ME720 - Modelos Lineares Generalizados

Parte 13 - Criando a sua própria função ${\tt glm}$

Profa. Larissa Avila Matos

MLG

■ Funções para calcular o vetor de escore e a matriz Hessiana dependendo da distribuição escolhida.

```
Poisson <- function(y, X, beta) {
  mu <- exp(X*/*beta)
  f <- dpois(y,mu)
  u <- t(t(y - mu)**\%X) #vetor escore
  W <- diag(as.vector(mu))
  H <- -t(X)**\%W*,*\%X #matriz Hessiana
  output_list <- list(f = f, u = u, H = H)
  return(output_list)
}</pre>
```

```
Binaria <- function(y, X, beta){</pre>
  pi \leftarrow \exp(X%*\%beta)/(1+\exp(X%*\%beta))
  f <- prod(ifelse(y==1,pi,1-pi))</pre>
  u \leftarrow t(t(y-pi)%*%X)
  W <- diag(as.vector(pi*(1-pi)))
  H < -t(X)%*%W%*%X
  output list \leftarrow list(f = f, u = u, H = H)
  return(output_list)
Binomial <- function(y,X,beta){</pre>
  pi <- exp(X%*%beta)/(1+exp(X%*%beta)) # vetor de probabilidades
  f <- prod(ifelse(y==1,pi,1-pi))
  df <- t(t(y- pi)%*%X) # primeira derivada</pre>
  W <- diag(as.vector(pi*(1-pi)))
  ddf <- -t(X)%*%W%*%X # segunda derivda
  output_list <- list(f = f, df = df,ddf = ddf)</pre>
  return(output_list)
```

■ Newton-Raphson.

```
newton <- function(func, init, eps=1e-16, maxiter=50){
  params <- init
  out <- matrix(NA, nrow=maxiter+1,ncol=length(t(beta)))
  out[1,] <- t(params)
 i <-1
  continue <- T
    while(continue){
      i <- i+1
      funcOut <- func(params)</pre>
      params <- params - solve(funcOut$H)%*%funcOut$u
        if(sum(is.na(params))>0){stop("NA nas estimativas")}
      out[i,] <- t(params)</pre>
      continue <- (sqrt(t(funcOut$u)%*%funcOut$u) > eps) && (i <= maxiter)</pre>
     if (i > maxiter) {
      warning("Máximo número de iterações atingido")
  out <- out[!is.na(out[.1]).]
  output_list <- list(params = params, out = out, iter = i)</pre>
  return(output_list)
```

■ Função para o ajuste do modelo.

```
ajusteMLG <-function(v, X, init, eps=1e-13, maxiter=50, ditr="Poisson"){
 n < -dim(X)[1]
 p=length(t(init))
    if(ditr=="Poisson"){
      outNewton <- newton(function(input){Poisson(y = y, X = X, beta = input)},
                          init. eps. maxiter)
      est <- outNewton$params
      v.ajustado <- exp(X%*%est)
      preditor.linear=X%*%est
      desvio <- sum(2*(v*(ifelse(v==0.0.log(v))-log(v.ajustado))-v+v.ajustado))
      AIC <- -2*(sum(dpois(v,v,ajustado,log=T))) + 2*p
      BIC <- -2*(sum(dpois(y,v.ajustado,log=T))) + 2*p*log(n)
      W <- diag(as.vector(v.ajustado))</pre>
      H<-diag(sqrtm(W)%*%X%*%solve(t(X)%*%W%*%X)%*%t(X)%*%solve(sqrtm(W)))
      res <- sqrt(2*(y*(ifelse(y==0,0,log(y))-log(v.ajustado))-y+v.ajustado))/sqrt(1-H)
      residuos <- ifelse(y-v.ajustado>0,res,-res)
      residuos.pearson.p <- (y-v.ajustado)/sqrt(v.ajustado*(1-H))
```

```
if(ditr=="Binaria"){
  outNewton <- newton(function(input){Binaria(y = y, X = X, beta = input)},
                       init, eps, maxiter)
  est <- outNewton$params
  v.ajustado \leftarrow \exp(X%*\%est)/(1+\exp(X%*\%est))
 preditor.linear=X%*%est
 desvio <- sum(-2*log(v.ajustado))</pre>
  AIC <- -2*(sum(dbinom(v,size=1,prob=v.ajustado,log=T))) + 2*p
  BIC <- -2*(sum(dbinom(y,size=1,prob=v.ajustado,log=T))) + 2*p*log(n)
  W <- diag(as.vector(v.ajustado))</pre>
 H<-diag(sqrtm(W)%*%X%*%solve(t(X)%*%W%*%X)%*%t(X)%*%solve(sqrtm(W)))
 residuos.pearson <- (y-v.ajustado)/sqrt(v.ajustado*(1-v.ajustado))
 res <- -2*log(v.ajustado)/sqrt(1-H)
  residuos <- ifelse(y-v.ajustado>0,res,-res)
 residuos.pearson.p <- residuos.pearson/sqrt(1-H)
}
```

```
I=t(X)%*%W%*%X
se=sqrt(diag(solve(I)))
z.value=est/se
p.value=pnorm(abs(z.value), lower.tail = F)
z.alpha<-qnorm(0.975)
LI=est-z.alpha*se
LS=est+z.alpha*se
saida<-list(out=outNewton$out, est=est, iter=outNewton$iter, se=se,</pre>
            v.ajustado=v.ajustado, preditor.linear=preditor.linear,
            z.value=z.value, p.value=p.value, LI=LI, LS=LS,
            AIC=AIC, BIC=BIC, desvio=desvio, gl.res=(n-p),
            residuos=residuos, residuos.pearson.p=residuos.pearson.p)
return(saida)
```

■ Função geral do MLG.

```
glmLarissa = function(y, X, init, eps=1e-13, maxiter=50, ditr="Poisson", show=T){
  # Validações
 ly <- length(y)</pre>
 if(nrow(X)!=ly){stop("Número de linhas na matriz X difere do número de
                        observações em v")}
 if(ncol(X)!=nrow(init)){stop("Valores inválidos para os parâmetros iniciais")}
 if(maxiter <= 0 | maxiter %1 != 0) stop("maxiter (número máximo de iterações)
                                           precisa ser um inteiro positivo.")
 if(eps <=0 | eps > 1) stop("o erro precisa pertencer ao intervalo (0,1]")
 if(ditr!="Poisson" | ditr!="Binaria" | ditr!="Binomial") stop("Distribuição
                                                             não definida")
 if(show!=T | show!=F) stop("essa variável precisa ser T ou F")
```

```
# Outputs
out = ajusteMLG(y, X, init, eps, maxiter, ditr)
betas = round(out$est, 4)
se = round(out$se, 4)
z.value = round(out$z.value, 4)
p.value = out$p.value
T.T
       = round(out$LI, 2)
LS = round(out$LS, 2)
# Criterios
desvio = round(out$desvio,3)
desvioinf = matrix(c(desvio.out$gl.res).1.2)
AIC = round(out$AIC,3)
BIC = round(out$BIC,3)
iter = matrix(c(out$iter),1,1)
Estimativas
                 = cbind(betas,se,z.value,p.value)
colx
              = ncol(as.matrix(X))
namesx = paste0('x',1)
IC=paste0('[',LI[1],';',LS[1],"]")
if(ncol(as.matrix(X))>1){
  for(i in 2:ncol(as.matrix(X))){namesx = cbind(namesx, paste0('x',i))
  IC = rbind(IC,paste0('[',LI[i],';',LS[i],"]"))}}
```

```
Estimativas <- data frame (Estimativas .IC=IC)
dimnames(Estimativas) = list(c(namesx[1:colx]),c("Estimativas", "SE", "valor z",
                                "p-valor", "IC's"))
dimnames(desvioinf) = list(c('Desvio: '),c(" ", 'g.l'))
dimnames(iter) = list(c('Número de iterações: '),c(" "))
criteria = as.matrix(c(AIC.BIC))
dimnames(criteria) = list(c("AIC:", "BIC:"),c(" "))
 if(show==T){
  cat('\n')
  cat('-----\n')
  cat('
                         MLG
                                               \n')
  cat('-----\n')
  print(Estimativas)
  cat('-----\n')
  print(desvioinf)
  cat('-----\n')
  print(iter)
  cat('-----\n')
  cat('Critérios de seleção do Modelo \n')
  print(criteria)
  cat('-----\n')}
class(out) <- "mlg"</pre>
return(invisible(out))
```

Bernoulli

 \blacksquare Gerando dados para um modelo de dados Binários, onde Y=0,1.

```
x1=rnorm(100,10,2)
x2=rnorm(100,5,1)
x=cbind(x1,x2)
beta <- as.matrix(c(-1,2))
y=rbinom(n = 100, size = 1, prob = exp(x%*%beta)/(1+exp(x%*%beta)))</pre>
```

MLG Estimativas SE valor z p-valor TC's -1.107 0.0708 -15.6333 2.159386e-55 [-1.25;-0.97] ×1 x2 2.242 0.1177 19.0440 3.687466e-81 [2.01;2.47] g.1 Desvio: 329.583 98 Número de iterações: Critérios de seleção do Modelo ATC: 71.864 BIC: 86.285

```
fit.glm<-glm(y~x1+x2-1,family=binomial(link = "logit"))</pre>
summary(fit.glm)
Call:
glm(formula = y ~ x1 + x2 - 1, family = binomial(link = "logit"))
Deviance Residuals:
   Min
             10 Median
                              30
                                     Max
-2.1734 -0.4673 -0.1226 0.4506
                                   2.6155
Coefficients:
  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
x1 -1.1070 0.2241 -4.940 7.81e-07 ***
x2 2.2420 0.4656 4.816 1.47e-06 ***
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
   Null deviance: 138.629 on 100 degrees of freedom
Residual deviance: 67.864 on 98 degrees of freedom
AIC: 71.864
Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Poisson

■ Gerando um conjunto de dados para um modelo Poisson.

```
x=cbind(rep(1,100),runif(100,0,2))
beta<-c(1,3)
y=rpois(n=100,lambda=exp(x%*%beta))
init=solve(t(x)%*%x)%*%t(x)%*%sqrt(y)</pre>
```

MLG Estimativas SE valor z p-valor TC's 0.9983 0.0383 26.0747 3.534848e-150 [0.92;1.07] ×1 x2 3.0059 0.0222 135.6132 0.000000e+00 [2.96;3.05] g.1 Desvio: 101.633 98 Número de iterações: Critérios de seleção do Modelo ATC: 701.336 BIC: 715.757

```
fit.glm<-glm(y~x-1,family=poisson(link = "log"))</pre>
summary(fit.glm)
Call:
glm(formula = y \sim x - 1, family = poisson(link = "log"))
Deviance Residuals:
    Min
               10 Median
                                  30
                                          Max
-2.06475 -0.78880 -0.01273 0.72430 2.53309
Coefficients:
  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
x1 0.99830 0.03829 26.07 <2e-16 ***
x2 3.00591 0.02217 135.61 <2e-16 ***
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
   Null deviance: 205217.13 on 100 degrees of freedom
Residual deviance: 101.63 on 98 degrees of freedom
AIC: 701.34
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Exemplo Exposição de Bactérias

```
bacterias <-c(175,108,95,82,71,50,49,31,28,17,16,11)
exposicao<-c(1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12)
fit<-glm(bacterias~exposicao,family=poisson(link = "log"))</pre>
summarv(fit)
Call:
glm(formula = bacterias ~ exposicao, family = poisson(link = "log"))
Deviance Residuals:
   Min
             10 Median 30
                                      Max
-1.7703 -0.5715 -0.1019 0.5496 1.2794
Coefficients:
           Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 5.30557 0.06348 83.58 <2e-16 ***
exposicao -0.22890 0.01270 -18.02 <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: 393.6292 on 11 degrees of freedom
```

```
MT.G
  Estimativas
                  SE valor z
                                  p-valor
                                                   IC's
       5.3056 0.0635 83.5750 0.000000e+00 [5.18;5.43]
x1
     -0.2289 0.0127 -18.0234 6.386627e-73 [-0.25:-0.2]
x2
               g.1
Desvio: 8.422 10
Número de iterações: 13
Critérios de seleção do Modelo
AIC: 80.182
BIC: 86.122
```

```
residuos<-cbind(residuals.glm(fit),fit.mlg$residuos)
colnames(residuos)<-c("glm","mlgPoisson")
round(residuos,3)</pre>
```

```
glm mlgPoisson
   1.149
1
               1.150
  -1.770
              -1.772
3
  -0.641
              -0.641
4
   0.151
             0.151
5
   0.842
               0.842
  -0.143
              -0.143
   1.279
               1.281
8
  -0.227
              -0.227
   0.452
               0.453
9
10 -0.780
              -0.783
11 -0.061
              -0.061
12 -0.548
              -0.552
```

```
residuos<-cbind(residuals.glm(fit,type = "pearson"),fit.mlg$residuos.pearson.p)
colnames(residuos)<-c("glm","mlgPoisson")
round(residuos,3)</pre>
```

```
glm mlgPoisson
   1.166
1
               1.168
  -1.723
             -1.725
3
  -0.634
             -0.634
4
   0.151
             0.152
5
   0.856
               0.857
  -0.143
              -0.143
   1.322
               1.323
8
  -0.225
              -0.225
9
   0.459
               0.460
10 -0.757
             -0.760
11 -0.061
             -0.061
12 -0.534
              -0.537
```

```
valores.ajustados<-cbind(bacterias,fit$fitted.values,fit.mlg$v.ajustado)
colnames(valores.ajustados)<-c("bacterias","glm","mlgPoisson")
valores.ajustados</pre>
```

	bacterias	glm	mlgPoisson
1	175	160.24051	160.24051
2	108	127.45716	127.45716
3	95	101.38091	101.38091
4	82	80.63955	80.63955
5	71	64.14163	64.14163
6	50	51.01900	51.01900
7	49	40.58110	40.58110
8	31	32.27868	32.27868
9	28	25.67484	25.67484
10	17	20.42206	20.42206
11	16	16.24394	16.24394
12	11	12.92062	12.92062

Referência

■ Agresti, A. (2015). Foundations of Linear and Generalized Linear Models. Wiley series in probability and statistics.