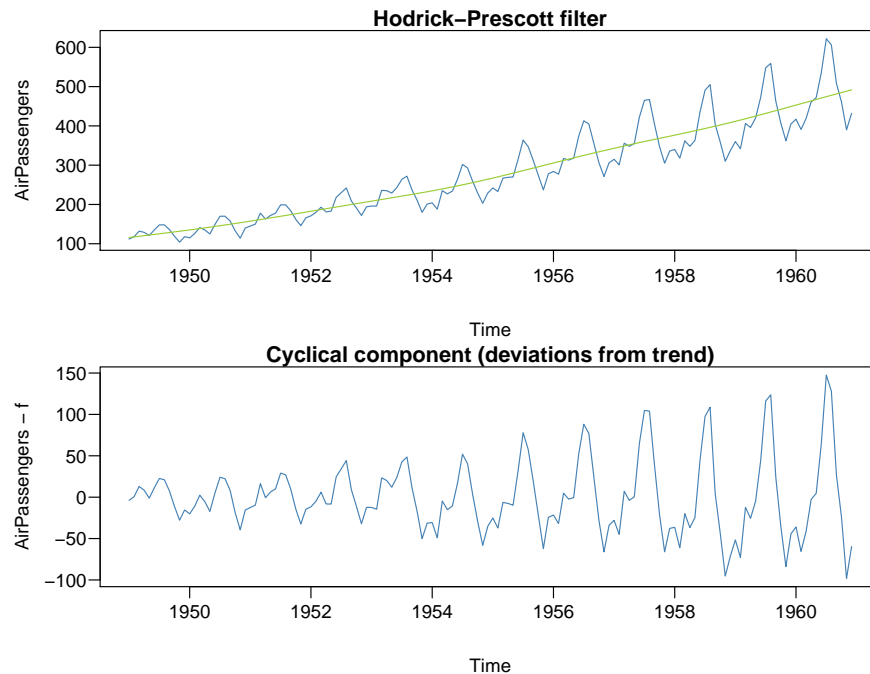
Rysunek 7.2: Przykłady jednokrotnego różnicowania szeregów czasowych.

W środowisku R dostępne są także funkcje dotyczące filtrowania szeregów czasowych. Jest to takie przekształcenie danych które doprowadza do oczyszczenia szeregu czasowego z wahań periodycznych. W środowisku R dostępnych jest kilka takich filtrów. Jeden z bardziej popularnych to filtr Hodrick-Prescotta zaimplementowany w pakiecie [FRAPO::trdhp](#). Stosując filtr HP należy pamiętać o odpowiednim doborze parametru λ . Hodrick oraz Prescott zalecają, aby wartość współczynnika λ była równa 400, 1600 i 14400 odpowiednio dla danych rocznych, kwartalnych i miesięcznych.

```
f <- FRAPO::trdhp(AirPassengers, lambda=14400)

par(mfcol=c(2,1),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(AirPassengers,col="SteelBlue",
     main="Hodrick-Prescott filter")
lines(f,col="YellowGreen")
plot(AirPassengers-f,col="SteelBlue",
     main="Cyclical component (deviations from trend)")
```

Dodajmy, że lepszą alternatywę dla procedury Hodricka-Prescotta zaproponował James D. Hamilton. Ten filtr został zaimplementowany do funkcji [neverhpfilter::yth_filter](#).



Rysunek 7.3: Filtr Hodrick-Prescott.

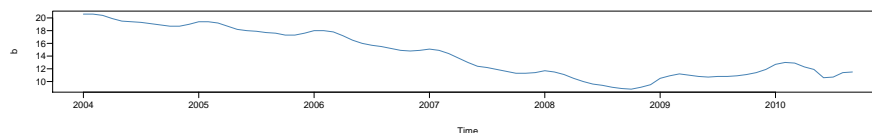
7.2 Identyfikacja trendu i sezonowości

7.2.1 Analiza wariancji - ANOVA

Ocena występowania trendu oraz wahań periodycznych zostanie dokonana na przykładzie miesięcznej stopy bezrobocia w Polsce w okresie od 01-2004 do 10-2010 roku.

```
b <- c(20.6, 20.6, 20.4, 19.9, 19.5, 19.4, 19.3, 19.1, 18.9, 18.7, 18.7, 19.0, 19.4, 19.4,
      19.2, 18.7, 18.2, 18.0, 17.9, 17.7, 17.6, 17.3, 17.3, 17.6, 18.0, 18.0, 17.8, 17.2,
      16.5, 16.0, 15.7, 15.5, 15.2, 14.9, 14.8, 14.9, 15.1, 14.9, 14.4, 13.7, 13.0, 12.4,
      12.2, 11.9, 11.6, 11.3, 11.3, 11.4, 11.7, 11.5, 11.1, 10.5, 10.0, 9.6, 9.40, 9.10,
      8.90, 8.80, 9.10, 9.50, 10.5, 10.9, 11.2, 11.0, 10.8, 10.7, 10.8, 10.8, 10.9, 11.1,
      11.4, 11.9, 12.7, 13.0, 12.9, 12.3, 11.9, 10.6, 10.7, 11.4, 11.5)
b <- ts(b, frequency = 12, start = c(2004, 1))
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0), las=1)
plot(b, type="l", col="SteelBlue")
```



Rysunek 7.4: Stopa bezrobocia w Polsce od 01-2004 do 10-2010 roku.

```
T <- rep(c(2004, 2005, 2006, 2007, 2008, 2009, 2010), c(12, 12, 12, 12, 12, 12, 9))
T <- factor(T)
```

```
S <- rep(1:12,7);S=S[-c(82:84)]
S <- factor(S)
```

Identyfikację szeregu czasowego można przeprowadzić na kilka sposobów. Jednym z nich jest analiza wariancji ANOVA.

```
anova(lm(b~T+S))
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: b
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## T           6  990.99  165.165  523.410 < 2.2e-16 ***
## S          11   51.67   4.697   14.886  1.13e-13 ***
## Residuals  63   19.88   0.316
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Na podstawie przeprowadzonej analizie wariancji, należy stwierdzić, że w omawianym szeregu czasowym występuje trend (p-value = 2.2e-16). W celu dokonania dalszej identyfikacji szeregu (oceny występowania sezonowości) należy wyeliminować tendencję rozwojową (np. poprzez różnicowanie).

```
anova(lm(diff(b)~T[-1]+S[-1]))
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: diff(b)
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## T[-1]       6  1.7879  0.29798   8.1625  1.617e-06 ***
## S[-1]      11  6.8836  0.62578  17.1420  6.600e-15 ***
## Residuals  62  2.2634  0.03651
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Jednokrotne różnicowanie szeregu nie przyniosło porządanego efektu (p-value = 1.617e-06). Zatem powinniśmy badany szereg poddać dwukrotnemu różnicowaniu. Należy tę procedurę powtarzać, aż do skutku czyli wyeliminowania trendu.

```
anova(lm(diff(b,1,2)~T[-c(1,2)]+S[-c(1,2)]))
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: diff(b, 1, 2)
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## T[-c(1, 2)]  6  0.0383  0.00639   0.1030   0.9958
## S[-c(1, 2)] 11  4.3495  0.39541   6.3775  6.621e-07 ***
## Residuals   61  3.7820  0.06200
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Dopiero dwukrotne różnicowanie przyniosło porządaną efekt (p-value = 0.9958). Tak więc teraz możemy stwierdzić, że w badanym szeregu czasowym występuje sezonowość (p-value = 6.621e-07).

```
summary(lm(b~T+S))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = b ~ T + S)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.75126 -0.20245  0.02639  0.19755  1.45139
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  20.75959    0.26044   79.710 < 2e-16 ***
## T2005        -1.31667    0.22933   -5.741 2.91e-07 ***
## T2006        -3.30000    0.22933  -14.390 < 2e-16 ***
## T2007        -6.74167    0.22933  -29.397 < 2e-16 ***
## T2008        -9.57500    0.22933  -41.752 < 2e-16 ***
## T2009       -18.50833    0.22933  -80.710 < 2e-16 ***
## T2010       -17.87546    0.25064  -71.342 < 2e-16 ***
## S2           0.04286    0.30026    0.143 0.886958
## S3          -0.14286    0.30026   -0.476 0.635883
## S4          -0.67143    0.30026   -2.236 0.028894 *
## S5          -1.15714    0.30026   -3.854 0.000275 ***
## S6          -1.61429    0.30026   -5.376 1.18e-06 ***
## S7          -1.71429    0.30026   -5.709 3.29e-07 ***
## S8          -1.78571    0.30026   -5.947 1.31e-07 ***
## S9          -1.91429    0.30026   -6.375 2.42e-08 ***
## S10         -2.16931    0.31386   -6.912 2.85e-09 ***
## S11         -2.08598    0.31386   -6.646 8.23e-09 ***
## S12         -1.80265    0.31386   -5.744 2.88e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.5617 on 63 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9813, Adjusted R-squared:  0.9762
## F-statistic: 194.4 on 17 and 63 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Oszacowane współczynniki regresji liniowej wskazują jakie są różnice między średnimi starami bezrobocia w poszczególnych latach oraz miesiącach. Punktem referencyjnym dla czynnika T jest 2004 rok, dla S styczeń. Aby zmienić punkt odniesienia np. na rok 2005 wystarczy wykonać komendę:

```
T = releve(T, ref="2005")
```

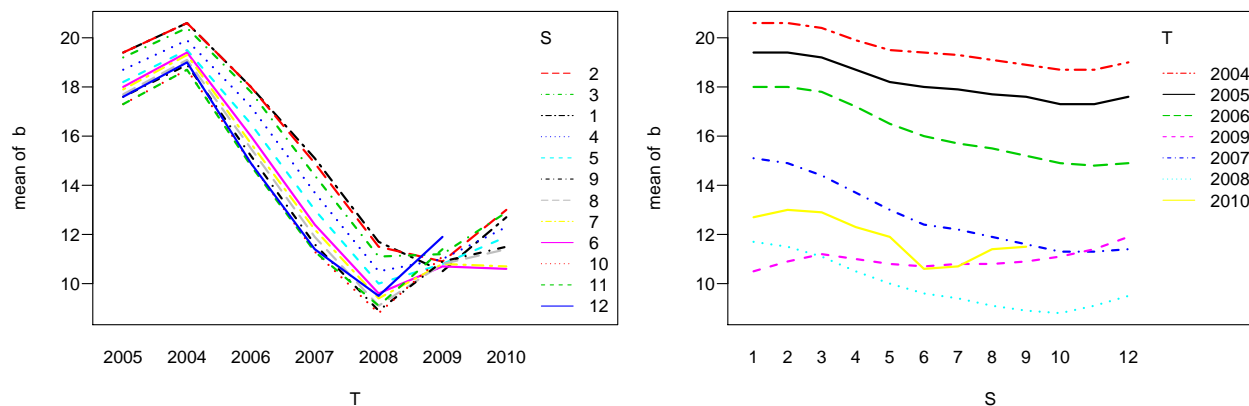
a następnie przeprowadzić regresję. Jeśli chcemy wyznaczyć średnie stopy bezrobocia w poszczególnych latach trzeba skorzystać z funkcji `tapply`:

```
tapply(b,T,mean)
```

```
##      2005      2004      2006      2007      2008      2009      2010
## 18.191667 19.508333 16.208333 12.766667  9.933333 11.000000 11.888889
```

Prezentację graficzną kształtowania się średnich możemy wykonać w następujący sposób:

```
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
interaction.plot(T,S,b,col=1:12,lwd=2)
interaction.plot(S,T,b,col=1:7,lwd=2)
```

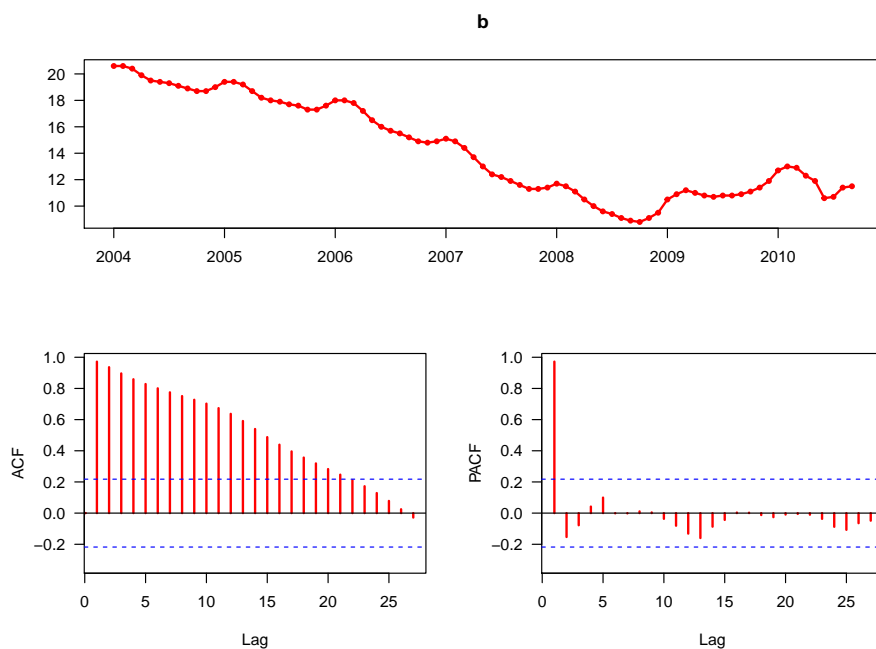


Rysunek 7.5: Średnie dla miesięcy i lat.

7.2.2 Funkcja autokorelacji - ACF

Do identyfikacji składowych szeregu czasowego (trendu oraz sezonowości) można również wykorzystać funkcję autokorelacji - ACF. W środowisku R jest dostępna funkcja graficzna `forecast::tsdisplay`, za pomocą której zostają wygenerowane trzy wykresy: krzywa badanego zjawiska, funkcja autokorelacji ACF oraz funkcja częściowej autokorelacji PACF.

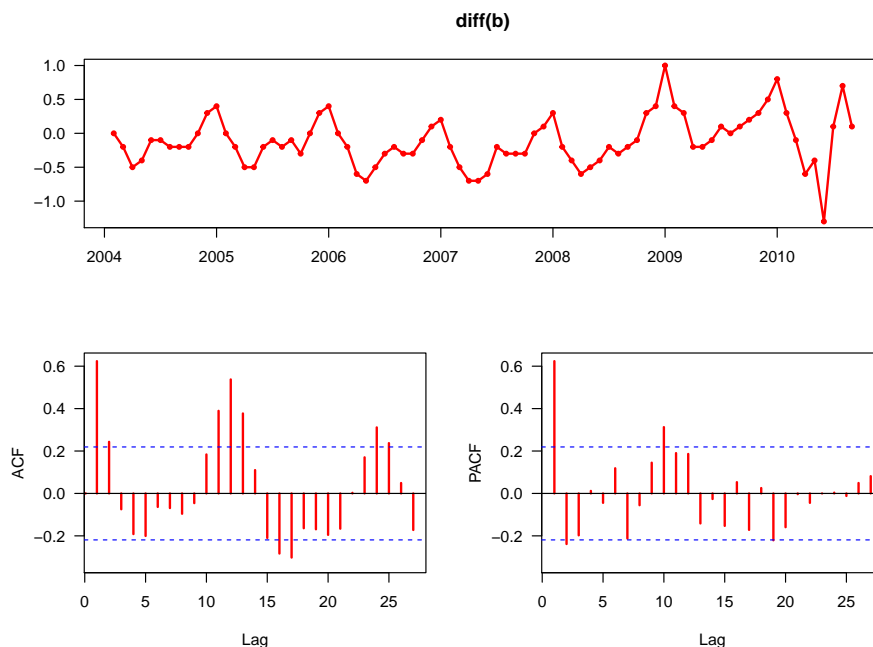
```
forecast::tsdisplay(b,col=2,lwd=2,las=1)
```



Rysunek 7.6: Funkcja ACF oraz PACF.

Ponieważ funkcja autokorelacji ACF maleje wykładniczo wraz ze wzrostem parametru p (rys. 7.6) należy sądzić, że w badanym procesie występuje trend.

```
forecast::tsdisplay(diff(b),col=2,lwd=2,las=1)
```

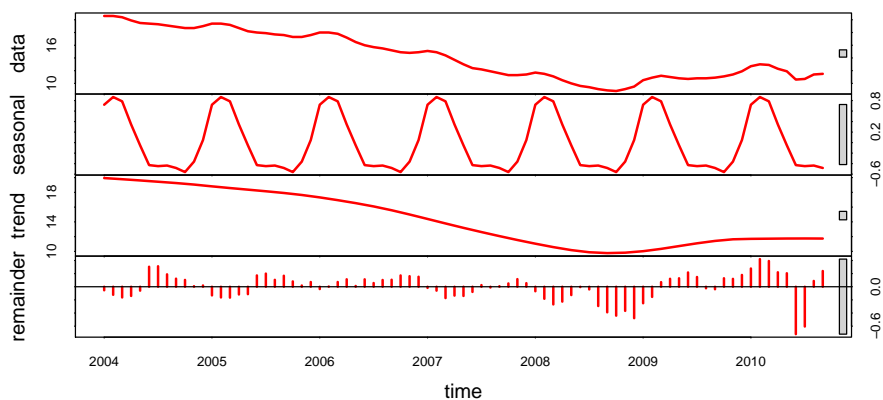


Rysunek 7.7: Funkcja ACF oraz PACF dla pierwszych różnic.

Po zastosowaniu funkcji różnicowania szeregu czasowego trend został wyeliminowany a funkcja ACF wskazuje na występowanie miesięcznych wahań sezonowych (rys. 7.7).

Zatem na podstawie analizy ANOVA oraz funkcji ACF doszliśmy do wniosku, że badany szereg czasowy charakteryzuje się trendem oraz sezonowością. Również dzięki funkcji `stl` za pomocą której dokonaliśmy dekompozycji badanego procesu (rys. 7.8) możemy potwierdzić występowanie tendencji rozwojowej oraz wahań periodycznych.

```
plot(stl(b,s.window="periodic"),col=2,lwd=2)
```



Rysunek 7.8: Dekompozycja szeregu czasowego.

7.3 Modele autoregresyjne ARIMA

Modele *ARIMA* służą do analizy stacjonarnych szeregów czasowych. W przypadku gdy szereg jest niestacjonarny należy sprowadzić go do stacjonarności np. poprzez różnicowanie. W skład modelu $ARIMA(p, d, q)$ mogą wchodzić następujące elementy:

- $AR(p)$ – autoregresja (rzęd opóźnienia p)
- $I(d)$ – stopień integracji szeregu (krotność różnicowania d)
- $MA(q)$ – średnia ruchoma (rzęd opóźnienia q)

Z kolei gdy w badanym procesie występuje sezonowość należy estymować model o postaci $SARIMA(p, d, q)(P, D, Q)_m$ gdzie:

- m – sezonowość (np. dla $m = 4$ sezonowość kwartalna)
- P – autoregresja sezonowa
- D – integracja sezonowa
- Q – średnia ruchoma sezonowa

Prawie każdy model *ARIMA* można zapisać w dwojaki sposób np dla procesu y_t :

- $ARIMA(2, 0, 0)$ czyli $AR(2)$:

$$y_t = \alpha_1 y_{t-1} + \alpha_2 y_{t-2} + \epsilon_t \quad (7.3)$$

- $ARIMA(2, 0, 1)$ czyli $ARMA(2, 1)$:

$$y_t = \alpha_1 y_{t-1} + \alpha_2 y_{t-2} - \beta_1 \epsilon_{t-1} + \epsilon_t \quad (7.4)$$

- $ARIMA(2, 1, 0)$ czyli $ARI(2, 1)$:

$$\Delta y_t = \alpha_1 \Delta y_{t-1} + \alpha_2 \Delta y_{t-2} + \epsilon_t \quad (7.5)$$

- $SARIMA(1, 0, 0)(2, 0, 0)_4$ czyli $SARI(1)(2)_4$:

$$y_t = \alpha_1 y_{t-1} + \alpha_2 y_{t-4} + \alpha_3 y_{t-8} + \epsilon_t \quad (7.6)$$

Środowisko R dostarcza wiele funkcji za pomocą których możemy estymować modele typu *ARIMA*. Przykładowo komenda `ar` daje możliwość estymacji modeli autoregresyjnych $AR(p)$. Opcja `method` oferuje kilka sposobów szacowania parametrów modelu: `burg`, `ols`, `mle`, `yule-walker`, `yw`. Z kolei funkcja `arima` służy do estymacji modeli *ARIMA* lub *SARIMA*. Warto także zwrócić uwagę na pakiet `forecast` który dostarcza szereg funkcji do analizy szeregów czasowych.

7.3.1 Estymacja

Wykorzystując funkcję `forecast::auto.arima` proces estymacji modelu *ARIMA* przebiega w sposób całkowicie automatyczny. Spośród wielu estymowanych modeli zostaje wybrany ten, który charakteryzuje się najmniejszą wartością kryterium informacyjnego AIC – opcja domyślna. W poniższym przykładzie założymy stałą wartość parametru różnicowania $d = 1$.

```
m <- forecast::auto.arima(b,d=1)
summary(m)
```

```
## Series: b
## ARIMA(1,1,1)(0,1,0)[12]
##
## Coefficients:
##          ar1          ma1
##          0.7948 -0.3710
## s.e.  0.1172  0.1851
##
## sigma^2 estimated as 0.05246: log likelihood=4.58
## AIC=-3.16 AICc=-2.78 BIC=3.5
##
## Training set error measures:
##              ME      RMSE      MAE      MPE      MAPE
## Training set 0.008136148 0.2067496 0.1162358 0.1296337 0.9846707
##              MASE      ACF1
## Training set 0.05684101 0.02321908
```

Oczywiście można samemu założyć liczbę wszystkich parametrów p, d, q, P, D, Q .

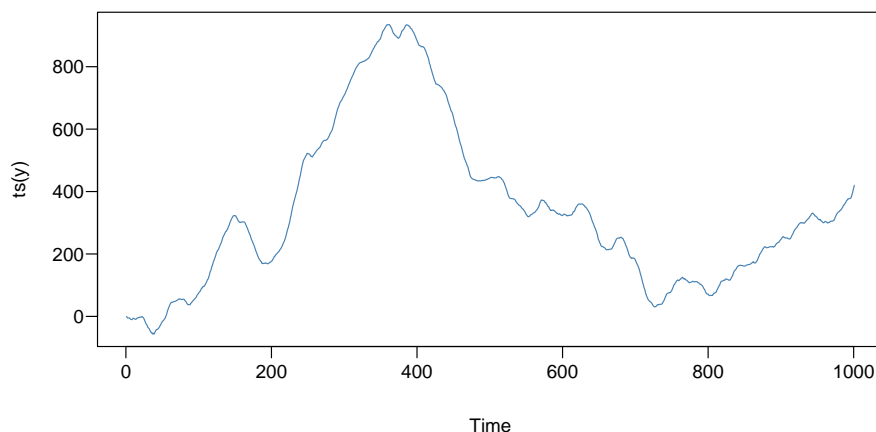
```
m <- arima(b,order=c(1,1,0),seasonal=list(order=c(1,0,0),period=12))
summary(m)
```

```
##
## Call:
## arima(x = b, order = c(1, 1, 0), seasonal = list(order = c(1, 0, 0), period = 12))
##
## Coefficients:
##          ar1          sar1
##          0.5580  0.7313
## s.e.  0.0912  0.0834
##
## sigma^2 estimated as 0.04792: log likelihood = 3.24, aic = -0.48
##
## Training set error measures:
##              ME      RMSE      MAE      MPE      MAPE
## Training set -0.007606623 0.2175572 0.1379808 0.02153749 1.097891
##              MASE      ACF1
## Training set 0.4505497 -0.006360661
```

Warto również zaznaczyć, że w programie R mamy możliwość symulowania procesów autoregresji.

```
y <- arima.sim( n=1000,
               innov=rnorm(1000,0,2), # składnik losowy ma rozkład  $N(0,2)$ 
               model=list(
                 order = c(2,1,1), # ilość parametrów
                 ar = c(0.3, 0.6), # wartości parametrów p
                 ma = c( 0.2),      # wartości parametrów q
                 sd = sqrt(0.1)))
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(ts(y),type="l",col="SteelBlue")
```



Rysunek 7.9: Prezentacja graficzna symulowanego procesu.

```
s <- arima(y,order=c(2,1,1))
s

##
## Call:
## arima(x = y, order = c(2, 1, 1))
##
## Coefficients:
##          ar1      ar2      ma1
##       0.3206  0.5804  0.2102
## s.e.  0.0609  0.0529  0.0747
##
## sigma^2 estimated as 3.971:  log likelihood = -2109.4,  aic = 4226.79
```

Dzięki zastosowaniu funkcji `forecast::ndiffs` mamy możliwość sprawdzenia czy rzeczywiście proces y jest zintegrowany w stopniu pierwszym tzn. $I(1)$. Za pomocą opcji test możemy wybrać procedurę z jakiej chcemy skorzystać: `pp` – test Phillipsa-Perrona, `adf` – test Dickeya-Fullera lub `kpss` – test Kwiatkowski-Phillips-Schmidt-Shin. Poziom istotności α także możemy zmieniać.

```
forecast::ndiffs(y,test="pp",alpha=0.05)
```

```
## [1] 1
```

Wynikiem funkcji `forecast::ndiffs` zawsze jest stopień zintegrowania badanego procesu. Zatem należy stwierdzić, że w zmiennej y występuje pierwiastek jednostkowy $d = 1$.

7.3.2 Weryfikacja

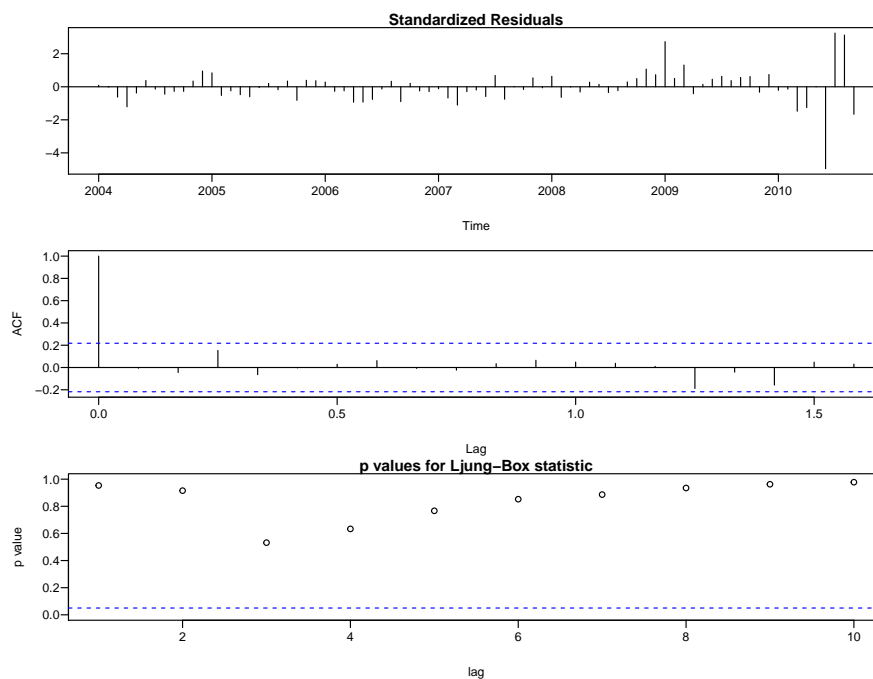
Etap weryfikacji oszacowanego modelu *ARIMA* polega na sprawdzeniu hipotezy zerowej o braku zjawiska autokorelacji w procesie reszt. Do tego celu możemy wykorzystać test Ljunga-Boxa.

```
r <- resid(m)
p <- sapply(1:10,function(i) Box.test(r, i, type = "Ljung-Box")$p.value)
p

## [1] 0.9535022 0.9152975 0.5318782 0.6333194 0.7667281 0.8522917 0.8863058
## [8] 0.9348725 0.9625130 0.9775571
```

Tak więc na podstawie testu Ljunga-Boxa brak jest podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej zakładającej brak autokorelacji. Wniosek ten potwierdzają również wykresy wykonane za pomocą komendy `tsdiag` (rys. 7.10).

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
tsdiag(m)
```



Rysunek 7.10: Diagnostyka reszt modelu.

7.3.3 Prognozowanie

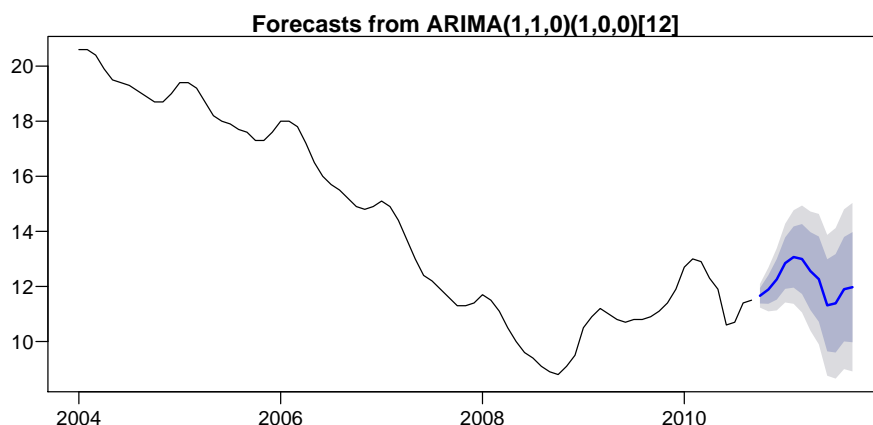
Funkcja `forecast::forecast` służy do obliczania prognoz na podstawie danego modelu. W naszym przykładzie liczbę okresów do prognozowania została ustalona na 12 miesięcy. Natomiast przedziały predykcji zostały ustalone na poziomie 80% i 95% – są to wartości domyślne. Gdybyśmy chcieli je zmienić na 99% wystarczy użyć polecenia `level=99`.

```
forecast::forecast(m,h=12)
```

```
##          Point Forecast      Lo 80      Hi 80      Lo 95      Hi 95
## Oct 2010      11.66125  11.380716  11.94178  11.232211  12.09029
## Nov 2010      11.88899  11.369636  12.40835  11.094703  12.68329
## Dec 2010      12.25929  11.521215  12.99738  11.130499  13.38809
## Jan 2011      12.84691  11.912406  13.78141  11.417711  14.27611
```

```
## Feb 2011      13.06774 11.956998 14.17848 11.369006 14.76648
## Mar 2011      12.99543 11.725520 14.26533 11.053272 14.93758
## Apr 2011      12.55712 11.142176 13.97207 10.393148 14.72110
## May 2011      12.26487 10.716515 13.81323  9.896864 14.63288
## Jun 2011      11.31437  9.642230 12.98652  8.757050 13.87170
## Jul 2011      11.38758  9.599679 13.17548  8.653222 14.12194
## Aug 2011      11.89950 10.002628 13.79638  8.998482 14.80053
## Sep 2011      11.97266  9.972585 13.97273  8.913812 15.03150
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(forecast::forecast(m,h=12))
```



Rysunek 7.11: Prognoza stopy bezrobocia od 10.2010–09.2011.

Dodatkowo możemy wyznaczyć błędy prognoz za pomocą funkcji `predict`:

```
p <- predict(m,n.ahead=12)
ts( cbind(pred=p$pred, se=p$se, error=p$se/p$pred), start=c(2010,10),freq=12)
```

```
##          pred          se      error
## Oct 2010 11.66125 0.2189006 0.01877162
## Nov 2010 11.88899 0.4052582 0.03408683
## Dec 2010 12.25929 0.5759270 0.04697881
## Jan 2011 12.84691 0.7291963 0.05676045
## Feb 2011 13.06774 0.8667176 0.06632497
## Mar 2011 12.99543 0.9909135 0.07625094
## Apr 2011 12.55712 1.1040891 0.08792532
## May 2011 12.26487 1.2081893 0.09850810
## Jun 2011 11.31437 1.3047811 0.11532066
## Jul 2011 11.38758 1.3951054 0.12251115
## Aug 2011 11.89950 1.4801411 0.12438678
## Sep 2011 11.97266 1.5606634 0.13035232
```

Otrzymane wartości prognostyczne wskazują, iż należy się spodziewać wzrostu stopy bezrobocia od października 2010–11,66% do lutego 2011–13,07%. Od marca należy się spodziewać spadku tego wskaźnika do poziomu 11,31% w czerwcu 2011 roku. Następnie będzie on znów powoli wzrastał i w miesiącu wrześniu osiągnie wartość 11,97%. Należy także zwrócić uwagę na oszacowane błędy otrzymanych prognoz. Dla października 2010 wyniósł on 1,9% i cały czas wzrastał, aż do poziomu 13,04% dla września 2011 roku.

7.4 Modele adaptacyjne

7.4.1 Estymacja

Podobnie jak w przypadku modelu *ARIMA* także estymacja modelu adaptacyjnego może przebiegać w sposób całkowicie automatyczny. Wykorzystamy do tego celu funkcję `forecast::ets`.

```
n <- forecast::ets(b,model="ZZZ",damped=NULL)
summary(n)

## ETS(A,Ad,A)
##
## Call:
## forecast::ets(y = b, model = "ZZZ", damped = NULL)
##
## Smoothing parameters:
##   alpha = 0.9978
##   beta  = 0.132
##   gamma = 0.0016
##   phi   = 0.9752
##
## Initial states:
##   l = 19.8288
##   b = -0.0952
##   s = 0.0294 -0.3797 -0.5833 -0.4821 -0.3923 -0.3453
##       -0.3235 -0.0403 0.3291 0.7522 0.7916 0.6442
##
## sigma: 0.2251
##
##      AIC      AICc      BIC
## 131.2611 142.2934 174.3612
##
## Training set error measures:
##              ME      RMSE      MAE      MPE      MAPE
## Training set -0.003431383 0.200049 0.1258755 0.05990526 1.004237
##              MASE      ACF1
## Training set 0.06155499 0.2850916
```

```
logLik(n) # logarytm wiarygodności
```

```
## 'log Lik.' -47.63055 (df=18)
```

Spośród wszystkich modeli, które były estymowane – `model="ZZZ"` z wykorzystaniem optymalizacji logarytmu wiarygodności – `opt.crit="lik"`, został wybrany model o najmniejszym kryterium informacyjnym AIC – `ic="aic"`. Dostępne są także inne metody optymalizacyjne do szacowania parametrów: `mse`, `amse`, `nmse`, `sigma`. Także wybór kryterium informacyjnego (za pomocą którego dokonujemy wyboru najlepszego modelu) możemy wybrać samodzielnie: `aic`, `aicc`, `bic`. Tak przeprowadzona estymacja doprowadziła do otrzymania modelu "AAdA", który charakteryzuje się następującymi cechami: A – addytywny składnik losowy (pierwsza litera), Ad – trend addytywny (druga litera), gdzie mała litera d oznacza, że została wybrana również opcja `damped=T` czyli “przygaszenie” trendu, A – addytywne wachania sezonowe (trzecia litera). Zatem otrzymaliśmy model Wintersa z addytywnymi wahaniami periodycznymi:

```
n <- forecast::ets(b, model="AAA")
n

## ETS(A,Ad,A)
##
## Call:
## forecast::ets(y = b, model = "AAA")
##
## Smoothing parameters:
##   alpha = 0.9978
##   beta  = 0.132
##   gamma = 0.0016
##   phi   = 0.9752
##
## Initial states:
##   l = 19.8288
##   b = -0.0952
##   s = 0.0294 -0.3797 -0.5833 -0.4821 -0.3923 -0.3453
##       -0.3235 -0.0403 0.3291 0.7522 0.7916 0.6442
##
## sigma: 0.2251
##
##      AIC      AICc      BIC
## 131.2611 142.2934 174.3612
```

Oczywiście korzystając z funkcji `forecast::ets` oraz opcji `model` możemy od razu zawęzić grupę modeli, spośród których zostanie wybrany najlepszy z nich: modele Browna – `model="ZNN"`, modele Browna lub Holta – `model="ZZN"`, modele Browna, Holta lub Wintersa – `model="ZZZ"`. Jest również możliwość estymacji modeli o ustalonych parametrach: `alpha`, `beta`, `gamma`, `phi`. Natomiast gdy ich wartości zawierają się w pewnych przedziałach liczbowych, przykładowo jeśli $\alpha = (0, 11 - 0, 53)$, $\beta = (0, 41 - 0, 68)$ i $\gamma = (0, 65 - 0, 78)$ to należy użyć opcji `level=c(0.11, 0.41, 0.65)` oraz `upper=c(0.53, 0.68, 0.78)`.

7.4.2 Prognozowanie

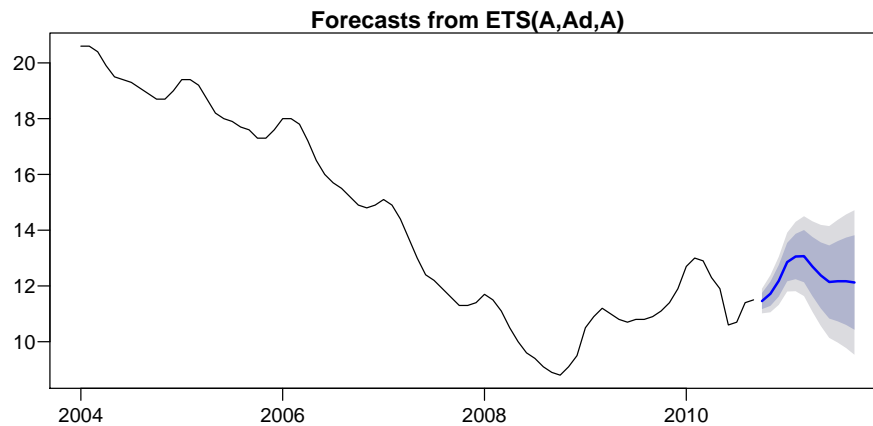
Do procesu prognozowania z wykorzystaniem modelu adaptacyjnego możemy również wykorzystać funkcję `forecast::forecast`.

```
forecast::forecast(n,h=12)
```

```
##      Point Forecast    Lo 80    Hi 80    Lo 95    Hi 95
## Oct 2010      11.45805 11.16963 11.74646 11.016945 11.89914
## Nov 2010      11.71903 11.28458 12.15348 11.054594 12.38346
## Dec 2010      12.18460 11.61967 12.74953 11.320617 13.04858
## Jan 2011      12.85520 12.16506 13.54533 11.799728 13.91066
## Feb 2011      13.05585 12.24227 13.86942 11.811592 14.30010
## Mar 2011      13.06843 12.13164 14.00522 11.635734 14.50113
## Apr 2011      12.69693 11.63640 13.75747 11.074992 14.31888
## May 2011      12.37728 11.19211 13.56246 10.564716 14.18985
## Jun 2011      12.14212 10.83122 13.45302 10.137273 14.14697
## Jul 2011      12.16889 10.73111 13.60667  9.969991 14.36778
## Aug 2011      12.16869 10.60287 13.73452  9.773968 14.56341
## Sep 2011      12.12366 10.42866 13.81867  9.531375 14.71595
```



```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(forecast::forecast(n,h=12))
```



Rysunek 7.12: Prognoza stopy bezrobocia od 10.2010–09.2011.

W przypadku gdy wykonaliśmy dwie prognozy za pomocą różnych modeli (np. modelu *ARIMA* i adaptacyjnego) warto skorzystać z testu Diebold-Mariano. Hipoteza zerowa tego testu zakłada, że dokładność predykcyjna dwóch modeli jest jednakowa. Założenie `alt="two.sided"` (test dwustronny) jest opcją domyślną, możemy ją zmienić dodając polecenie `alt="g"` (test prawostronny) lub `alt="l"` (test lewostronny).

```
forecast::dm.test(resid(m),resid(n))
```

```
##
## Diebold-Mariano Test
##
## data: resid(m)resid(n)
## DM = 1.0538, Forecast horizon = 1, Loss function power = 2,
## p-value = 0.2951
## alternative hypothesis: two.sided
```


Rozdział 8

Przykład analizy tabel wielodzielczych

8.1 Wprowadzenie

Zbiór danych, który zostanie wykorzystany do przeprowadzenia analiz jest dostępny pod nazwą `Titanic`. Zawiera on informacje na temat losu 2201 pasażerów oceanicznego liniowca "Titanic". Do dyspozycji mamy cztery zmienne nominalne:

- **Class** – klasy podróżowania: 1st (pierwsza), 2nd (druga), 3rd (trzecia), Crew (załoga),
- **Sex** – płeć: Male (mężczyzna), Female (kobieta),
- **Age** – wiek: Adult (dorosły), Child (dziecko),
- **Survived** – przeżycie: No (nie), Yes (tak).

Oryginalny zestaw danych (wielowymiarowa tabela kontyngencji) został przekształcony o nazwie `t`. Fragment naszych danych jest widoczny poniżej:

```
t <- DescTools::Untable(Titanic)
t[1:3,]
```

```
##   Class Sex   Age Survived
## 1   3rd Male Child        No
## 2   3rd Male Child        No
## 3   3rd Male Child        No
```

Celem naszych badań będzie próba opisu zależności między przeżyciem, a klasą podróżowania, płcią podróżnych oraz ich wiekiem.

8.2 Test chi-kwadrat

Do analizy zależności między dwiema zmiennymi zostanie wykorzystany test χ^2 . W pakiecie R jest dostępna funkcja `assocstats::vcd` za pomocą której wykonywane są dwa testy badające niezależność: test χ^2 oraz test G:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c \frac{(O_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \quad (8.1a)$$

$$G = 2 \sum_i^r \sum_{j=1}^c O_{ij} \ln \left(\frac{O_{ij}}{E_{ij}} \right) \quad (8.1b)$$

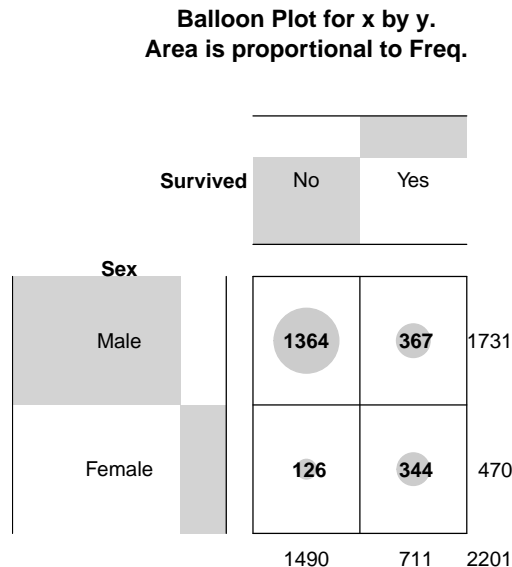
gdzie:

- r – liczba wierszy,
- c – liczba kolumn,
- O_{ij} – empiryczna liczebność i -tego wiersza oraz j -tej kolumny,
- E_{ij} – oczekiwana liczebność i -tego wiersza oraz j -tej kolumny.

Dodatkowo podawane są również współczynniki korelacji: ϕ -Yula, V -Pearsona i V -Cramera. A zatem spróbujmy odpowiedzieć na następujące pytania:

1. Czy na przeżycie katastrofy miała wpływ płeć?

```
# tablica kontyngencji:
s <- xtabs(~Survived+Sex, data=t)
gplots::balloonplot(s, dotcolor="gray80")
```



Rysunek 8.1: Przeżycie i płeć.

```
vcd::assocstats(s)
```

```
##                X^2 df P(> X^2)
## Likelihood Ratio 434.47  1      0
## Pearson          456.87  1      0
##
## Phi-Coefficient   : 0.456
## Contingency Coeff.: 0.415
## Cramer's V        : 0.456
```

Na podstawie testu χ^2 oraz wykresu (rys. 8.1) możemy wnioskować, że występuje istotne powiązanie między przeżyciem katastrofy, a płcią pasażerów (p -value= 0, $V = 0,456$).

```
ps <- prop.table(s,2);ps
```

```
##           Sex
## Survived   Male   Female
##      No  0.7879838 0.2680851
##      Yes 0.2120162 0.7319149
```

Obliczenia procentowe wskazują, że przeżyło 73% kobiet oraz tylko 21% mężczyzn.

```
ns<-(1-ps)/(1-ps);ns # szanse przeżycia
```

```
##           Sex
## Survived   Male   Female
##      No  3.7166213 0.3662791
##      Yes 0.2690616 2.7301587
```

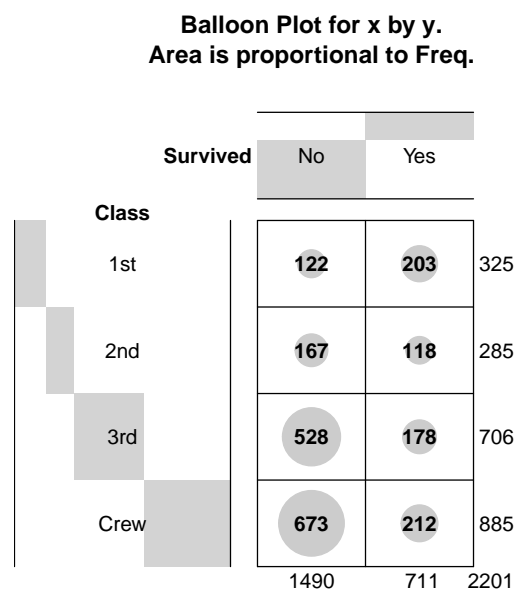
```
ns[,1]/ns[,2] # ilorazy szans przeżycia
```

```
##           No           Yes
## 10.14696596  0.09855163
```

Obliczony iloraz szans $OR = 10,15$ wskazuje, że szansa przeżycia katastrofy na Titanicu wśród kobiet (2,7301587) była ponad dziesięć razy większa niż wśród mężczyzn (0,2690616).

2. Czy na przeżycie katastrofy miała wpływ klasa w której podróżowano?

```
c <- xtabs(~Survived+Class,data=t) # tablica kontyngencji
gplots::balloonplot(c,dotcolor="gray80")
```



Rysunek 8.2: Przeżycie i klasa podróżowania.

```
vcd::assocstats(c)
```

```
##                X^2 df P(> X^2)
## Likelihood Ratio 180.9  3      0
## Pearson          190.4  3      0
##
## Phi-Coefficient   : NA
## Contingency Coeff.: 0.282
## Cramer's V        : 0.294
```

Ponieważ p-value = 0 to należy sądzić, że istnieje zależność między przeżyciem a klasą w której podróżowali uczestnicy rejsu. O wysokim powiązaniu tych zmiennych świadczy także wysoki współczynnik korelacji $V = 0,29$. Dodajmy, że współczynnik zależności ϕ jest obliczany tylko dla tabel kontyngencji 2×2 .

```
pc <- prop.table(c,2);pc
```

```
##          Class
## Survived  1st      2nd      3rd      Crew
##      No  0.3753846 0.5859649 0.7478754 0.7604520
##      Yes 0.6246154 0.4140351 0.2521246 0.2395480
```

Po obliczeniu wartości procentowych dochodzimy do wniosku, że najwięcej przeżyło tych osób, które podróżowały w pierwszej klasie – 62%. Natomiast wśród załogi przeżyło najmniej osób, tylko 24%. Należy także podkreślić, że im wyższy standard podróży tym większa szansa przeżycia.

```
nc <- pc/(1-pc);nc # szanse przeżycia
```

```
##          Class
## Survived  1st      2nd      3rd      Crew
##      No  0.6009852 1.4152542 2.9662921 3.1745283
##      Yes 1.6639344 0.7065868 0.3371212 0.3150074
```

```
nc[,1]/nc[,2] # porównanie szans 1 z 2 klasą
```

```
##          No      Yes
## 0.4246482 2.3548902
```

```
nc[,2]/nc[,3] # porównanie szans 2 z 3 klasą
```

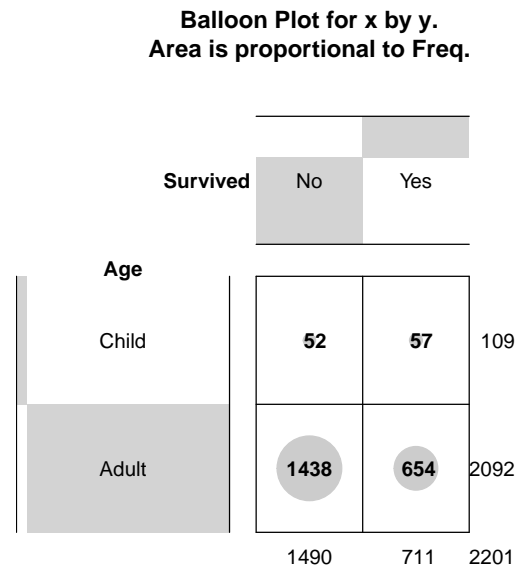
```
##          No      Yes
## 0.4771122 2.0959429
```

```
nc[,3]/nc[,4] # porównanie szans 3 z załogą
```

```
##          No      Yes
## 0.9344041 1.0702008
```

3. Czy na przeżycie katastrofy miał wpływ wiek?

```
a <- xtabs(~Survived+Age,data=t) # tablica kontyngencji
gplots::balloonplot(a,dotcolor="gray80")
```



Rysunek 8.3: Przeżycie i wiek.

```
vcd::assocstats(a)
```

```
##                X^2 df    P(> X^2)
## Likelihood Ratio 19.561  1 9.7458e-06
## Pearson          20.956  1 4.7008e-06
##
## Phi-Coefficient   : 0.098
## Contingency Coeff.: 0.097
## Cramer's V        : 0.098
```

Także i w tym przypadku istnieje zależność między zmiennymi przeżycie oraz wiek, choć współczynnik korelacji nie jest zbyt wysoki i wynosi $V = 0,098$.

```
pa <- prop.table(a,2);pa
```

```
##           Age
## Survived  Child  Adult
##      No  0.4770642 0.6873805
##      Yes 0.5229358 0.3126195
```

Po obliczeniu wartości procentowych należy stwierdzić, że katastrofę przeżyła ponad połowa dzieci (52%) oraz 13 osób dorosłych (31%).

8.3 Model logitowy

Model logitowy daje dużo większe możliwości analizy tabel wielodzIELczych niż test χ^2 . Omawiane w poprzednim rozdziale testy niezależności są przeznaczone do badania zależności dwóch zmiennych jakościowych. Natomiast za pomocą modelu logitowego mamy możliwość analizy wielowymiarowych tabel kontyngencji. Jednak warunek jaki musi zostać spełniony jest taki, aby zmienna zależna była zmienną binarną. W programie R dostępna jest funkcja `glm` za pomocą której możemy estymować parametry modelu logitowego.

```
# ustawienie punktów odniesienia: Male oraz Adult:
tt <- transform(t, Sex=relevel(Sex, ref="Male"), Age=relevel(Age, ref="Adult"))
logit1 <- glm(Survived ~ ., tt, family=binomial)
summary(logit1)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = Survived ~ ., family = binomial, data = tt)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.0812  -0.7149  -0.6656   0.6858   2.1278
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  -0.3762     0.1362  -2.763  0.00573 **
## Class2nd      -1.0181     0.1960  -5.194 2.05e-07 ***
## Class3rd      -1.7778     0.1716 -10.362 < 2e-16 ***
## ClassCrew     -0.8577     0.1573  -5.451 5.00e-08 ***
## SexFemale      2.4201     0.1404  17.236 < 2e-16 ***
## AgeChild       1.0615     0.2440   4.350 1.36e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 2769.5  on 2200  degrees of freedom
## Residual deviance: 2210.1  on 2195  degrees of freedom
## AIC: 2222.1
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Ten model jest dobrze dopasowany do danych. Potwierdzają to poniższe testy:

```
# test logarytmu wiarygodności:
lmtest::lrtest(logit1)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: Survived ~ Class + Sex + Age
## Model 2: Survived ~ 1
##   #Df LogLik Df Chisq Pr(>Chisq)
## 1    6 -1105.0
## 2    1 -1384.7 -5 559.4 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# test reszt deviance:
anova(logit1, test="Chisq")
```

```
## Analysis of Deviance Table
##
## Model: binomial, link: logit
##
```



```
## Response: Survived
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##
##      Df Deviance Resid. Df Resid. Dev  Pr(>Chi)
## NULL                2200    2769.5
## Class  3    180.90    2197    2588.6 < 2.2e-16 ***
## Sex    1    359.64    2196    2228.9 < 2.2e-16 ***
## Age    1     18.85    2195    2210.1 1.413e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# adekwatność modelu:
1-pchisq(deviance(logit1),logit1$df.residual)
```

```
## [1] 0.4063859
```

```
# dyspersja:
sum(resid(logit1,type="pearson")^2)/df.residual(logit1)
```

```
## [1] 1.023531
```

W kolejnym kroku obliczymy ilorazy wiarygodności na podstawie oszacowanych parametrów modelu.

```
cbind(OR=exp(coef(logit1)))
```

```
##                OR
## (Intercept) 0.6864493
## Class2nd    0.3612825
## Class3rd    0.1690159
## ClassCrew   0.4241466
## SexFemale   11.2465380
## AgeChild    2.8908263
```

Interpretacja jest następująca:

- podróżowanie w drugiej klasie dało o 64% mniej szans na przeżycie niż w pierwszej klasie,
- podróżowanie w trzeciej klasie dało o 83% mniej szans na przeżycie niż w pierwszej klasie,
- załoga statku miała o 58% mniej szans na przeżycie niż w pierwszej klasie,
- kobiety miały ponad 11 razy większe szanse na przeżycie od mężczyzn,
- dzieci miały prawie 2,9 razy większe szanse na przeżycie od dorosłych.

Uogólnione modele liniowe dają także możliwość badania bardziej złożonych zależności między zmiennymi tzn. interakcji.

```
logit2=glm(Survived~.^2,tt,family=binomial) # interakcje rzędu 2.
logit3=glm(Survived~.^3,tt,family=binomial) # interakcje rzędu 2 i 3.
```

Po estymacji kilku modeli, zawsze jesteśmy zainteresowani, który z nich wybrać. Takiego wyboru możemy dokonać np. na podstawie kryterium informacyjnego AIC.

```
AIC(logit1,logit2,logit3)
```

```
##          df          AIC
## logit1   6 2222.061
## logit2  12 2121.495
## logit3  14 2125.495
```

Zatem do dalszych analiz powinniśmy wybrać model `logit2` (z podwójnymi interakcjami) ponieważ charakteryzuje się najmniejszą wartością AIC. Naszą decyzję potwierdzają także inne statystyki np. badające adekwatność modelu:

```
1-pchisq(deviance(logit1),logit1$df.residual)
```

```
## [1] 0.4063859
```

```
1-pchisq(deviance(logit2),logit2$df.residual)
```

```
## [1] 0.9181299
```

```
1-pchisq(deviance(logit3),logit3$df.residual)
```

```
## [1] 0.9134249
```

oraz oceniające istotność poszczególnych interakcji:

```
anova(logit3,test="Chisq")
```

```
## Analysis of Deviance Table
##
## Model: binomial, link: logit
##
## Response: Survived
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##
##          Df Deviance Resid. Df Resid. Dev  Pr(>Chi)
## NULL                2200    2769.5
## Class           3    180.90    2197    2588.6 < 2.2e-16 ***
## Sex             1    359.64    2196    2228.9 < 2.2e-16 ***
## Age            1     18.85    2195    2210.1 1.413e-05 ***
## Class:Sex       3     66.67    2192    2143.4 2.206e-14 ***
## Class:Age      2     44.21    2190    2099.2 2.507e-10 ***
## Sex:Age        1      1.69    2189    2097.5  0.1942
## Class:Sex:Age  2      0.00    2187    2097.5  1.0000
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Tak więc najlepszym modelem okazał się `logit2`.

```
summary(logit2)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = Survived ~ .^2, family = binomial, data = tt)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.6771  -0.7099  -0.5952   0.2374   2.2293
##
## Coefficients: (1 not defined because of singularities)
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    -0.72763    0.16130  -4.511 6.45e-06 ***
## Class2nd       -1.67026    0.32240  -5.181 2.21e-07 ***
## Class3rd       -0.91330    0.20478  -4.460 8.20e-06 ***
## ClassCrew      -0.52215    0.18088  -2.887 0.00389 **
## SexFemale       4.28298    0.53213   8.049 8.36e-16 ***
## AgeChild       16.99213  920.38639   0.018 0.98527
## Class2nd:SexFemale -0.06801    0.67120  -0.101 0.91929
## Class3rd:SexFemale -2.79995    0.56875  -4.923 8.52e-07 ***
## ClassCrew:SexFemale -1.13608    0.82048  -1.385 0.16616
## Class2nd:AgeChild  0.84881 1005.81951   0.001 0.99933
## Class3rd:AgeChild -16.34159  920.38646  -0.018 0.98583
## ClassCrew:AgeChild      NA         NA      NA      NA
## SexFemale:AgeChild  -0.68679    0.52541  -1.307 0.19116
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 2769.5  on 2200  degrees of freedom
## Residual deviance: 2097.5  on 2189  degrees of freedom
## AIC: 2121.5
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 15
```

Teraz obliczymy ilorazy wiarygodności aby je zinterpretować. Wyniki zostały zaokrąglone do dwóch miejsc po przecinku za pomocą funkcji `round`.

```
cbind(OR=round(exp(coef(logit2)),2))
```

```
##              OR
## (Intercept)    0.48
## Class2nd       0.19
## Class3rd       0.40
## ClassCrew      0.59
## SexFemale      72.46
## AgeChild      23965569.64
## Class2nd:SexFemale 0.93
## Class3rd:SexFemale 0.06
## ClassCrew:SexFemale 0.32
## Class2nd:AgeChild 2.34
## Class3rd:AgeChild 0.00
## ClassCrew:AgeChild NA
## SexFemale:AgeChild 0.50
```

- szansa przeżycia osób, które podróżowały w drugiej klasie była o 81% mniejsza niż w pierwszej klasie,

- szansa przeżycia osób, które podróżowały w trzeciej klasie była o 60% mniejsza niż w pierwszej klasie,
- szansa przeżycia załogi statku była o 41% mniejsza niż w pierwszej klasie,
- kobiety miały ponad 72 razy większe szanse na przeżycie od mężczyzn,
- dzieci miały również dużo większe szanse na przeżycie od dorosłych,
- szansa przeżycia kobiet, które podróżowały w trzeciej klasie była mniejsza o 94% niż w pierwszej klasie,
- szansa przeżycia dzieci, które podróżowały w drugiej klasie była ponad 2 razy większa niż w pierwszej klasie.

Funkcja `glm` umożliwia także wybór odpowiednich zmiennych do modelu. Jeśli np. chcielibyśmy oszacować model `logit2` ale tylko z istotnymi statystycznie parametrami to kod wyglądałby następująco:

```
myl <- glm(Survived~Class+Sex+Age+I(Class=="3rd" & Sex=="Female"),tt,
           family=binomial)
summary(myl)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = Survived ~ Class + Sex + Age + I(Class == "3rd" &
##       Sex == "Female"), family = binomial, data = tt)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5435  -0.7070  -0.5798   0.3842   2.0293
##
## Coefficients:
##                                Estimate Std. Error z value
## (Intercept)                   -0.6337    0.1506  -4.208
## Class2nd                      -1.2888    0.2385  -5.404
## Class3rd                      -1.0642    0.1935  -5.500
## ClassCrew                     -0.6252    0.1708  -3.661
## SexFemale                     3.8283    0.2715  14.098
## AgeChild                      1.0522    0.2306   4.563
## I(Class == "3rd" & Sex == "Female")TRUE -2.4578    0.3302  -7.443
##                                Pr(>|z|)
## (Intercept)                   2.57e-05 ***
## Class2nd                      6.52e-08 ***
## Class3rd                      3.80e-08 ***
## ClassCrew                     0.000252 ***
## SexFemale                     < 2e-16 ***
## AgeChild                      5.05e-06 ***
## I(Class == "3rd" & Sex == "Female")TRUE 9.81e-14 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 2769.5  on 2200  degrees of freedom
## Residual deviance: 2145.1  on 2194  degrees of freedom
## AIC: 2159.1
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

8.4 Model logitowy

Innym sposobem analizy wielowymiarowych tabel kontyngencji jest zastosowanie modelu Poissona. Procedura estymacji i diagnostyki przebiega w taki sam sposób jak w przypadku modelu logitowego. Należy jednak pamiętać o tym, że w tego typu modelach zmienna zależna ma rozkład Poissona. A zatem nasz zbiór danych należy przekształcić.

```
f <- as.data.frame(xtabs(~Survived+Class+Sex+Age,tt))
f[1:3,]
```

```
##   Survived Class  Sex   Age Freq
## 1         No   1st Male Adult  118
## 2         Yes   1st Male Adult   57
## 3         No   2nd Male Adult  154
```

```
p1 <- glm(Freq~.,f,family=poisson)
p2 <- glm(Freq~.^2,f,family=poisson)
p3 <- glm(Freq~.^3,f,family=poisson)
p4 <- glm(Freq~.^4,f,family=poisson)
# kryteria informacyjne:
AIC(p1,p2,p3,p4)
```

```
##      df      AIC
## p1   7 1385.0654
## p2  19  281.9902
## p3  29  185.4021
## p4  32  191.4021
```

```
# adekwatność modelu:
1-pchisq(deviance(p1),p1$df.residual)
```

```
## [1] 0
```

```
1-pchisq(deviance(p2),p2$df.residual)
```

```
## [1] 0
```

```
1-pchisq(deviance(p3),p3$df.residual)
```

```
## [1] 1
```

```
1-pchisq(deviance(p4),p4$df.residual)
```

```
## [1] 0
```

```
# istotność poszczególnych interakcji:
anova(p4,test="Chisq")
```

```
## Analysis of Deviance Table
##
## Model: poisson, link: log
##
```

```
## Response: Freq
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##
##              Df Deviance Resid. Df Resid. Dev  Pr(>Chi)
## NULL                      31      4953.1
## Survived           1    281.78          30    4671.4 < 2.2e-16 ***
## Class              3    475.81          27    4195.5 < 2.2e-16 ***
## Sex                1    768.32          26    3427.2 < 2.2e-16 ***
## Age               1   2183.56          25    1243.7 < 2.2e-16 ***
## Survived:Class     3    180.90          22    1062.8 < 2.2e-16 ***
## Survived:Sex       1    434.47          21     628.3 < 2.2e-16 ***
## Survived:Age       1     19.56          20     608.7 9.746e-06 ***
## Class:Sex          3    337.77          17     271.0 < 2.2e-16 ***
## Class:Age          3    154.35          14     116.6 < 2.2e-16 ***
## Sex:Age            1      0.02          13     116.6 0.8882240
## Survived:Class:Sex  3     65.30          10      51.3 4.336e-14 ***
## Survived:Class:Age  3     29.34           7      22.0 1.900e-06 ***
## Survived:Sex:Age   1     12.17           6       9.8 0.0004857 ***
## Class:Sex:Age      3      9.78           3       0.0 0.0205004 *
## Survived:Class:Sex:Age 3      0.00           0       0.0 1.0000000
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# ilorazy wiarygodności:
cbind(OR=round(exp(coef(p3)),1))
```

```
##              OR
## (Intercept)  1.180000e+02
## SurvivedYes  5.000000e-01
## Class2nd     1.300000e+00
## Class3rd     3.300000e+00
## ClassCrew    5.700000e+00
## SexFemale    0.000000e+00
## AgeChild     0.000000e+00
## SurvivedYes:Class2nd  2.000000e-01
## SurvivedYes:Class3rd  4.000000e-01
## SurvivedYes:ClassCrew  6.000000e-01
## SurvivedYes:SexFemale  7.250000e+01
## SurvivedYes:AgeChild   9.354350e+10
## Class2nd:SexFemale     2.500000e+00
## Class3rd:SexFemale     6.800000e+00
## ClassCrew:SexFemale    1.000000e-01
## Class2nd:AgeChild      4.000000e-01
## Class3rd:AgeChild      9.644408e+10
## ClassCrew:AgeChild     0.000000e+00
## SexFemale:AgeChild     2.000000e-01
## SurvivedYes:Class2nd:SexFemale  9.000000e-01
## SurvivedYes:Class3rd:SexFemale  1.000000e-01
## SurvivedYes:ClassCrew:SexFemale  3.000000e-01
## SurvivedYes:Class2nd:AgeChild   2.550000e+01
## SurvivedYes:Class3rd:AgeChild   0.000000e+00
## SurvivedYes:ClassCrew:AgeChild  0.000000e+00
```

```
## SurvivedYes:SexFemale:AgeChild 5.000000e-01  
## Class2nd:SexFemale:AgeChild 2.500000e+00  
## Class3rd:SexFemale:AgeChild 1.310000e+01  
## ClassCrew:SexFemale:AgeChild 4.034000e+02
```

Na podstawie otrzymanych ilorazów wiarygodności możemy również sformułować kilka wniosków:

- szanse zgonu w poszczególnych klasach były większe niż w pierwszej klasie o: 30% w klasie drugiej, ponad 3 razy większe w klasie trzeciej oraz prawie sześciokrotnie większe wśród załogi.
- szanse przeżycia w poszczególnych klasach były mniejsze niż w pierwszej klasie o: 80% w klasie drugiej, 60% w klasie trzeciej i 40% wśród załogi. Z kolei szansa przeżycia kobiet była ponad 72 razy większa niż mężczyzn, także dzieci miały wielokrotnie większe szanse na przeżycie niż dorośli.
- szanse przeżycia w poszczególnych klasach wśród kobiet były mniejsze niż dla kobiet podróżujących w pierwszej klasie o: 10% w klasie drugiej, 90% w klasie trzeciej i 70% wśród żeńskiej załogi statku.

W środowisku R dostępne są także inne funkcje za pomocą których możemy analizować wielowymiarowe tabele wielodzielcze np. [MASS::loglm](#) lub [loglin](#).

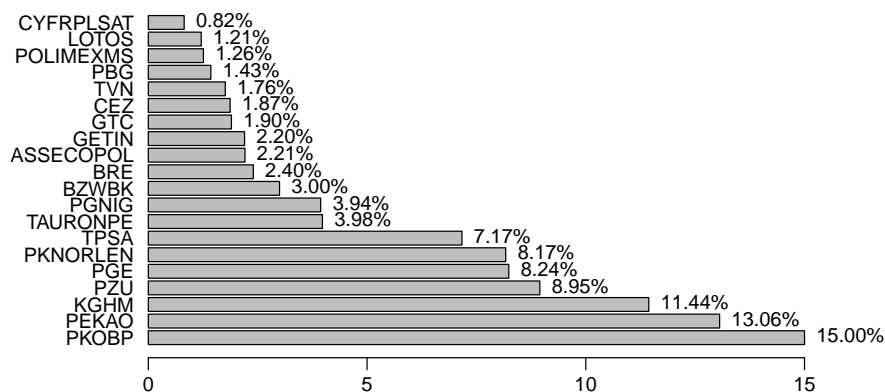
Rozdział 9

Przykład badania rozkładu stopy zwrotu z akcji

9.1 Wprowadzenie

W tym opracowaniu będziemy analizować dzienne stopy zwrotu z akcji spółki PKOBP, która wchodzi w skład indeksu giełdowego WIG20. Indeks WIG20 to portfel akcji dwudziestu największych i najbardziej płynnych spółek notowanych na GPW w Warszawie. Jego skład jest ustalany po ostatniej sesji w styczniu (korekta roczna), kwietniu, lipcu i październiku (korekty kwartalne). Aktualny stan portfela WIG20 przedstawia poniższy wykres (rys. 9.1).

```
spolki1 <- c(15.00,13.06,11.44,8.95,8.24,8.17,7.17,3.98,3.94,3.00,2.40,
             2.21,2.20,1.90,1.87,1.76,1.43,1.26,1.21,0.82)
val <- c('15.00%', '13.06%', '11.44%', '8.95%', '8.24%', '8.17%', '7.17%', '3.98%', '3.94%', '3.00%',
         '2.40%', '2.21%', '2.20%', '1.90%', '1.87%', '1.76%', '1.43%', '1.26%', '1.21%', '0.82%')
nam <- c('PKOBP', 'PEKAO', 'KGHM', 'PZU', 'PGE', 'PKNORLEN', 'TPSA', 'TAURONPE', 'PGNIG',
         'BZWBK', 'BRE', 'ASSECOPOL', 'GETIN', 'GTC', 'CEZ', 'TVN', 'PBG', 'POLIMEXMS',
         'LOTOS', 'CYFRPLSAT')
par(mar=c(4,6,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0), las=1)
b <- barplot(spolki1, names.arg=nam, horiz=TRUE, xlim=c(0,18))
text(spolki1, b, labels=val, pos=4)
```



Rysunek 9.1: Struktura indeksu WIG20 – stan na 17 grudnia 2010 r.

9.2 Statystyki opisowe

Do naszych analiz zostanie wykorzystana stopa zwrotu spółki PKOBP, która ma największy udział w strukturze portfela WIG20 (rys. 9.1). Dane dotyczące notowań na warszawskiej giełdzie papierów wartościowych są dostępne w internecie. Przykładowo, po kliknięciu w odnośnik [PKOBP](https://raw.githubusercontent.com/krzysiektr/datacsv/master/pkobp.csv) zostaniemy przekierowani do serwisu internetowego z którego można pobrać interesujące nas dane. W kolejnym kroku można samodzielnie obliczyć logarytmiczne stopy zwrotu według wzoru:

$$z = \ln(Close) - \ln(Open) = \ln\left(\frac{Close}{Open}\right) \quad (9.1)$$

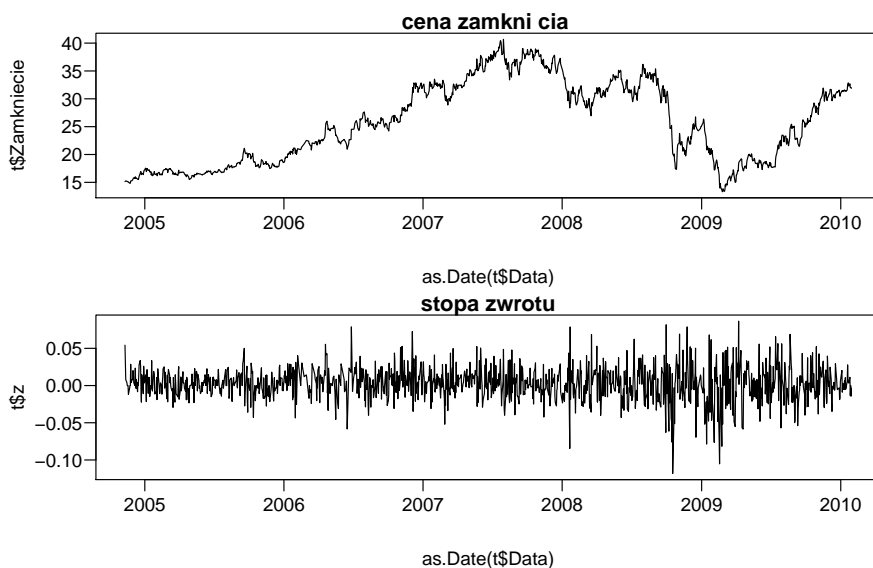
gdzie: *Close* to cena zamknięcia oraz *Open* to cena otwarcia.

Innym rozwiązaniem jest pobranie już przetworzonego zestawu danych:

```
t <- read.csv("https://raw.githubusercontent.com/krzysiektr/datacsv/master/pkobp.csv")
head(t, 3)
```

```
##      Data Otwarcie Zamkniecie Maks   Min Obrot_mln_zl      z
## 1 2004-11-10   14.34    15.14 15.20 14.34    2780.40 0.054287413
## 2 2004-11-12   15.14    15.26 15.94 15.14    1049.56 0.007894778
## 3 2004-11-15   15.14    15.20 15.26 14.89     425.14 0.003955180
```

```
par(mfcol=c(2,1),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(as.Date(t$Data),t$Zamkniecie,type="l",main="cena zamknięcia")
plot(as.Date(t$Data),t$z,type="l",main="stopa zwrotu")
```



Rysunek 9.2: Stopy zwrotu i ceny zamknięcia od 10.11.2004 r. do 29.01.2010 r.

Poniżej obliczymy m.in. miary położenia tzn. średnią, medianę oraz kwartyle.

```
z <- t$z
summary(z)
```

```
##      Min.   1st Qu.   Median     Mean   3rd Qu.     Max.
## -0.118224 -0.010002  0.001767  0.002169  0.014393  0.086565
```

a także odchylenie standardowe według wzoru:

$$s = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \quad (9.2)$$

```
sd(z)
```

```
## [1] 0.02225315
```

Z powyższych obliczeń wynika, że średnia stopa zwrotu w badanym okresie wyniosła 0,22%, wartość maksymalna 8,66% a minimalna -11,82%. Natomiast w wypadku 25% sesji stopy zwrotu były mniejsze niż -0,01%, podczas 50% sesji wartości były mniejsze niż 0,18%. Z kolei w przypadku 75% sesji zysk z akcji był mniejszy niż 1,44%, a w przypadku pozostałych 25% sesji zysk był większy niż 1,44% (rys. 9.3).

Przy omawianiu różnych statystyk opisowych warto także wspomnieć o funkcji `quantile`. Za jej pomocą mamy możliwość obliczenia wartości dowolnego kwantyla wykorzystując jedną z dziewięciu dostępnych metod. W tym opracowaniu zaprezentujemy sposób obliczania kwantyli za pomocą metody siódmej. W pierwszym kroku uporządkujemy nasz wektor danych w sposób rosnący:

```
sz <- sort(z) # wektor danych uporządkowany rosnąco
```

Następnie wyznaczmy numer kwantyla $Q = 80\%$ według wzoru:

$$h = (n - 1) \cdot Q + 1 \quad (9.3)$$

```
h <- (length(z)-1)*0.8+1; h # numer kwantyla
```

```
## [1] 1013.8
```

Kolejnym krokiem będzie obliczenie wartości kwantyla na podstawie wzoru:

$$x_{[h]} + (h - [h])(x_{\lceil h \rceil} - x_{[h]}) \quad (9.4)$$

gdzie: $[h]$ to największa liczba całkowita nie większa od h oraz $\lceil h \rceil$ to najmniejsza liczba całkowita nie mniejsza od h .

```
xL <- sz[floor(h)]; xP <- sz[ceiling(h)]
xL+(h-floor(h))*(xP-xL) # wartość kwantyla
```

```
## [1] 0.01779921
```

Teraz wykorzystamy gotową funkcję z pakietu `stats`:

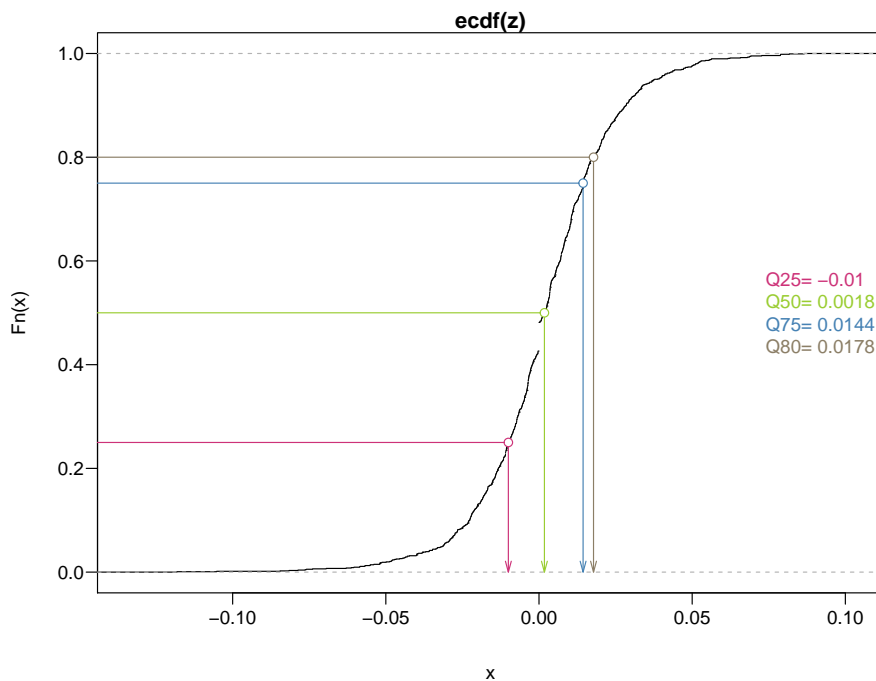
```
quantile(z,0.80,type=7)
```

```
##      80%
## 0.01779921
```

Otrzymane wartości kwantyli możemy również zaznaczyć na wykresie (rys. 9.3).

```
q <- as.numeric(quantile(z,c(0.25,0.5,0.75,0.80)))
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0), las=1)
plot(ecdf(z))
arrows(q,c(0.25,0.5,0.75,0.80),q,c(0,0,0,0),length=0.1,angle=15,
       col=c("violetred3","YellowGreen","SteelBlue","wheat4"))
```

```
arrows(q,c(0.25,0.5,0.75,0.80),c(-5,-5,-5,-5),c(0.25,0.5,0.75,0.8),angle=0,
      col=c("violetred3","YellowGreen","SteelBlue","wheat4"))
points(q,c(0.25,0.5,0.75,0.8),bg="white",pch=21,
      col=c("violetred3","YellowGreen","SteelBlue","wheat4"))
legend("right", paste(c("Q25=", "Q50=", "Q75=", "Q80="),round(q,4)),bty="n",#lty=1,
      text.col=c("violetred3","YellowGreen","SteelBlue","wheat4"))
```



Rysunek 9.3: Dystrybuanta – prezentacja graficzna kwantyli.

Wyznamy jeszcze wzory dla pozostałych metod szacowania kwantyli. Dla metod od 4 do 9 algorytm różni się tylko sposobem wyznaczenia numeru kwantyla. Wartość kwantyla jest obliczana tak jak to zostało przedstawione w powyższym przykładzie czyli według wzoru (9.4)

- typ 4:

$$h = n \cdot Q \quad (9.5)$$

- typ 5:

$$h = n \cdot Q + 1/2 \quad (9.6)$$

- typ 6:

$$h = (n + 1) \cdot Q \quad (9.7)$$

- typ 7:

$$h = (n - 1) \cdot Q + 1 \quad (9.8)$$

- typ 8:

$$h = (n + 1/3) \cdot Q + 1/3 \quad (9.9)$$

- typ 9:

$$h = (n + 1/4) \cdot Q + 3/8 \quad (9.10)$$

W przypadku metod od 1 do 3 do wyznaczenia numeru kwantyla oraz jego wartości korzystamy z następujących wzorów:

- typ 1:

$$h = n \cdot Q + 1/2 \quad \wedge \quad x_{[h-1/2]} \quad (9.11)$$

- typ 2:

$$h = n \cdot Q + 1/2 \quad \wedge \quad (x_{[h-1/2]} + x_{[h+1/2]})/2 \quad (9.12)$$

- typ 3:

$$h = n \cdot Q \quad \wedge \quad x_{[h]} \quad (9.13)$$

Za pomocą komendy `quantile` można także wyznaczyć jednocześnie kilka wartości dowolnych kwantyli:

```
quantile(z,c(0.17,0.60,0.83),type=7)
```

```
##          17%          60%          83%
## -0.015450594  0.006886427  0.020418864
```

W różnych opracowaniach często spotykamy się z następującymi wzorami dotyczącymi skośności:

$$S_1 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3}{\sqrt{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2\right)^3}} \quad (9.14)$$

```
(S1 <- e1071::skewness(z,type=1))
```

```
## [1] -0.2199644
```

$$S_2 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3 \sqrt{\frac{n(n-1)}{n-2}}}{\sqrt{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2\right)^3}} \quad (9.15)$$

```
(S2 <- e1071::skewness(z,type=2))
```

```
## [1] -0.2202252
```

$$S_3 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3}{s^3} \quad (9.16)$$

gdzie $\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3$ oraz $\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$ to odpowiednio trzeci i drugi moment centralny oraz s to odchylenie standardowe z próby.

```
(S3 <- e1071::skewness(z,type=3))
```

```
## [1] -0.219704
```

Ponieważ obliczony wskaźnik skośności jest równy $-0,22$ możemy sądzić, że rozkład stopy zwrotu charakteryzuje się niewielką lewostronną skośnością.

```
moments::agostino.test(z)
```

```
##
## D'Agostino skewness test
##
## data: z
## skew = -0.21996, z = -3.17810, p-value = 0.001483
## alternative hypothesis: data have a skewness
```

Również w przypadku miar koncentracji możemy spotkać się kilkoma wzorami na kurtozę:

$$K_1 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^4}{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \right)} - 3 \quad (9.17)$$

```
(K1 <- e1071::kurtosis(z,type=1))
```

```
## [1] 2.315957
```

$$K_2 = \frac{n(n+1)}{(n-1)(n-2)(n-3)} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s} \right)^4 - \frac{3(n-1)^2}{(n-2)(n-3)} \quad (9.18)$$

```
(K2 <- e1071::kurtosis(z,type=2))
```

```
## [1] 2.329873
```

$$K_3 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^4}{s^4} - 3 \quad (9.19)$$

gdzie $\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^4$ oraz $\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$ to odpowiednio czwarty i drugi moment centralny oraz s to odchylenie standardowe z próby.

```
(K3 <- e1071::kurtosis(z,type=3))
```

```
## [1] 2.307569
```

Wysoka wartość kurtozy świadczy o tym, że rozkład stóp zwrotu charakteryzuje się spiczastością (rozkład leptokurtyczny) w stosunku do rozkładu normalnego (rozkład mezokurtyczny).

```
moments::anscombe.test(z)
```

```
##
## Anscombe-Glynn kurtosis test
##
## data: z
## kurt = 5.3160, z = 8.5299, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: kurtosis is not equal to 3
```

9.3 Rozkład normalny

Funkcja gęstości rozkładu normalnego $N(\mu, \sigma)$ dla $\mu \in R$ oraz $\sigma > 0$ czyli `dnorm` jest przedstawiona poniżej:

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}\right) \quad (9.20)$$

gdzie: μ to średnia, natomiast σ to odchylenie standardowe.

Do estymacji nieznanych parametrów rozkładu normalnego wykorzystamy następującą funkcję:

```
a <- mean(z); a # średnia
```

```
## [1] 0.00216913
```

```
b <- sd(z); b # odchylenie standardowe
```

```
## [1] 0.02225315
```

W przypadku gdybyśmy chcieli estymować parametry μ oraz σ za pomocą funkcji `nlminb` kod wyglądałby następująco:

```
# logarytm funkcji wiarygodności:
f1 <- function(theta, z) {
  sum(-dnorm(z, mean=theta[1], sd=theta[2], log=TRUE))
}
# parametry startowe:
p.start <- c(mean(z), sd(z))
# optymalizacja funkcji f1:
e1 <- nlminb(p.start, f1, z=z, lower=c(-Inf,0), upper=c(Inf,Inf))
e1[c('par','objective')]
```

```
## $par
## [1] 0.002169126 0.022244371
##
## $objective
## [1] -3023.984
```

Jak można zauważyć otrzymane parametry są dokładnie takie same jak te, które oszacowaliśmy za pomocą funkcji `mean` i `sd`.

W środowisku R można oszacować nieznane parametry również za pomocą funkcji `MASS::fitdistr` lub bardziej rozbudowanej wersji `fitdistrplus::fitdist`. Dla wbudowanych dystrybuant nie ma konieczności podawania parametrów startowych oraz ograniczeń przedziałowych. Takie opcje są bardzo użyteczne jeśli chcemy szukać parametrów dla dystrybuant zdefiniowanych przez nas.

```
summary(fitdistrplus::fitdist(z, 'norm'))

## Fitting of the distribution ' norm ' by maximum likelihood
## Parameters :
##      estimate   Std. Error
## mean 0.00216913 0.0006249307
## sd   0.02224437 0.0004378806
## Loglikelihood: 3023.984   AIC: -6043.968   BIC: -6033.679
## Correlation matrix:
##      mean sd
## mean  1  0
## sd    0  1
```

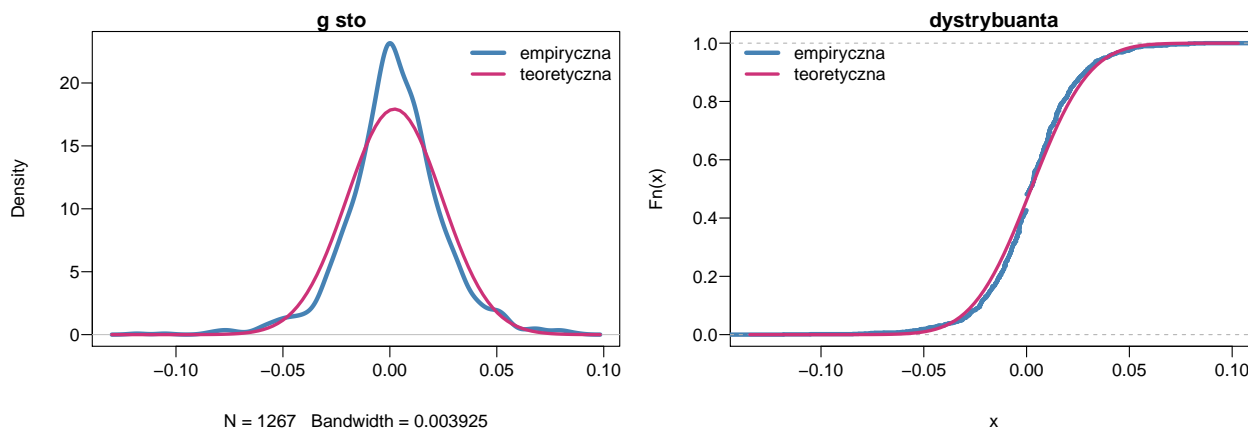
Znając już parametry μ oraz σ możemy teraz przeprowadzić test zgodności Andersona-Darlinga i odpowiedzieć na pytanie: czy stopa zwrotu PKOBP pochodzi z rozkładu normalnego?

```
ADGofTest::ad.test(z,pnorm,mean(z),sd(z))
```

```
##
## Anderson-Darling GoF Test
##
## data: z and pnorm
## AD = 7.2474, p-value = 0.0002546
## alternative hypothesis: NA
```

Ponieważ p -value = 0.0002546 to hipotezę zerową należy odrzucić. Zatem na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ należy stwierdzić, że stopa zwrotu PKOBP nie ma rozkładu normalnego. Naszą decyzję potwierdza także (rys. 9.4).

```
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(density(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='gęstość')
curve(dnorm(x,mean(z),sd(z)),add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topright",bg='white',bty="n",cex=1,lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
plot(ecdf(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='dystrybuanta')
curve(pnorm(x,mean(z),sd(z)),add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topleft",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
```



Rysunek 9.4: Porównanie wykresu gęstości z rozkładem normalnym.

9.4 Rozkład Cauchy'ego

Funkcja gęstości rozkładu Cauchy'ego $C(a, b)$ dla $a \in R$ oraz $b > 0$ czyli `dcauchy` jest przedstawiona poniżej:

$$f(x) = \frac{1}{\pi b \left(1 + \left(\frac{x-a}{b}\right)^2\right)} \quad (9.21)$$

gdzie: a to parametr położenia, natomiast b to parametr skali.

Tak samo jak w przypadku rozkładu normalnego, aby wykorzystać funkcję `nlminb` należy oszacować parametry startowe. Dla rozkładu Cauchy'ego można to zrobić w następujący sposób:


```
a <- median(z); a # parametr położenia: a
```

```
## [1] 0.001766785
```

```
b <- IQR(z)/2; b # parametr skali: b
```

```
## [1] 0.0121972
```

Teraz metodą największej wiarygodności oszacujemy parametry rozkładu Cauchy'ego.

```
# logarytm funkcji wiarygodności:
f2 <- function(theta, z) {
  sum(-dcauchy(z, location=theta[1], scale=theta[2], log=TRUE))
}
# parametry startowe:
p.start <- c(median(z), IQR(z)/2)
# optymalizacja funkcji f2:
e2 <- nlminb(p.start, f2, z=z, lower=c(-Inf,0), upper=c(Inf,Inf))
e2[c('par','objective')]
```

```
## $par
## [1] 0.002025263 0.011231456
##
## $objective
## [1] -2945.315
```

Prawie identyczne wyniki otrzymamy przy wykorzystaniu funkcji `fitdistrplus::fitdist`.

```
summary(fitdistrplus::fitdist(z,'cauchy'))

## Fitting of the distribution ' cauchy ' by maximum likelihood
## Parameters :
##           estimate   Std. Error
## location 0.002029574 0.0004912212
## scale    0.011230842 0.0004071368
## Loglikelihood: 2945.315   AIC: -5886.63   BIC: -5876.341
## Correlation matrix:
##           location      scale
## location 1.00000000 0.03089075
## scale    0.03089075 1.00000000
```

Do sprawdzenia zgoności rozkładu empirycznego z rozkładem Cauchy'ego zastosujemy test Andersona-Darlinga.

```
ADGofTest::ad.test(z,pcauchy, 0.002029574, 0.011230842)
```

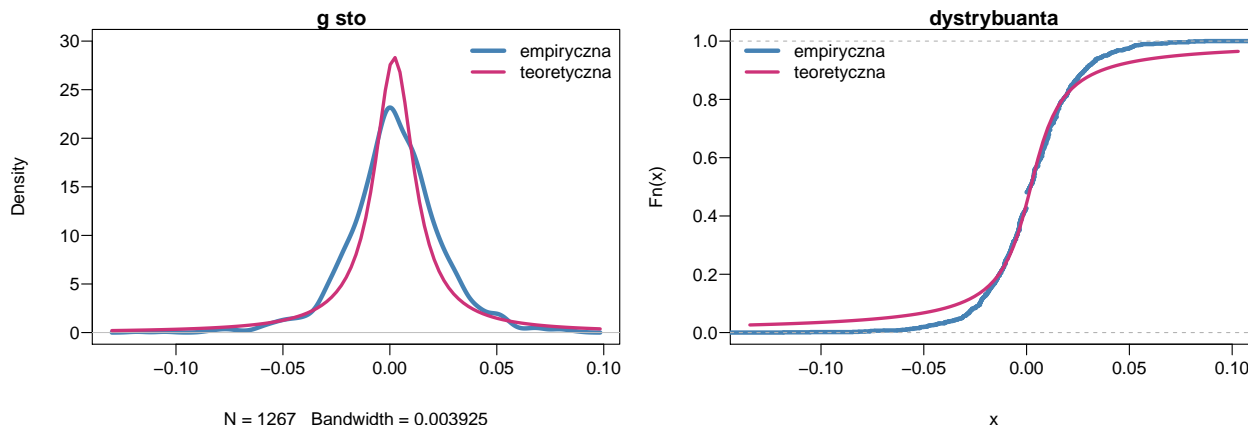
```
##
## Anderson-Darling GoF Test
##
## data: z and pcauchy
## AD = 10.36, p-value = 3.782e-06
## alternative hypothesis: NA
```

Także i w tym razem na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ odrzucamy hipotezę zerową, która zakłada, że stopa zwrotu ma rozkład Cauchy'ego.

```

par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(density(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='gęstość',ylim=c(0,30))
curve(dcauchy(x,0.002029574, 0.011230842),add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topright",bg='white',bty="n",cex=1,lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
plot(ecdf(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='dystrybuanta')
curve(pcauchy(x,0.002029574, 0.011230842),add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topleft",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))

```



Rysunek 9.5: Porównanie wykresu gęstości z rozkładem Cauchy'ego.

9.5 Rozkład Laplace'a

Funkcja gęstości rozkładu Laplace'a $L(a, b)$ dla $a \in R$ oraz $b > 0$ czyli `VGAM::dlaplace` jest przedstawiona poniżej:

$$f(x) = \frac{1}{2b} \exp\left(\frac{-|x - a|}{b}\right) \quad (9.22)$$

gdzie: a to parametr położenia, natomiast b to parametr skali.

Parametry startowe oszacujemy w następujący sposób:

```

a <- median(z); a      # parametr położenia: a

## [1] 0.001766785

b <- mean(abs(z-median(z))); b # parametr skali: b

## [1] 0.01628686

```

Mając do dyspozycji funkcję gęstości `VGAM::dlaplace` oraz parametry startowe dokonamy estymacji parametrów a oraz b dla rozkładu Laplace'a.

```

# logarytm funkcji wiarygodności:
f3 <- function(theta, z) {
  sum(-VGAM::dlaplace(z, location=theta[1], scale=theta[2], log=TRUE))
}

```

```
# parametry startowe:
p.start <- c(median(z), mean(abs(z-median(z))))
# optymalizacja funkcji f3:
e3 <- nlminb(p.start, f3, z=z, lower=c(-Inf,0), upper=c(Inf,Inf))
e3
```

```
## $par
## [1] 0.001766785 0.016286861
##
## $objective
## [1] -3071.524
##
## $convergence
## [1] 1
##
## $iterations
## [1] 1
##
## $evaluations
## function gradient
##      25      2
##
## $message
## [1] "false convergence (8)"
```

Stosowanie algorytmów optymalizacyjnych ogólnego przeznaczenia np. `nlminb` do wyznaczania parametrów funkcji wymaga podawania parametrów startowych. Jeśli nie chcemy ich podawać warto skorzystać z funkcji `VGAM::vglm`. Za jej pomocą można oszacować szukane parametry dla wielu ciekawych rozkładów np. Laplace'a.

```
fit <- VGAM::vglm(z ~ 1, VGAM::laplace, data.frame(z), trace=FALSE, crit="l")
VGAM::Coef(fit)
```

```
##      location      scale
## 0.001766785 0.016296640
```

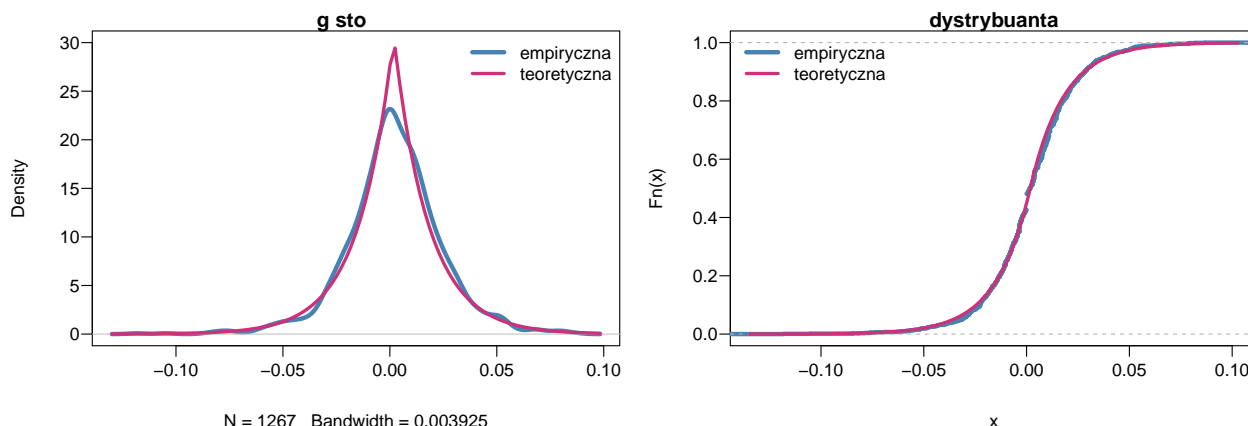
```
ADGofTest::ad.test(z,VGAM::plaplace, 0.001766785, 0.016296640)
```

```
##
## Anderson-Darling GoF Test
##
## data: z and VGAM::plaplace
## AD = 1.4474, p-value = 0.1896
## alternative hypothesis: NA
```

Ponieważ $p - value = 0.1896$, więc nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej. Zatem można przyjąć, że rozkład stóp zwrotu spółki PKOBP ma rozkład Laplace'a.

```
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(density(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='gęstość',ylim=c(0,30))
curve(VGAM::dlaplace(x,0.001766785, 0.016296640),add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topright",bg='white',bty="n",cex=1,lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
plot(ecdf(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='dystrybuenta')
```

```
curve(VGAM::plaplace(x,0.001766785, 0.016296640),add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topleft",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
```



Rysunek 9.6: Porównanie wykresu gęstości z rozkładem Laplace’a.

9.6 Rozkład Stabilny

Rozkład stabilny $S(\alpha, \beta, \gamma, \delta)$, gdzie $\alpha \in (0; 2)$ to parametr kształtu, $\beta \in (-1; 1)$ to indeks skośności, $\gamma > 0$ to parametr skali, oraz $\delta \in R$ to parametr położenia, nie ma ściśle określonej funkcji gęstości – `stabledist::dstable`. W zależności od wartości parametrów α oraz β możemy otrzymać rozkłady, takie jak: rozkład normalny: $\alpha = 2$, rozkład Cauchy’ego: $\alpha = 1$ i $\beta = 0$ oraz rozkład Levy’ego: $\alpha = 12$ i $\beta = -1$.

Do oszacowania parametrów rozkładu stabilnego można wykorzystać funkcję `libstableR::stable_fit_mle` która stosuje metodę największej wiarygodności.

```
p <- libstableR::stable_fit_mle(z)

## INIT MCCULLCOH

p

## [1] 1.7281736156 -0.0007958884 0.0132426670 0.0023446287

ADGofTest::ad.test(z,stabledist::pstable,p[1],p[2],p[3],p[4])

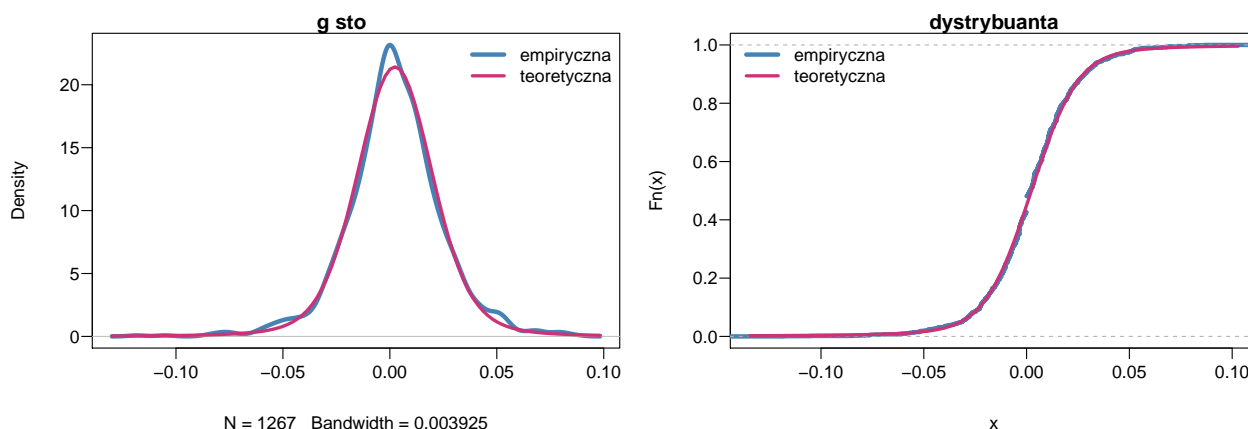
##
## Anderson-Darling GoF Test
##
## data: z and stabledist::pstable
## AD = 0.72666, p-value = 0.5369
## alternative hypothesis: NA
```

Test Andersona-Darlinga wykazał, że badana zmienna ma rozkład stabilny o parametrach: $\alpha = 1,73$, $\beta = -0,000796$, $\gamma = 0,01$ oraz $\delta = 0,002$. Warto zwrócić uwagę na wysokość p-value dla rozkładu stabilnego, które wynosi 0,5369 i jest większa niż dla rozkładu Laplace’a (0,1896). A zatem należy sądzić, że właśnie ten rozkład lepiej opisuje badaną zmienną (rys. 9.7).

```

par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(density(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='gęstość')
curve(stabledist::dstable(x, 1.7281736156, -0.0007958884, 0.0132426670, 0.0023446287),
      add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topright",bg='white',bty="n",cex=1,lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
plot(ecdf(z),col='SteelBlue',lwd=4,main='dystrybuanta')
curve(stabledist::pstable(x, 1.7281736156, -0.0007958884, 0.0132426670, 0.0023446287),
      add=TRUE,col='violetred3',lwd=3)
legend("topleft",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))

```



Rysunek 9.7: Porównanie wykresu gęstości z rozkładem Stabilnym.

Znając rozkład badanej zmiennej można także obliczyć prawdopodobieństwo wystąpienia określonej stopy zwrotu. W tym celu wykorzystamy funkcję `stabledist::pstable` czyli dystrybuantę rozkładu stabilnego.

1. Jakie jest prawdopodobieństwo, że stopa zwrotu będzie mniejsza niż 2%?

$$P(z < 0,02)$$

```

a <- p[1]
b <- p[2]
g <- p[3]
d <- p[4]
stabledist::pstable(0.02, a,b,g,d)

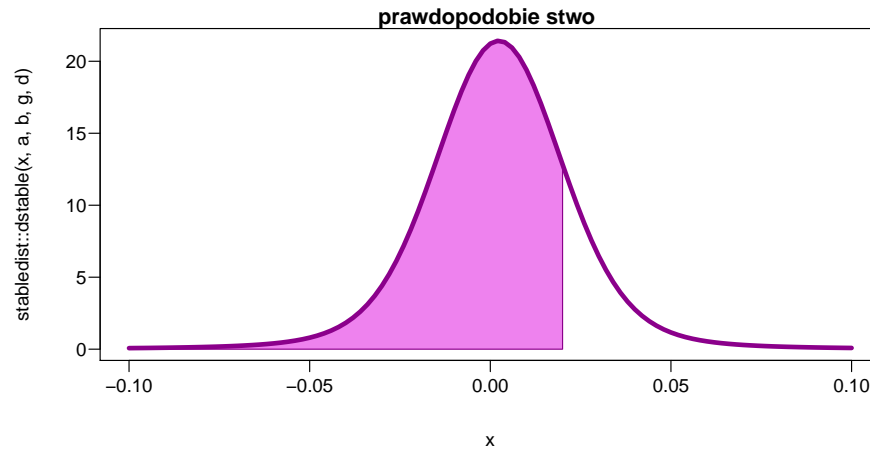
```

```
## [1] 0.821845
```

```

par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      col='white', main='prawdopodobieństwo')
x <- seq(0.02,-0.1,length=300)
y <- stabledist::dstable(x,a,b,g,d)
polygon(c(0.02,x,-0.1),c(0,y,0),
      col='Violet',border = "Dark Magenta")
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      lwd=4,col='Dark Magenta',add=TRUE)

```



Rysunek 9.8: Obszar prawdopodobieństwa $P(z < 0,02) = 0,821845$

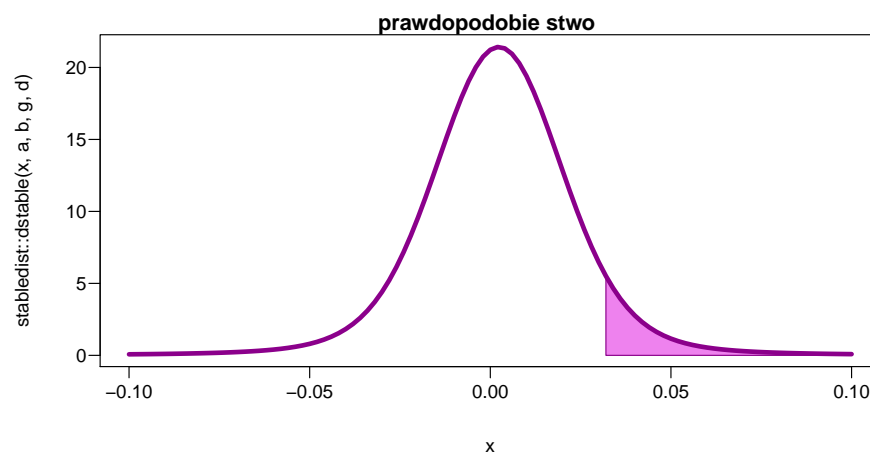
2. Jakie jest prawdopodobieństwo, że stopa zwrotu będzie większa niż 3,2%?

$$P(z > 0,032)$$

```
1-stabledist::pstable(0.032, a,b,g,d)
```

```
## [1] 0.07146513
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      col='white',main='prawdopodobieństwo')
x <- seq(0.032,0.1,length=300)
y <- stabledist::dstable(x,a,b,g,d)
polygon(c(0.032,x,0.1),c(0,y,0),
      col='Violet',border = "Dark Magenta")
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      lwd=4,col='Dark Magenta',add=TRUE)
```



Rysunek 9.9: Obszar prawdopodobieństwa $P(z > 0,032) = 0,07146513$

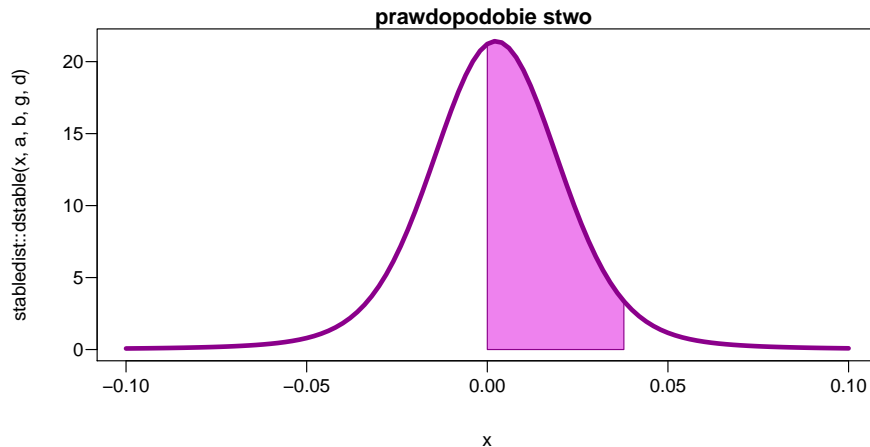
3. Jakie jest prawdopodobieństwo, że stopa zwrotu będzie się zawierać w przedziale (0%; 3,78%)?

$$P(0 < z < 0,0378)$$

```
stabledist::pstable(0.0378, a,b,g,d)-stabledist::pstable(0, a,b,g,d)
```

```
## [1] 0.5038598
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      col='white',main='prawdopodobieństwo')
x <- seq(0,0.0378,length=300)
y <- stabledist::dstable(x,a,b,g,d)
polygon(c(0,x,0.0378),c(0,y,0),
      col='Violet',border = "Dark Magenta")
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      lwd=4,col='Dark Magenta',add=TRUE)
```



Rysunek 9.10: Obszar prawdopodobieństwa $P(0 < z < 0,0378) = 0,5038598$

4. Jakie jest prawdopodobieństwo, że stopa zwrotu będzie mniejsza niż 1,75% lub większa niż 3,78%?

$$P(0,0175 > z > 0,0378)$$

```
stabledist::pstable(0.0175, a,b,g,d)+(1-stabledist::pstable(0.0378, a,b,g,d))
```

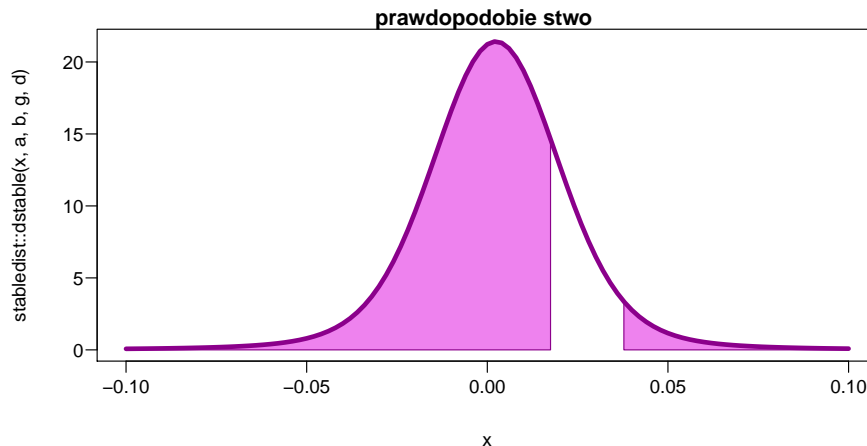
```
## [1] 0.8336819
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      col='white',main='prawdopodobieństwo')
x <- seq(-0.1,0.0175,length=300)
y <- stabledist::dstable(x,a,b,g,d)
polygon(c(-0.1,x,0.0175),c(0,y,0),
      col='Violet',border = "Dark Magenta")
x <- seq(0.0378,0.1,length=300)
y <- stabledist::dstable(x,a,b,g,d)
```

```

polygon(c(0.0378,x,0.1),c(0,y,0),
       col='Violet',border = "Dark Magenta")
curve(stabledist::dstable(x,a,b,g,d),-0.1,0.1,
      lwd=4,col='Dark Magenta',add=TRUE)

```



Rysunek 9.11: Obszar prawdopodobieństwa $P(0,0175 > z > 0,0378) = 0,8336819$

Na zakończenie warto jeszcze wspomnieć, że środowisko R oferuje także wiele innych rozkładów prawdopodobieństwa wraz z funkcjami do szacowania ich parametrów. W paczce `fBasics` oprócz funkcji do estymacji parametrów rozkładu stabilnego `fBasic::stableFit` mamy do dyspozycji takie rozkłady jak:

- odwrotny rozkład normalny (*Normal Inverse Gaussian Distribution*) gdzie: `dnig` – funkcja gęstości, `pnig` – dystrybuanta, `qnig` – kwantyle, `rnig` – zmienne losowe, `nigFit` – estymacja parametrów.
- rozkład hiperboliczny (*Hyperbolic Distribution*) gdzie: `dhyp` – funkcja gęstości, `phyp` – dystrybuanta, `qhyp` – kwantyle, `rhyp` – zmienne losowe, `hypFit` – estymacja parametrów.
- uogólniony rozkład hiperboliczny (*Generalized Hyperbolic Distribution*) gdzie: `dgh` – funkcja gęstości, `pgh` – dystrybuanta, `qgh` – kwantyle, `rgh` – zmienne losowe, `ghFit` – estymacja parametrów.
- uogólniony rozkład hiperboliczny t-Studenta (*Generalized Hyperbolic Student-t*) gdzie: `dght` – funkcja gęstości, `pght` – dystrybuanta, `qght` – kwantyle, `rght` – zmienne losowe, `ghtFit` – estymacja parametrów.
- uogólniony rozkład lambda (*Generalized Lambda Distribution*) gdzie: `dgl` – funkcja gęstości, `pgl` – dystrybuanta, `qgl` – kwantyle, `rgl` – zmienne losowe, `glFit` – estymacja parametrów.

Z kolei w bibliotece `fGarch` są zaimplementowane następujące rozkłady:

- uogólniony rozkład błędów (*Generalized Error Distribution – GED*) gdzie: `dged` – symetryczna funkcja gęstości, `gedFit` – estymacja parametrów, `dsged` – skośna funkcja gęstości, `sgedFit` – estymacja parametrów.
- rozkład t-Studenta (*Student-t Distribution*) gdzie: `dstd` – symetryczna funkcja gęstości, `stdFit` – estymacja parametrów, `dsstd` – skośna funkcja gęstości, `sstdFit` – estymacja parametrów.
- rozkład normalny (*Normal Distribution*) gdzie: `dnorm` – symetryczna funkcja gęstości, `normFit` – estymacja parametrów, `dsnrm` – skośna funkcja gęstości, `snrmFit` – estymacja parametrów.

Rozdział 10

Przykład budowy dynamicznego modelu liniowego

10.1 Wprowadzenie

W skład dynamicznego modelu liniowego wchodzi następujące elementy:

- trend
- składnik sezonowości
- składnik autoregresji

Do estymacji takiego modelu zostaną wykorzystane dodatkowe pakiety czyli takie które nie są instalowane wraz z oprogramowaniem R. Pod [linkiem](#) można zapoznać się dokumentacją bibliotek bazowych.

Instalację pakietu wykonujemy tylko raz niezależnie od tego ile razy uruchomimy środowisko R.

```
install.packages("tseries")
```

Wykonując powyższe polecenie zostanie zainstalowana biblioteka wraz z wymaganymi zależnościami (dodatkowe pakiety) jeśli takie są wymagane. Następnie należy taką bibliotekę załadować:

```
library("tseries")
```

Inne podejście to odwoływanie się za każdym razem do wybranego pakietu który wcześniej został zainstalowany. Inaczej mówiąc, wskazujemy z jakiego pakietu chcemy wykorzystać funkcję. To rozwiązanie jest przydatne jeśli w dwóch różnych pakietach z których korzystamy występują takie same nazwy funkcji:

```
tseries::funkcja_z_pakietu_tseries( argumenty_funkcji )
```

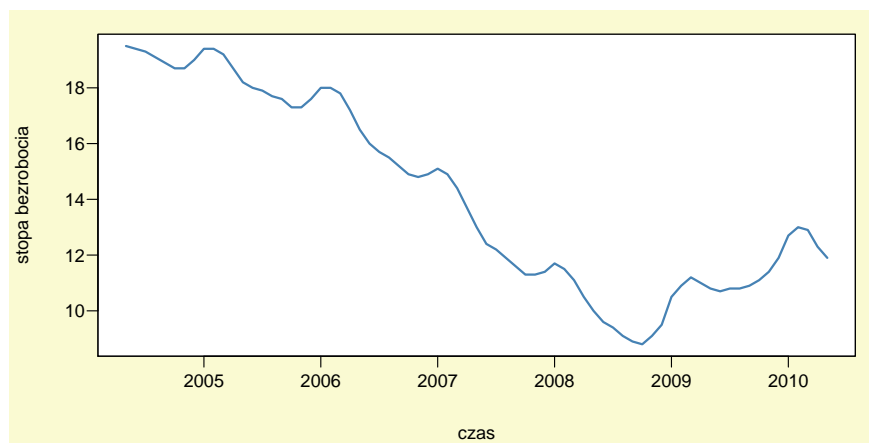
Aby wprowadzić dane dotyczące miesięcznej stopy bezrobocia w Polsce można wykonać poniższe polecenie:

```
b=c(
19.5, 19.4, 19.3, 19.1, 18.9, 18.7, 18.7, 19.0, 19.4, 19.4, 19.2, 18.7,
18.2, 18.0, 17.9, 17.7, 17.6, 17.3, 17.3, 17.6, 18.0, 18.0, 17.8, 17.2,
16.5, 16.0, 15.7, 15.5, 15.2, 14.9, 14.8, 14.9, 15.1, 14.9, 14.4, 13.7,
13.0, 12.4, 12.2, 11.9, 11.6, 11.3, 11.3, 11.4, 11.7, 11.5, 11.1, 10.5,
10.0, 9.6, 9.4, 9.1, 8.9, 8.8, 9.1, 9.5, 10.5, 10.9, 11.2, 11.0,
10.8, 10.7, 10.8, 10.8, 10.9, 11.1, 11.4, 11.9, 12.7, 13.0, 12.9, 12.3,
11.9
)
```

Ponieważ powyższe dane (procenty) dotyczą okresu od 05.2004 do 05.2010 więc przekształcimy zmienną b (zapisną w postaci wektora zmiennych) w szereg czasowy. Do budowy szeregu czasowego zostanie wykorzystana funkcja `ts`.

```
bezrob <- ts(b,start=c(2004,5),freq=12)
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(bezrob,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(bezrob,xlab="czas",ylab="stopa bezrobocia",col="SteelBlue",lwd=2,las=1)
```



Rysunek 10.1: Stopa bezrobocia w Polsce od 0.5.2004 do 0.5.2010.

10.2 Badanie wewnętrznej struktury procesu

10.2.1 Trend

W pierwszym kroku należy ustalić, czy w szeregu czasowym (rys. 10.1) występuje tendencja rozwojowa czyli trend. Jeśli dojdziemy do wniosku, że występuje trend należy zbudować kilka wielomianowych modeli trendu a następnie dokonać wyboru najlepszego modelu. Wybór wielomianu możemy dokonać za pomocą analizy wariancji ANOVA lub kryterium informacyjnego AIC.

```
t1 <- ts(1:length(bezrob),start=c(2004,5),freq=12)
t2 <- ts(t1^2,start=c(2004,5),freq=12)
t3 <- ts(t1^3,start=c(2004,5),freq=12)
t4 <- ts(t1^4,start=c(2004,5),freq=12)
```

```
m1 <- lm(bezrob~t1)           # wielomian stopnia pierwszego
m2 <- lm(bezrob~t1+t2)       # wielomian stopnia drugiego
m3 <- lm(bezrob~t1+t2+t3)    # wielomian stopnia trzeciego
m4 <- lm(bezrob~t1+t2+t3+t4) # wielomian stopnia czwartego
```

```
# porównanie modelu trendu m1 i m2:
```

```
anova(m1,m2)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: bezrob ~ t1
## Model 2: bezrob ~ t1 + t2
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq    F    Pr(>F)
## 1      71 176.96
## 2      70 109.76  1    67.202 42.86 8.284e-09 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# porównanie modelu trendu m2 i m3:
```

```
anova(m2,m3)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: bezrob ~ t1 + t2
## Model 2: bezrob ~ t1 + t2 + t3
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq    F    Pr(>F)
## 1      70 109.756
## 2      69  26.572  1    83.183 216 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# porównanie modelu trendu m3 i m4:
```

```
anova(m3,m4)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: bezrob ~ t1 + t2 + t3
## Model 2: bezrob ~ t1 + t2 + t3 + t4
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq    F    Pr(>F)
## 1      69  26.572
## 2      68  26.569  1  0.0034355 0.0088 0.9256
```

Tak więc najlepszym modelem trendu okazał się wielomian stopnia trzeciego. Do takiego samego wniosku dochodzimy porównując kryteria informacyjne AIC wszystkich modeli.

```
AIC(m1,m2,m3,m4)
```

```
##      df      AIC
## m1   3 277.8030
## m2   4 244.9342
## m3   5 143.3919
## m4   6 145.3825
```

10.2.2 Sezonowość

Aby ocenić czy w badanym szeregu czasowym występują wahania sezonowe trzeba oszacować model trendu wraz ze zmiennymi sezonowymi. Jeśli przynajmniej jeden parametr przy zmiennej zero-jedynkowej okaże się istotny możemy sądzić, że w szeregu występuje sezonowość.

```
# zmienne sezonowe: zero-jedynkowe:
month <- ts(forecast::seasonaldummy(bezrob), start=c(2004,5), freq=12)
```

```
# model z trendem i sezonowością:
s_dyn <- lm(bezrob~t1+t2+t3+month)
# podsumowanie modelu z trendem i sezonowością:
summary(s_dyn)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = bezrob ~ t1 + t2 + t3 + month)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.23729 -0.31580 -0.01533  0.36128  0.82255
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  1.903e+01  3.153e-01  60.363  < 2e-16 ***
## t1           1.258e-01  2.853e-02   4.410  4.54e-05 ***
## t2          -1.280e-02  8.917e-04 -14.357  < 2e-16 ***
## t3           1.372e-04  7.927e-06  17.311  < 2e-16 ***
## monthJan     5.935e-01  2.815e-01   2.109   0.0393 *
## monthFeb     7.138e-01  2.816e-01   2.535   0.0140 *
## monthMar     5.934e-01  2.818e-01   2.106   0.0396 *
## monthApr     1.149e-01  2.821e-01   0.407   0.6854
## monthMay    -2.402e-01  2.721e-01  -0.883   0.3811
## monthJun    -2.513e-01  2.829e-01  -0.888   0.3780
## monthJul    -2.861e-01  2.824e-01  -1.013   0.3152
## monthAug    -3.891e-01  2.820e-01  -1.380   0.1730
## monthSep    -4.612e-01  2.818e-01  -1.637   0.1071
## monthOct    -5.365e-01  2.816e-01  -1.905   0.0617 .
## monthNov    -3.658e-01  2.815e-01  -1.300   0.1988
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.4874 on 58 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9842, Adjusted R-squared:  0.9803
## F-statistic: 257.4 on 14 and 58 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Ponieważ kilka zmiennych sezonowych jest istotnych statystycznie należy stwierdzić, że w badanym procesie występują wahania sezonowe.

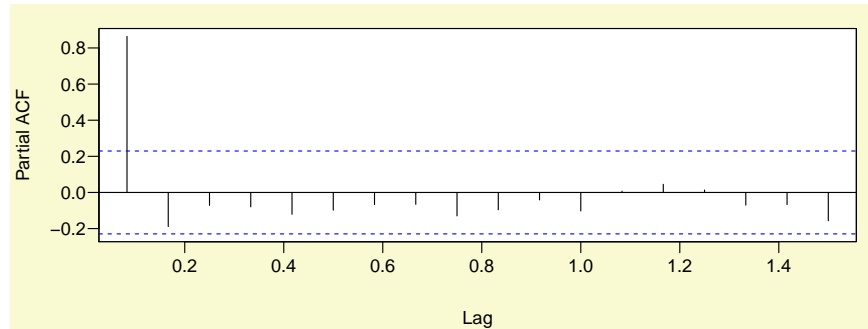
10.2.3 Stopień autoregresji – funkcja PACF

Aby ocenić stopień autoregresji dynamicznego modelu liniowego należy sprawdzić czy w procesie reszt (modelu z trendem i sezonowością) występuje autokorelacja reszt. Można tego dokonać na podstawie funkcji PACF (rys. 10.2) na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ (przerwana linia pozioma).

```
rs <- ts(resid(s_dyn), start=c(2004,5), freq=12)
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0), bg="lightgoldenrodyellow", las=1)
plot(1, axes=F, xlab="", ylab="", main="", col="white")
```

```
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
pacf(rs,plot=T)
```



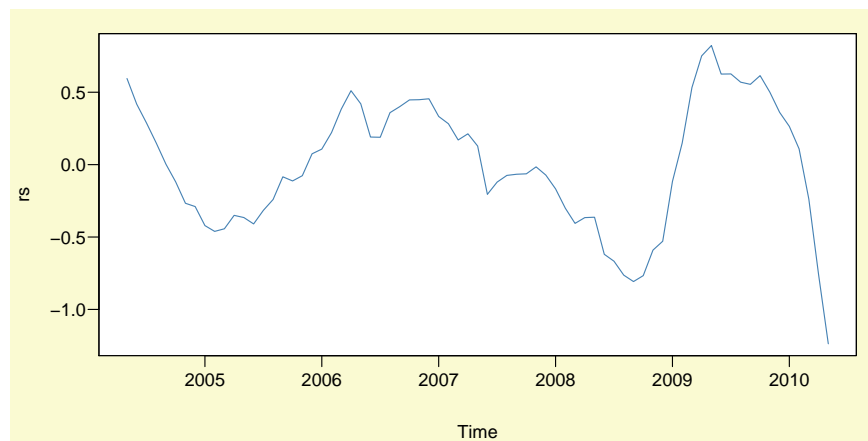
Rysunek 10.2: Funkcja autokorelacji cząstkowej.

Jak widać na (rys. 10.2) występuje rząd autokorelacji $p = 1$.

10.2.4 Stopień integracji – test ADF/PP

Jeśli otrzymane reszty (rys. 10.3) na podstawie modelu z trendem i sezonowością są niestacjonarne (występuje pierwiastek jednostkowy) należy wówczas rząd autoregresji (w dynamicznym modelu liniowym) powiększyć o liczbę d czyli liczbę pierwiastków jednostkowych. Do sprawdzenia hipotezy o występowaniu pierwiastka jednostkowego możemy posłużyć się rozszerzonym testem Dickey’a-Fullera.

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(rs,type="l",col="SteelBlue")
```

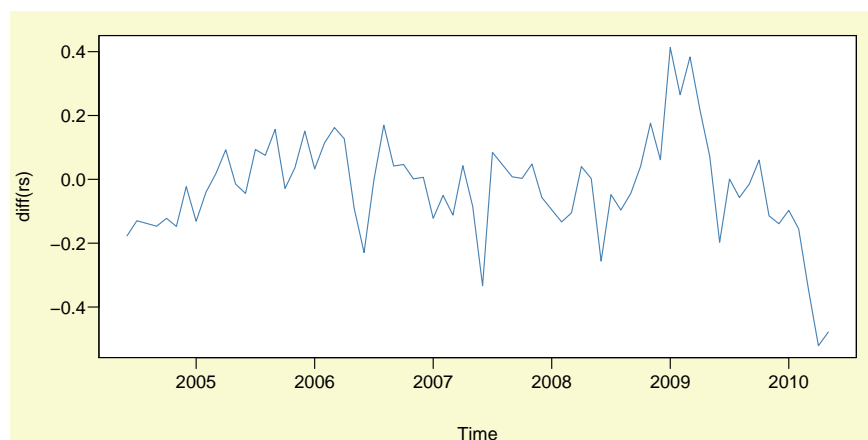
Rysunek 10.3: Reszty modelu z trendem i sezonowością rs_t .

```
tseries::adf.test(rs)
```

```
##
## Augmented Dickey-Fuller Test
##
## data: rs
## Dickey-Fuller = -2.6101, Lag order = 4, p-value = 0.3268
## alternative hypothesis: stationary
```

Ponieważ w teście ADF p-value jest równe 0,3268 należy przyjąć, że w procesie rs_t występuje pierwiastek jednostkowy $d = 1$. Skoro szereg rs_t jest niestacjonarny należy sprawdzić czy w procesie $\Delta rs_t = rs_t - rs_{t-1}$ również występuje pierwiastek jednostkowy. A więc czy szereg rs_t jest zintegrowany w stopniu drugim tzn. $I(2)$.

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(diff(rs),type="l",col="SteelBlue")
```



Rysunek 10.4: Reszty modelu po jednokrotnym różnicowaniu rs_t .

```
tseries::adf.test(diff(rs))
```

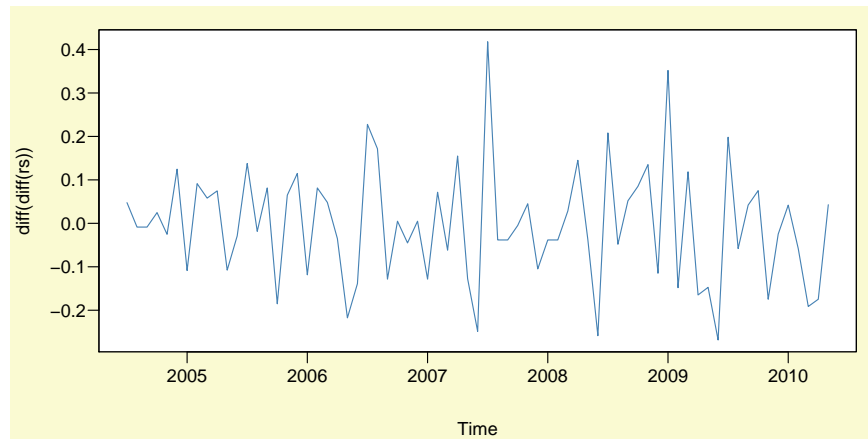
```
##
## Augmented Dickey-Fuller Test
##
## data: diff(rs)
## Dickey-Fuller = -1.7534, Lag order = 4, p-value = 0.6757
## alternative hypothesis: stationary
```

Tak więc szereg rs_t jest zintegrowany w stopniu drugim (p-value = 0,6757), badamy więc czy jest również zintegrowany w stopniu trzecim.

```

par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(diff(diff(rs)),type="l",col="SteelBlue")

```



Rysunek 10.5: Reszty modelu po dwukrotnym różnicowaniu rs_t .

```
tseries::adf.test(diff(diff(rs)))
```

```
## Warning in tseries::adf.test(diff(diff(rs))): p-value smaller than printed
## p-value
```

```
##
## Augmented Dickey-Fuller Test
##
## data: diff(diff(rs))
## Dickey-Fuller = -4.4611, Lag order = 4, p-value = 0.01
## alternative hypothesis: stationary
```

Zatem dla $H_0 : I(3)$ p-value jest równe 0,01. Czyli szereg $\Delta\Delta rs_t$ jest stacjonarny i na tym kończymy procedurę oceny zintegrowania szeregu rs_t . Rząd autoregresji w dynamicznym modelu liniowym będzie więc wynosił: $p + d = 1 + 2 = 3$. Innym testem do oceny istnienia pierwiastka jednostkowego jest test Phillipsa-Perrona.

```
tseries::pp.test(rs)
```

```
##
## Phillips-Perron Unit Root Test
##
## data: rs
## Dickey-Fuller Z(alpha) = -8.8842, Truncation lag parameter = 3,
## p-value = 0.5915
## alternative hypothesis: stationary
```

```
tseries::pp.test(diff(rs))
```

```
##
## Phillips-Perron Unit Root Test
##
## data: diff(rs)
## Dickey-Fuller Z(alpha) = -22.395, Truncation lag parameter = 3,
## p-value = 0.02967
## alternative hypothesis: stationary
```

```
tseries::pp.test(diff(diff(rs)))
```

```
## Warning in tseries::pp.test(diff(diff(rs))): p-value smaller than printed
## p-value

##
## Phillips-Perron Unit Root Test
##
## data: diff(diff(rs))
## Dickey-Fuller Z(alpha) = -80.495, Truncation lag parameter = 3,
## p-value = 0.01
## alternative hypothesis: stationary
```

W oprogramowaniu R możemy również skorzystać z szeregu innych testów dotyczących pierwiastka jednostkowego. Są one dostępne w następujących paczkach: [uroot](#), [urca](#), [fUnitRoots](#).

10.3 Weryfikacja modelu

10.3.1 Estymacja dynamicznego modelu liniowego

```
library("dyn")
# estymacja modelu:
m_dyn <- dyn$lm(bezrob~t1+t2+t3+month+
  stats::lag(bezrob,-1)+stats::lag(bezrob,-2)+stats::lag(bezrob,-3))
# podsumowanie modelu
summary(m_dyn)
```

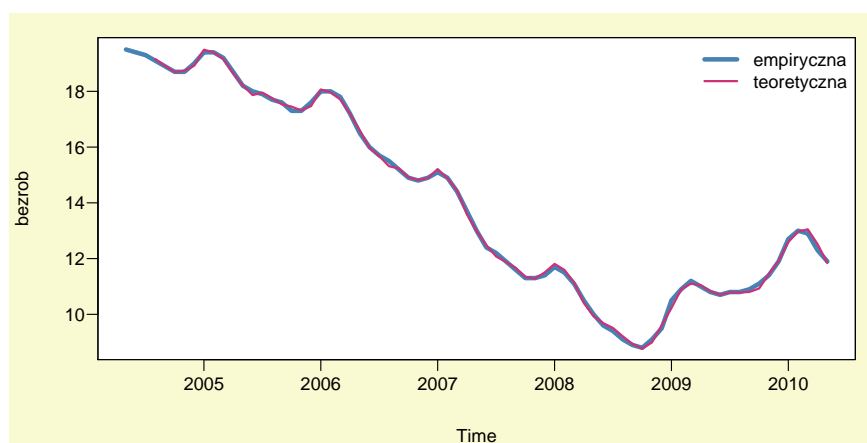
```
##
## Call:
## lm(formula = dyn(bezrob ~ t1 + t2 + t3 + month + stats::lag(bezrob,
## -1) + stats::lag(bezrob, -2) + stats::lag(bezrob, -3)))
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.218117 -0.055641  0.000827  0.051768  0.272502
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   1.716e+00  6.131e-01   2.799 0.007172 **
## t1             8.245e-03  1.169e-02   0.705 0.483721
## t2            -8.612e-04  5.818e-04  -1.480 0.144833
## t3             9.069e-06  5.615e-06   1.615 0.112309
```



```
## month1          6.025e-02  6.328e-02   0.952  0.345409
## month2         -5.624e-01  7.525e-02  -7.474  8.69e-10 ***
## month3         -6.115e-01  1.129e-01  -5.417  1.58e-06 ***
## month4         -6.728e-01  8.569e-02  -7.852  2.18e-10 ***
## month5         -3.977e-01  9.862e-02  -4.033  0.000181 ***
## month6         -1.633e-01  8.482e-02  -1.925  0.059724 .
## month7         -4.991e-02  7.443e-02  -0.671  0.505471
## month8         -3.025e-01  6.263e-02  -4.829  1.25e-05 ***
## month9         -3.062e-01  7.022e-02  -4.361  6.14e-05 ***
## month10        -3.064e-01  6.484e-02  -4.725  1.79e-05 ***
## month11        -7.425e-02  6.629e-02  -1.120  0.267842
## stats::lag(bezrob, -1) 1.478e+00  1.297e-01  11.400  9.31e-16 ***
## stats::lag(bezrob, -2) -1.947e-01  2.453e-01  -0.794  0.430944
## stats::lag(bezrob, -3) -3.605e-01  1.444e-01  -2.497  0.015719 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.1006 on 52 degrees of freedom
## (6 observations deleted due to missingness)
## Multiple R-squared:  0.9993, Adjusted R-squared:  0.9991
## F-statistic: 4551 on 17 and 52 DF, p-value: < 2.2e-16
```

```
p_dyn <- predict(m_dyn)
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(bezrob,type='l',lwd=4,col='SteelBlue')
lines(p_dyn,lwd=2,col='violetred3')
legend("topright",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,2),
c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
```



Rysunek 10.6: Wykres wartości empirycznych i teoretycznych.

10.3.2 Ocena jakości modelu

Dokonując oceny jakości modelu należy zwrócić uwagę na wysoką wartość R^2 który wynosi 0,9993. Oznacza to, że w 99,93% została wyjaśniona zmienność zmiennej zależnej (stopa bezrobocia) przez model. Na podstawie oszacowanego błędu standardowego reszt Se , który jest równy 0,1006 możemy stwierdzić, że średnio o 10,06% odchylają się wartości rzeczywiste stopy bezrobocia od wartości teoretycznych – oszacowanych na podstawie modelu. Także test F wskazuje na dobre dopasowanie modelu (p -value = $2,2e - 16$).

10.4 Diagnostyka modelu

10.4.1 Normalność procesu resztowego

Ocena normalności składnika resztowego została dokonana za pomocą testu Shapiro- Wilka oraz testu χ^2 w oparciu o procedurę zaproponowaną przez Doornika oraz Hansena.

```
r_dyn <- resid(m_dyn)
shapiro.test(r_dyn)

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  r_dyn
## W = 0.98619, p-value = 0.6382
```

Wysoka wartość p -value, która wynosi 0,6382 pozwala nam wnioskować, że na podstawie testu Shapiro- Wilka reszty mają rozkład normalny.

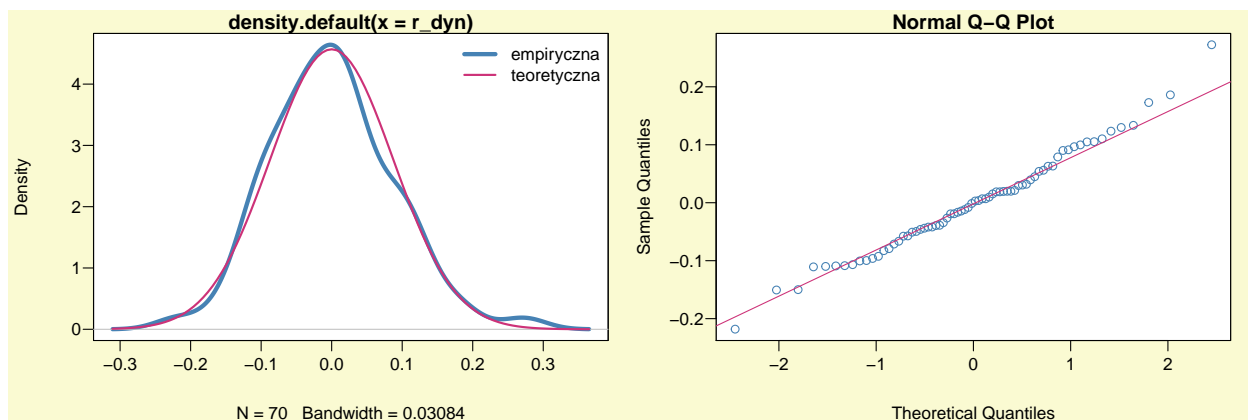
```
normwhn.test::normality.test1(as.matrix(r_dyn))

## [1] "sk"
## [1] 0.3667684
## [1] "k"
## [1] 3.48438
## [1] "rtb1"
## [1] 0.3667684
## [1] "b2"
## [1] 3.48438
## [1] "z1"
## [1] 1.330065
## [1] "z2"
## [1] 0.9789823
## [1] "H0: data do not have skewness"
## [1] "pvalsk"
## [1] 0.1834968
## [1] "H0: data do not have negative skewness"
## [1] "pskneg"
## [1] 0.9082516
## [1] "H0: data do not have positive skewness"
## [1] "pskpos"
## [1] 0.09174841
## [1] "H0: data do not have kurtosis"
## [1] "pvalk"
## [1] 0.3275887
```

```
## [1] "H0: data do not have negative kurtosis"
## [1] "pkneg"
## [1] 0.8362056
## [1] "H0: data do not have positive kurtosis"
## [1] "pkpos"
## [1] 0.1637944
## [1] "H0: data are normally distributed"
## [1] "Ep"
##      [,1]
## [1,] 2.727479
## [1] "dof"
## [1] 2
## [1] "sig.Ep"
##      [,1]
## [1,] 0.2557027
```

Również wynik testu χ^2 wskazuje, że nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Należy więc stwierdzić, że proces resztowy ma rozkład normalny. Wyniki obu testów potwierdzają też wykresy (rys. 10.7). Do badania normalności zmiennych można wykorzystać także inne testy, które są dostępne w środowisku R. Oto niektóre z nich: test normalności Jarque-Bera – `moments::jarque.test`, test skośności D'Agostino – `moments::agostino.test`, test kurtozy Anscombe-Glynn – `moments::anscombe.test`.

```
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(density(r_dyn),lwd=4,col='SteelBlue')
curve(dnorm(x,mean(r_dyn),sd(r_dyn)),add=TRUE,lwd=2,col='violetred3')
legend("topright",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,2),
c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
qqnorm(r_dyn,col='SteelBlue'); qqline(r_dyn,col='violetred3')
```



Rysunek 10.7: Graficzna diagnostyka normalności rozkładu reszt.

10.4.2 Autokorelacja procesu resztowego

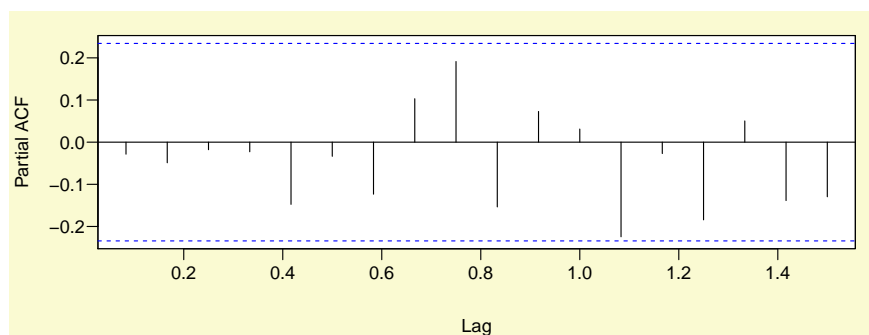
Do oceny autokorelacji reszt można wykorzystać test autokorelacji Ljunga-Boxa, który jest dostępny w paczce `tseries`. W tym teście dzięki opcji `lag` możemy badać stopień autokorelacji dowolnego rzędu.

```
Box.test(r_dyn, lag= 1, type= "Ljung-Box")

##
## Box-Ljung test
##
## data:  r_dyn
## X-squared = 0.059179, df = 1, p-value = 0.8078

par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
pacf(r_dyn,plot=T)

## Warning in if (plot) {: warunek posiada długość > 1 i tylko pierwszy
## element będzie użyty
```



Rysunek 10.8: Funkcja autokorelacji cząstkowej reszt modelu.

Także test Quenouille’a na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ (przerzywane poziome linie – rys. (10.8)) potwierdza brak zjawiska autokorelacji reszt. W oprogramowaniu R dostępne są też inne testy do badania tego zjawiska np. test Breuscha-Godfrey’a – `lmtest::bgtest` oraz test Durбина-Watsona – `lmtest::dwtest`. Jednak ten ostatni umożliwia badanie tylko autokorelacji rzędu pierwszego.

10.4.3 Heteroskedastyczność procesu resztowego

Ponieważ niejednorodność wariancji jest zjawiskiem nieporządanym należy więc zbadać czy występuje heteroskedastyczność w procesie reszt. Do tego celu można wykorzystać test Breuscha-Pagana.

```
# test Koenkera:
lmtest::bptest(m_dyn)

##
## studentized Breusch-Pagan test
##
## data:  m_dyn
## BP = 22.774, df = 17, p-value = 0.1567
```

```
# test Breusha-Pagana:
lmtest::bptest(m_dyn,studentize=F)

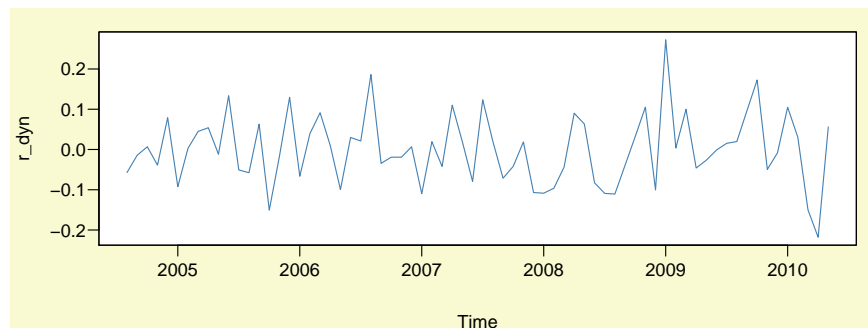
##
## Breusch-Pagan test
##
## data: m_dyn
## BP = 28.29, df = 17, p-value = 0.04166

# Cook i Weisberg [1983]:
lmtest::bptest(m_dyn,studentize=F,varformula =~fitted(m_dyn))

##
## Breusch-Pagan test
##
## data: m_dyn
## BP = 1.7564, df = 1, p-value = 0.1851
```

Na podstawie przeprowadzonych testów Breusha-Pagana możemy wnioskować, że występuje homoskedastyczność reszt. Dzięki środowisku R mamy możliwość przeprowadzenia także innych testów np. test Harrisona-McCabea – `lmtest::hmctest` lub test Goldfeld-Quandt – `lmtest::gqtest`.

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(r_dyn,col='SteelBlue')
```



Rysunek 10.9: Reszty modelu.

10.4.4 Stabilność parametrów modelu

Do zbadania stabilności parametrów modelu można wykorzystać test Chowa. Jednak aby móc zastosować ten test należy określić punkt zwrotny, który podzieli cały analizowany proces na dwie podpróby. Jeśli w tych dwóch podokresach parametry modeli nie będą się różniły, można wtedy przyjąć, że są one stabilne. W teście `strucchange::sctest` jako punkt zwrotny należy podać ostatnią datę z pierwszej podpróby. Tzn. jeśli za punkt zwrotny przyjmujemy 10.2008 (pierwsza data drugiej podpróby) to dla opcji `point` trzeba podać 09.2008 (ostatnia data pierwszej podpróby).

```
# przygotowanie danych:
d <- cbind(bezrob,t1,t2,t3,month,
  stats::lag(bezrob,k=-1),stats::lag(bezrob,k=-2),stats::lag(bezrob,k=-3))
d <- na.omit(d)
# test Chowa:
strucchange::sctest(bezrob~., data=d, type="Chow", point=c(2008,9))

##
## Chow test
##
## data:  bezrob ~ .
## F = 5.5201, p-value = 9.785e-06
```

Innym testem, który bada stabilność parametrów modelu jest test CUSUM (cumulated sum of residuals) zwany także testem Harvey’a-Colliera. Jest on dostępny w programie R po uprzednim wczytaniu biblioteki [lmtest](#).

```
lmtest::harvtest(m_dyn)

##
## Harvey-Collier test
##
## data:  m_dyn
## HC = 0.36995, df = 51, p-value = 0.713
```

Na podstawie przeprowadzonego testu Chowa należy odrzucić hipotezę zerową o stabilności parametrów modelu. Z kolei na podstawie testu CUSUM należy stwierdzić, że parametry modelu są stabilne.

10.4.5 Postać analityczna modelu

Aby zweryfikować hipotezę o poprawnym doborze postaci analitycznej modelu można skorzystać z testu RESET – [lmtest::resettest](#). Możemy go przeprowadzić w kilku wersjach:

```
# wartości wyrównane podniesione do potęgi drugiej i trzeciej:
lmtest::resettest(m_dyn,power=2:3)

##
## RESET test
##
## data:  m_dyn
## RESET = 0.060498, df1 = 2, df2 = 50, p-value = 0.9414
```

```
# wartości wyrównane podniesione do potęgi drugiej:
lmtest::resettest(m_dyn,power=2)

##
## RESET test
##
## data:  m_dyn
## RESET = 0.059816, df1 = 1, df2 = 51, p-value = 0.8078
```

```
# wartości wyrównane podniesione do potęgi trzeciej:  
lmtest::resettest(m_dyn,power=3)
```

```
##  
## RESET test  
##  
## data:  m_dyn  
## RESET = 0.096832, df1 = 1, df2 = 51, p-value = 0.7569
```

Otrzymane wartości p-value wskazują, że brak jest podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej zakładającej poprawną specyfikację modelu.

Rozdział 11

Przegląd wybranych testów statystycznych

11.1 Testy normalności

W celu przedstawienia procedury obliczeniowej testu normalności Doornika-Hansena wykorzystamy dane dotyczące długości płatków kosańca z gatunku *setosa*.

```
attach(iris)
f <- Petal.Length[Species=="setosa"]
```

Przed przystąpieniem do obliczeń statystyki jednowymiarowego testu normalności Doornika-Hansena, należy przekształcić nasz wektor danych *f* w następujący sposób:

```
ff <- f - mean(f) # przekształcenie
n <- length(ff) # liczebność wektora danych
```

Teraz dokonamy transformacji skośności (D'Agostino) czyli obliczymy statystykę z_1 :

$$\beta = \frac{3(n^2 + 27n - 70)(n + 1)(n + 3)}{(n - 2)(n + 5)(n + 7)(n + 9)} \quad (11.1)$$

$$\omega^2 = -1 + [2(\beta - 1)]^{1/2} \quad (11.2)$$

$$\delta = \left[\ln \left(\sqrt{\omega^2} \right) \right]^{-1/2} \quad (11.3)$$

$$S_1 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3}{\sqrt{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \right)^3}} \quad (11.4)$$

$$y = S_1 \left[\frac{\omega^2 - 1}{2} \frac{(n + 1)(n + 3)}{6(n - 2)} \right]^{1/2} \quad (11.5)$$

$$z_1 = \delta \ln \left[y + (y^2 + 1)^{1/2} \right] \quad (11.6)$$

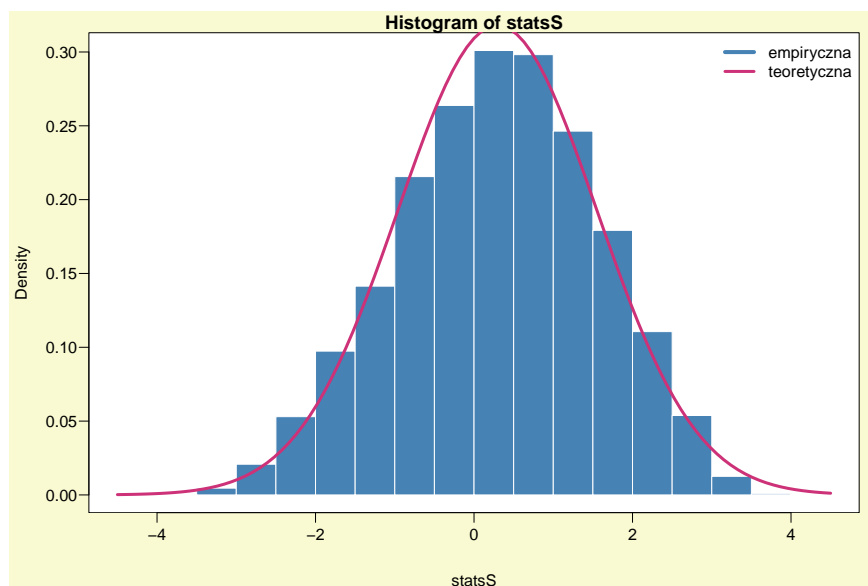
```
# obliczenia dla z1:
f1 <- function(x){
  DNAME= deparse(substitute(x))
  x= sort(x[complete.cases(x)])
  n= length(x)
  beta= (3*(n^2+27*n-70)*(n+1)*(n+3)) / ((n-2)*(n+5)*(n+7)*(n+9))
  w2= -1+(2*(beta-1))^(1/2)
  del= 1/sqrt(log(sqrt(w2)))
  S1= e1071::skewness(x,type=1) # parametr skośności
  y= S1*sqrt(((w2-1) / (2))*(((n+1)*(n+3))/(6*(n-2))))
  z1= del*log(y+sqrt(y^2+1))
}
z1 <- f1(ff); z1
```

```
## [1] 0.3315036
```

Należy zaznaczyć, że statystyka $z1$ ma rozkład zbliżony do rozkładu normalnego.

```
# rozkład statystyki z1 dla 10000 replikacji
statsS <- sapply(1:10000, function(i) f1(sample(ff,length(ff),TRUE)))
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
hist(statsS,prob=TRUE,col='SteelBlue',border='white')
curve(dnorm(x,mean(statsS),sd(statsS)),add=TRUE,lwd=3,col='violetred3')
legend("topright",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
```



Rysunek 11.1: Rozkład statystyki $z1$ dla 10000 replikacji.

Otrzymaną wartość z_1 możemy wykorzystać do zweryfikowania następujących hipotez dotyczących skośności (wzór (11.4)):

$$\begin{array}{lll} H_0 : S_1 = 0 & \text{lub} & H_0 : S_1 \geq 0 \\ H_1 : S_1 \neq 0 & & H_1 : S_1 < 0 \end{array} \quad \text{lub} \quad \begin{array}{ll} H_0 : S_1 \leq 0 \\ H_1 : S_1 > 0 \end{array}$$

```
2*(1-pnorm(abs(z1))) # p-value dla H1: S1!=0
```

```
## [1] 0.7402641
```

```
pnorm(z1) # p-value dla H1: S1<0
```

```
## [1] 0.6298679
```

```
1-pnorm(z1) # p-value dla H1: S1>0
```

```
## [1] 0.3701321
```

Do weryfikacji tego typu hipotez możemy skorzystać z testu skośności D'Agostino wpisując następującą komendę:

```
moments::agostino.test(f)
```

```
##
## D'Agostino skewness test
##
## data: f
## skew = 0.10318, z = 0.33150, p-value = 0.7403
## alternative hypothesis: data have a skewness
```

Jak można zauważyć wartość statystyki z jest taka sama jak z_1 . Warto dodać, że we wzorach (11.3) oraz (11.6) może być stosowany logarytm dziesiętny – log zamiast logarytmu naturalnego – ln. Wtedy wyniki testów D'Agostino mogą się różnić.

W kolejnym kroku obliczymy statystykę z_2 czyli przeprowadzimy transformację kurtozy (Wilson-Hilferty) według poniższych wzorów:

$$\delta = (n-3)(n+1)(n^2 + 15n - 4) \quad (11.7)$$

$$a = \frac{(n-2)(n+5)(n+7)(n^2 + 27n - 70)}{6\delta} \quad (11.8)$$

$$c = \frac{(n-7)(n+5)(n+7)(n^2 + 2n - 5)}{6\delta} \quad (11.9)$$

$$k = \frac{(n+5)(n+7)(n^3 + 37n^2 + 11n - 313)}{12\delta} \quad (11.10)$$

$$S_1 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3}{\sqrt{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2\right)^3}} \quad (11.11)$$

$$\alpha = a + S_1^2 c \quad (11.12)$$

$$K_1 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^4}{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \right)^2} \quad (11.13)$$

$$\chi = (K_1 - 1 - S_1^2)2k \quad (11.14)$$

$$z_2 = \left[\left(\frac{\chi}{2\alpha} \right)^{1/3} - 1 + \frac{1}{9\alpha} \right] (9\alpha)^{1/2} \quad (11.15)$$

```
# obliczenia dla z2:
f2 <- function(x){
  DNAME= deparse(substitute(x))
  x= sort(x[complete.cases(x)])
  n= length(x)
  delta= (n-3)*(n+1)*(n^2+15*n-4)
  a= ((n-2)*(n+5)*(n+7)*(n^2+27*n-70)) / (6*delta)
  c= ((n-7)*(n+5)*(n+7)*(n^2+2*n-5)) / (6*delta)
  k= ((n+5)*(n+7)*(n^3+37*n^2+11*n-313)) / (12*delta)
  S1= e1071::skewness(x,type=1) # parametr skośności
  alpha= a+S1^2*c
  K1= e1071::kurtosis(x,type=1)+3 # parametr kurtozy
  chi= (K1-1-S1^2)*2*k
  z2= ( (chi/(2*alpha))^(1/3)-1+(1/(9*alpha)) ) *sqrt(9*alpha)
}
z2 <- f2(ff); z2
```

```
## [1] 2.04261
```

Także parametr z_2 ma rozkład zbliżony do rozkładu normalnego (rys. 11.2).

```
# rozkład statystyki z2 dla 10000 replikacji
statsK <- sapply(1:10000, function(i) f2(sample(ff,length(ff),TRUE)))
```

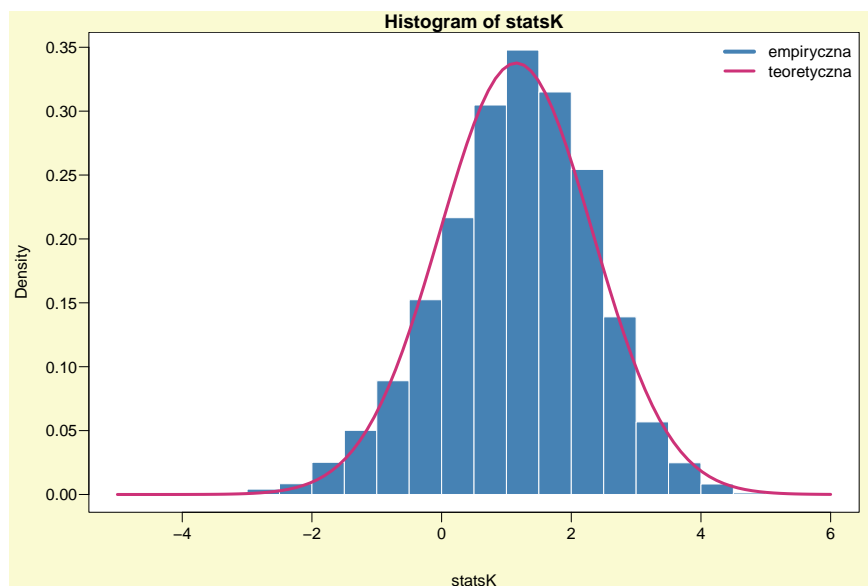
```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
hist(statsK,prob=TRUE,col='SteelBlue',border='white')
curve(dnorm(x,mean(statsK),sd(statsK)),add=TRUE,lwd=3,col='violetred3')
legend("topright",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
```

Na podstawie obliczonej wartości z_2 dokonamy weryfikacji następujących hipotez statystycznych dotyczących kurtozy (wzór (11.13)):

$$\begin{array}{lll} H_0 : K_1 = 3 & \text{lub} & H_0 : K_1 \geq 3 \\ H_1 : K_1 \neq 3 & & H_1 : K_1 < 3 \end{array} \quad \text{lub} \quad \begin{array}{ll} H_0 : K_1 \leq 3 \\ H_1 : K_1 > 3 \end{array}$$

```
2*(1-pnorm(abs(z2))) # p-value dla H1: K1!=3
```

```
## [1] 0.04109101
```



Rysunek 11.2: Rozkład statystyki z2 dla 10000 replikacji.

```
pnorm(z2)           # p-value dla H1: K1<3
```

```
## [1] 0.9794545
```

```
1-pnorm(z2)        # p-value dla H1: K1>3
```

```
## [1] 0.02054551
```

W przypadku weryfikacji powyższych hipotez statystycznych możemy zastosować test kurtozy Anscombe-Glynn:

$$a = \frac{3(n-1)}{(n+1)} \quad (11.16)$$

$$b = \frac{24n(n-2)(n-3)}{(n+1)^2(n+3)(n+5)} \quad (11.17)$$

$$c = \frac{6(n^2-5n+2)}{(n+7)(n+9)} \sqrt{\frac{6(n+3)(n+5)}{n(n-2)(n-3)}} \quad (11.18)$$

$$d = 6 + \frac{8}{c} \left(\frac{2}{c} + \sqrt{1 + \frac{4}{c}} \right) \quad (11.19)$$

$$K_1 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^4}{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \right)^2} \quad (11.20)$$

$$\chi = \frac{K_1 - a}{\sqrt{b}} \quad (11.21)$$

$$z = \frac{1 - \frac{2}{9d} - \left(\frac{1 - 2/d}{1 + \chi \sqrt{2/(d-4)}} \right)^{1/3}}{\sqrt{2/9d}} \quad (11.22)$$

```
moments::anscombe.test(f)
```

```
##
##  Anscombe-Glynn kurtosis test
##
## data:  f
## kurt = 3.8046, z = 1.4585, p-value = 0.1447
## alternative hypothesis: kurtosis is not equal to 3
```

Po wyznaczeniu wartości z_1 oraz z_2 możemy obliczyć statystykę testu normalności ep według wzoru:

$$ep = z_1^2 + z_2^2 \quad (11.23)$$

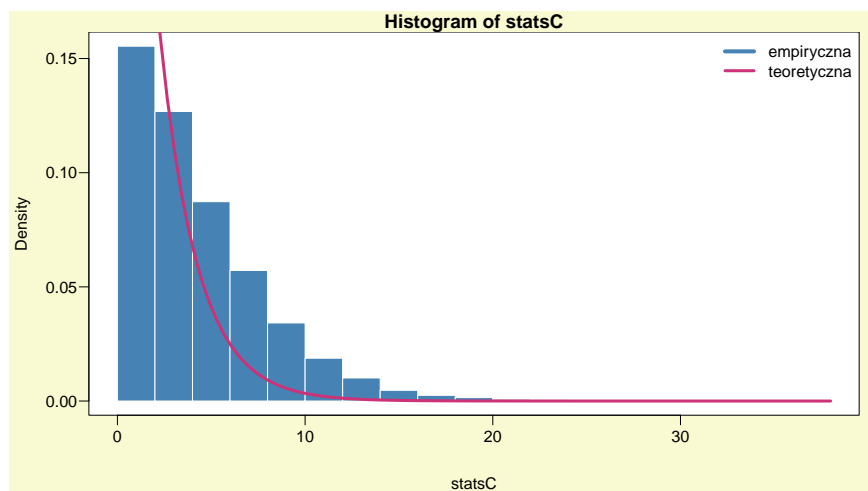
```
ep <- z1^2+z2^2; ep
```

```
## [1] 4.282152
```

Ponieważ statystyki z_1 oraz z_2 mają rozkłady zbliżone do normalnych (rys. 11.1 i rys. 11.2) to suma ich kwadratów będzie miała rozkład χ^2 z dwoma stopniami swobody.

```
# rozkład statystyki ep dla 10000 replikacji
statsC <- sapply(1:10000, function(i) f1(sample(ff,length(ff),TRUE))^2 +
                                         f2(sample(ff,length(ff),TRUE))^2)
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
hist(statsC,prob=TRUE,col='SteelBlue',border='white')
curve(dchisq(x,2),add=TRUE,lwd=3,col='violetred3')
legend("topright",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
```



Rysunek 11.3: Rozkład statystyki ep dla 10000 replikacji.

```
1-pchisq(ep,2)
```

```
## [1] 0.1175283
```

Teraz zostaną przedstawione wyniki testu Doornika-Hansena z wykorzystaniem gotowej funkcji `normwhn.test::normality.test1`.

```
normwhn.test::normality.test1(as.matrix(f))
```

```
## [1] "sk"
## [1] 0.1031751
## [1] "k"
## [1] 3.804592
## [1] "rtb1"
## [1] 0.1031751
## [1] "b2"
## [1] 3.804592
## [1] "z1"
## [1] 0.3315036
## [1] "z2"
## [1] 2.04261
## [1] "H0: data do not have skewness"
## [1] "pvalsk"
## [1] 0.7402641
## [1] "H0: data do not have negative skewness"
## [1] "pskneg"
## [1] 0.6298679
## [1] "H0: data do not have positive skewness"
## [1] "pskpos"
## [1] 0.3701321
## [1] "H0: data do not have kurtosis"
## [1] "pvalk"
## [1] 0.04109101
## [1] "H0: data do not have negative kurtosis"
## [1] "pkneg"
## [1] 0.9794545
## [1] "H0: data do not have positive kurtosis"
## [1] "pkpos"
## [1] 0.02054551
## [1] "H0: data are normally distributed"
## [1] "Ep"
##      [,1]
## [1,] 4.282152
## [1] "dof"
## [1] 2
## [1] "sig.Ep"
##      [,1]
## [1,] 0.1175283
```

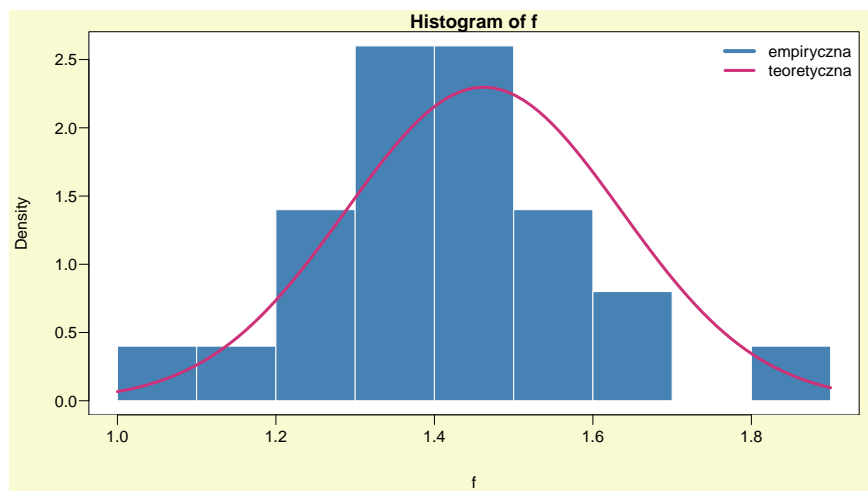
Ponieważ w teście Doornika-Hansena $p\text{-value} = 0,1175283$, należy stwierdzić, że zmienna f (długość płatka gatunku *setosa*) charakteryzuje się rozkładem normalnym. Również test skośności ($p\text{-value} = 0,7402641$) oraz kurtozy ($p\text{-value} = 0,04109101$) potwierdzają naszą decyzję.

```
shapiro.test(f)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  f
## W = 0.95498, p-value = 0.05481
```

Także test Shapiro-Wilka wskazuje na normalność rozkładu badanej zmiennej (p-value = 0,05481).

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
hist(f,prob=TRUE,col='SteelBlue',border='white')
curve(dnorm(x,mean(f),sd(f)),add=TRUE,lwd=3,col='violetred3')
legend("topright",bg='white',bty="n",lty=1,lwd=c(4,3),
      c('empiryczna','teoretyczna'),col=c('SteelBlue','violetred3'))
```



Rysunek 11.4: Histogram - długość płatk irysa, gatunek setosa.

Gdy badamy normalność za pomocą kilku testów np. Doornika-Hansena i Shapiro- Wilka zawsze warto porównać ich moc. Poniżej zostały przedstawione obliczenia dotyczące mocy obu testów.

```
# moc testu Doornika-Hansena:
set.seed(2305)
statP <- sapply(1:10000, function(i)
  1-pchisq(f1(sample(ff,length(ff),TRUE))^2 + f2(sample(ff,length(ff),TRUE))^2,2))
mean(statP< 0.05)
```

```
## [1] 0.2605
```

```
# moc testu Shapiro-Wilka:
set.seed(2305)
statSW <- sapply(1:10000, function(i)
  shapiro.test(sample(f,length(f),TRUE))$p.value)
mean(statSW< 0.05)
```



```
## [1] 0.8758
```

Tak więc test Shapiro-Wilka charakteryzuje się zdecydowanie większą mocą (0,8758) niż test Doornika-Hansena (0,2605). Czyli do oceny normalności wektora danych f należy posłużyć się testem Shapiro-Wilka.

Za pomocą funkcji `normwhn.test::normality.test1` mamy możliwość także badania wielowymiarowej normalności macierzy danych. Sposób przeprowadzania obliczeń dla wielowymiarowego testu Doornika-Hansena przedstawimy na przykładzie macierzy X .

```
# długość i szerokość płatka - setosa:
X <- iris[1:50,3:4]
p <- length(X[1,])
n <- length(X[,1])
# wektor średnich dla kolumn macierzy X:
m <- NULL
for (i in 1:p) m[i]= mean(X[,i])
```

W pierwszym kroku dokonamy przekształcenia macierzy X w poniższy sposób.

$$\check{X}_{p \times n} = \begin{bmatrix} X_{11} - \bar{X}_1 & \dots & X_{p1} - \bar{X}_p \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ X_{1n} - \bar{X}_1 & \dots & X_{pn} - \bar{X}_p \end{bmatrix} \quad (11.24)$$

```
M <- matrix(rep(m, n), nrow=p)
Xhat <- X-t(M)
```

$$V = \text{diag} \left(S_{11}^{-1/2}, \dots, S_{pp}^{-1/2} \right) \quad (11.25)$$

```
V <- diag(1/sqrt(diag(cov(X))))
```

$$\Lambda = \text{diag}(\lambda_1, \dots, \lambda_n) \quad (11.26)$$

```
lambda <- diag(eigen(cor(X))$values)
H <- eigen(cor(X))$vectors
```

$$R^T = H\Lambda^{-1/2}H^TV\check{X}^T \quad (11.27)$$

```
RT <- H %*% solve(lambda)^(1/2) %*% t(H) %*% V %*% t(Xhat)
R <- t(RT)
```

Po otrzymaniu macierzy R możemy teraz obliczyć wartości wektorów z_1 i z_2 w podobny sposób jak w przypadku testu jednowymiarowego.

```
# obliczenia dla z1:
f1= function(x){
  DNAME <- deparse(substitute(x))
  rS1 <- apply(x,2,FUN=function(x)e1071::skewness(x,type=1))
  rK1 <- apply(x,2,FUN=function(x)e1071::kurtosis(x,type=1)+3)
  beta <- (3*(n^2+27*n-70)*(n+1)*(n+3)) / ((n-2)*(n+5)*(n+7)*(n+9))
  w2 <- -1+(2*(beta-1))^(1/2)
  del <- 1/sqrt(log(sqrt(w2)))
  y <- rS1*sqrt(((w2-1) / (2))*(((n+1)*(n+3))/(6*(n-2))))
  z1 <- del*log(y+sqrt(y^2+1))
}
z1 <- f1(R); z1
```

```
## [1] 0.3200522 3.1503286
```

```
# p-value dla jednowymiarowych testów skośności - H1: S1!=0
2*(1-pnorm(abs(z1)))
```

```
## [1] 0.748928767 0.001630869
```

```
# obliczenia dla z2:
f2 <- function(x){
  delta <- (n-3)*(n+1)*(n^2+15*n-4)
  a <- ((n-2)*(n+5)*(n+7)*(n^2+27*n-70)) / (6*delta)
  c <- ((n-7)*(n+5)*(n+7)*(n^2+2*n-5)) / (6*delta)
  k <- ((n+5)*(n+7)*(n^3+37*n^2+11*n-313)) / (12*delta)
  rS1 <- apply(x,2,FUN=function(x)e1071::skewness(x,type=1))
  alpha <- a+rS1^2*c
  rK1 <- apply(x,2,FUN=function(x)e1071::kurtosis(x,type=1)+3)
  chi <- (rK1-1-rS1^2)*2*k
  z2 <- ( (chi/(2*alpha))^(1/3)-1+(1/(9*alpha)) ) *sqrt(9*alpha)
}
z2 <- f2(R); z2
```

```
## [1] 2.145361 -1.685471
```

```
# p-value dla jednowymiarowych testów kurtozy - H1: K1!=3
2*(1-pnorm(abs(z2)))
```

```
## [1] 0.03192402 0.09189779
```

$$Ep = Z_1^T Z_1 + Z_2^T Z_2 \quad (11.28)$$

```
z1 <- matrix(z1,p,1)
z2 <- matrix(z2,p,1)
Ep <- t(z1) %*% z1 + t(z2) %*% z2; Ep
```

```
##           [,1]
## [1,] 17.47039
```

$$Ep \longrightarrow \chi^2_{df=2p} \quad (11.29)$$

```
1-pchisq(Ep,2*p)
```

```
##           [,1]
## [1,] 0.001565663
```

Identyczne wyniki otrzymamy wykonując poniższą komendę.

```
normwhn.test::normality.test1(X)
```

```
## [1] "sk"
## [1] 0.1031751 1.2159276
## [1] "k"
## [1] 3.804592 4.434317
## [1] "rtb1"
## [1] 0.09959901 1.14396118
## [1] "b2"
## [1] 3.872623 4.324673
## [1] "z1"
## [1] 0.3200522 3.1503286
## [1] "z2"
## [1] 2.145361 -1.685471
## [1] "H0: data do not have skewness"
## [1] "pvalsk"
## [1] 0.748928767 0.001630869
## [1] "H0: data do not have negative skewness"
## [1] "pskneg"
## [1] 0.6255356 0.9991846
## [1] "H0: data do not have positive skewness"
## [1] "pskpos"
## [1] 0.3744643837 0.0008154347
## [1] "H0: data do not have kurtosis"
## [1] "pvalk"
## [1] 0.03192402 0.09189779
## [1] "H0: data do not have negative kurtosis"
## [1] "pkneg"
## [1] 0.9840380 0.0459489
## [1] "H0: data do not have positive kurtosis"
## [1] "pkpos"
## [1] 0.01596201 0.95405110
## [1] "H0: data are normally distributed"
## [1] "Ep"
##      [,1]
## [1,] 17.47039
## [1] "dof"
## [1] 4
## [1] "sig.Ep"
##      [,1]
## [1,] 0.001565663
```

Wartość p-value = 0,001565663 jest mniejsza od $\alpha = 0,05$, a więc należy odrzucić hipotezę zerową zakładającą wielowymiarowy rozkład normalny macierzy X . Warto zwrócić uwagę na wysoki wskaźnik skośności (1,2159276) dla drugiej zmiennej (szerokość płatka) co może sugerować prawostronną skośność rozkładu.

```
mvnrmtest::mshapiro.test(t(X))
```

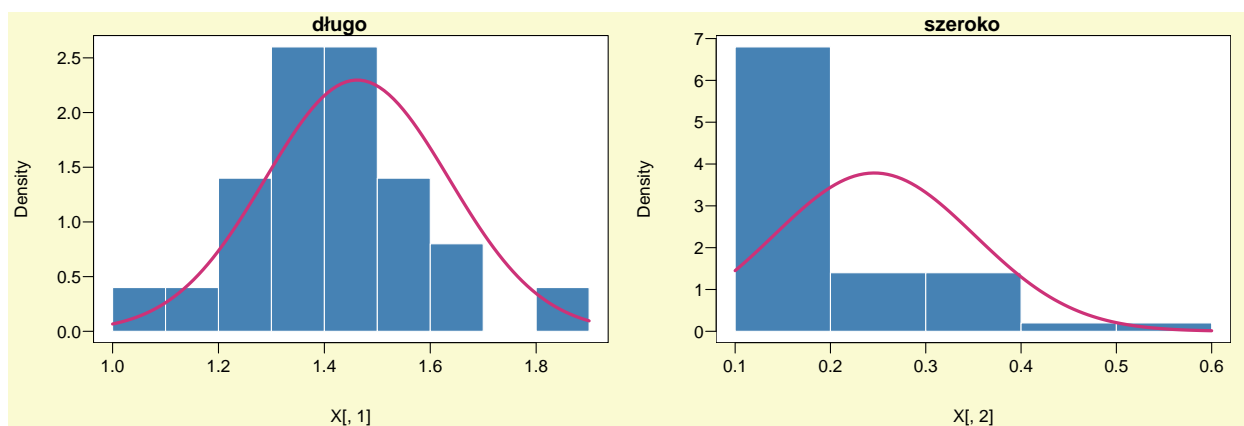
```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Z
## W = 0.85492, p-value = 2.108e-05
```

Na podstawie wielowymiarowego testu Shapiro-Wilka także należy odrzucić hipotezę zerową zakładającą dwuwymiarowy rozkład normalny macierzy X .

```

par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
hist(X[,1],prob=TRUE,main="długość",border="white",col="SteelBlue")
curve(dnorm(x,mean(X[,1]),sd(X[,1])),add=TRUE,lwd=3,col="violetred3")
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
hist(X[,2],prob=TRUE,main="szerokość",border="white",col="SteelBlue")
curve(dnorm(x,mean(X[,2]),sd(X[,2])),add=TRUE,lwd=3,col="violetred3")

```



Rysunek 11.5: Długość i szerokość płatków setosa.

W celu porównania obu wielowymiarowych testów normalności obliczymy ich moc.

```

set.seed(2305)
statP= NULL
for (i in 1:10000) {
  R1 <- matrix(c(sample(R[,1],n,TRUE),sample(R[,2],n,TRUE)),n,2)
  z1 <- matrix(f1(R1))
  z2 <- matrix(f2(R1))
  Ep <- t(z1) %*% z1 + t(z2) %*% z2
  statP[i] <- 1-pchisq(Ep, 2*p)
}
# moc wielowymiarowego testu Doornika-Hansena:
mean(statP< 0.05)

```

```
## [1] 0.8919
```

```

set.seed(2305)
statP= NULL
for (i in 1:10000) {
  X1 <- t(matrix(c(sample(X[,1],n,TRUE),sample(X[,2],n,TRUE)),n,2))
  statP[i] = mvnrmtest::mshapiro.test(X1)$p.value
}

```

```
# moc wielowymiarowego testu Shapiro-Wilka:
mean(statP< 0.05)
```

```
## [1] 0.8191
```

Tym razem okazało się, że większą moc ma wielowymiarowy test Doornika-Hansena niż wielowymiarowy test Shapiro-Wilka. Różnica między mocą obu testów nie jest zbyt wysoka i wynosi 0,0728.

Kolejną grupą testów jaką przedstawimy to takie które badają wielowymiarową normalność w oparciu o wielowymiarowy parametr skośności lub kurtozy. Jednym z takich testów jest procedura zaproponowana przez Kanti V. Mardiego. Obliczenia dla tego testu są przedstawione poniżej.

$$J_n = \begin{bmatrix} 1 \\ \vdots \\ 1 \end{bmatrix} \quad (11.30)$$

```
Jn <- matrix(1, n)
```

$$I_n \quad (11.31)$$

```
In <- matrix(0, n, n)
diag(In) <- 1
```

$$D_{p \times n} = \begin{bmatrix} d_{11} & \dots & d_{p1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ d_{1n} & \dots & d_{pn} \end{bmatrix} \quad (11.32)$$

```
Q <- In - 1/n * Jn %*% t(Jn)
X <- as.matrix(X)
D <- Q %*% X %*% solve(var(X)) %*% t(X) %*% Q
```

Parametr wielowymiarowej skośności:

$$\hat{S}_1 = \frac{1}{n^2} \sum_{p=1}^n \sum_{n=1}^n d_{pn}^3 \quad (11.33)$$

```
S_hat <- 1/(n^2) * sum(D^3); S_hat
```

```
## [1] 1.42242
```

Statystyka testu:

$$\kappa_1 = \frac{n\hat{S}_1}{6} \quad (11.34)$$

```
kappa1 <- (n * S_hat)/6; kappa1
```

```
## [1] 11.8535
```

$$\kappa_1 \longrightarrow \chi^2_{df=p(p+1)(p+2)/6} \quad (11.35)$$

```
df <- p*(p+1)*(p+2)/6; df
```

```
## [1] 4
```

```
1-pchisq(kappa1,df)
```

```
## [1] 0.01847459
```

Parametr wielowymiarowej kurtozy:

$$K_1 = \frac{1}{n} \sum_{p=1}^n d_{pp}^2 \quad (11.36)$$

```
K_hat <- 1/n * sum(diag(D)^2); K_hat
```

```
## [1] 9.305538
```

Statystyka testu:

$$\kappa_2 = \frac{\hat{K}_1 - p(p+2)}{\sqrt{8p(p+2/n)}} \quad (11.37)$$

```
kappa2 <- (K_hat-p*(p+2)) / (8*p*(p+2)/n)^0.5; kappa2
```

```
## [1] 1.153943
```

$$\kappa_2 \longrightarrow N(0,1) \quad (11.38)$$

```
2*(1-pnorm(abs(kappa2)))
```

```
## [1] 0.2485234
```

Wykorzystując funkcję `QuantPsync::mult.norm` mamy możliwość uzyskać jednocześnie wszystkie wartości, które zostały obliczone powyżej.

```
# wielowymiarowy test Mardiego w oparciu o skośność i kurtozę:
QuantPsync::mult.norm(X)$mult.test
```

```
##          Beta-hat      kappa      p-val
## Skewness 1.422420 11.853500 0.01847459
## Kurtosis 9.305538  1.153943 0.24852335
```

W programie R są dostępne także inne funkcje umożliwiające badanie wielowymiarowej normalności w oparciu o parametr skośności `ICS::mvnorm.skew.test` lub kurtozy `ICS::mvnorm.kur.test`

```
# wielowymiarowy test w oparciu o skośność:
ICS::mvnorm.skew.test(X)
```

```
##
## Multivariate Normality Test Based on Skewness
##
## data: X
## U = 8.2428, df = 2, p-value = 0.01622
```

```
# wielowymiarowy test w oparciu o kurtozę:
ICS::mvnorm.kur.test(X, method="satterthwaite")
```

```
##
## Multivariate Normality Test Based on Kurtosis
##
## data: X
## W = 3.7523, w1 = 1.5, df1 = 2.0, w2 = 2.0, df2 = 1.0, p-value =
## 0.5195
```

Badając wielowymiarowy rozkład macierzy X w oparciu o parametr skośności należy odrzucić hipotezę zerową (na poziomie istotności $\alpha = 0,05$), która zakłada rozkład normalny. Wartości p-value są równe 0,01847 (test Mardiego) oraz 0,01622. Z kolei na podstawie testu kurtozy p-value wynoszą: 0,2485 (test Mardiego) i 0,5195, a zatem brak jest podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej na poziomie istotności $\alpha = 0,05$.

Porównanie mocy testów skośności i kurtozy:

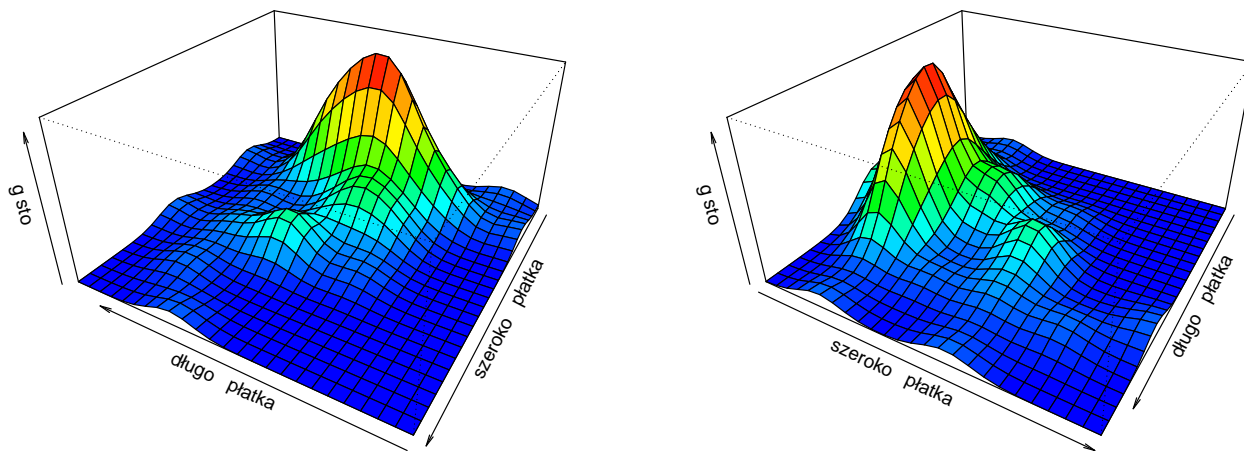
```
B <- 10000
pv <- lapply(1:B, function(i) {
  X1 <- matrix(c(sample(X[,1],50,TRUE),sample(X[,2],50,TRUE)),50,2);
  list(QuantPsyc::mult.norm(X1)$mult.test[1,3],
       ICS::mvnorm.skew.test(X1)$p.value,
       QuantPsyc::mult.norm(X1)$mult.test[2,3],
       ICS::mvnorm.kur.test(X1, method="satterthwaite")$p.value)
})
df <- data.frame(matrix(unlist(pv), nrow=B, byrow=T),stringsAsFactors=FALSE)
colnames(df) <- c("skewMard","skewICS","kurtMard","kurtICS")
apply(df,2,function(i) mean(i<0.05))

## skewMard skewICS kurtMard kurtICS
## 0.7250 0.6932 0.2384 0.2517
```

Na koniec przedstawimy kilka dwuwymiarowych wykresów gęstości macierzy X za pomocą poniższych komend:

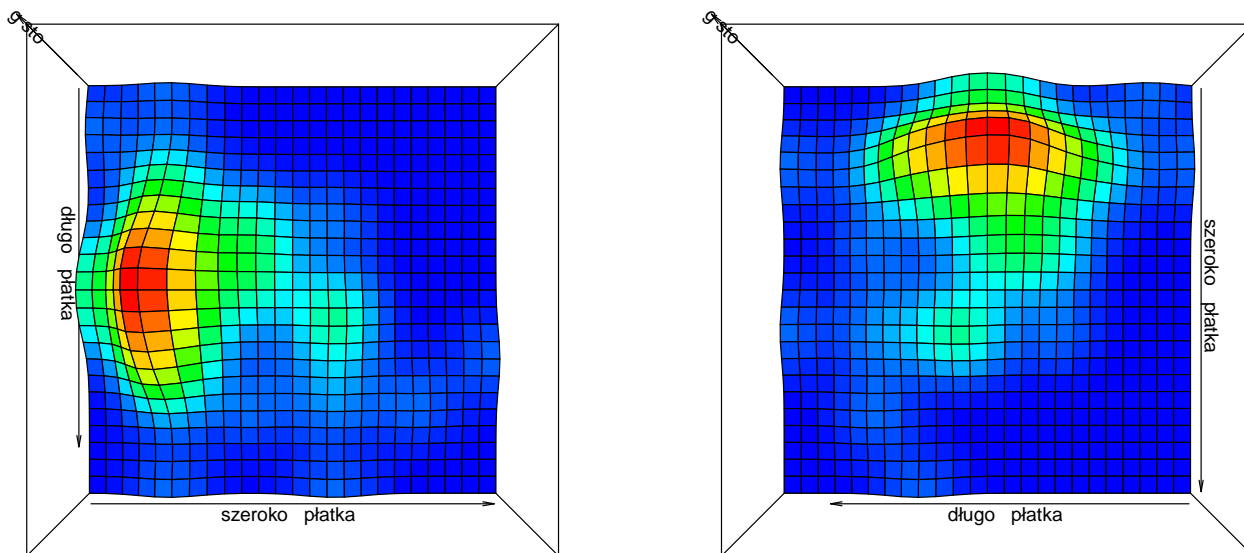
```
# przygotowanie zmiennych:
library(MASS)
x <- kde2d(X[,1],X[,2])$x
y <- kde2d(X[,1],X[,2])$y
z <- kde2d(X[,1],X[,2])$z
# kolory:
jet.colors= colorRampPalette(
  c("blue", "cyan", "green", "yellow", "orange", "red") )
nrz <- nrow(z); ncz= ncol(z)
nbcol <- 100
color <- jet.colors(nbcol)
zfacet <- z[-1, -1] + z[-1, -ncz] + z[-nrz, -1] + z[-nrz, -ncz]
facetcol <- cut(zfacet, nbcol)
```

```
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1,
    mgp=c(3,0.6,0),las=1)
persp(x,y,z, expand= 0.5, col= color[facetcol],xlab= "długość płatka",
      ylab= "szerokość płatka",zlab= "gęstość",theta= 210, phi= 30)
persp(x,y,z, expand= 0.5, col= color[facetcol],xlab= "długość płatka",
      ylab= "szerokość płatka",zlab= "gęstość",theta= 120, phi= 30)
```



Rysunek 11.6: Gęstość empiryczna.

```
# tzw. mapy ciepła - gęstość empiryczna:
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1,
    mgp=c(3,0.6,0),las=1)
persp(x,y,z, expand = 0.5, col = color[facetcol],xlab= "długość płatka",
      ylab= "szerokość płatka",zlab= "gęstość",theta= 90, phi= 90)
persp(x,y,z, expand = 0.5, col = color[facetcol],xlab= "długość płatka",
      ylab= "szerokość płatka",zlab= "gęstość",theta= 180, phi= 90)
```



Rysunek 11.7: Gęstość empiryczna.

Możemy również przedstawić wykresy gęstości dwuwymiarowego rozkładu normalnego o określonych parametrach obliczonych na podstawie macierzy X .

```
mu1 <- mean(X[,1])      # średnia dla X[,1]
mu2 <- mean(X[,2])      # średnia dla X[,2]
s11 <- var(X[,1])       # wariancja dla X[,1]
s12 <- cov(X[,1],X[,2]) # kowariancja dla X[,1] i X[,2]
```



```

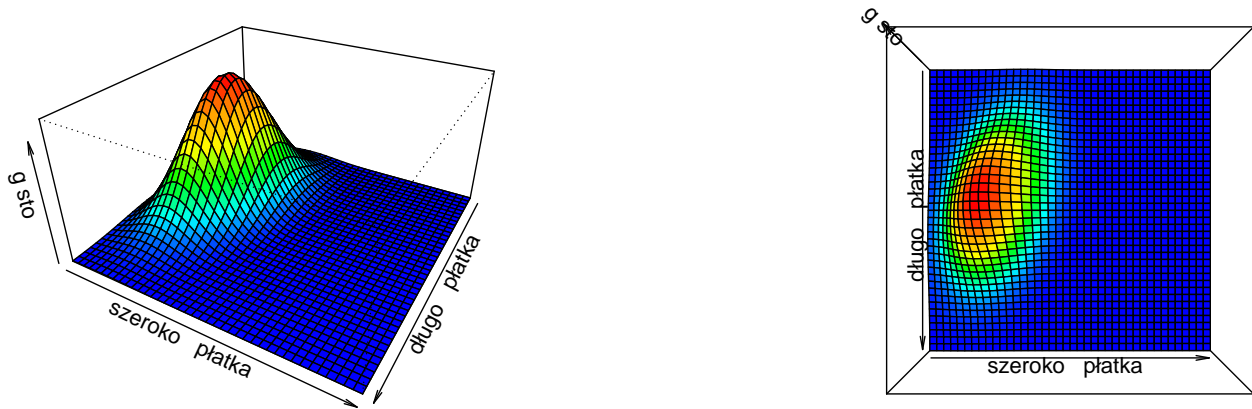
s22 <- var(X[,2])           # wariancja dla X[,2]
rho <- cor(X)[1,2]          # korelacja między X[,1] i X[,2]
x1 <- seq(1,2,length=41)    # zakres osi x
x2 <- seq(0,1,length=41)    # zakres osi y
f <- function(x1,x2)
{
  term1 <- 1/(2*pi*sqrt(s11*s22*(1-rho^2)))
  term2 <- -1/(2*(1-rho^2))
  term3 <- (x1-mu1)^2/s11
  term4 <- (x2-mu2)^2/s22
  term5 <- -2*rho*((x1-mu1)*(x2-mu2))/(sqrt(s11)*sqrt(s22))
  term1*exp(term2*(term3+term4-term5))
}
z <- outer(x1,x2,f)
# kolory:
jet.colors= colorRampPalette(
c("blue", "cyan", "green", "yellow", "orange", "red") )
nrz <- nrow(z); ncz= ncol(z)
nbcol <- 100
color <- jet.colors(nbcol)
zfacet <- z[-1, -1] + z[-1, -ncz] + z[-nrz, -1] + z[-nrz, -ncz]
facetcol <- cut(zfacet, nbcol)

```

```

par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1,
    mgp=c(3,0.6,0),las=1)
persp(x1,x2,z, expand= 0.5, col= color[facetcol], xlab="długość płatka",
      ylab= "szerokość płatka",zlab= "gęstość",theta= 120, phi= 30)
persp(x1,x2,z, expand= 0.5, col= color[facetcol], xlab="długość płatka",
      ylab= "szerokość płatka",zlab= "gęstość",theta= 90, phi= 90)

```



Rysunek 11.8: Gęstość teoretyczna.

W środowisku R dostępnych jest jeszcze wiele innych testów badających normalność zmiennych. Wymienimy niektóre z nich: wielowymiarowy test Doornika- Hansena - `asbio::DH.test`, Energy test - `energy::mvnorm.etest`, Shapiro-Francia - `mvsf::mvsf`. Warto także wspomnieć o gładkim teście adaptacyjnym Neymana, za pomocą którego mamy możliwość zbadania czy wektor danych pochodzi z rozkładu normalnego - `ddst::ddst.norm.test`, jednostajnego - `ddst::ddst.unifrom.test`, wykładniczego - `ddst::ddst.exp.test` lub z rozkładu wartości ekstremalnych - `ddst::ddst.extr.test`.

11.2 Testy asymptotyczne

W tym podrozdziale przedstawimy testy asymptotyczne `asymptTest::asympt.test`, które stanowią alternatywę dla takich testów jak: `BSDA::z.test` oraz `var.test`. W celu przedstawienia tych testów skorzystamy ze zbioru danych, który dotyczy skuteczności leczenia niewydolności serca z rytmem zatokowym u 6800 pacjentów.

```
library(asymptTest)
data(DIGdata)
```

Z całego zbioru danych `DIGdata` wyodrębnimy dwie zmienne: `DIABP` - ciśnienie rozkurczliwe oraz zmienną grupującą `TRTMT` - leczenie (0 - placebo, 1 - lek).

```
t <- DIGdata[,c("DIABP", "TRTMT")]
length(which(is.na(t)))
```

```
## [1] 5
```

Ponieważ nasz zbiór danych zawiera pięć obserwacji brakujących, zastąpimy je wartością mediany.

```
t <- e1071::impute(t, "median")
t <- as.data.frame(t)
x <- subset(t, TRTMT==0)$DIABP # podano placebo
y <- subset(t, TRTMT==1)$DIABP # podano lek
```

Jedna średnia. Weryfikacja hipotezy dotyczącej wartości średniej dla grupy pacjentów którym podano placebo:

$$H_0 : \mu = 75 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \mu \neq 75$$

```
asympt.test(x, par="mean", ref=75)
```

```
##
## One-sample asymptotic mean test
##
## data: x
## statistic = -0.46221, p-value = 0.6439
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 75
## 95 percent confidence interval:
## 74.54110 75.28377
## sample estimates:
## mean
## 74.91243
```

Brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej - możemy przyjąć, że średnie ciśnienie krwi (u pacjentów którym podano placebo) wynosi 75 mmHg.

Błąd standardowy średniej:

$$SE_{\bar{x}} = \sqrt{\frac{s^2}{n}} \quad (11.39)$$

gdzie: $s^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$ to nieobciążony estymator wariancji.

```
seMean(x)
```

```
## [1] 0.18946
```

Różnica dwóch średnich. Weryfikacja hipotezy o równości średnich dla dwóch grup pacjentów - pierwszej podano placebo a drugiej lek:

$$H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \mu_1 - \mu_2 \neq 0$$

```
asympt.test(x,y,par="dMean",ref=0)

##
## Two-sample asymptotic difference of means test
##
## data: x and y
## statistic = 0.069549, p-value = 0.9446
## alternative hypothesis: true difference of means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.5162964 0.5542861
## sample estimates:
## difference of means
## 0.01899482
```

Brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej - możemy przyjąć, że brak jest istotnej różnicy w średnich ciśnienia krwi dla badanych grup pacjentów.

Błąd standardowy różnicy dwóch średnich:

$$SE_{\bar{x}_1 - \bar{x}_2} = \sqrt{SE_{\bar{x}(1)}^2 + \rho^2 \cdot SE_{\bar{x}(2)}^2} \quad (11.40)$$

gdzie: $SE_{\bar{x}(1)}$ i $SE_{\bar{x}(2)}$ to błędy standardowe średnich odpowiednio dla pierwszej i drugiej grupy oraz parametr ρ to opcjonalny parametr do osłabienia/wzmocnienia udziału drugiej średniej.

```
seDMean(x,y)
```

```
## [1] 0.2731128
```

Iloraz dwóch średnich. Weryfikacja hipotezy o ilorazie średnich dla dwóch grup pacjentów - pierwszej podano placebo a drugiej lek:

$$H_0 : \mu_1 / \mu_2 = 1 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \mu_1 / \mu_2 \neq 1$$

```
asympt.test(x,y,par="rMean",ref=1)

##
## Two-sample asymptotic ratio of means test
##
## data: x and y
## statistic = 0.06954, p-value = 0.9446
## alternative hypothesis: true ratio of means is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
## 0.9931053 1.0074019
## sample estimates:
## ratio of means
## 1.000254
```

Brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej - możemy przyjąć, że brak jest istotnej różnicy w średnich ciśnienia krwi dla badanych grup pacjentów.

Błąd standardowy ilorazu dwóch średnich:

$$SE_{\bar{x}_1/\bar{x}_2} = \frac{1}{|\bar{x}_{(2)}|} \sqrt{SE_{\bar{x}(1)}^2 + r_0^2 \cdot SE_{\bar{x}(2)}^2} \quad (11.41)$$

gdzie: $SE_{\bar{x}(1)}$ i $SE_{\bar{x}(2)}$ to błędy standardowe średnich odpowiednio dla pierwszej i drugiej grupy oraz r_0 to iloraz dwóch średnich.

```
seRMean(x,y)
```

```
## [1] 0.003647165
```

Jedna wariancja. Weryfikacja hipotezy dotyczącej wartości wariancji dla grupy pacjentów którym podano placebo:

$$H_0 : \sigma^2 = 120 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \sigma^2 \neq 120$$

```
asyp.test(x,par="var",ref=120)
```

```
##
## One-sample asymptotic variance test
##
## data: x
## statistic = 0.65419, p-value = 0.513
## alternative hypothesis: true variance is not equal to 120
## 95 percent confidence interval:
## 115.7065 128.5957
## sample estimates:
## variance
## 122.1511
```

Brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej - możemy przyjąć, że wariancja ciśnienia krwi dla pacjentów którym podano placebo wynosi 120 mmHg.

Błąd standardowy wariancji:

$$SE_{s^2} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n ((x_i - \bar{x})^2 - s_*^2)^2}{n \cdot (n - 1)}} \quad (11.42)$$

gdzie: $s_*^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$ to obciążony estymator wariancji.

```
seVar(x)
```

```
## [1] 3.288122
```

Różnica dwóch wariancji. Weryfikacja hipotezy o równości wariancji dla dwóch grup pacjentów - pierwszej podano placebo a drugiej lek:

$$H_0 : \sigma_1^2 - \sigma_2^2 = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \sigma_1^2 - \sigma_2^2 \neq 0$$

```
asyp.test(x,y,par="dVar",ref=0)
```

```
##
## Two-sample asymptotic difference of variances test
##
## data: x and y
## statistic = -1.5331, p-value = 0.1253
```

```
## alternative hypothesis: true difference of variances is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -21.183911  2.588843
## sample estimates:
## difference of variances
##                -9.297534
```

Brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej - możemy przyjąć, że brak jest istotnej różnicy w wariacjach ciśnienia krwi dla badanych grup pacjentów.

Błąd standardowy dwóch wariancji:

$$SE_{s_1^2 - s_2^2} = \sqrt{SE_{s^2(1)}^2 + \rho^2 \cdot SE_{s^2(2)}^2} \quad (11.43)$$

gdzie: $SE_{s^2(1)}$ i $SE_{s^2(2)}$ to błędy standardowe wariancji odpowiednio dla pierwszej i drugiej grupy.

```
seDVar(x,y)
```

```
## [1] 6.064589
```

Iloraz dwóch wariancji. Weryfikacja hipotezy o równości wariancji dla dwóch grup pacjentów - pierwszej podano placebo a drugiej lek:

$$H_0 : \sigma_1^2 / \sigma_2^2 = 1 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \sigma_1^2 / \sigma_2^2 \neq 1$$

```
asympt.test(x,y,par="rVar",ref=1)
```

```
##
## Two-sample asymptotic ratio of variances test
##
## data:  x and y
## statistic = -1.6127, p-value = 0.1068
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.843309 1.015228
## sample estimates:
## ratio of variances
##                0.9292687
```

Brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej - możemy przyjąć, że brak jest istotnej różnicy w wariacjach ciśnienia krwi dla badanych grup pacjentów.

Błąd standardowy ilorazu wariancji:

$$SE_{s_1^2 / s_2^2} = \frac{1}{s_{(2)}^2} \sqrt{SE_{s^2(1)}^2 + r_0^2 \cdot SE_{s^2(2)}^2} \quad (11.44)$$

gdzie: $SE_{s^2(1)}$ i $SE_{s^2(2)}$ to błędy standardowe wariancji odpowiednio dla pierwszej i drugiej grupy oraz $s_{(2)}^2$ to nieobciążony estymator wariancji dla drugiej grupy.

```
seRVar(x,y)
```

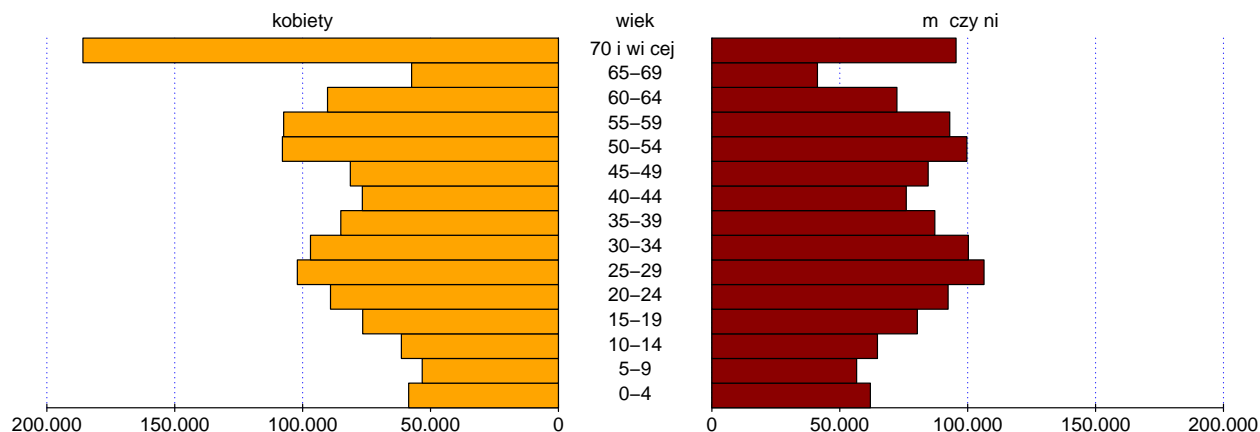
```
## [1] 0.04385778
```

11.3 Testy dla proporcji

Do prezentacji testów proporcji zostaną wykorzystane dane które są dostępne na stronie internetowej GUS. Dotyczą one liczby ludności w województwie łódzkim w 2009 r. Poniżej zostały przedstawione dane dotyczące liczby osób w województwie łódzkim w 2009 r. W tym podziale została uwzględniona również struktura wiekowa.

```
K <- c(58548, 53251, 61402, 76522, 89106, 102074, 96932, 85084, 76663,
      81355, 107911, 107430, 90269, 57402, 185898)
M <- c(61951, 56582, 64722, 80317, 92346, 106389, 100261, 87159, 75991,
      84553, 99678, 92989, 72334, 41261, 95452)
w <- data.frame(K, M)
rownames(w) <- c('0-4', '5-9', '10-14', '15-19', '20-24', '25-29', '30-34', '35-39', '40-44',
                '45-49', '50-54', '55-59', '60-64', '65-69', '70 i więcej')
```

```
par(mfcol=c(1,1),mar=c(4,4,1,1)+0.1,
    mgp=c(3,0.6,0),las=1)
pyramid::pyramid(w, Llab="kobiety", Rlab="mężczyźni", Clab="wiek",
                 Laxis=seq(0,200000,len=5), AxisFM="d", AxisBM=".",
                 Lcol="orange", Rcol="red4", Csize=1, Cadj=-0.01)
```



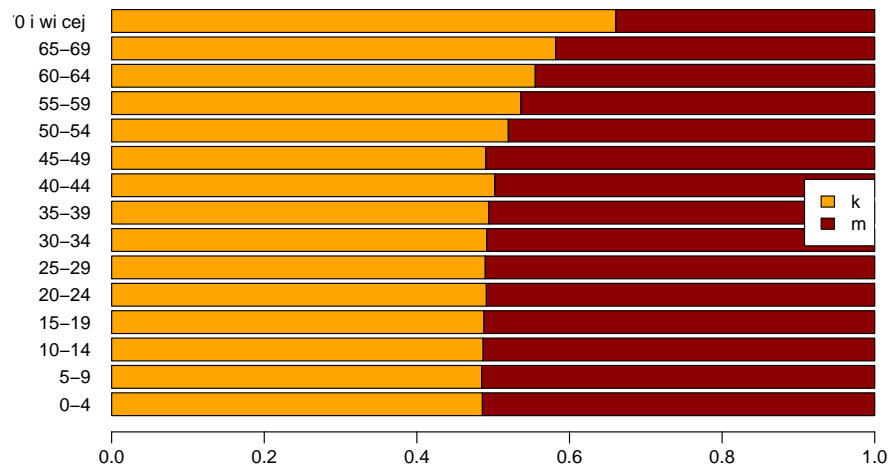
Rysunek 11.9: Liczebności w poszczególnych grupach wiekowych z podziałem na płeć.

```
par(mfcol=c(1,1),mar=c(4,4,1,1)+0.1,
    mgp=c(3,0.6,0),las=1)
barplot(t(prop.table(as.matrix(w),1)),horiz=T,las=1,
        col=c("orange","red4"))
legend('right',bg="white",fill=c('orange','red4'),c('k','m'))
```

Na podstawie danych (rys. 11.9) możemy sądzić, że odsetek kobiet i mężczyzn w grupie wiekowej 40-44 lat (rys. 11.10) może wynosić po 50%. A zatem sprawdźmy czy te proporcje są równe. Hipotezy testowe będą następującej postaci:

$$H_0 : p = 0,5 \quad \text{vs.} \quad H_1 : p \neq 0,5$$

```
m <- 76663; n <- 76663+75991
binom.test(m, n, p=0.5)
```



Rysunek 11.10: Prezentacja proporcji w poszczególnych grupach wiekowych.

```
##
## Exact binomial test
##
## data: m and n
## number of successes = 76663, number of trials = 152650, p-value =
## 0.08591
## alternative hypothesis: true probability of success is not equal to 0.5
## 95 percent confidence interval:
## 0.4996896 0.5047125
## sample estimates:
## probability of success
## 0.5022011
```

Na podstawie otrzymanego wyniku możemy stwierdzić, że brak jest podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej. Tak więc na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ przyjmujemy, że proporcje w grupie wiekowej 40-44 lat wynoszą po 50%.

P-wartość:

$$\sum \binom{n}{m} p^m (1-p)^{n-m} \quad (11.45)$$

```
(1-pbinom(m-1,n,.5))*2
```

```
## [1] 0.08590797
```

Przedział ufności Cloppera-Pearsona:

– z wykorzystaniem kwantyli rozkładu F:

$$\left(1 + \frac{n-m+1}{m F_{\alpha/2, 2m, 2(n-m+1)}}\right)^{-1}, \left(1 + \frac{n-m}{(m+1) F_{1-\alpha/2, 2(m+1), 2(n-m)}}\right)^{-1} \quad (11.46)$$

```
c( 1/(1+(n-m+1)/(m*qf(0.05/2,2*m,2*(n-m+1)))),
  1/(1+(n-m)/((m+1)*qf(1-0.05/2,2*(m+1),2*(n-m)))) )
```

```
## [1] 0.4996896 0.5047125
```

– z wykorzystaniem kwantyli rozkładu Beta:

$$B_{[1-(1-\alpha)]/2, m, n-m+1}, B_{[1+(1-\alpha)]/2, m+1, n-m} \quad (11.47)$$

```
c( qbeta((1-(1-0.05))/2,m,n-m+1), qbeta((1+(1-0.05))/2,m+1,n-m) )
```

```
## [1] 0.4996896 0.5047125
```

Dokładny test dwumianowy warto stosować w przypadku gdy dysponujemy małymi liczebnościami. Natomiast gdy nasze liczebności są duże możemy wykorzystać inną procedurę z wykorzystaniem rozkładu normalnego lub χ^2 .

Błąd standardowy proporcji:

$$SE_{\hat{p}} = \sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}} \quad (11.48)$$

gdzie: \hat{p} to estymacja proporcji na podstawie próby.

Statystyka testu $z = (\hat{p} - p_0) / SE_{\hat{p}}$ ma rozkład normalny natomiast podniesiona do kwadratu czyli z^2 ma rozkład χ^2 .

```
prop.test(m, n, correct=F)
```

```
##
## 1-sample proportions test without continuity correction
##
## data:  m out of n, null probability 0.5
## X-squared = 2.9582, df = 1, p-value = 0.08544
## alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
## 95 percent confidence interval:
##  0.4996928 0.5047092
## sample estimates:
##           p
## 0.5022011
```

Przedział ufności jest obliczany według formuły Wilsona:

$$\frac{m+z^2}{n+z^2} - z\sqrt{p(1-p) + \frac{z^2}{4n}}, \frac{m+z^2}{n+z^2} + z\sqrt{p(1-p) + \frac{z^2}{4n}} \quad (11.49)$$

gdzie: $z = z_{1-\alpha/2}$ to kwantyl z rozkładu normalnego.

Gdy pominiemy argument `correct=F` to otrzymamy wyniki testu z korektą ponieważ opcja `correct=T` jest stosowana domyślnie. Jest to korekta na ciągłość a statystyka testu ma wtedy postać: $z = (|\hat{p} - p_0| - 0,5n^{-1}) / SE_{\hat{p}}$.

```
prop.test(m, n)
```

```
##
## 1-sample proportions test with continuity correction
##
## data:  m out of n, null probability 0.5
## X-squared = 2.9494, df = 1, p-value = 0.08591
## alternative hypothesis: true p is not equal to 0.5
## 95 percent confidence interval:
##  0.4996896 0.5047124
## sample estimates:
##           p
## 0.5022011
```


W środowisku R jest dostępnych jeszcze wiele innych przedziałów ufności dla jednej proporcji. Wymienimy niektóre z nich:

- przedział ufności Jeffreysa:

$$B_{\alpha/2, m+1/2, n-m+1/2}, B_{1-\alpha/2, m+1, n-m+1/2} \quad (11.50)$$

```
c(qbeta(0.05/2, m+1/2, n-m+0.5), qbeta(1-0.05/2, m+0.5, n-m+0.5) )
```

```
## [1] 0.4996928 0.5047092
```

- przedział ufności (asymptotyczny) Walda:

$$\hat{p} - z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}}, \hat{p} + z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}} \quad (11.51)$$

```
hp <- m/n
c(hp-qnorm(1-0.05/2)*sqrt(hp*(1-hp)/n),
  hp+qnorm(1-0.05/2)*sqrt(hp*(1-hp)/n))
```

```
## [1] 0.4996929 0.5047092
```

- przedział ufności Agresti-Coull:

$$\check{p} - z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\check{p}(1-\check{p})}{\check{n}}}, \check{p} + z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\check{p}(1-\check{p})}{\check{n}}} \quad (11.52)$$

gdzie: $\check{p} = \frac{m+z_{\alpha/2}/2}{n+(z_{\alpha/2})^2}$ oraz $\check{n} = n + z_{1-\alpha/2}^2$

```
cp <- (m+(qnorm(1-0.05/2)^2)/2)/(n+qnorm(1-0.05/2)^2)
cn <- n+qnorm(1-0.05/2)^2
c(cp-qnorm(1-0.05/2)*sqrt((cp*(1-cp))/cn),
  cp+qnorm(1-0.05/2)*sqrt((cp*(1-cp))/cn))
```

```
## [1] 0.4996928 0.5047092
```

- przedział ufności arcsine:

$$\sin \left(\arcsin \sqrt{\check{p}} - \frac{z_{1-\alpha/2}}{2\sqrt{n}} \right)^2, \sin \left(\arcsin \sqrt{\check{p}} + \frac{z_{1-\alpha/2}}{2\sqrt{n}} \right)^2 \quad (11.53)$$

gdzie: $\check{p} = \frac{m+0,375}{n+0,75}$.

```
cp <- (m+0.375)/(n+0.75)
c(sin(asin(sqrt(cp))+qnorm(1-0.05/2)/(2*sqrt(n)))^2,
  sin(asin(sqrt(cp))-qnorm(1-0.05/2)/(2*sqrt(n)))^2)
```

```
## [1] 0.5047092 0.4996928
```

- przedział ufności logit:

$$\frac{\exp\left(\lambda - z_{1-\alpha/2}\sqrt{\frac{n}{m(n-m)}}\right)}{1 - \exp\left(\lambda - z_{1-\alpha/2}\sqrt{\frac{n}{m(n-m)}}\right)}, \frac{\exp\left(\lambda - z_{1+\alpha/2}\sqrt{\frac{n}{m(n-m)}}\right)}{1 - \exp\left(\lambda + z_{1-\alpha/2}\sqrt{\frac{n}{m(n-m)}}\right)} \quad (11.54)$$

gdzie: $\lambda = \ln \frac{m}{n-m}$.

```
l <- log(m/(n-m))
c(exp(1-qnorm(1-0.05/2)*sqrt(n/(m*(n-m))))/
  (1+exp(1-qnorm(1-0.05/2)*sqrt(n/(m*(n-m))))),
exp(1+qnorm(1-0.05/2)*sqrt(n/(m*(n-m))))/
  (1+exp(1+qnorm(1-0.05/2)*sqrt(n/(m*(n-m))))))
```

```
## [1] 0.4996928 0.5047092
```

Wszystkie omówione powyżej przedziały ufności (oraz kilka innych przedziałów) możemy wyznaczyć dzięki funkcji `MKmisc::binomCI`:

```
# przedział ufności Wittinga:
MKmisc::binomCI(m, n, method= "witting", rand=231)
```

```
##
## witting confidence interval
##
## 95 percent confidence interval:
##      2.5 %      97.5 %
## prob 0.5000651 0.5043002
##
## sample estimates:
##      prob
## 0.5022011
```

W tej części opracowania przedstawimy testy dla dwóch proporcji. Rozważane hipotezy oraz wzory dotyczące omawianego testu (bez korekty i z korektą) są przedstawione poniżej.

$$H_0 : p_1 - p_2 = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : p_1 - p_2 \neq 0$$

Statystyka testu bez korekty:

$$z = \frac{(\hat{p}_1 - \hat{p}_2) - (p_1 - p_2)}{SE_{p(1,2)}} \quad (11.55)$$

gdzie: $SE_{p(1,2)} = \sqrt{\frac{m_1+m_2}{n_1+n_2} \left(1 - \frac{m_1+m_2}{n_1+n_2}\right) \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right)}$.

Przedział ufności:

$$(\hat{p}_1 - \hat{p}_2) - z_{1-\alpha/2}SE_{p(1-2)}, (\hat{p}_1 - \hat{p}_2) + z_{1-\alpha/2}SE_{p(1-2)} \quad (11.56)$$

gdzie: $SE_{p(1-2)} = \sqrt{\frac{\hat{p}_1(1-\hat{p}_1)}{n_1} + \frac{\hat{p}_2(1-\hat{p}_2)}{n_2}}$.

Do przeprowadzenia testu wykorzystamy dane dotyczące odsetka kobiet mieszkających w dwóch powiatach: piotrkowskim i mieście na prawach powiatu Piotrkowie Trybunalskim w grupie wiekowej: 70 lat i więcej.

```

k70 <- c(10951,5295,1970,7178,3464,3980,64883,4096,5887,5361,8865,
3856,6262,4922,3024,8276,3200,7734,3081,2676,8679,5521,2557,4180)
# liczba kobiet i mężczyzn w grupie wiekowej: 70 lat i więcej:
k70o <- c(16740,8196,3073,10922,5351,6282,94438,6296,9142,8291,13402,
6061,9697,7556,4835,12883,5050,12129,4859,4140,13147,8345,3990,6525)
# tabela:
d <- data.frame(k70,k70o)
# nazwy ról w tabeli:
rownames(d) <- c('zgierski','bełchatowski','brzeziński','kutnowski',
'łaski','łęczycki','ŁÓDŹ','łódzki wsch.','łowicki','opoczyński',
'pabianicki','pajęczanski','piotrkowski','PIOTRKÓW TRYB.','poddębicki',
'radomszczański','rawski','sieradzki','skierniewicki','SKIERNIEWICE',
'tomaszowski','wieluński','wieruszowski','zduńskowski')
# wybór dwóch badanych powiatów:
d2 <- d[13:14,]; d2

```

```

##          k70 k70o
## piotrkowski 6262 9697
## PIOTRKÓW TRYB. 4922 7556

```

```

# test dla dwóch proporcji:
prop.test(d2[,1],d2[,2],correct=F)

```

```

##
## 2-sample test for equality of proportions without continuity
## correction
##
## data:  d2[, 1] out of d2[, 2]
## X-squared = 0.59162, df = 1, p-value = 0.4418
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
## -0.01999111 0.00871886
## sample estimates:
##  prop 1    prop 2
## 0.6457667 0.6514029

```

Statystyka testu z korektą:

$$z = \frac{|\hat{p}_1 - \hat{p}_2| - \frac{1}{2} \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right) - (p_1 - p_2)}{SE_{p(1,2)}} \quad (11.57)$$

Przedział ufności:

$$|\hat{p}_1 - \hat{p}_2| - \frac{1}{2} \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right) z_{1-\alpha/2} SE_{p(1,2)}, |\hat{p}_1 - \hat{p}_2| + \frac{1}{2} \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right) z_{1-\alpha/2} SE_{p(1,2)} \quad (11.58)$$

```

prop.test(d2[,1],d2[,2])

```

```

##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity
## correction
##
## data:  d2[, 1] out of d2[, 2]

```

```
## X-squared = 0.56716, df = 1, p-value = 0.4514
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
## -0.020108848 0.008836595
## sample estimates:
## prop 1 prop 2
## 0.6457667 0.6514029
```

Na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ brak jest podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej. Zatem należy stwierdzić, że proporcje są równe.

Za pomocą funkcji `prop.test` mamy także możliwość przeprowadzać testy dla kilku proporcji. Tym razem sprawdzimy czy odsetki kobiet (w grupie wiekowej 70 lat i więcej, mieszkających w powiatach: wieluńskim, pabianickim oraz tomaszowskim) są takie same.

$$H_0 : p_1 = p_2 = \dots = p_k \quad \text{vs.} \quad H_1 : \text{nie wszystkie proporcje są równe}$$

Statystyka testu:

$$c = \sum_{i=1}^k \left(\frac{\hat{p}_i - \hat{p}}{SE_{p(i)}} \right)^2 \quad (11.59)$$

gdzie: $\hat{p}_i = \frac{m_i}{n_i}$, $\hat{p} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^k m_i}{\sum_{i=1}^k n_i}}$, $SE_{p(i)} = \sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n_i}}$ dla $i = 1, 2, \dots, k$.

```
# wybór trzech badanych powiatów:
```

```
d3 <- d[c(11, 21, 22),]; d3
```

```
##           k70 k70o
## pabianicki 8865 13402
## tomaszowski 8679 13147
## wieluński 5521 8345
```

```
# test dla trzech proporcji:
```

```
prop.test(d3[,1],d3[,2])
```

```
##
## 3-sample test for equality of proportions without continuity
## correction
##
## data: d3[, 1] out of d3[, 2]
## X-squared = 0.068583, df = 2, p-value = 0.9663
## alternative hypothesis: two.sided
## sample estimates:
## prop 1 prop 2 prop 3
## 0.6614684 0.6601506 0.6615938
```

Także i w tym przypadku brak jest podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej. A zatem (na poziomie istotności $\alpha = 0,05$) można przyjąć, że odsetki są równe.

Rozdział 12

Przykład analizy liczby przestępstw w Polsce w 2009 r.

12.1 Wprowadzenie

Do analizy liczby przestępstw w Polsce wykorzystamy dane które są dostępne w bazie danych GUS. Tabela przedstawia liczbę przestępstw stwierdzonych w zakończonych postępowaniach przygotowawczych w 2009 roku.

```
krym <- c(77967, 36815, 49457, 31104, 22182, 62488, 103680, 18582, 23852, 16086,
          53998, 117557, 18725, 25482, 66610, 39012)
gosp <- c(11169, 10337, 5870, 4854, 5506, 11824, 14045, 2648, 4551, 2561,
          26185, 19481, 9108, 4943, 12425, 5758)
zyc_zdr <- c(2705, 1396, 1957, 1604, 1073, 2496, 3496, 923, 1326, 1015, 2437,
            5050, 879, 1506, 2410, 1435)
wol <- c(4498, 1883, 2765, 1849, 1628, 4009, 4225, 1421, 1597, 921, 3511,
         6670, 921, 1498, 3818, 2160)
rodz_opie <- c(3430, 1669, 3191, 3086, 1109, 2751, 5041, 1210, 1486, 923,
              1723, 6853, 1267, 1805, 3123, 1099)
mien <- c(60385, 33400, 34622, 22119, 16262, 47333, 81870, 13896, 17535, 11940,
          46273, 93888, 16267, 19794, 45119, 30558)
drog <- c(15936, 8931, 12362, 10011, 7403, 10330, 21876, 5578, 7961, 5696,
          8341, 14934, 6180, 6575, 15134, 10900)
woj <- c("dolnośląskie", "kuj_pom", "łódzkie", "lubelskie", "lubuskie", "małopolskie",
         "mazowieckie", "opolskie", "podkarpackie", "podlaskie", "pomorskie", "śląskie",
         "świętokrzyskie", "war_mazur", "wielkopolskie", "zach_pomorskie")
G <- data.frame(krym,gosp,zyc_zdr,wol,rodz_opie,mien,drog,
               row.names = woj)
```

gdzie:

- krym – przestępstwa o charakterze kryminalnym,
- gosp – przestępstwa o charakterze gospodarczym,
- zyc_zdr – przestępstwa przeciwko życiu i zdrowiu,
- wol – przestępstwa przeciwko wolności, wolności sumienia i wyznania, wolności seksualnej i obyczajności,

- `rodz_opie` – przestępstwa przeciwko rodzinie i opiece,
- `mien` – przestępstwa przeciwko mieniu,
- `drog` – przestępstwa drogowe.

Zanim przystąpimy do analiz warto przekształcić tabelę `g` w tabelę kontyngencji. Można to zrobić w następujący sposób:

```
g <- G[, -8]
m <- array(
  c(g[,1],g[,2],g[,3],g[,4],g[,5],g[,6],g[,7]), # kolumny tabeli
  dim=c(length(g[,1]),length(g[1,])),           # liczba wierszy, kolumn
  dimnames = list(
    województwo=c(rownames(g)),                  # nazwy wierszy
    przestępczość=c(colnames(g))))               # nazwy kolumn
```

W pierwszej kolejności zbadamy czy występuje zależność między województwami a rodzajem przestępstwa. Zrobimy to za pomocą testu niezależności χ^2 .

```
vcd::assocstats(m)
```

```
##                X^2 df P(> X^2)
## Likelihood Ratio 46183 90      0
## Pearson          50592 90      0
##
## Phi-Coefficient   : NA
## Contingency Coeff.: 0.166
## Cramer's V        : 0.069
```

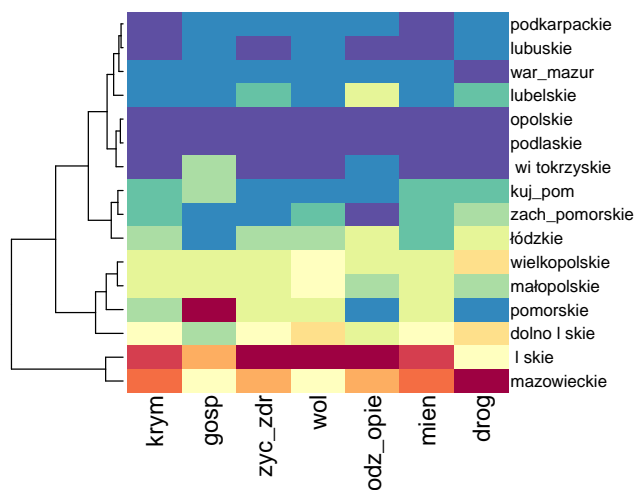
Wartość p-value jest równa 0. Zatem występuje pewna zależność między zmiennymi. Do oceny siły tego związku wykorzystamy współczynniki kontyngencji oraz Cramera. Wynoszą one odpowiednio: 0,166 i 0,069 czyli badana zależność nie jest zbyt wysoka.

12.2 Mapy

Gdy tabela kontyngencji jest dość sporych rozmiarów, warto liczebności w niej występujące przedstawić za pomocą różnych funkcji graficznych. Jedną z możliwości jest wykorzystanie komendy `heatmap` króra rysuje tzw. “mapa ciepła”.

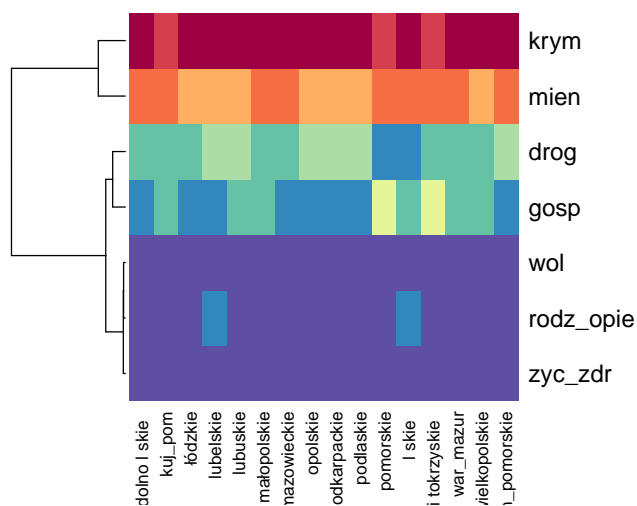
```
library("RColorBrewer")
par(mfcol=c(1,1),mar=c(4,4,1,1)+0.1,
    mgp=c(3,0.6,0),las=1)
heatmap(as.matrix(g), Colv=NA, scale="column",
        col= rev(brewer.pal(11,"Spectral")))
```

Na podstawie otrzymanej tzw. “mapy ciepła” (rys. 12.1) możemy wyodrębnić kilka grup województw. W skład pierwszej z nich wchodzi dwa województwa: śląskie i mazowieckie. Charakteryzują się one dużymi liczebnościami przestępstw. Kolejna grupa to: wielkopolskie, małopolskie, pomorskie (duża liczność przestępstw gospodarczych), dolnośląskie o średniej przestępczości. Ostatnią grupę stanowią głównie województwa ze wschodniej części kraju: podkarpackie, warmińsko-mazurskie, lubelskie, podlaskie, świętokrzyskie oraz lubuskie, zachodnio-pomorskie, łódzkie, kujawsko-pomorskie i opolskie. W tych województwach liczba przestępstw była najmniejsza.



Rysunek 12.1: Mapa ciepła.

```
heatmap(as.matrix(t(g)), Colv=NA, scale="column",
col= rev(brewer.pal(11,"Spectral")))
```



Rysunek 12.2: Mapa ciepła.

Po transformacji tabeli `g` i utworzeniu rys. 12.2 nasuwają się kolejne wnioski. We wszystkich województwach przestępstwa o charakterze kryminalnym oraz przeciwko mieniu są popełniane najczęściej. Natomiast najrzadziej przestępstwa przeciwko wolności, wolności sumienia i wyznania, wolności seksualnej i obyczajności, rodzinie i opiece a także życiu i zdrowiu.

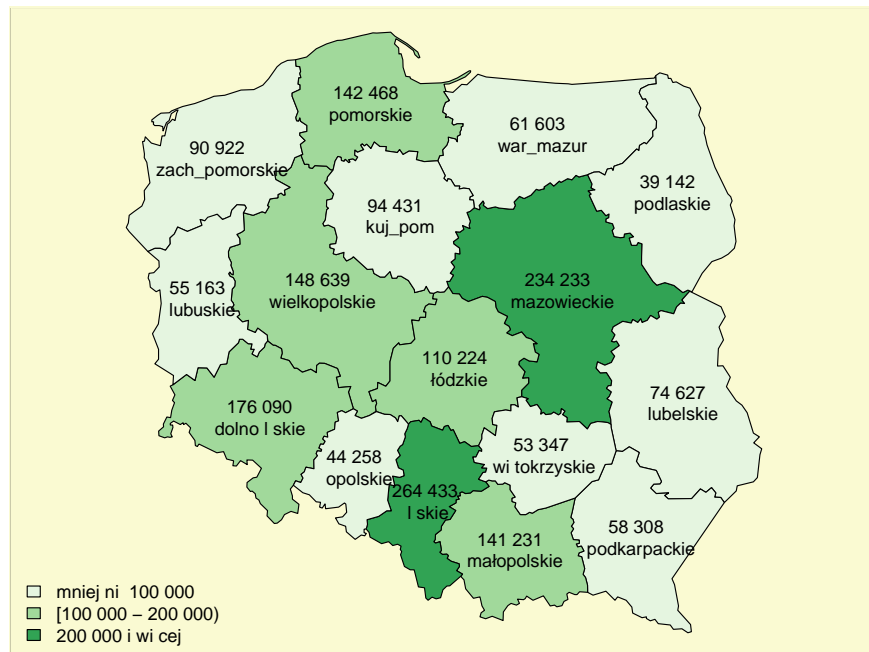
Inną graficzną formą przedstawienia naszych danych jest mapa Polski z podziałem na województwa. Do takiej prezentacji danych (rys. 12.3 i 12.4) wykorzystamy pakiet `mapoland`. Dane można wizualizować na mapach także wczytując formaty plików shapefile które są dostępne pod adresem: [GUGiK](http://gugik.pl). Aby importować tego typu dane warto skorzystać z pakietu `rgdal`.

```
library("mapoland")
library("classInt")
library("RColorBrewer")
```

```

# dane:
przest <- as.numeric(apply(G, 1, sum))
NAM <- sapply(1:16,
              function(i) paste(format(przest[i],big.mark=" "),"\n",rownames(G)[i],sep=" "))
names(NAM) <- c(2,4,10, 6,8,12,14,16,18,20,22,24,26,28,30,32) # TERYT
a <- structure(przest, names=rownames(NAM))
s <- getShape("voiv")
# kolory:
przedzialy <- 3
kolory <- brewer.pal(przedzialy,"Greens")
klasy <- classIntervals(przest, przedzialy,style="fixed",
                        fixedBreaks=c(0,100000,200000,300000))
tabela.kolorow <- findColours(klasy,kolory)
# rysunek:
par(mfcol=c(1,1),mar=c(0,0,0,0)+0.1,mgp=c(3,0.6,0),
    bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[2], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(s, col=tabela.kolorow)
text(coordinates(s), labels=NAM, col="black",cex=1)
legend("bottomleft",
      c("mniej niż 100 000","[100 000 - 200 000)","200 000 i więcej"),
      fill=attr(tabela.kolorow,"palette"),cex=1,bty="n")

```



Rysunek 12.3: Liczba przestępstw w 2009 r.

```

# dane:
lud <- c(2876627, 2069083, 2541832, 2157202, 1010047, 3298270, 5222167, 1031097,

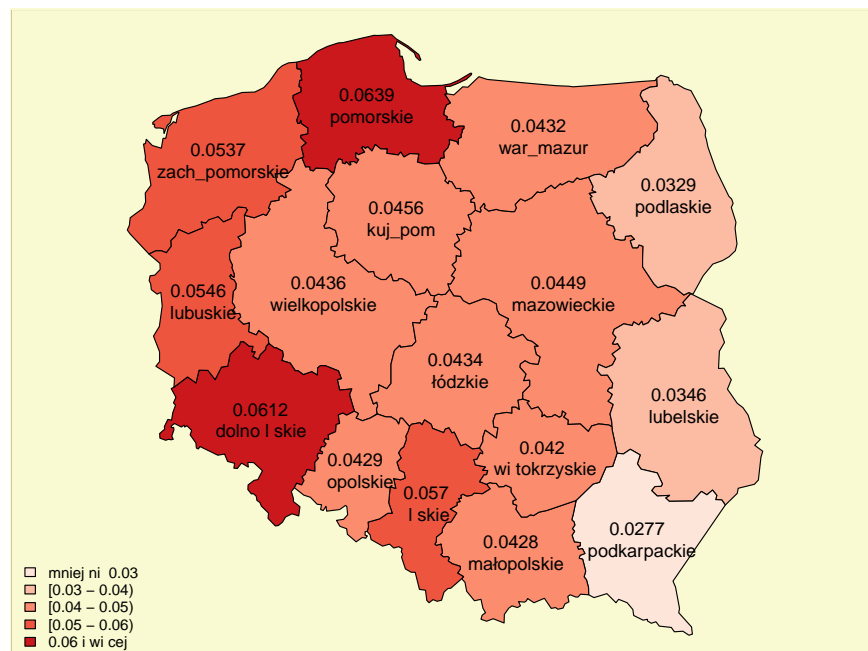
```



```

2101732, 1189731, 2230099, 4640725, 1270120, 1427118, 3408281, 1693198)
pw <- przest/lud # częstość przestępstw w województwach
pwL <- pw*100000
NAM <- sapply(1:16, function(i) paste(format(pw[i],digits=3),
                                         "\n",rownames(G)[i],sep=" "))
rownames(NAM) <- c(2,4,10, 6,8,12,14,16,18,20,22,24,26,28,30,32) # TERYT
a <- structure(przest, names=rownames(NAM))
s <- getShape("voiv")
# kolory:
przedzialy <- 4
kolory <- brewer.pal(przedzialy,"Reds")
klasy <- classIntervals(pw, przedzialy,style="fixed",
                        fixedBreaks=c(0,0.03,0.04,0.05,0.06,1))
tabela.kolorow <- findColours(klasy,kolory)
# rysunek:
par(mfcol=c(1,1),mar=c(0,0,0,0)+0.1,mgp=c(3,0.6,0),
    bg="lightgoldenrodyellow",las=1)
plot(1,axes=F,xlab="",ylab="",main="", col="white")
u <- par("usr")
rect(u[1], u[3], u[4], col="white")
par(new=plot)
plot(s, col=tabela.kolorow)
text(coordinates(s), labels=NAM, col="black",cex=1)
legend("bottomleft",
      c("mniej niż 0.03","[0.03 - 0.04)","[0.04 - 0.05)"," "[0.05 - 0.06)"," "0.06 i więcej"),
      fill=attr(tabela.kolorow,"palette"),cex=.8,bty="n")

```



Rysunek 12.4: Częstość przestępstw w 2009 r.

Przestępstwa w przeliczeniu na jednego mieszkańca (rys. 12.4) najczęściej odnotowywano w dwóch województwach: dolnośląskim i pomorskim. Najmniej zachowań zabronionych prawem zanotowano w województwie podkarpackim.

12.3 Analiza wariancji

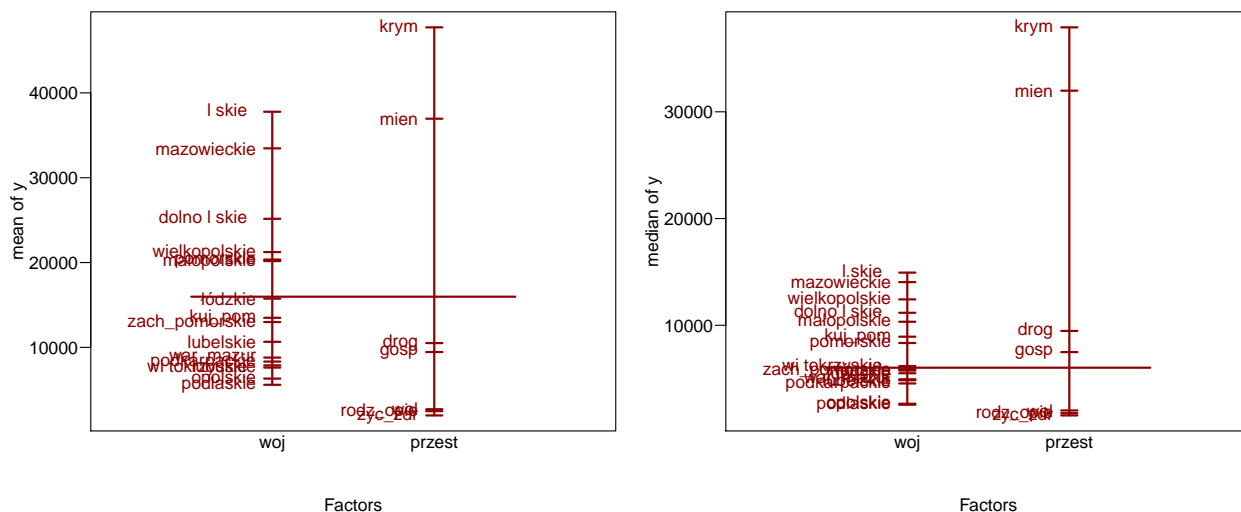
Analiza wariancji to kolejna metoda którą wykorzystamy w naszych badaniach. Za pomocą komendy `anova` porównamy wartości średnie dla poszczególnych województw oraz kategorii przestępstw.

```
y <- c(g[,1],g[,2],g[,3],g[,4],g[,5],g[,6],g[,7])
woj <- rep(rownames(g),7); woj=factor(woj)
przest <- rep(colnames(g),each=16); przest=factor(przest)
anova(lm(y~woj+przest))

## Analysis of Variance Table
##
## Response: y
##          Df      Sum Sq   Mean Sq F value    Pr(>F)
## woj       15  9.9360e+09  662403078   4.0995  1.18e-05 ***
## przest     6  3.3188e+10  5531403342  34.2326 < 2.2e-16 ***
## Residuals 90  1.4542e+10  161582725
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Analiza wariancji wskazuje, że średnie liczebności czynów zabronionych dla województw (p-value = 1,18e-05) oraz ich charakteru (p-value = 2,2e-16) różnią się na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ (rys. 12.5).

```
# Średnie i mediany:
par(mfcol=c(1,2),mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot.design(data.frame(woj,przest,y),fun=mean,col='darkred',lwd=2)
plot.design(data.frame(woj,przest,y),fun=median,col='darkred',lwd=2)
```



Rysunek 12.5: Średnie i mediany.

Wartości średnie dla województw są następujące:

```
tapply(y,woj,mean)
```

```
## dolnośląskie      kuj_pom      lubelskie      lubuskie      łódzkie
##      25155.714      13490.143      10661.000      7880.429      15746.286
```

```
##      małopolskie      mazowieckie      opolskie      podkarpackie      podlaskie
##      20175.857      33461.857      6322.571      8329.714      5591.714
##      pomorskie      śląskie      świętokrzyskie      war_mazur      wielkopolskie
##      20352.571      37776.143      7621.000      8800.429      21234.143
## zach_pomorskie
##      12988.857
```

Natomiast dla rodzaju przestępstwa:

```
tapply(y,przest,mean)
```

```
##      drog      gosp      krym      mien rodz_opie      wol      zyc_zdr
## 10509.250  9454.062 47724.812 36953.812 2485.375 2710.875 1981.750
```

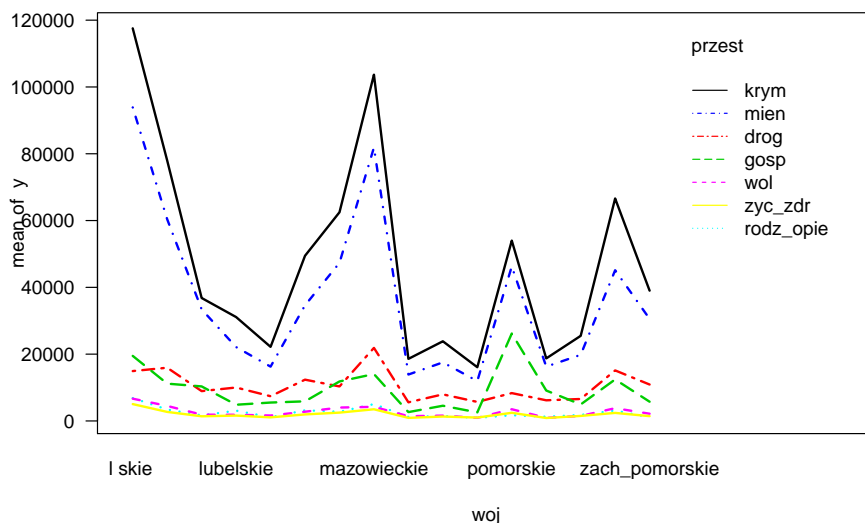
Ponieważ średnie różnią się na poziomie istotności $\alpha = 0,05$, możemy być zainteresowani odpowiedzią na następujące pytanie: Jak duże są różnice między badanymi wartościami w porównaniu z województwem śląskim oraz przestępczością kryminalną. Odpowiedź na tak postawione pytanie otrzymamy wykonując odpowiednią komendę:

```
# punkt odniesienia: województwo śląskie:
woj <- relevel(woj, ref="śląskie")
# punkt odniesienia: przestępstwa kryminalne:
przest <- relevel(przest, ref="krym")
lmtest::coefTest(lm(y~woj+przest))

##
## t test of coefficients:
##
##              Estimate Std. Error  t value  Pr(>|t|)
## (Intercept)    69526.7     5633.8  12.3410 < 2.2e-16 ***
## wojdolnośląskie -12620.4     6794.6   -1.8574 0.0665213 .
## wojkuj_pom      -24286.0     6794.6   -3.5743 0.0005671 ***
## wojlubelskie    -27115.1     6794.6   -3.9907 0.0001341 ***
## wojlubuskie     -29895.7     6794.6   -4.3999 2.967e-05 ***
## wojłódzkie      -22029.9     6794.6   -3.2423 0.0016638 **
## wojmałopolskie  -17600.3     6794.6   -2.5903 0.0111839 *
## wojmazowieckie  -4314.3      6794.6   -0.6350 0.5270663
## wojopolskie     -31453.6     6794.6   -4.6292 1.229e-05 ***
## wojpodkarpackie -29446.4     6794.6   -4.3338 3.807e-05 ***
## wojpodlaskie    -32184.4     6794.6   -4.7368 8.060e-06 ***
## wojpomorskie    -17423.6     6794.6   -2.5643 0.0119944 *
## wojświętokrzyskie -30155.1     6794.6   -4.4381 2.566e-05 ***
## wojwar_mazur    -28975.7     6794.6   -4.2645 4.933e-05 ***
## wojwielkopolskie -16542.0     6794.6   -2.4346 0.0168824 *
## wojzach_pomorskie -24787.3     6794.6   -3.6481 0.0004424 ***
## przestdrog      -37215.6     4494.2   -8.2808 1.073e-12 ***
## przestgosp      -38270.7     4494.2   -8.5156 3.498e-13 ***
## przestmien      -10771.0     4494.2   -2.3966 0.0186146 *
## przestrodz_opie -45239.4     4494.2  -10.0662 < 2.2e-16 ***
## przestwol       -45013.9     4494.2  -10.0160 2.646e-16 ***
## przestzyc_zdr   -45743.1     4494.2  -10.1782 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

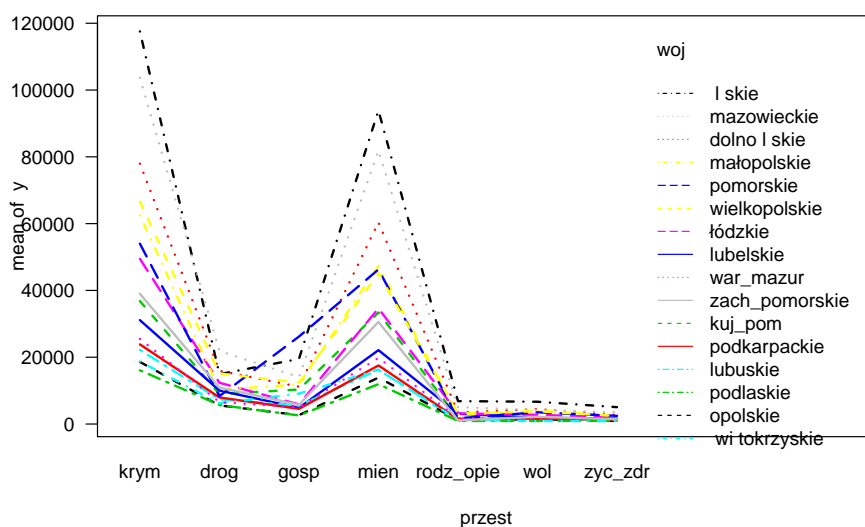
Na podstawie powyższych obliczeń możemy sformułować kilka wniosków. Największa różnica w średnich występuje między województwem śląskim a podlaskim (rys. 12.5 i wynosi $-32184,4$). Natomiast najmniejsza różnica jest między województwem śląskim a mazowieckim i jest równa $-4314,3$. Jeśli porównamy wartość średnią przestępstw kryminalnych z pozostałymi to dojdziemy do wniosku, że największa różnica występuje między przestępstwami kryminalnymi i przeciwko zdrowiu i życiu a najmniejsza wynosi -10771 i dotyczy przestępstw kryminalnych oraz przeciwko mieniu. Na wykresach (12.6 i 12.7) zostały zaprezentowane różnice w liczebnościach zachowań niezgodnych z prawem.

```
interaction.plot(woj,przest,y,col=1:7,las=1,lwd=2)
```



Rysunek 12.6: Rozkład liczebności.

```
interaction.plot(przest,woj,y,col=1:16,las=1,lwd=2)
```



Rysunek 12.7: Rozkład liczebności.

12.4 Modele dla liczebności

Do modelowania liczebności wystąpień określonego zjawiska (np. liczba przestępstw) możemy wykorzystać model Piossona lub ujemny dwumianowy. W pierwszej kolejności zaprezentujemy model Poissona.

```
pois <- glm(y~woj+przest,family=poisson)
summary(pois)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = y ~ woj + przest, family = poisson)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -68.004   -8.790   -0.525    9.825   111.295
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    11.633905   0.002129  5464.68  <2e-16 ***
## wojdolnośląskie -0.406593   0.003076  -132.19  <2e-16 ***
## wojkuj_pom     -1.029719   0.003791  -271.62  <2e-16 ***
## wojlubelskie   -1.265086   0.004145  -305.20  <2e-16 ***
## wojlubuskie    -1.567295   0.004681  -334.84  <2e-16 ***
## wojłódzkie     -0.875073   0.003585  -244.07  <2e-16 ***
## wojmałopolskie -0.627191   0.003296  -190.30  <2e-16 ***
## wojmazowieckie -0.121272   0.002837   -42.74  <2e-16 ***
## wojopolskie    -1.787552   0.005136  -348.06  <2e-16 ***
## wojpodkarpackie -1.511849   0.004575  -330.45  <2e-16 ***
## wojpodlaskie   -1.910392   0.005416  -352.75  <2e-16 ***
## wojpomorskie   -0.618470   0.003286  -188.19  <2e-16 ***
## wojświętokrzyskie -1.600770   0.004746  -337.27  <2e-16 ***
## wojwar_mazur   -1.456877   0.004474  -325.65  <2e-16 ***
## wojwielkopolskie -0.576067   0.003242  -177.70  <2e-16 ***
## wojzach_pomorskie -1.067586   0.003844  -277.69  <2e-16 ***
## przestdrog     -1.513196   0.002694  -561.73  <2e-16 ***
## przestgosp     -1.619007   0.002814  -575.27  <2e-16 ***
## przestmien     -0.255783   0.001732  -147.65  <2e-16 ***
## przestrodz_opie -2.955028   0.005144  -574.50  <2e-16 ***
## przestwol      -2.868180   0.004936  -581.06  <2e-16 ***
## przestzyc_zdr  -3.181471   0.005731  -555.11  <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 2553250  on 111  degrees of freedom
## Residual deviance:   46183  on  90  degrees of freedom
## AIC: 47424
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
# Badanie istotności statystycznej całego modelu:
lmtest::lrtest(pois)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: y ~ woj + przest
## Model 2: y ~ 1
##   #Df   LogLik   Df   Chisq Pr(>Chisq)
## 1   22   -23690
## 2    1 -1277223 -21 2507066 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Oszacowany model Poissona okazał się istotny statystycznie. Jednak założenie dotyczące równości wariancji i średniej nie zostało spełnione:

$$H_0: \phi = 1 \quad \text{vs.} \quad H_1: \phi \neq 1$$

```
AER::dispersiontest(pois, alt="two.sided")
```

```
##
## Dispersion test
##
## data:  pois
## z = 2.8493, p-value = 0.004382
## alternative hypothesis: true dispersion is not equal to 1
## sample estimates:
## dispersion
## 451.6853
```

Tak więc na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ odrzucamy hipotezę zerową, która zakłada, że dyspersja (czyli iloraz wariancji i średniej) jest równa 1. A zatem sprawdzimy czy występuje problem nadmiernego rozproszenia (wariancja jest większa od średniej):

$$H_0: \phi \leq 1 \quad \text{vs.} \quad H_1: \phi > 1$$

```
AER::dispersiontest(pois)
```

```
##
## Overdispersion test
##
## data:  pois
## z = 2.8493, p-value = 0.002191
## alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1
## sample estimates:
## dispersion
## 451.6853
```

Na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ przyjmujemy hipotezę alternatywną, która zakłada, że występuje nadmierne rozproszenie (overdispersion). W takiej sytuacji możemy zastosować model ujemny dwumianowy.

```
nb <- MASS::glm.nb(y~woj+przest); summary(nb)
```

```
##
## Call:
## MASS::glm.nb(formula = y ~ woj + przest, init.theta = 21.74640825,
##   link = log)
```

```
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.6804  -0.5515  -0.0864   0.5432   3.9689
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    11.57767    0.09512  121.714 < 2e-16 ***
## wojdolnośląskie -0.45311    0.11477   -3.948 7.88e-05 ***
## wojkuj_pom      -1.05428    0.11485   -9.180 < 2e-16 ***
## wojlubelskie    -1.10428    0.11485   -9.615 < 2e-16 ***
## wojlubuskie     -1.46951    0.11493  -12.786 < 2e-16 ***
## wojłódzkie      -0.84128    0.11481   -7.327 2.35e-13 ***
## wojmałopolskie  -0.63055    0.11479   -5.493 3.95e-08 ***
## wojmazowieckie -0.20431    0.11475   -1.780 0.074998 .
## wojopolskie     -1.68246    0.11499  -14.632 < 2e-16 ***
## wojpodkarpackie -1.39677    0.11491  -12.155 < 2e-16 ***
## wojpodlaskie    -1.81041    0.11503  -15.739 < 2e-16 ***
## wojpomorskie    -0.57400    0.11478   -5.001 5.71e-07 ***
## wojświętokrzyskie -1.49467    0.11494  -13.004 < 2e-16 ***
## wojwar_mazur    -1.34852    0.11490  -11.736 < 2e-16 ***
## wojwielkopolskie -0.56953    0.11478   -4.962 6.98e-07 ***
## wojzach_pomorskie -1.13722    0.11486   -9.901 < 2e-16 ***
## przestdrog      -1.38273    0.07587  -18.224 < 2e-16 ***
## przestgosp      -1.57685    0.07588  -20.780 < 2e-16 ***
## przestmien      -0.25984    0.07584   -3.426 0.000612 ***
## przestrodz_opie -2.91336    0.07604  -38.312 < 2e-16 ***
## przestwol       -2.83470    0.07603  -37.285 < 2e-16 ***
## przestzyc_zdr   -3.11696    0.07609  -40.963 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for Negative Binomial(21.7464) family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 4061.80  on 111  degrees of freedom
## Residual deviance:  112.78  on  90  degrees of freedom
## AIC: 2002
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 1
##
##              Theta:  21.75
##              Std. Err.:  2.90
##
## 2 x log-likelihood: -1955.994
```

Znając wartość parametru rozproszenia $\theta = 21,7464$ oraz jego błąd standardowy $\sigma_\theta = 2,90$ możemy ocenić jego istotność statystyczną badając następujące hipotezy:

$$H_0 : \theta = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \theta \neq 0$$

```
pnorm(2*(1-abs(21.7464/2.9)))
```

```
## [1] 6.318995e-39
```

```
# Badanie istotności statystycznej całego modelu:
lmtest::lrtest(nb)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: y ~ woj + przest
## Model 2: y ~ 1
##   #Df LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
## 1   23  -978.0
## 2    2 -1191.5 -21 426.95  < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Model ujemny dwumianowy możemy estymować także z wykorzystaniem funkcji `glm` oraz opcji `MASS::negative.binomial`:

```
th <- MASS::theta.ml(nb,fitted(nb))
th
```

```
## [1] 21.74641
## attr(,"SE")
## [1] 2.899898
```

```
# Estymacja modelu ujemnego dwumianowego:
n <- glm(y~woj+przest, family=MASS::negative.binomial(th))
# Porównanie modelu Poissona oraz ujemnego dwumianowego:
lmtest::lrtest(pois,nb)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: y ~ woj + przest
## Model 2: y ~ woj + przest
##   #Df LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
## 1   22 -23690
## 2   23  -978    1 45424  < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Przeprowadzony test ilorazu wiarygodności - `lmtest::lrtest` wykazał, że model ujemny dwumianowy - nb ma znacznie wyższy logarytm funkcji wiarygodności. Zatem na podstawie modelu ujemnego dwumianowego należy stwierdzić, że we wszystkich województwach odnotowano mniejszą liczbę przestępstw (ujemne parametry) niż w województwie śląskim. Taka sama sytuacja występuje gdy porównamy wszystkie rodzaje czynów zabronionych z przestępstwami o charakterze kryminalnym. Aby dowiedzieć się jak duże są to różnice należy obliczyć ilorazy wiarygodności.

```
ORpois1 <- round((exp(coef(pois))-1)*100,4)
ORnb <- round((exp(coef(nb))-1)*100,4)
cbind(ORpois1,ORnb)
```

```
##               ORpois1      ORnb
## (Intercept) 11285915.3797 10668768.3273
## wojdolnośląskie      -33.4085    -36.4350
## wojkuj_pom          -64.2893    -65.1558
## wojlubelskie       -71.7785    -66.8550
```


## wojlubuskie	-79.1391	-76.9962
## wojłódzkie	-58.3169	-56.8840
## wojmałopolskie	-46.5910	-46.7701
## wojmazowieckie	-11.4207	-18.4792
## wojopolskie	-83.2631	-81.4084
## wojpodkarpackie	-77.9498	-75.2606
## wojpodlaskie	-85.1978	-83.6413
## wojpomorskie	-46.1232	-43.6730
## wojświętokrzyskie	-79.8259	-77.5678
## wojwar_mazur	-76.7037	-74.0376
## wojwielkopolskie	-43.7895	-43.4210
## wojzach_pomorskie	-65.6162	-67.9290
## przestdrog	-77.9795	-74.9108
## przestgosp	-80.1905	-79.3375
## przestmien	-22.5690	-22.8826
## przestrodz_opie	-94.7923	-94.5707
## przestwol	-94.3198	-94.1264
## przestzyc_zdr	-95.8475	-95.5708

Interpretacja otrzymanych ilorazów wiarygodności na podstawie modelu ujemnego dwumianowego jest następująca:

- Aż o 83,6% mniej popełniono przestępstw w województwie podlaskim niż w województwie śląskim.
- W województwie mazowieckim popełniono tylko o 18,5% mniej przestępstw niż w województwie śląskim.
- Najmniejsze różnice w liczebności przestępstw w porównaniu z województwem śląskim zanotowano w następujących województwach: dolnośląskim (−36,4%), małopolskim (−46,8%), mazowieckim (−18,5%), pomorskim (−43,7%) i wielkopolskim (−43,4%).
- Z kolei największe różnice zanotowano w województwach: kujawsko-pomorskim (−65,2%), lubelskim (−66,9%), lubuskim (−77%), łódzkim (−56,9%), opolskim (−81,4%), podkarpackim (−75,3%), podlaskim (−83,6%), świętokrzyskim (−77,6%), warmińsko-mazurskim (−74%) oraz zachodnio-pomorskim (−68%).
- Przestępstw przeciwko mieniu popełniono tylko o 22,9% mniej niż kryminalnych.
- Przestępstw o charakterze gospodarczym popełniono o 79,3% mniej niż kryminalnych, natomiast w przypadku pozostałych było ich mniej o ponad 90%.

12.5 Modele dla częstości

Do modelowania częstości wystąpień określonego zjawiska (liczba przestępstw na jednego mieszkańca) wykorzystamy modele Poissona oraz modele logitowe. W pierwszej kolejności zostanie przedstawiony model Poissona w którym zostanie wykorzystana funkcja `offset`.

```
L <- rep(lud,7) # liczebności
W <- y/L        # częstości
pois1 <- glm(y~woj+przest, family=poisson,offset=log(L)) # model pois1
summary(pois1)
```

```
##
```

```
## Call:
```

```
## glm(formula = y ~ woj + przest, family = poisson, offset = log(L))
```

```
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -68.004   -8.790   -0.525    9.825   111.295
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error  z value Pr(>|z|)
## (Intercept)   -3.716476   0.002129  -1745.704 <2e-16 ***
## wojdolnośląskie  0.071659   0.003076   23.298 <2e-16 ***
## wojkuj_pom     -0.221953   0.003791  -58.548 <2e-16 ***
## wojlubelskie   -0.499027   0.004145 -120.390 <2e-16 ***
## wojlubuskie    -0.042422   0.004681   -9.063 <2e-16 ***
## wojłódzkie     -0.273088   0.003585  -76.170 <2e-16 ***
## wojmałopolskie -0.285719   0.003296  -86.692 <2e-16 ***
## wojmazowieckie -0.239313   0.002837  -84.342 <2e-16 ***
## wojopolskie    -0.283304   0.005136  -55.163 <2e-16 ***
## wojpodkarpackie -0.719740   0.004575 -157.315 <2e-16 ***
## wojpodlaskie   -0.549248   0.005416 -101.418 <2e-16 ***
## wojpomorskie    0.114354   0.003286   34.796 <2e-16 ***
## wojświętokrzyskie -0.305011   0.004746  -64.264 <2e-16 ***
## wojwar_mazur   -0.277664   0.004474  -62.065 <2e-16 ***
## wojwielkopolskie -0.267405   0.003242  -82.486 <2e-16 ***
## wojzach_pomorskie -0.059334   0.003844  -15.434 <2e-16 ***
## przestdrog     -1.513196   0.002694  -561.726 <2e-16 ***
## przestgosp     -1.619007   0.002814  -575.271 <2e-16 ***
## przestmien     -0.255783   0.001732  -147.654 <2e-16 ***
## przestrodz_opie -2.955028   0.005144  -574.505 <2e-16 ***
## przestwol      -2.868180   0.004936  -581.064 <2e-16 ***
## przestzyc_zdr   -3.181471   0.005731  -555.108 <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 2048950  on 111  degrees of freedom
## Residual deviance:  46183  on  90  degrees of freedom
## AIC: 47424
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

W celu poprawnego oszacowania istotności poszczególnych zmiennych (występuje problem nadmiernego rozproszenia) skorzystamy z takiego modelu który uwzględni to zjawisko.

```
# model rpois1 z odpornymi błędami standardowymi:
rpois1 <- glm(y~woj+przest, family=quasipoisson,offset=log(L))
lmtest::coeftest(rpois1)
```

```
##
## z test of coefficients:
##
##              Estimate Std. Error  z value Pr(>|z|)
## (Intercept)   -3.716476   0.050476  -73.6289 < 2.2e-16 ***
## wojdolnośląskie  0.071659   0.072926   0.9826 0.3257866
## wojkuj_pom     -0.221953   0.089882  -2.4694 0.0135343 *
```

```
## wojlubelskie      -0.499027  0.098278  -5.0777  3.820e-07 ***
## wojlubuskie      -0.042422  0.110979  -0.3823  0.7022759
## wojłódzkie       -0.273088  0.085005  -3.2126  0.0013153 **
## wojmałopolskie   -0.285719  0.078142  -3.6564  0.0002558 ***
## wojmazowieckie   -0.239313  0.067274  -3.5573  0.0003747 ***
## wojopolskie      -0.283304  0.121767  -2.3266  0.0199862 *
## wojpodkarpackie  -0.719740  0.108474  -6.6351  3.243e-11 ***
## wojpodlaskie     -0.549248  0.128403  -4.2775  1.890e-05 ***
## wojpomorskie      0.114354  0.077920   1.4676  0.1422180
## wojświętokrzyskie -0.305011  0.112531  -2.7105  0.0067190 **
## wojwar_mazur     -0.277664  0.106071  -2.6177  0.0088519 **
## wojwielkopolskie -0.267405  0.076862  -3.4790  0.0005032 ***
## wojzach_pomorskie -0.059334  0.091151  -0.6509  0.5150809
## przestdrog       -1.513196  0.063869 -23.6920 < 2.2e-16 ***
## przestgosp       -1.619007  0.066726 -24.2634 < 2.2e-16 ***
## przestmien       -0.255783  0.041072  -6.2276  4.735e-10 ***
## przestrodz_opie   -2.955028  0.121952 -24.2310 < 2.2e-16 ***
## przestwol        -2.868180  0.117032 -24.5077 < 2.2e-16 ***
## przestzyc_zdr     -3.181471  0.135885 -23.4129 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Możemy także zastosować odporne błędy standardowe `sandwich` w modelu `pois1` które są dostępne w bibliotece `sandwich`.

```
# model pois1 z odpornymi błędami standardowymi sandwich:
lmtest::coeftest(pois1,vcov=sandwich::sandwich)
```

```
##
## z test of coefficients:
##
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)   -3.716476  0.047110 -78.8886 < 2.2e-16 ***
## wojdolnośląskie  0.071659  0.057827  1.2392  0.215273
## wojkuj_pom      -0.221953  0.070951  -3.1282  0.001759 **
## wojlubelskie    -0.499027  0.078081  -6.3911  1.647e-10 ***
## wojlubuskie     -0.042422  0.078925  -0.5375  0.590926
## wojłódzkie      -0.273088  0.067556  -4.0424  5.291e-05 ***
## wojmałopolskie  -0.285719  0.056460  -5.0606  4.180e-07 ***
## wojmazowieckie  -0.239313  0.061044  -3.9203  8.843e-05 ***
## wojopolskie     -0.283304  0.067212  -4.2151  2.497e-05 ***
## wojpodkarpackie -0.719740  0.074557  -9.6535 < 2.2e-16 ***
## wojpodlaskie    -0.549248  0.080313  -6.8389  7.983e-12 ***
## wojpomorskie     0.114354  0.126435   0.9044  0.365758
## wojświętokrzyskie -0.305011  0.129681  -2.3520  0.018673 *
## wojwar_mazur    -0.277664  0.054721  -5.0742  3.892e-07 ***
## wojwielkopolskie -0.267405  0.060906  -4.3905  1.131e-05 ***
## wojzach_pomorskie -0.059334  0.061038  -0.9721  0.331007
## przestdrog      -1.513196  0.079554 -19.0210 < 2.2e-16 ***
## przestgosp      -1.619007  0.116016 -13.9550 < 2.2e-16 ***
## przestmien      -0.255783  0.023665 -10.8087 < 2.2e-16 ***
## przestrodz_opie  -2.955028  0.070197 -42.0960 < 2.2e-16 ***
## przestwol       -2.868180  0.044015 -65.1635 < 2.2e-16 ***
## przestzyc_zdr    -3.181471  0.040157 -79.2255 < 2.2e-16 ***
```

```
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Jak można zauważyć model pois1 nie oszacował poprawnie wszystkich błędów standardowych poszczególnych zmiennych. Natomiast model rpois1 (który uwzględnił problem nadmiernego rozproszenia) wykazał kilka zmiennych które nie są statystycznie istotne.

Kolejną grupą modeli które przedstawimy to modele logitowe.

```
# model logit1:
logit1 <- glm(cbind(y,L-y)~woj+przest, family=binomial)
summary(logit1)

##
## Call:
## glm(formula = cbind(y, L - y) ~ woj + przest, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -68.423  -8.783  -0.411   9.951  111.262
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error  z value Pr(>|z|)
## (Intercept)   -3.692865   0.002150  -1717.792 <2e-16 ***
## wojdolnośląskie  0.072989   0.003104   23.511 <2e-16 ***
## wojkuj_pom     -0.225510   0.003820  -59.038 <2e-16 ***
## wojlubelskie   -0.506041   0.004171 -121.334 <2e-16 ***
## wojlubuskie    -0.043165   0.004721  -9.143 <2e-16 ***
## wojłódzkie     -0.277357   0.003612  -76.792 <2e-16 ***
## wojmałopolskie -0.290159   0.003320  -87.387 <2e-16 ***
## wojmazowieckie -0.243116   0.002860  -85.011 <2e-16 ***
## wojopolskie    -0.287712   0.005172  -55.631 <2e-16 ***
## wojpodkarpackie -0.728895   0.004599 -158.499 <2e-16 ***
## wojpodlaskie   -0.556792   0.005446 -102.237 <2e-16 ***
## wojpomorskie    0.116523   0.003318   35.118 <2e-16 ***
## wojświętokrzyskie -0.309707   0.004779  -64.803 <2e-16 ***
## wojwar_mazur   -0.281995   0.004506  -62.586 <2e-16 ***
## wojwielkopolskie -0.271597   0.003266  -83.150 <2e-16 ***
## wojzach_pomorskie -0.060365   0.003877  -15.569 <2e-16 ***
## przestdrog     -1.529639   0.002704 -565.681 <2e-16 ***
## przestgosp     -1.635913   0.002824 -579.262 <2e-16 ***
## przestmien     -0.260568   0.001748 -149.044 <2e-16 ***
## przestrodz_opie -2.974984   0.005149 -577.783 <2e-16 ***
## przestwol      -2.888038   0.004942 -584.426 <2e-16 ***
## przestzyc_zdr  -3.201647   0.005736 -558.160 <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 2064429  on 111  degrees of freedom
## Residual deviance:  46562  on  90  degrees of freedom
## AIC: 47802
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Podobnie jak w przypadku modelu `pois1` model `logit1` wskazuje, że wszystkie zmienne są istotne. Jednak gdy wykorzystamy odporne błędy standardowe (`logit2`) jak w przypadku modelu `rpois1` niektóre z nich okażą się nieistotne statystycznie.

```
# model logit2:
logit2 <- glm(W~woj+przest, family=quasibinomial)
summary(logit2)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = W ~ woj + przest, family = quasibinomial)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.038182  -0.006241  -0.000791   0.006851   0.069641
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    -3.71320    0.07066  -52.551  < 2e-16 ***
## wojdolnośląskie  0.07295    0.09326   0.782  0.43615
## wojkuj_pom     -0.22541    0.10052  -2.243  0.02738 *
## wojlubelskie   -0.50584    0.10894  -4.643  1.16e-05 ***
## wojlubuskie    -0.04314    0.09589  -0.450  0.65386
## wojłódzkie     -0.27724    0.10195  -2.719  0.00785 **
## wojmałopolskie -0.29003    0.10231  -2.835  0.00566 **
## wojmazowieckie -0.24301    0.10100  -2.406  0.01817 *
## wojopolskie    -0.28759    0.10224  -2.813  0.00603 **
## wojpodkarpackie -0.72864    0.11691  -6.233  1.45e-08 ***
## wojpodlaskie   -0.55658    0.11065  -5.030  2.49e-06 ***
## wojpomorskie    0.11646    0.09234   1.261  0.21047
## wojświętokrzyskie -0.30957    0.10287  -3.009  0.00340 **
## wojwar_mazur   -0.28187    0.10208  -2.761  0.00698 **
## wojwielkopolskie -0.27148    0.10179  -2.667  0.00907 **
## wojzach_pomorskie -0.06034    0.09630  -0.627  0.53257
## przestdrog     -1.42112    0.06483  -21.922  < 2e-16 ***
## przestgosp     -1.55866    0.06851  -22.750  < 2e-16 ***
## przestmien     -0.25994    0.04375  -5.941  5.26e-08 ***
## przestrodz_opie -2.95441    0.12770  -23.135  < 2e-16 ***
## przestwol      -2.84778    0.12144  -23.451  < 2e-16 ***
## przestzyc_zdr  -3.14558    0.13986  -22.491  < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for quasibinomial family taken to be 0.0002521464)
##
##      Null deviance: 0.819052  on 111  degrees of freedom
## Residual deviance: 0.021215  on  90  degrees of freedom
## AIC: NA
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 10
```

Tak samo jak w przypadku modelu `pois1` wykorzystamy odporne błędy standardowe sandwich w modelu `logit1`.

```
# model logit1 z odpornymi błędami standardowymi sandwich:
lmtest::coeftest(logit1, vcov=sandwich::sandwich)
```

```
##
## z test of coefficients:
##
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    -3.692865   0.048364 -76.3552 < 2.2e-16 ***
## wojdolnośląskie  0.072989   0.059493  1.2268  0.219882
## wojkuj_pom      -0.225510   0.072412 -3.1143  0.001844 **
## wojlubelskie    -0.506041   0.079608 -6.3567  2.061e-10 ***
## wojlubuskie     -0.043165   0.080315 -0.5374  0.590963
## wojłódzkie      -0.277357   0.068777 -4.0327  5.515e-05 ***
## wojmałopolskie  -0.290159   0.057562 -5.0408  4.636e-07 ***
## wojmazowieckie  -0.243116   0.062228 -3.9068  9.351e-05 ***
## wojopolskie     -0.287712   0.068587 -4.1949  2.730e-05 ***
## wojpodkarpackie -0.728895   0.076269 -9.5569 < 2.2e-16 ***
## wojpodlaskie    -0.556792   0.081916 -6.7971  1.068e-11 ***
## wojpomorskie     0.116523   0.128614  0.9060  0.364943
## wojświętokrzyskie -0.309707   0.131930 -2.3475  0.018900 *
## wojwar_mazur     -0.281995   0.056052 -5.0310  4.880e-07 ***
## wojwielkopolskie -0.271597   0.062104 -4.3733  1.224e-05 ***
## wojzach_pomorskie -0.060365   0.062394 -0.9675  0.333310
## przestdrog      -1.529639   0.080318 -19.0448 < 2.2e-16 ***
## przestgosp      -1.635913   0.116301 -14.0663 < 2.2e-16 ***
## przestmien      -0.260568   0.024119 -10.8036 < 2.2e-16 ***
## przestrodz_opie  -2.974984   0.070596 -42.1412 < 2.2e-16 ***
## przestwol       -2.888038   0.044042 -65.5740 < 2.2e-16 ***
## przestzyc_zdr    -3.201647   0.040398 -79.2522 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Wyznamy teraz ilorazy wiarygodności dla modeli pois1, logit1 i logit2.

```
ORpois1 <- round((exp(coef(pois1))-1)*100,4)
ORlogit1 <- round((exp(coef(logit1))-1)*100,4)
ORlogit2 <- round((exp(coef(logit2))-1)*100,4)
cbind(ORpois1,ORlogit1,ORlogit2)
```

```
##              ORpois1 ORlogit1 ORlogit2
## (Intercept)    -97.5680 -97.5099 -97.5601
## wojdolnośląskie  7.4289  7.5719  7.5678
## wojkuj_pom     -19.9047 -20.1891 -20.1811
## wojlubelskie   -39.2879 -39.7122 -39.7002
## wojlubuskie    -4.1535  -4.2246  -4.2226
## wojłódzkie     -23.8974 -24.2216 -24.2125
## wojmałopolskie -24.8526 -25.1855 -25.1761
## wojmazowieckie -21.2832 -21.5820 -21.5735
## wojopolskie    -24.6710 -25.0023 -24.9929
## wojpodkarpackie -51.3121 -51.7558 -51.7433
## wojpodlaskie   -42.2616 -42.6956 -42.6833
## wojpomorskie    12.1149  12.3583  12.3514
## wojświętokrzyskie -26.2885 -26.6338 -26.6241
## wojwar_mazur    -24.2449 -24.5723 -24.5630
```

```
## wojwielkopolskie -23.4637 -23.7839 -23.7748
## wojzach_pomorskie -5.7608 -5.8579 -5.8551
## przestdrog -77.9795 -78.3386 -75.8557
## przestgosp -80.1905 -80.5226 -78.9582
## przestmien -22.5690 -22.9386 -22.8899
## przestrodz_opie -94.7923 -94.8952 -94.7891
## przestwol -94.3198 -94.4315 -94.2027
## przestzyc_zdr -95.8475 -95.9305 -95.6958
```

Wnioski (na podstawie modelu `logit2`) dotyczące ilości przestępstw przypadających na jednego mieszkańca są następujące:

- Liczba przestępstw przypadająca na jednego mieszkańca województwa pomorskiego była większa o 12,4% niż w województwie śląskim. Natomiast najmniejsza (−51,7%) w województwie podkarpackim.
- Liczba przestępstw przeciwko mieniu przypadająca na jednego mieszkańca była o 22,9% mniejsza niż liczba przestępstw kryminalnych. Z kolei liczba przestępstw przeciwko życiu i zdrowiu była aż o 95,7% mniejsza niż liczba przestępstw kryminalnych w przeliczeniu na jednego mieszkańca.

Rozdział 13

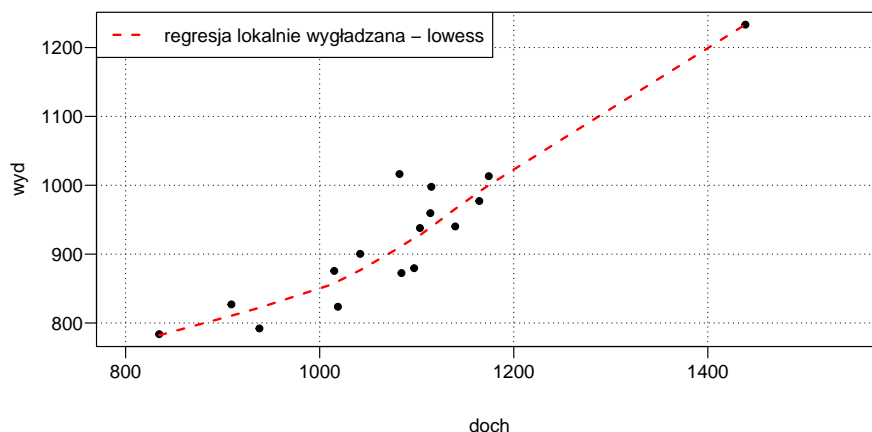
Modele regresji

13.1 Wprowadzenie

W tym opracowaniu zostanie przedstawionych kilka modeli regresji oraz metody za pomocą których można oszacować ich parametry. Dane jakie zostaną wykorzystane do budowy modeli regresji dotyczą przeciętnych miesięcznych wydatków i dochodów przypadających na jedną osobę w danym województwie. Informacje zostały zebrane i opublikowane przez GUS od 37302 gospodarstw domowych w 2009 roku.

```
wyd <- c(997.73, 1233.28, 900.35, 959.51, 826.98, 783.78, 823.56, 792.07, 937.9, 879.57,
        940.2, 1013.17, 1016.33, 875.59, 977.11, 872.5) # wydatki
doch <- c(1115.1, 1438.73, 1041.73, 1114.05, 908.99, 834.59, 1018.77, 937.89, 1103.32,
        1097.33, 1139.67, 1174.26, 1082.27, 1014.99, 1164.50, 1084.28) # dochody
# liczba gospodarstw domowych objętych badaniem:
gd <- c(2735, 5366, 3104, 4381, 2205, 1932, 1208, 1258, 989, 3143, 1627, 2939, 1017, 1965, 2039, 1394)
t <- data.frame(doch, wyd)
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0), las=1)
plot(doch, wyd, cex=1.2, pch=20, xlim=c(800, 1550))
lines(lowess(t), lwd=2, lty=2, col="red"); grid(col="black")
legend("topleft", c("regresja lokalnie wygładzana - lowess"), lty=2, lwd=2, col="red", bg="white")
```



Rysunek 13.1: Wykres korelacyjny: dochód vs. wydatki.

13.2 Estymacja modelu liniowego

13.2.1 Metoda najmniejszych kwadratów

W programie R do estymacji modeli liniowych służy funkcja `lm(stats)`. Kryterium optymalizacji dla metody najmniejszych kwadratów jest przedstawione poniżej (wzory (13.1) oraz (13.2)).

$$\sum_{i=1}^n e_i^2 \longrightarrow \min \quad (13.1)$$

$$\sum_{i=1}^n (y_i - \alpha_0 - \alpha_1 x_{1i})^2 \longrightarrow \min \quad (13.2)$$

```
# model z wyrazem wolnym:
```

```
mnk <- lm(wyd~doch,data=t)
```

```
summary(mnk)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = wyd ~ doch, data = t)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -61.068 -27.713   0.374  30.364  87.274
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  96.73935   90.08070   1.074   0.301
## doch         0.76905    0.08285   9.282 2.33e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 43.1 on 14 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8602, Adjusted R-squared:  0.8502
## F-statistic: 86.15 on 1 and 14 DF,  p-value: 2.332e-07
```

Ponieważ wyraz wolny nie jest istotny statystycznie (p-value = 0,301) zostanie on usunięty z modelu.

```
# model bez wyrazu wolnego:
```

```
mnk0 <- lm(wyd~doch+0, data=t)
```

```
summary(mnk0)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = wyd ~ doch + 0, data = t)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -61.267 -25.223   2.034  15.802  88.405
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## doch 0.857387    0.009962   86.07  <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
##
## Residual standard error: 43.32 on 15 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.998, Adjusted R-squared:  0.9978
## F-statistic: 7407 on 1 and 15 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Usunięcie wyrazu wolnego spowodowało podwyższenie skorygowanego współczynnika determinacji który teraz jest równy 0,998. A więc model jest lepiej dopasowany. Potwierdza to także kryterium informacyjne *AIC* oraz *BIC*.

$$AIC = n + n \ln(2\pi) + n \ln\left(\frac{RSS}{n}\right) + 3k \quad (13.3)$$

```
# kryterium AIC dla modelu z wyrazem wolnym:
k <- 2; n <- length(doch)
aic <- n + n*log(2*pi) + n * log(sum(resid(mnk)^2) / n) + 3 * k
aic
```

```
## [1] 169.7045
```

```
# kryterium AIC dla modelu bez wyrazu wolnego:
aic0 <- n + n*log(2*pi) + n * log(sum(resid(mnk0)^2) / n) + 2 * k
aic0
```

```
## [1] 168.9711
```

```
# z wykorzystaniem funkcji AIC oraz parametru k:
AIC(mnk,mnk0,k=2)
```

```
##      df      AIC
## mnk   3 169.7045
## mnk0  2 168.9711
```

```
# kryterium BIC dla modelu z wyrazem wolnym:
k <- log(n)
bic <- n + n*log(2*pi) + n * log(sum(resid(mnk)^2) / n) + 3 * k
bic
```

```
## [1] 172.0223
```

```
# kryterium BIC dla modelu bez wyrazu wolnego:
bic0 <- n + n*log(2*pi) + n * log(sum(resid(mnk0)^2) / n) + 2 * k
bic0
```

```
## [1] 170.5162
```

```
AIC(mnk,mnk0,k=log(n))
```

```
##      df      AIC
## mnk   3 172.0223
## mnk0  2 170.5162
```

Porównamy teraz modele za pomocą funkcji `anova`. Badane hipotezy mają następującą postać:

$$H_0 : y_i = 0,857387x_{1i}$$

$$H_1 : y_i = 0,76905x_{1i} + 96,73935$$

```
# test oparty na statystyce F:
anova(mnk0,mnk)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: wyd ~ doch + 0
## Model 2: wyd ~ doch
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq      F Pr(>F)
## 1      15 28153
## 2      14 26010  1    2142.7 1.1533 0.301
```

```
# test oparty na statystyce chi-kwadrat:
anova(mnk0,mnk, test="Chisq")
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: wyd ~ doch + 0
## Model 2: wyd ~ doch
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq Pr(>Chi)
## 1      15 28153
## 2      14 26010  1    2142.7  0.2829
```

Takie same wyniki otrzymamy wykorzystując funkcję badającą restrykcje nałożone na parametry modelu liniowego. Czyli zweryfikujemy hipotezę zerową o nieistotności wyrazu wolnego.

$$H_0 : \alpha_0 = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \alpha_0 \neq 0$$

```
# test oparty na statystyce F:
car::linearHypothesis(mnk, c("(Intercept) = 0"))
```

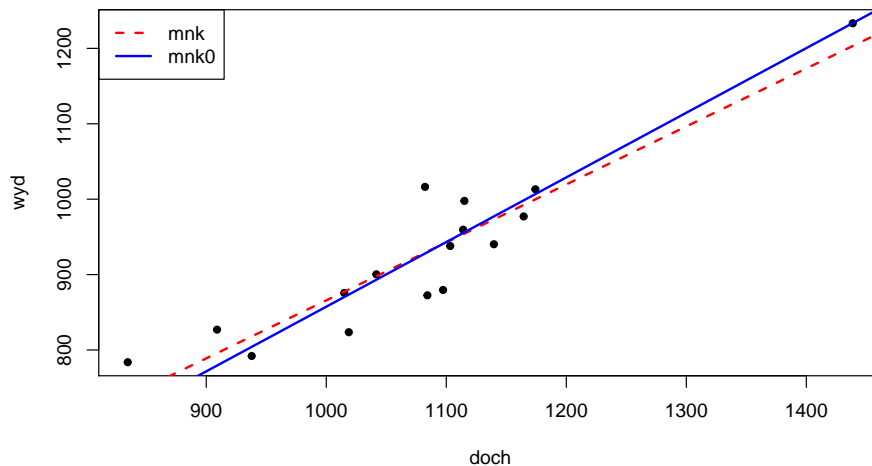
```
## Linear hypothesis test
##
## Hypothesis:
## (Intercept) = 0
##
## Model 1: restricted model
## Model 2: wyd ~ doch
##
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq      F Pr(>F)
## 1      15 28153
## 2      14 26010  1    2142.7 1.1533 0.301
```

```
# test oparty na statystyce chi-kwadrat:
car::linearHypothesis(mnk, c("(Intercept) = 0"),test="Chisq")
```

```
## Linear hypothesis test
##
## Hypothesis:
## (Intercept) = 0
##
## Model 1: restricted model
## Model 2: wyd ~ doch
##
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq  Chisq Pr(>Chisq)
## 1      15 28153
## 2      14 26010  1    2142.7 1.1533    0.2829
```

Tak więc powyższe testy potwierdziły nasz wniosek, że lepszym modelem jest regresja liniowa bez wyrazu wolnego.

```
plot(doch, wyd, cex=1.2, pch=20)
abline(mnk, col='red', lwd=2, lty=2); abline(mnk0, col='blue', lwd=2)
legend("topleft", c("mnk", "mnk0"), col=c("red", "blue"), lty=c(2, 1), lwd=2)
```



Rysunek 13.2: Regresja liniowa.

13.2.2 Poprawność specyfikacji modelu

W tym podrozdziale omówimy dwa testy badające poprawną postać analityczną modelu: test RESET oraz test Rainbow. W programie R są one dostępne w paczce `lmtest`. W teście RESET należy oszacować model pomocniczy o równaniu:

$$y_i = \alpha_1 x_{1i} + \alpha_2 \hat{y}_i^2 + \alpha_3 \hat{y}_i^3 \quad (13.4)$$

```
reset23 <- lm(wyd~doch+I(fitted(mnk0)^2)+I(fitted(mnk0)^3)+0)
```

a następnie zweryfikować hipotezę zerową o postaci:

$$H_0 : \begin{bmatrix} \alpha_2 \\ \alpha_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad H_1 : \begin{bmatrix} \alpha_2 \\ \alpha_3 \end{bmatrix} \neq \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Do weryfikacji powyższej hipotezy statystycznej wykorzystamy funkcję `car::linearHypothesis`. Umożliwia ona testowanie restrykcji nałożonych na parametry modelu liniowego.

```
car::linearHypothesis(reset23,
  c("I(fitted(mnk0)^2)= 0", "I(fitted(mnk0)^3)= 0"), test="F")
```

```
## Linear hypothesis test
##
## Hypothesis:
## I(fitted(mnk0)^2) = 0
## I(fitted(mnk0)^3) = 0
##
## Model 1: restricted model
```

```
## Model 2: wyd ~ doch + I(fitted(mnk0)^2) + I(fitted(mnk0)^3) + 0
##
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq      F Pr(>F)
## 1      15 28153
## 2      13 23446  2    4706.7 1.3049 0.3045
```

```
lmtest::resettest(mnk0, power=2:3, type= "fitted")
```

```
##
## RESET test
##
## data: mnk0
## RESET = 1.3049, df1 = 2, df2 = 13, p-value = 0.3045
```

Na podstawie testu RESET stwierdzamy, że brak jest podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej zakładającej liniowość modelu. Poniżej zostaną przedstawione także inne rodzaje tego testu.

$$y_i = \alpha_1 x_{1i} + \alpha_2 y_i^2 \quad (13.5)$$

```
lmtest::resettest(mnk0, power=2, type= "fitted")
```

```
##
## RESET test
##
## data: mnk0
## RESET = 0.61343, df1 = 1, df2 = 14, p-value = 0.4465
```

$$y_i = \alpha_1 x_{1i} + \alpha_2 x_i^3 \quad (13.6)$$

```
lmtest::resettest(mnk0, power=3, type= "regressor")
```

```
##
## RESET test
##
## data: mnk0
## RESET = 0.42325, df1 = 1, df2 = 14, p-value = 0.5259
```

Kolejnym testem który przedstawimy to test Rainbow. Służy on także do badania postaci analitycznej modelu. Poniżej zostanie zaprezentowana jego procedura obliczeniowa.

```
k <- 1 # liczba parametrów modelu razem z wyrazem wolnym
n <- length(doch)
doch1 <- doch[order(doch)] # sortowanie niemalejąco doch
wyd1 <- wyd[order(doch)]   # sortowanie niemalejąco wyd względem doch
```

Z tak posortowanych danych wybieramy 50% (frakcja) środkowych (centrum) obserwacji:

```
fraction <- 0.5 # frakcja: 50 procent obserwacji czyli 8
center <- 0.5   # centrum podziału: 50 procent
i <- 1:n        # indeksy zmiennych
# początkowy indeks dla zmiennych doch1 i wyd1:
from <- ceiling(quantile(i, probs = (center - fraction/2)))
from
```

```
## 25%
## 5
```

```
# ostatni indeks dla zmiennych doch1 i wyd1:
to <- from + floor(fraction * n) - 1; to
```

```
## 25%
## 12
```

```
sy <- wyd1[from:to]      # podpróba dla wyd1 o indeksach od 5 do 12
sx <- doch1[from:to]     # podpróba dla doch1 o indeksach od 5 do 12
n1 <- length(sy)         # liczebność podpróby
e <- resid(mnk0)         # reszty dla badanego modelu mnk0
r <- resid(lm(sy~sx+0))  # reszty dla modelu z podpróby
ssr <- sum(e^2)          # suma kwadratów reszt dla mnk0
ssr1 <- sum(r^2)         # suma kwadratów reszt dla modelu z podpróby
```

Statystyka testu:

$$RAIN = \frac{(\sum_{i=1}^n e_i^2 - \sum_{i=1}^{n_1} r_i^2) / (n - n_1)}{\sum_{i=1}^{n_1} r_i^2 / (n_1 - k)} \quad (13.7)$$

```
rain <- ((ssr - ssr1)/(n - n1))/(ssr1/(n1 - k)); rain
```

```
## [1] 0.4166865
```

```
df <- c((n - n1), (n1 - k))
1-pf(rain, df[1], df[2])
```

```
## [1] 0.8783834
```

```
lmtest::raintest(mnk0, order.by=~doch, fraction=.5, center=.5)
```

```
##
## Rainbow test
##
## data: mnk0
## Rain = 0.41669, df1 = 8, df2 = 7, p-value = 0.8784
```

13.2.3 Normalność

W R jest dostępnych wiele testów badających normalność rozkładu reszt. W tym opracowaniu zostanie przedstawiony jeden z nich. Test Andersona-Darlinga oraz szereg innych testów normalności możemy znaleźć w bibliotece `nortest`. Wzór na obliczenie statystyki tego testu jest przedstawiony poniżej.

$$A = -n - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (2i - 1) (\ln(z_i) + \ln(1 - z_{n+1-i})) \quad (13.8)$$

```
z <- pnorm(sort(e), mean(e), sd(e))
n <- length(e)
i <- 1:n
A <- -n - ( (sum((2*i-1)*(log(z)+log(1-z[n+1-i]))))/n ); A
```

```
## [1] 0.3253687
```

Wzór poprawki na wielkość próby dla rozkładu normalnego jest podany poniżej:

$$A1 = \left(1 + \frac{0,75}{n} + \frac{2,25}{n^2}\right) A \quad (13.9)$$

```
A1 <- (1+(0.75/n)+(2.25/n^2))*A
A1
```

```
## [1] 0.34348
```

Wartości krytyczne są podawane w tablicach statystycznych np. [tutaj](#). Można je też wyznaczyć symulacyjnie (np. 100000 replikacji) za pomocą funkcji `Power::many.crit` dla dowolnego poziomu istotności α z uwzględnieniem liczebności próby.

```
set.seed(2305)
table_AD <- Power::many.crit(law.index= 2, stat.indices=c(2), M=10^5,
                             vectn=c(10,16,40,80,100),
                             level=c(0.05),
                             alter=list(stat2=3), law.pars=NULL, parstats=NULL)
table_AD
```

```
##      n 0.05
## [1,] 10 0.685
## [2,] 16 0.711
## [3,] 40 0.737
## [4,] 80 0.743
## [5,] 100 0.743
```

Ponieważ wartość krytyczna (dla poziomu istotności $\alpha = 0,05$ oraz liczebności próby $n = 16$) wynosi $A^* = 0,711$ i jest większa od $A1 = 0,34348$ to należy stwierdzić, że jest brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej zakładającej normalny rozkład reszt.

Dodatkowo w zależności od otrzymanej wartości $A1$ (wzór (13.9)) należy użyć jednego z poniższych algorytmów w celu wyznaczenia wartości p-value:

- jeżeli $A1 < 0,2$ to:

$$p - value = 1 - \exp(-13,436 + 101,14 A1 - 223,73 A1^2) \quad (13.10)$$

- jeżeli $0,2 \leq A1 < 0,34$ to:

$$p - value = 1 - \exp(-8,318 + 42,796 A1 - 59,938 A1^2) \quad (13.11)$$

- jeżeli $0,34 \leq A1 < 0,6$ to:

$$p - value = \exp(0,9177 - 4,279 A1 - 1,38 A1^2) \quad (13.12)$$

- jeżeli $A1 \geq 0,6$ to:

$$p - value = \exp(1,2937 - 5,709 A1 + 0,0186 A1^2) \quad (13.13)$$

W omawianym przykładzie wartość statystyki $A1$ jest równa 0,34348 a zatem należy skorzystać ze wzoru (13.12).


```
p.value <- exp(0.9177 - 4.279 * A1 - 1.38 * A1^2 )
p.value
```

```
## [1] 0.48926
```

Teraz wykorzystamy gotową funkcję `ad.ad.test`:

```
nortest::ad.test(e)
```

```
##
## Anderson-Darling normality test
##
## data: e
## A = 0.32537, p-value = 0.4893
```

Także na podstawie adaptacyjnego testu Neymana możemy sądzić, że reszty mają rozkład normalny. Ten test jest dostępny w paczce `ddst`.

```
set.seed(2305)
ddst::ddst.norm.test(e, compute.p=TRUE, B=1000)
```

```
##
## Data Driven Smooth Test for Normality
##
## data: e, base: ddst.base.legendre, c: 100
## WT* = 0.58469, n. coord = 1, p-value = 0.4416
```

13.2.4 Heteroskedastyczność

Badanie niejednorodności wariancji w procesie resztowym zostanie zaprezentowane za pomocą dwóch testów: Goldfelda-Quandta oraz Harrisona-McCabe'a. W obu przypadkach rozważane są następujące hipotezy:

$$H_0 : \sigma_1^2 = \sigma_2^2 \quad H_1 : \sigma_1^2 \neq \sigma_2^2$$

gdzie: σ_1^2 i σ_2^2 to wariancja odpowiednio w pierwszej i drugiej podpróbie. Wariancje resztowe wyznaczamy według następujących wzorów:

$$s_1^2 = \frac{1}{(n_1 - k - 1) \sum_{i=1}^{n_1} e_i^2} \quad (13.14)$$

$$s_2^2 = \frac{1}{(n_2 - k - 1) \sum_{i=1}^{n_2} e_i^2} \quad (13.15)$$

W pierwszej kolejności należy posortować niemalejąco zmienne względem zmiennej niezależnej doch. Należy zaznaczyć, że w przypadku zmiennych przekrojowoczasowych takie porządkowanie nie jest wymagane.

```
doch1 <- sort(doch)           # sortowanie danych - niemalejąco
wyd1 <- wyd[order(doch)]     # sortowanie danych - niemalejąco względem doch
t1 <- data.frame(wyd1, doch1)
m1 <- lm(wyd1~doch1+0, data=t1[1:8,]) # regresja dla 1 podpróby
m2 <- lm(wyd1~doch1+0, data=t1[9:16,]) # regresja dla 2 podpróby
S1 <- 1/(8-1-1)*sum(resid(m1)^2) # wariancja dla 1 podpróby
S2 <- 1/(8-1-1)*sum(resid(m2)^2) # wariancja dla 2 podpróby
```

Statystyka testowa w teście Goldfelda-Quandt jest następująca:

$$F = \frac{s_2^2}{s_1^2} \quad (13.16)$$

```
F= S2/S1; F
```

```
## [1] 0.3422651
```

```
lmtest::gqtest(mnk0,order.by=doch,fraction=0)
```

```
##
```

```
## Goldfeld-Quandt test
```

```
##
```

```
## data: mnk0
```

```
## GQ = 0.34227, df1 = 7, df2 = 7, p-value = 0.9097
```

```
## alternative hypothesis: variance increases from segment 1 to 2
```

Z kolei w teście Harrisona-McCabe'a statystyka będzie miała postać:

$$HMC = \frac{\sum_{i=1}^s e_i^2}{\sum_{i=1}^n e_i^2} \quad (13.17)$$

```
s <- 8 # liczba (odsetek) obserwacji w podpróbie
```

```
m <- lm(wyd1~doch1+0,data=t1)
```

```
rm <- resid(m)
```

```
hmc <- sum(rm[1:s]^2)/sum(rm^2)
```

```
hmc
```

```
## [1] 0.7359933
```

```
lmtest::hmcetest(mnk0,order.by=doch,point=0.5)
```

```
##
```

```
## Harrison-McCabe test
```

```
##
```

```
## data: mnk0
```

```
## HMC = 0.73599, p-value = 0.909
```

Otrzymane wyniki na podstawie omawianych testów wskazują, że brak jest podstaw do odrzucenia H_0 zakładającej homoskedastyczność reszt.

13.2.5 Obserwacje odstające

Obserwacje odstające dzielimy na: wpływowe (influential) oraz nietypowe (outliers). Pierwsze z nich wpływają na wartości ocen parametrów modelu (czyli na kąt nachylenia linii regresji) a drugie na wielkości reszt (czyli na dopasowanie modelu). W programie R dzięki funkcjom `influence.measures` i `car::outlierTest` możemy zidentyfikować obserwacje odstające. W celu wykrycia obserwacji wpływowych zostaną wykorzystane następujące wartości:

- wartości wpływu:

$$h_i = \text{diag} \left(X(X^T X)^{-1} X^T \right) \quad (13.18)$$

gdzie: dla $h_i > \frac{3k}{n}$ i -tą obserwację uważa się za wpływową.

```
X <- as.matrix(doch)
hi <- diag((X %*% solve(t(X) %*% X) %*% t(X)))
# z wykorzystaniem gotowej funkcji:
hi <- hatvalues(mnk0) # wartości hat values
```

- odległości Cooka:

$$CD_i = \frac{e_i h_i}{k s^2 (1 - h_i)^2} \quad (13.19)$$

gdzie: dla $CD_i > F(0,05,k,n-k)$ i -tą obserwację uważa się za wpływową.

```
i <- 1:16 # indeksy obserwacji
k <- 1    # liczba parametrów łącznie z wyrazem wolnym
s <- summary(mnk0)$sigma # błąd standardowy reszt
s2 <- (summary(mnk0)$sigma)^2 # wariancja reszt
CDi <- (e[i]^2*hi[i])/(k*s2*(1-hi[i])^2) # odległości Cooka.
# z wykorzystaniem gotowej funkcji:
cook <- cooks.distance(mnk0) # wartości Cook's distance
```

- ilorazy kowariancji:

$$COVRATIO_i = \left(\frac{s_{(-i)}}{s} \right)^{2k} \frac{1}{1 - h_i} \quad (13.20)$$

gdzie: dla $|1 - COVRATIO| > \frac{3k}{n-k}$ i -tą obserwację uważa się za wpływową.

```
covr <- covratio(mnk0) # wartości COVRATIO
```

- miary DFFITS:

$$DFFITS_i = e_i \frac{\sqrt{h_i}}{s_{(-i)}(1 - h_i)} \quad (13.21)$$

gdzie: $s_{(-i)}$ oznacza błąd standardowy reszt po usunięciu i -tej obserwacji ze zbioru danych:

```
si <- influence(mnk0)$sigma
```

natomiast dla $|DFFITS_i| > 3\sqrt{\frac{k}{n-k}}$ i -tą obserwację uważa się za wpływową.

```
dff <- dffits(mnk0) # wartości DFFITS
```

- miary DFBETAS:

$$DFBETAS_i = \frac{\beta - \beta_{(-i)}}{s_{(-i)} \sqrt{(X^T X)^{-1}}} \quad (13.22)$$

gdzie: β to oszacowany współczynnik z wykorzystaniem pełnego zbioru danych oraz $\beta_{(-i)}$ to oszacowany współczynnik po usunięciu i -tej obserwacji ze zbioru danych:

```
dbetai <- influence(mnk0)$coefficients
```

natomiast dla $|DFBETAS_i| > 1$ i -tą obserwację uważa się za wpływową.

```
dfb <- dfbetas(mnk0) # wartości DFBETAS
```

Wykorzystamy teraz gotową funkcję do wyznaczenia obserwacji wpływowych.

```
summary(influence.measures(mnk0))
```

```
## Potentially influential observations of
##   lm(formula = wyd ~ doch + 0, data = t) :
##
##   dfb.doch dffit cov.r   cook.d   hat
## 2 0.00      0.00  1.20_* 0.00    0.11
```

Zatem obserwacja dotycząca województwa mazowieckiego okazała się wpływowa na podstawie ilorazu kowariancji. Poniżej zostały przedstawione obliczenia dla wszystkich obserwacji.

```
influence.measures(mnk0)
```

```
## Influence measures of
##   lm(formula = wyd ~ doch + 0, data = t) :
##
##   dfb.doch   dffit cov.r   cook.d   hat inf
## 1   0.26381   0.26381 1.071 6.96e-02 0.0657
## 2  -0.00223  -0.00223 1.203 5.31e-06 0.1094  *
## 3   0.04075   0.04075 1.134 1.78e-03 0.0574
## 4   0.02653   0.02653 1.146 7.54e-04 0.0656
## 5   0.24256   0.24256 1.026 5.77e-02 0.0437
## 6   0.33300   0.33300 0.922 9.84e-02 0.0368
## 7  -0.28983  -0.28983 1.027 8.16e-02 0.0549
## 8  -0.06102  -0.06102 1.118 3.97e-03 0.0465
## 9  -0.04887  -0.04887 1.142 2.55e-03 0.0644
## 10 -0.39757  -0.39757 0.981 1.45e-01 0.0637
## 11 -0.23806  -0.23806 1.091 5.76e-02 0.0687
## 12  0.04143   0.04143 1.154 1.84e-03 0.0729
## 13  0.62331   0.62331 0.804 2.93e-01 0.0619
## 14  0.02947   0.02947 1.132 9.29e-04 0.0545
## 15 -0.13833  -0.13833 1.134 2.01e-02 0.0717
## 16 -0.36192  -0.36192 1.001 1.23e-01 0.0622
```

Do identyfikacji obserwacji nietypowych możemy wykorzystać reszty standaryzowane:

$$e_{i(stand)} = \frac{e_i}{s\sqrt{1-h_i}} \quad (13.23)$$

gdzie: dla $|e_{i(stand)}| > 2$ i -tą obserwację można podejrzewać o nietypowość.

```
es <- rstandard(mnk0) # reszty standaryzowane
```

lub reszty studentyzowane:

$$e_{i(stud)} = \frac{e_{-i}}{s_{(-i)}\sqrt{1-h_i}} \quad (13.24)$$

gdzie: dla $|e_{i(stud)}| > 2$ i -tą obserwację można podejrzewać o nietypowość.

```
et <- rstudent(mnk0) # reszty studentyzowane
```

Reszty et mają rozkład t-Studenta o stopniach swobody: $n - p - 2$ (model z wyrazem wolnym) lub $n - p - 1$ (model bez wyrazu wolnego). Zatem do identyfikacji obserwacji odstających wykorzystamy p-value tego rozkładu weryfikując następujące hipotezy statystyczne:

$$H_0 : i\text{-ta obserwacja jest typowa} \quad H_1 : i\text{-ta obserwacja jest nietypowa}$$

Dla obserwacji o największej wartości bezwzględnej et statystyka testu będzie miała postać:

$$\max |e_{i(stud)}| \quad (13.25)$$

```
# p-value z rozkładu t-Studenta:
p.value <- 2*(1-pt( max(abs(et)), 16-1-1))
p.value
```

```
## [1] 0.02937727
```

```
# poprawka Bonferonniego:
Bp.value= 16*p.value
Bp.value
```

```
## [1] 0.4700364
```

```
# wykorzystanie funkcji outlierTest:
car::outlierTest(mnk0)
```

```
## No Studentized residuals with Bonferonni p < 0.05
## Largest |rstudent|:
##      rstudent unadjusted p-value Bonferonni p
## 13 2.425829      0.029377      0.47004
```

Ponieważ $p\text{-value} = 0,47004$ to na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ brak jest podstaw do odrzucenia H_0 . Gdy dodamy odpowiednie argumenty do funkcji `car::outlierTest`, to otrzymamy uporządkowane malejąco wartości $|e_{i(stud)}|$ oraz p-value.

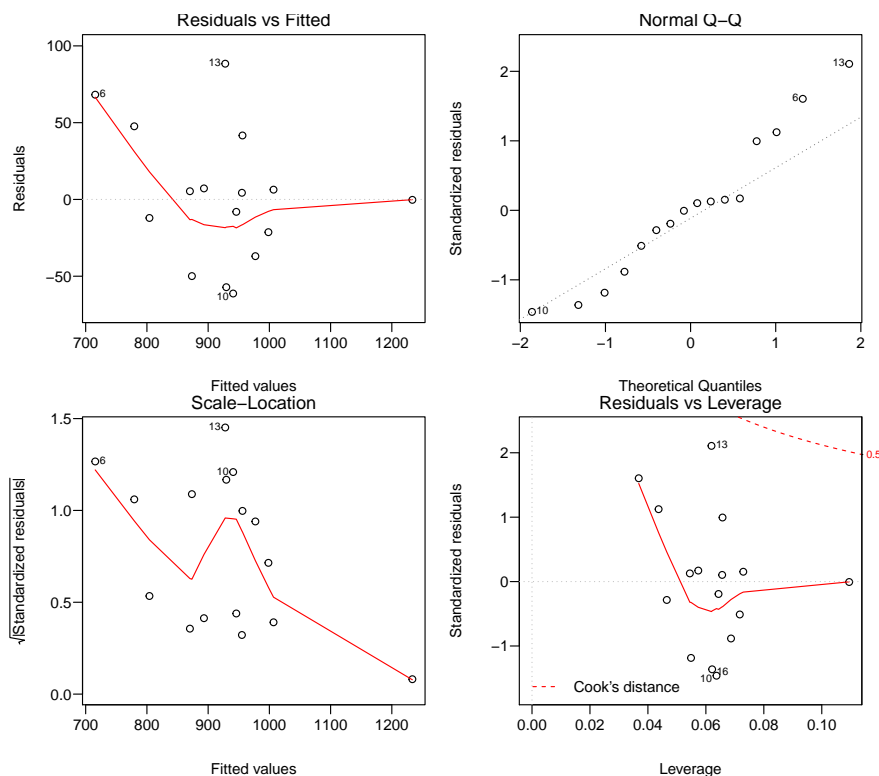
```
car::outlierTest(mnk0, order=T, cutoff=Inf, n.max=Inf)
```

```
## Warning in if (order) order(bp) else 1:n: warunek posiada długość > 1 i
## tylko pierwszy element będzie użyty
```

```
##      rstudent unadjusted p-value Bonferonni p
## 13 2.42582901      0.029377      0.47004
## 6  1.702938479      0.110670      NA
## 10 -1.524648740      0.149610      NA
## 16 -1.405761385      0.181600      NA
## 7  -1.202794661      0.249000      NA
## 5  1.134839609      0.275500      NA
## 1  0.994454997      0.336880      NA
## 11 -0.876672700      0.395460      NA
## 15 -0.497741566      0.626390      NA
## 8  -0.276280971      0.786370      NA
## 9  -0.186335919      0.854850      NA
## 3  0.165166434      0.871170      NA
## 12 0.147748037      0.884650      NA
## 14 0.122770528      0.904030      NA
## 4  0.100105764      0.921680      NA
## 2  -0.006351306      0.995020      NA
```

W diagnostyce modelu ekonometrycznego bardzo pomocnym narzędziem są również wykresy, które można wygenerować za pomocą komendy:

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0), las=1)
par(mfrow=c(2,2))
plot(mnk0)
```



Rysunek 13.3: Diagnostyka modelu.

13.2.6 Metoda najmniejszych wartości bezwzględnych

Jeśli w zbiorze danych występują obserwacje odstające to należy je wyeliminować lub zastosować regresję kwantylową. Dla parametru $\tau = 0,5$ (mediana) otrzymujemy estymator metody najmniejszego odchylenia bezwzględnego, którego kryterium optymalizacji jest przedstawione poniżej (wzory (13.26) oraz (13.27)).

$$\sum_{i=1}^n |e_i| \longrightarrow \min \quad (13.26)$$

$$\sum_{i=1}^n |y_i - \alpha_0 - \alpha_1 x_{1i}| \longrightarrow \min \quad (13.27)$$

```
# model z wyrazem wolnym:
q <- quantreg::rq(wyd~doch,tau=0.5)
summary(q, se='nid')
```

```
##
```

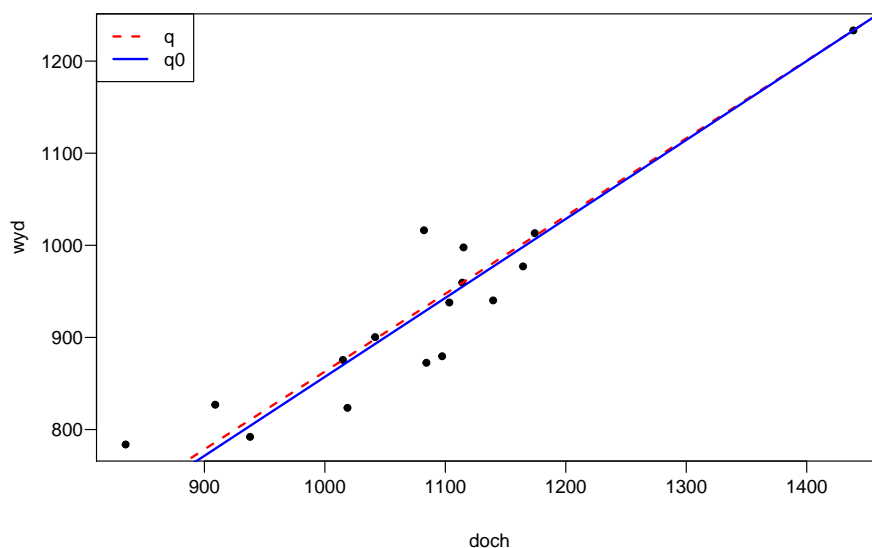
```
## Call: quantreg::rq(formula = wyd ~ doch, tau = 0.5)
```

```
##
## tau: [1] 0.5
##
## Coefficients:
##          Value      Std. Error t value   Pr(>|t|)
## (Intercept) 18.81043 138.88795   0.13544   0.89420
## doch        0.84413   0.12837   6.57568   0.00001

# model bez wyrazu wolnego:
q0 <- quantreg::rq(wyd~doch+0,tau=0.5)
summary(q0,se='nid')
```

```
##
## Call: quantreg::rq(formula = wyd ~ doch + 0, tau = 0.5)
##
## tau: [1] 0.5
##
## Coefficients:
##          Value      Std. Error t value   Pr(>|t|)
## doch  0.85720   0.01716   49.95465   0.00000
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(doch,wyd,cex=1.2,pch=20)
abline(q,col='red',lwd=2,lty=2); abline(q0,col='blue',lwd=2)
legend("topleft",c("q","q0"),col=c("red","blue"),lty=c(2,1),lwd=2)
```



Rysunek 13.4: Regresja kwantylowa.

13.3 Estymacja modelu nieliniowego

13.3.1 Model kwadratowy

Pierwszą funkcją nieliniową jaką spróbujemy dopasować do naszych danych będzie model kwadratowy:

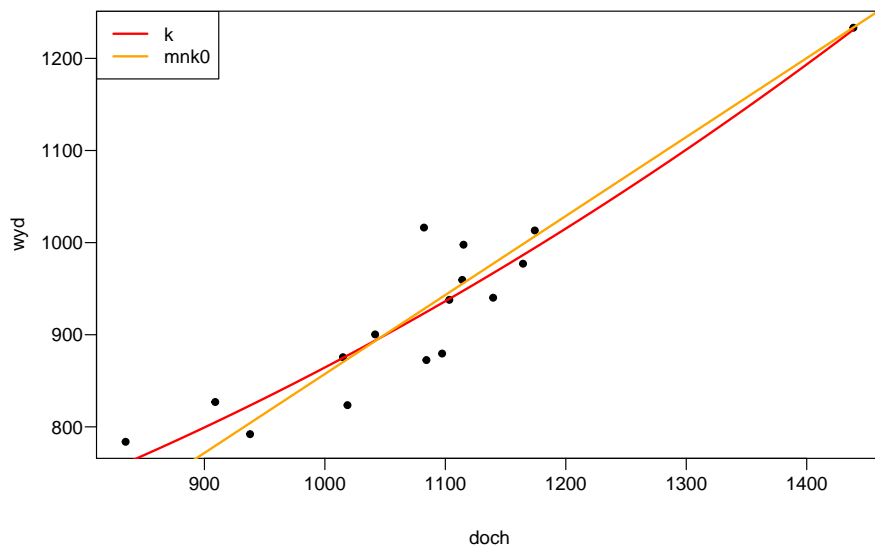
$$y = \alpha_0 + \alpha_1 x^2 \quad (13.28)$$

Estymację parametrów funkcji o wzorze (13.28) dokonamy za pomocą poniższej komendy:

```
k <- lm(wyd~I(doch^2),data=t)
summary(k)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = wyd ~ I(doch^2), data = t)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -54.857 -27.803   1.452  19.653  93.152
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  5.218e+02  4.206e+01  12.404 6.11e-09 ***
## I(doch^2)     3.427e-04  3.453e-05   9.924 1.03e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 40.67 on 14 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8755, Adjusted R-squared:  0.8667
## F-statistic: 98.49 on 1 and 14 DF,  p-value: 1.026e-07
```

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(t,cex=1.2,pch=20)
curve(coef(k)[1]+coef(k)[2]*x^2,add=TRUE,col="red",lwd=2)
abline(mnk0,col="orange",lty=1,lwd=2)
legend("topleft",c("k","mnk0"),col=c("red","orange"),lty=1,lwd=2)
```



Rysunek 13.5: Regresja liniowa i kwadratowa.


```
AIC(mnk0,k)
```

```
##      df      AIC
## mnk0  2 168.9711
## k     3 167.8451
```

```
sapply(c(900,1000,1100,1200), function(x) 0.000685408*x)
```

```
## [1] 0.6168672 0.6854080 0.7539488 0.8224896
```

Otrzymane wartości można zinterpretować w następujący sposób. Wydatki w przeliczeniu na jedną osobę rosły średnio o 0,62zł na jedną złotówkę przyrostu dochodów, przy poziomie dochodów równych 900zł. Natomiast przy poziomie dochodów równych 1200zł wydatki rosły średnio o 0,82zł na złotówkę przyrostu dochodów.

13.3.2 Model wykładniczy

Analityczna postać funkcji wykładniczej jest podana poniżej:

$$y = \alpha_0 \alpha_1^x \quad (13.29)$$

gdzie: $\alpha_0 > 0$ oraz $\alpha_1 > 0$ i $\alpha_1 \neq 1$

Aby oszacować parametry modelu nieliniowego z wykorzystaniem funkcji `nls` (nieliniowa metoda najmniejszych kwadratów) należy znaleźć parametry startowe. Można je wyznaczyć sprowadzając funkcję nieliniową do postaci liniowej.

$$\ln y = \beta_0 \beta_1 x \quad (13.30)$$

```
mw <- lm(log(wyd)~doch)
summary(mw)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = log(wyd) ~ doch)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.063814 -0.029988  0.003799  0.022039  0.096239
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  5.971e+00  9.313e-02  64.115  < 2e-16 ***
## doch         7.916e-04  8.566e-05   9.241  2.46e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.04456 on 14 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8591, Adjusted R-squared:  0.8491
## F-statistic: 85.39 on 1 and 14 DF,  p-value: 2.462e-07
```

W kolejnym kroku obliczymy parametry funkcji wykładniczej według wzorów: $\alpha_0 = \exp(\beta_0)$ oraz $\alpha_1 = \exp(\beta_1)$.

```
b0 <- exp(coef(mw)[1])
b0
```

```
## (Intercept)
##      391.9122
```

```
b1 <- exp(coef(mw)[2])
b1
```

```
##      doch
## 1.000792
```

Otrzymane wartości można wykorzystać jako parametry startowe w nieliniowej metodzie najmniejszych kwadratów.

```
w <- nls(wyd~a0*a1^doch,start=list(a0=b0,a1=b1),data=t)
summary(w)
```

```
##
## Formula: wyd ~ a0 * a1^doch
##
## Parameters:
##      Estimate Std. Error  t value Pr(>|t|)
## a0 3.873e+02  3.346e+01    11.58 1.48e-08 ***
## a1 1.001e+00  7.733e-05 12942.47 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 40.84 on 14 degrees of freedom
##
## Number of iterations to convergence: 2
## Achieved convergence tolerance: 1.024e-06
```

```
AIC(k,w)
```

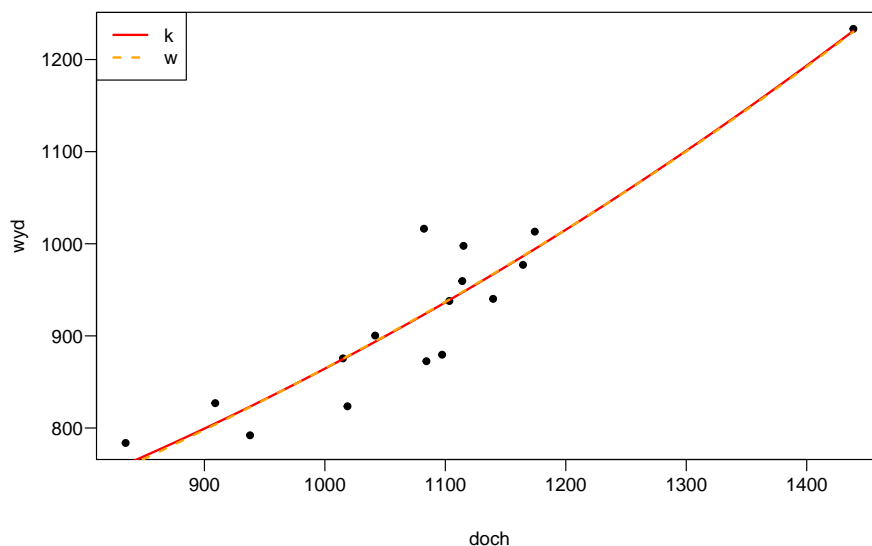
```
##      df      AIC
## k   3 167.8451
## w   3 167.9795
```

```
(coef(w)[2]-1)*100
```

```
##      a1
## 0.08034964
```

Interpretacja otrzymanych parametrów jest następująca. Jeżeli dochód wzrośnie o 1zł to wydatki również wzrosną o 0,08%.

```
par(mar=c(4,4,1,1)+0.1, mgp=c(3,0.6,0),las=1)
plot(t,cex=1.2,pch=20)
curve(coef(k)[1]+coef(k)[2]*x^2,add=TRUE,col="red",lwd=2)
curve(coef(w)[1]*coef(w)[2]^x,add=TRUE,col="orange",lty=2,lwd=2)
legend("topleft",c("k","w"),col=c("red","orange"),lty=c(1,2),lwd=2)
```



Rysunek 13.6: Regresja kwadratowa i wykładnicza.

13.3.3 Model hiperboliczny

Kolejną funkcją jaką będziemy badać to model hiperboliczny o postaci:

$$y = \frac{\alpha_0 x^2}{x + \alpha_1} \quad (13.31)$$

Parametry startowe wyznaczymy za pomocą następującego wzoru:

$$\frac{1}{y} = \beta_1 \frac{1}{x} + \beta_2 \frac{1}{x^2} \quad (13.32)$$

gdzie: $\alpha_0 = \frac{1}{\beta_1}$ oraz $\alpha_1 = \frac{\beta_2}{\beta_1}$.

```
mh <- lm(I(1/wyd)~I(1/doch)+I(1/doch^2)+0)
summary(mh)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = I(1/wyd) ~ I(1/doch) + I(1/doch^2) + 0)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -9.731e-05 -3.285e-05 -1.201e-06  3.315e-05  7.973e-05
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## I(1/doch)      1.4011     0.1151  12.172 7.79e-09 ***
## I(1/doch^2) -249.8795    118.3491  -2.111  0.0532 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 5.116e-05 on 14 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9981, Adjusted R-squared:  0.9978
## F-statistic: 3682 on 2 and 14 DF, p-value: < 2.2e-16
```

```

b1 <- 1/coef(mh)[1]
b1

## I(1/doch)
## 0.713737

b2 <- coef(mh)[2]/coef(mh)[1]
b2

## I(1/doch^2)
## -178.3482

h <- nls(wyd~(a0*doch^2)/(doch+a1),start=list(a0=b1,a1=b2))
summary(h)

##
## Formula: wyd ~ (a0 * doch^2)/(doch + a1)
##
## Parameters:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## a0    0.77328    0.06732  11.487 1.63e-08 ***
## a1 -107.24575    84.78736  -1.265  0.227
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 43 on 14 degrees of freedom
##
## Number of iterations to convergence: 4
## Achieved convergence tolerance: 4.685e-06

```

Ponieważ parametr α_1 jest nieistotny statystycznie, a więc gdy go pominiemy to funkcja hiperboliczna sprowadzi się do modelu liniowego:

$$y = \frac{\alpha_0 x^2}{x + \alpha_1} = \frac{\alpha_0 x^2}{x + 0} = \frac{\alpha_0 x^2}{x} = \frac{\alpha_0 x}{1} = \alpha_0 x$$

Rozdział 14

Zbiory danych

W tym miejscu przedstawimy zbiory danych wykorzystywane w poprzednich rozdziałach. Są one umieszczone w Internecie i można je ściągnąć podanymi poniżej poleceniami. Jeżeli nie mamy własnych danych, to warto na tych przećwiczyć omawiane w tej książce funkcje.

14.1 Zbiór danych GUSowskich

Korzystając z danych dostępnych na stronach GUSu <http://www.stat.gov.pl/> przygotowałem poniższy wybranych wskaźników w rozbiciu na województwa. Są to prawdziwe dane dotyczące roku 2007.

```
daneGUS <- read.table("http://www.biecek.pl/R/dane/Dane2007GUS.csv", sep=";", as.is=T, dec=".", header=T)
```

W tej ramce danych dla 16 województw zebrane są następujące dane:

1. ludnosc.do.15.lat - liczba mieszkańców w wieku do 15 lat
2. ludnosc.15.60.lat - liczba mieszkańców w wieku od 15 do 60 lat
3. ludnosc..60.lat + - liczba mieszkańców w wieku od 60 lat
4. mieszkany.wyprodukowane - liczba mieszkań wyprodukowanych w 2007 roku
5. studenci.artystyczne - liczba studentów kierunków artystycznych
6. studenci.społeczne - liczba studentów kierunków społecznych
7. studenci.ekonomia - liczba studentów kierunków ekonomicznych
8. studenci.prawne - liczba studentów kierunków prawnych
9. studenci.dziennikarstwo - liczba studentów kierunku dziennikarstwo
10. studenci.biologiczne - liczba studentów kierunków biologicznych
11. studenci.fizyczne - liczba studentów kierunków fizycznych
12. studenci.matematyczno.statystyczne - liczba studentów kierunków matematycznych
13. studenci.informatyczne - liczba studentów kierunków informatycznych
14. studenci.medyczne - liczba studentów kierunków medycznych
15. studenci.inżynieria.techniczne - liczba studentów kierunków inżynierii technicznych

16. studenci.produkcja.i.przetworstwo - liczba studentów kierunków produkcja i przetwórstwo
17. studenci.architektura.i.budownictwo - liczba studentów kierunków architektura i budownictwo
18. studenci.na.ochrona.srodowiska - liczba studentów kierunku ochrona środowiska
19. studenci.na.ochrona.i.bezpieczenstwo - liczba studentów kierunków ochrona i bezpieczeństwo
20. nauczycieli.akademickich - liczba nauczycieli akademickich
21. dochod.budzetu.na.mieszkanca - średni dochód do budżetu na jednego mieszkańca
22. pracujacy.rolnictwo - liczba (w tysiącach) osób pracujących w sektorze rolniczym
23. pracujacy.przemysl - liczba (w tysiącach) osób pracujących w przemyśle
24. pracujacy.uslugi - liczba (w tysiącach) osób pracujących w sektorze usługowym
25. bezrobotni - liczba (w tysiącach) bezrobotnych
26. powierzchnia.na.mieszkanie - średnia powierzchnia mieszkania
27. powierzchnia.na.osobe - średnia powierzchnia mieszkania na osobę
28. mieszkancow.na.sklep - średnia liczba mieszkańcó w na sklep

Bibliografia

Hastie, T., Tibshirami, R., and Friedman, J. (2001). *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction*. Springer-Verlang.

Kaufman, L. and Rousseeuw, P. J. (1990). *Finding Groups in Data: An Introduction to Cluster Analysis*. Wiley, New York.

Koronacki, J. and Ćwik, J. (2005). *Statystyczne systemy uczące się*. WNT.