Hausübung 4

Reutterer Maximilian, Sattler Lukas, Weinzierl Jakob

2023-11-26

Für alle Beispiele gelten folgende Aufgabenstellungen: • Überprüfen Sie alle erforderlichen statistischen Voraussetzungen für die Gültigkeit dieses Modells mtihilfe der quality plots der Residuen und gegebenenfalls Scatterplots. • Führen Sie eine Modellselektion durch und wählen anhand statistischer Kriterien ein optimales Modell aus. Argumentieren Sie anhand Kriterien für die Signifkanz von Koeffizienten und gegebenenfalls zusätzlich von Modellen. • Schreiben Sie das Regressionsmodell und die angepasste Modellgleichung des optimalen Modells explizit an. • Interpretieren Sie die Werte die Koeffizienten im Sachzusammenhang.

Datentransformation

Wählen Sie den Datensatz UN aus der library car. Filtern Sie erst 'NA' mit der Funktion na.omit. Erklären Sie dann infant mortality durch gross domestic product. Explorieren Sie die Daten, bevor Sie ein Modell anpassen.

Folgende Vorraussetzungen müssen für ein lineares Regressionmodell erfüllt sein. Das Modell hat keinen systematischen Fehler. Die Fehlervarianz ist fur alle Beobachtungen gleich groß (homoskedastisch). Die Komponenten des Fehlerterms sind nicht korreliert. Der Modellfehler sei normalverteilt.

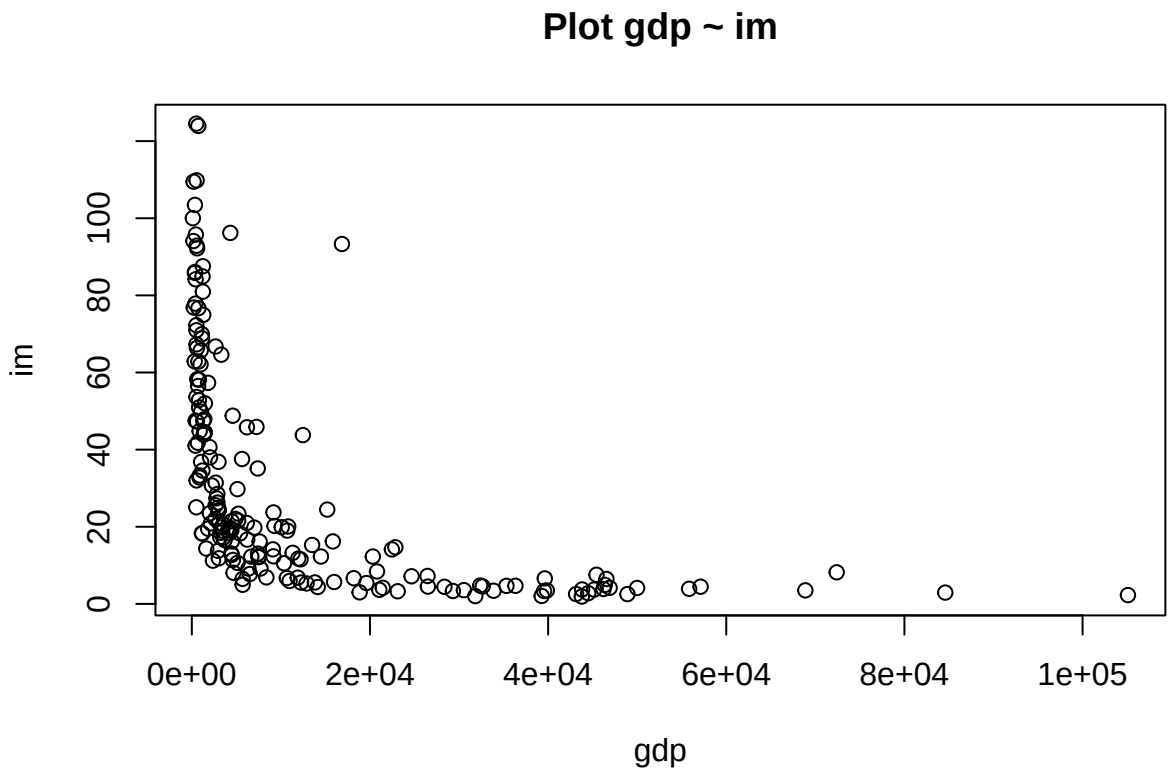
Um dies zu überprüfen, werden aus dem Datensatz "UN" zuerst alle NA-Werte verworfen, eine lineare Regression erstellt und mittels diverser Plots überprüft.

```
library(car)
summary(UN)
```

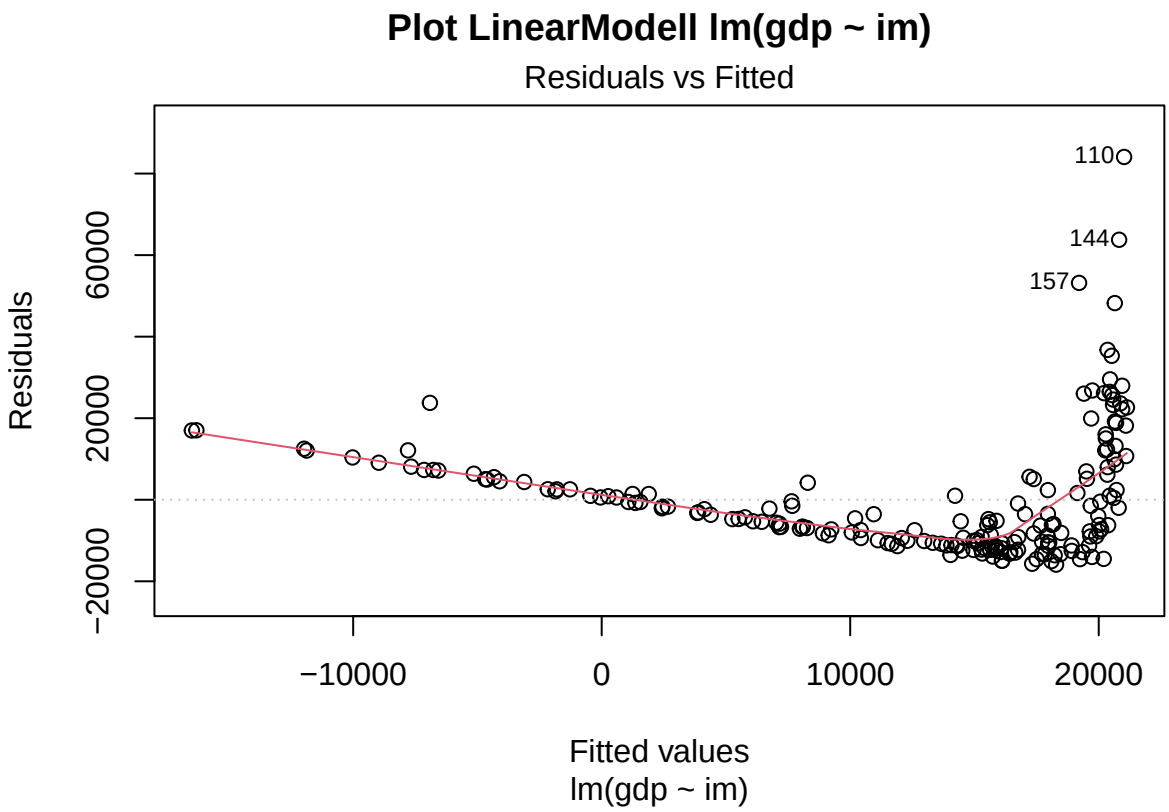
```
##         region      group       fertility         ppgdp
##  Africa    :53   oecd  : 31   Min.   :1.134   Min.   :   114.8
##  Asia      :50   other :115   1st Qu.:1.754   1st Qu.:  1283.0
##  Europe    :39   africa: 53   Median :2.262   Median :  4684.5
##  Latin Amer:20   NA's  : 14   Mean   :2.761   Mean   : 13012.0
##  Caribbean :17                3rd Qu.:3.545   3rd Qu.: 15520.5
##  (Other)   :20                Max.   :6.925   Max.   :105095.4
##  NA's      :14                NA's   :14      NA's   :14
##     lifeExpF        pctUrban      infantMortality
##  Min.   :48.11   Min.   : 11.00   Min.   :  1.916
##  1st Qu.:65.66   1st Qu.: 39.00   1st Qu.:  7.019
##  Median :75.89   Median : 59.00   Median : 19.007
##  Mean   :72.29   Mean   : 57.93   Mean   : 29.440
##  3rd Qu.:79.58   3rd Qu.: 75.00   3rd Qu.: 44.477
##  Max.   :87.12   Max.   :100.00   Max.   :124.535
##  NA's   :14      NA's   :14       NA's   :6
```

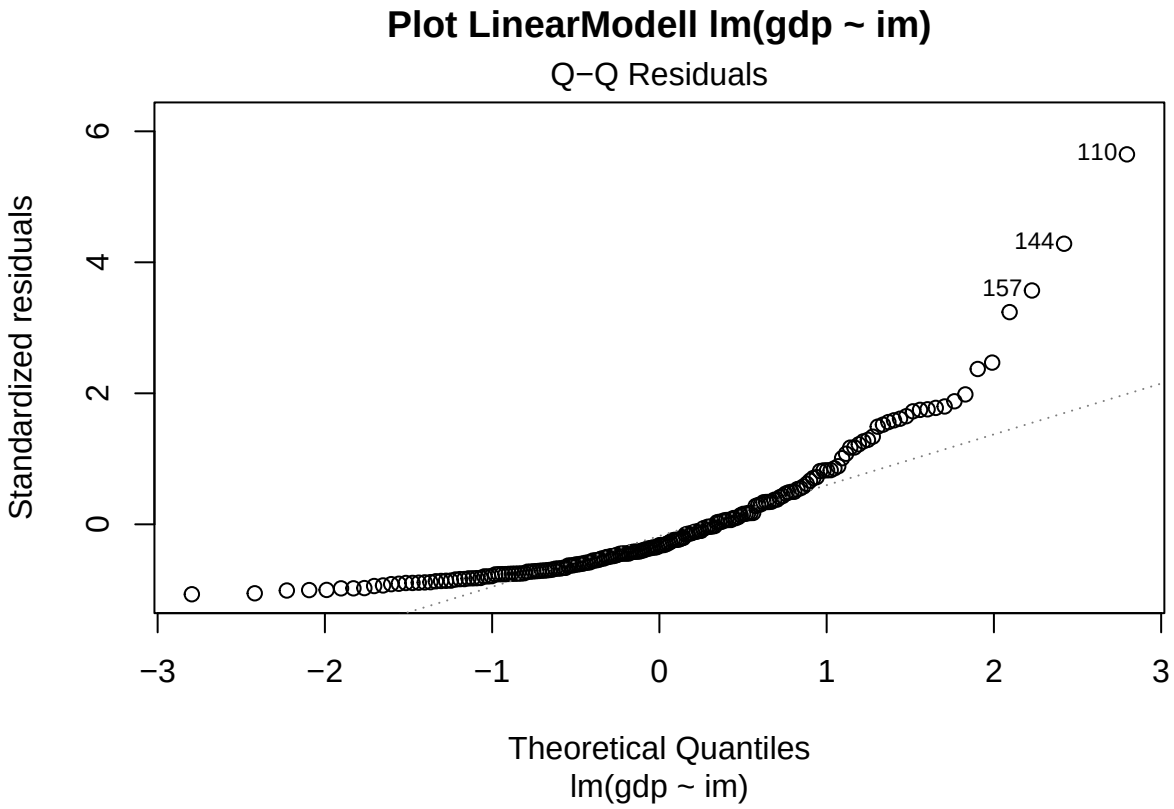
```
df <- data.frame(UN)
invisible(na.omit(df))
```

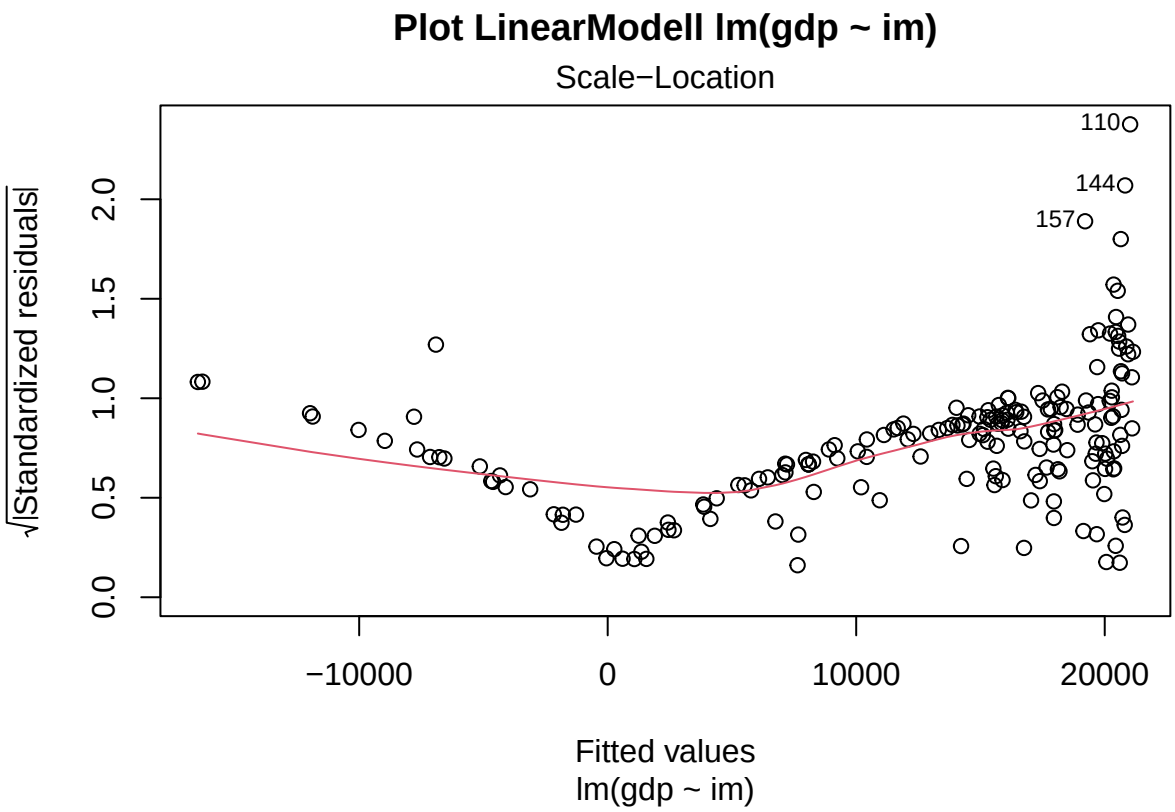
```r
gdp <- df$ppgdp
im <- df$infantMortality
plot(im ~ gdp, main = "Plot gdp ~ im")
```

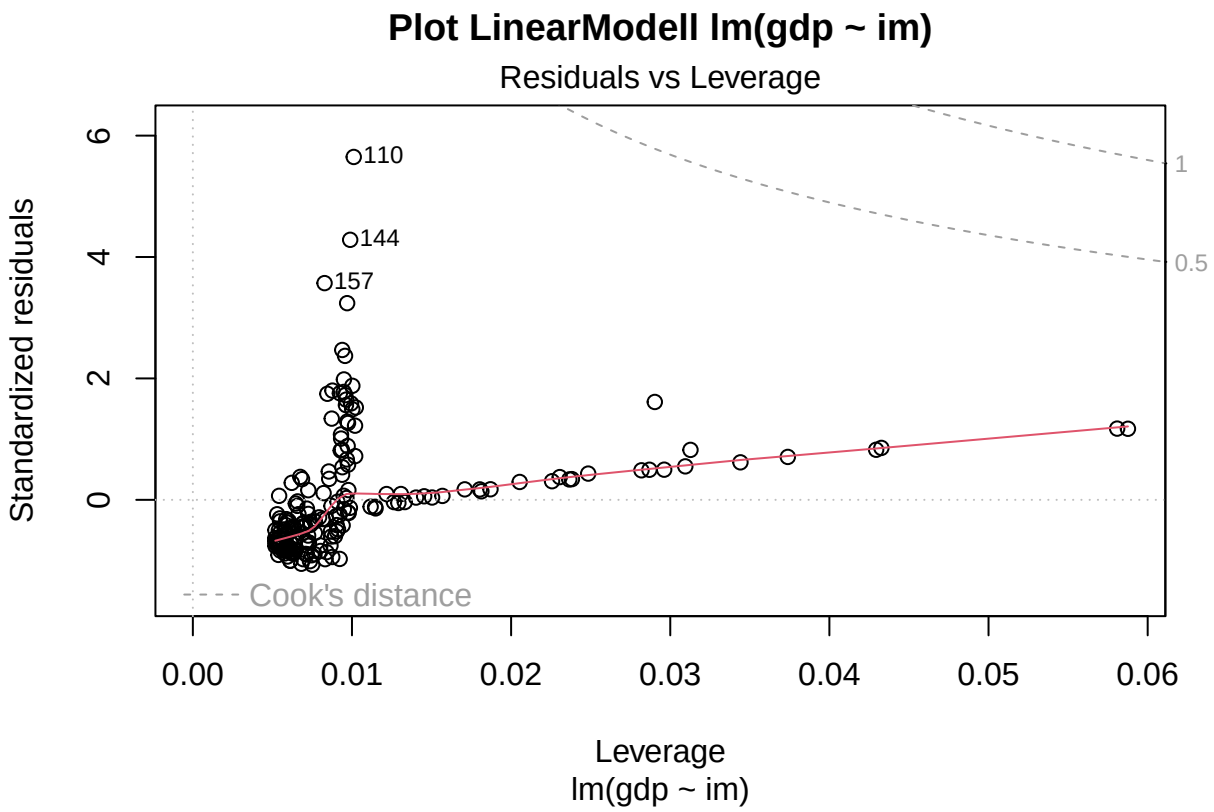



```r
#boxplot(gdp~im, main = "Boxplot gdp ~ im")
fmB <- lm(gdp ~ im)
plot(lm(formula = gdp~im),main = "Plot LinearModell lm(gdp ~ im)")
```


Plot LinearModell lm(gdp ~ im)
Residuals vs Fitted
Residuals
Fitted values
lm(gdp ~ im)
110
144
157
−20000
20000
60000
−10000
0
10000
20000


Plot LinearModell lm(gdp ~ im)
Q−Q Residuals
Standardized residuals
0
2
4
6
110
144
157
−3
−2
−1
0
1
2
3
Theoretical Quantiles
lm(gdp ~ im)


Plot LinearModell lm(gdp ~ im)
Scale−Location
√|Standardized residuals|
0.0
0.5
1.0
1.5
2.0
110
144
157
−10000
0
10000
20000
Fitted values
lm(gdp ~ im)



Auf den Plots ist zu erkennen, dass unsere Variablen diese Kriterien nicht erfüllen.

Residuals vs fitted: Überprüfung der Linearisitätsannahme und Homoskedastizität (konstante Varianz der Fehler). Anhand des Modells kann man erkennen, das die Residuen einen systematischen Fehler beinhalten. Dhaer ist ein linerares Modell im ersten Schritt nciht zulässig.

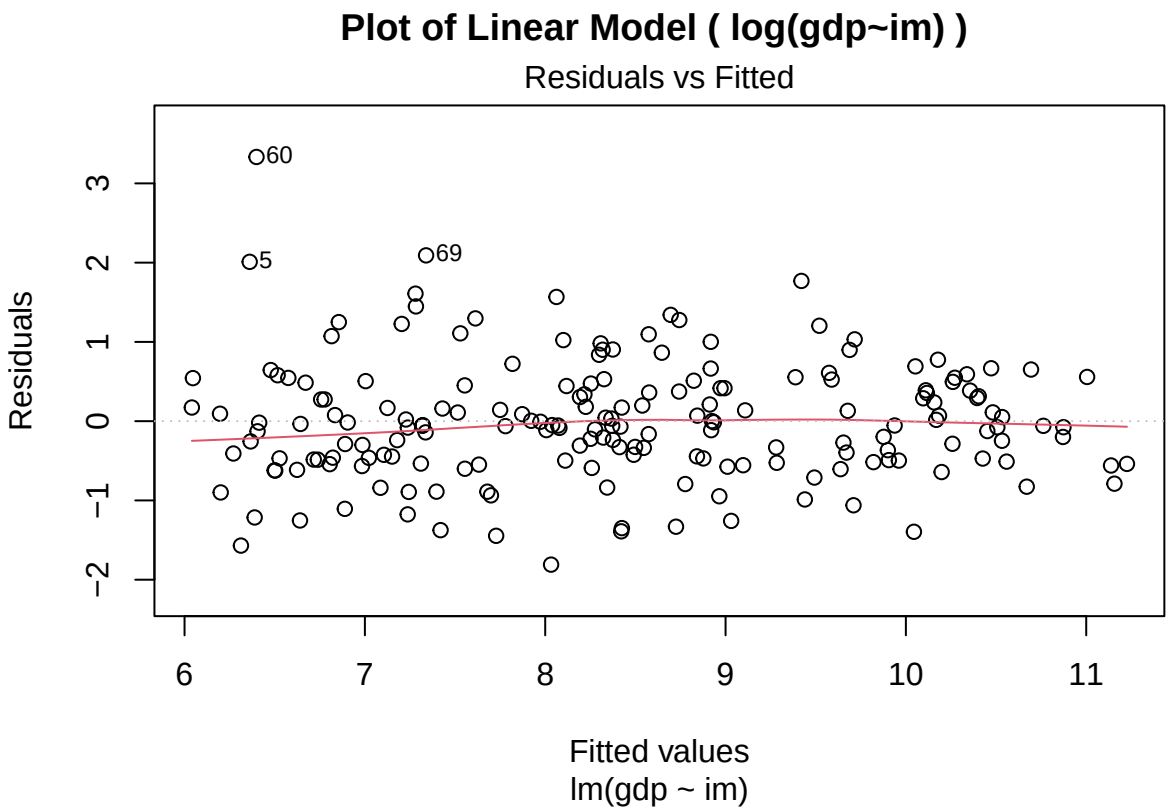
QQPlot: Überprüfung der Normalverteilungsannahme der Residuen. Hier kann man erkennen, dass die Residuen keiner Normalverteilung folgen, wodurch das Modell nciht gülitg ist.

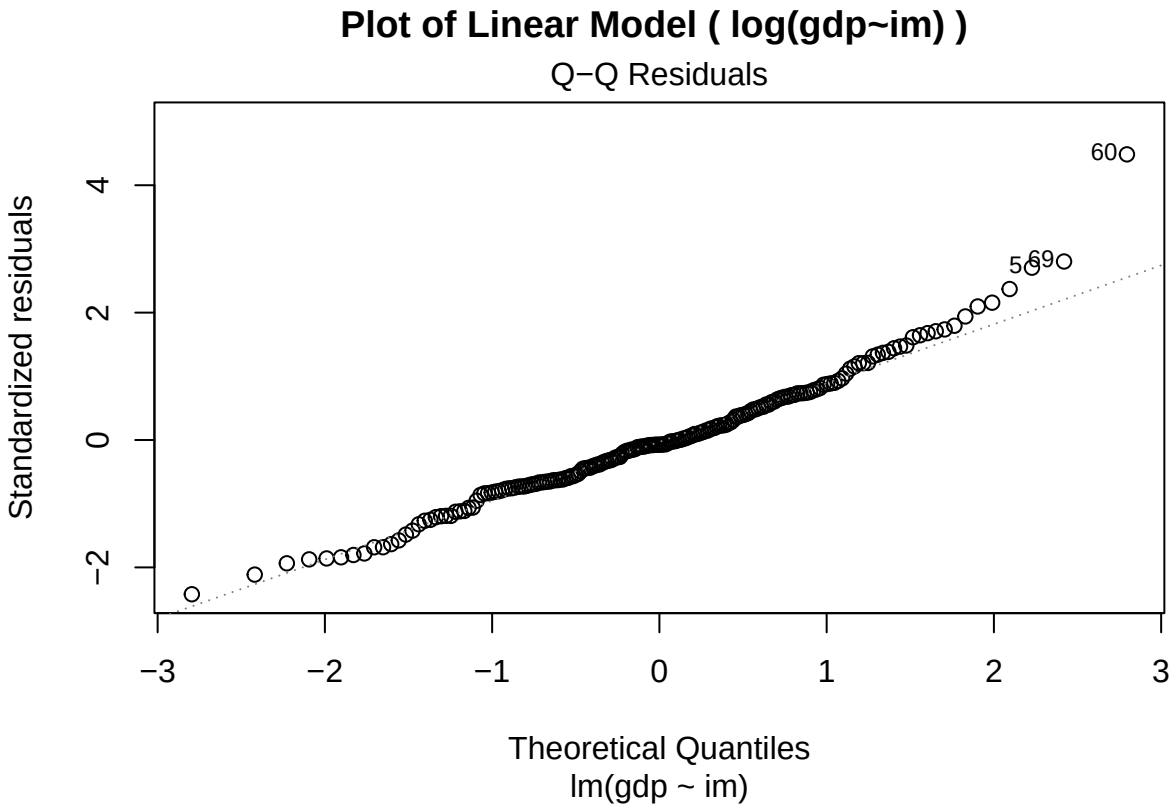
Scal-Location-Plot: Überprüfung der Homoskedastizität. Man kann erkennen, dass dass die Daten "treichterförmig auseinanderlaufen", was für eine unterscheidliche Varianz bei bei verschieden großen und geschätzten Werten bedeutet. Daher sit auch hier ein linerares Modell ungültig.

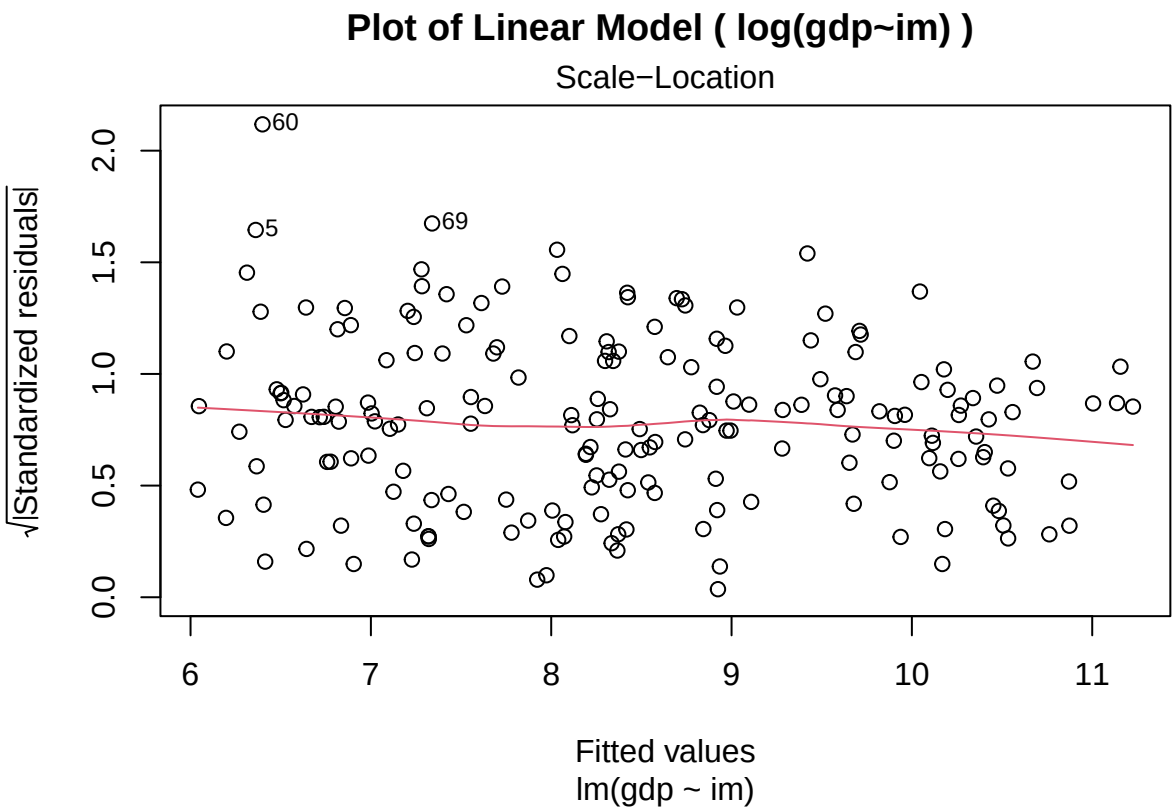
Residuals vs leverage Plot: Identifizierung von einflussreichen Datenpunkten (d.h. Punkte, die einen großen Einfluss auf die Anpassung des Modells haben). Die meisten Punkte haben eine kleine Hebelwirkung und sind konzentriert. Einige Punkte haben eine höher Leverage und könnten daher einflussreichs sein

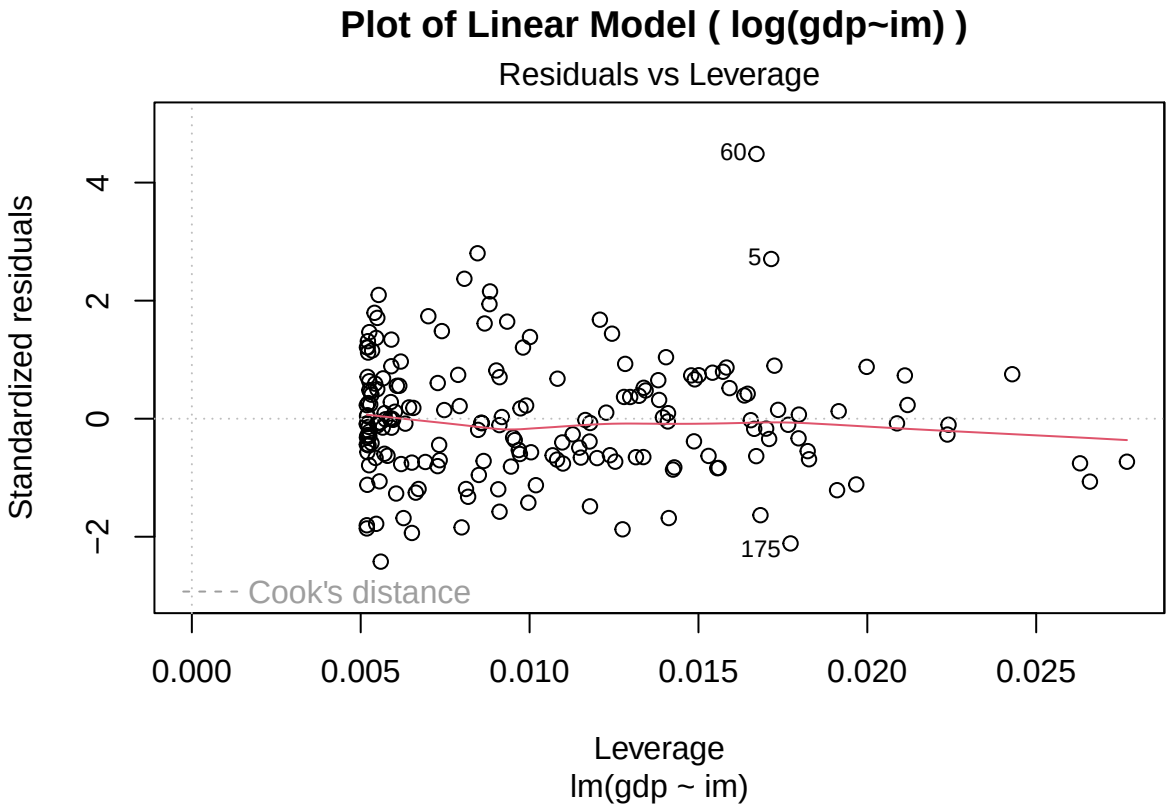
Dementsprechend werden die Daten transformiert. Auf dem Plot erkennt man, dass der Zusammenhang in etwa einer Exponentialfunktion entspricht, weswegen wir uns dazu einschieden haben, die Daten zu logarithmieren. Ausgehend davon werden dann erneut die Residuenplots analysiert.

```
gdp <- log(df$ppgdp)
im <- log(df$infantMortality)
#boxplot(gdp~im , main = "boxplot gdp~im ")
plot(lm(formula = gdp~im), main ="Plot of Linear Model ( log(gdp~im) ) "  )
```


Plot of Linear Model (log(gdp~im))
Residuals vs Fitted
60
5
69
Residuals
3
2
1
0
−1
−2
6
7
8
9
10
11
Fitted values
lm(gdp ~ im)


Plot of Linear Model (log(gdp~im))
Q−Q Residuals
Standardized residuals
4
2
0
−2
60
59
58
−3
−2
−1
0
1
2
3
Theoretical Quantiles
lm(gdp ~ im)


Plot of Linear Model (log(gdp~im))
Scale−Location
√|Standardized residuals|
0.0
0.5
1.0
1.5
2.0
60
5
69
6
7
8
9
10
11
Fitted values
lm(gdp ~ im)



Residuals vs fitted: Überprüfung der Linearisitätsannahme und Homoskedastizität (konstante Varianz der Fehler). Das logarithmierte Modell hat keinen systematischen Fehler mehr in den Residuals und ist daher dsbbzgl. geeignet.

QQPlot: Überprüfung der Normalverteilungsannahme der Residuen. Die Residuen-Fehler approximeiren in Annäherung eine Normalverteilung und ist daher dsbbzgl. geeignet.

Scal-Location-Plot: Überprüfung der Homoskedastizität. Im Scale-Location plot ist Homoskedastizit gegeben , Daher ist das Modell auch dsbbzgl. geeignet.

Residuals vs leverage Plot: Identifizierung von einflussreichen Datenpunkten (d.h. Punkte, die einen großen Einfluss auf die Anpassung des Modells haben). Die meisten Punkte sind nahe der y-Achse un haben keine große Hebelwirkung. Es sind keine Punkte ausserhalb der Cooks-Distance.

** Ergebnis ** Ausgehend von den Residuenplots entschließen wir uns daher, dieses lineare Modell zu behalten, und modellieren den lienaren Zusammenhang aus dem Output der Summarys des Modell Durch den Output der Summarys erhalten wir folgende Kennzahlen zu dem Modell:

```
summary(lm(formula = gdp~im))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = gdp ~ im)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -1.8099 -0.4860 -0.0552  0.4436  3.3333
##
```

```
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 12.03359    0.15445   77.91   <2e-16 ***
## im          -1.24220    0.04965  -25.02   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.7495 on 191 degrees of freedom
##   (20 Beobachtungen als fehlend gelöscht)
## Multiple R-squared:  0.7662, Adjusted R-squared:  0.765
## F-statistic: 625.9 on 1 and 191 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
fmA <- lm(gdp ~ im)
summary(fmA)
```

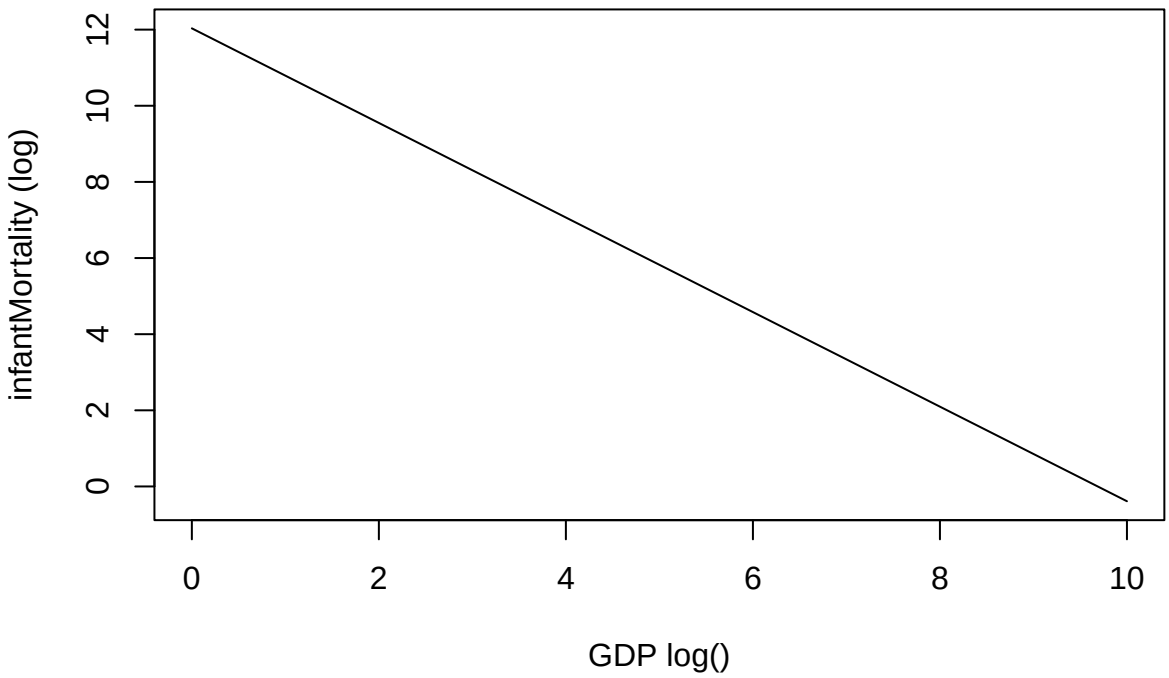
```
##
## Call:
## lm(formula = gdp ~ im)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -1.8099 -0.4860 -0.0552  0.4436  3.3333
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 12.03359    0.15445   77.91   <2e-16 ***
## im          -1.24220    0.04965  -25.02   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.7495 on 191 degrees of freedom
##   (20 Beobachtungen als fehlend gelöscht)
## Multiple R-squared:  0.7662, Adjusted R-squared:  0.765
## F-statistic: 625.9 on 1 and 191 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Der Mittlere Fehler der Residuen beträgt -0.055. Für den Intercept bzw. Alpha wird ein Wert von 12,033 mit einem p-Wert von <2e-16 vorgeschlagen.Dieser p-Wert ist hochsignifikant. Für das Beta (Steigungskoeffizienten)wird ein Wert von -1.24 mit einem p-Wert von <2e-16 vorgeschlagen. Damit ist auch dieser Wert hochsignifikant.

Damit erhalten wir die Parameter für die Modellierung eines linearen Zusammenhangs. Mit diesem Modell können 76,5% der Varianz (R-Squared) erklärt werden. Durch das Logarithmieren haben wir ein robustes Modell erhalten, um den Zusammenhang zwischen GDP und Infant Mortality linear darstellen zu können.

$$y(i) = alpha + beta * x$$

```
curve(12.03359 -1.24220 * x, from =0, to = 10, n=40, xlab = "GDP log()", ylab = "infantMortality (log)"
```


infantMortality (log)
0
2
4
6
8
10
12
0
2
4
6
8
10
GDP log()

Schweiz

Wir kehren zurück zu den Variablen "Fertility", "Agriculture", "Education", "Catholic" und "Infant. Mortality" aus dem R Datensatz swiss des R package utils. Passen Sie für die oben genannten Variablen ein Modell an, das Education durch die übrigen Variablen erklärt, soweit dies zulässig ist.

```
library(ggplot2)
library(GGally)

Swiss <- swiss
str(Swiss)
```

```
## 'data.frame':    47 obs. of  6 variables:
##  $ Fertility       : num  80.2 83.1 92.5 85.8 76.9 76.1 83.8 92.4 82.4 82.9 ...
##  $ Agriculture     : num  17 45.1 39.7 36.5 43.5 35.3 70.2 67.8 53.3 45.2 ...
##  $ Examination     : int  15 6 5 12 17 9 16 14 12 16 ...
##  $ Education       : int  12 9 5 7 15 7 7 8 7 13 ...
##  $ Catholic        : num  9.96 84.84 93.4 33.77 5.16 ...
##  $ Infant.Mortality: num  22.2 22.2 20.2 20.3 20.6 26.6 23.6 24.9 21 24.4 ...
```

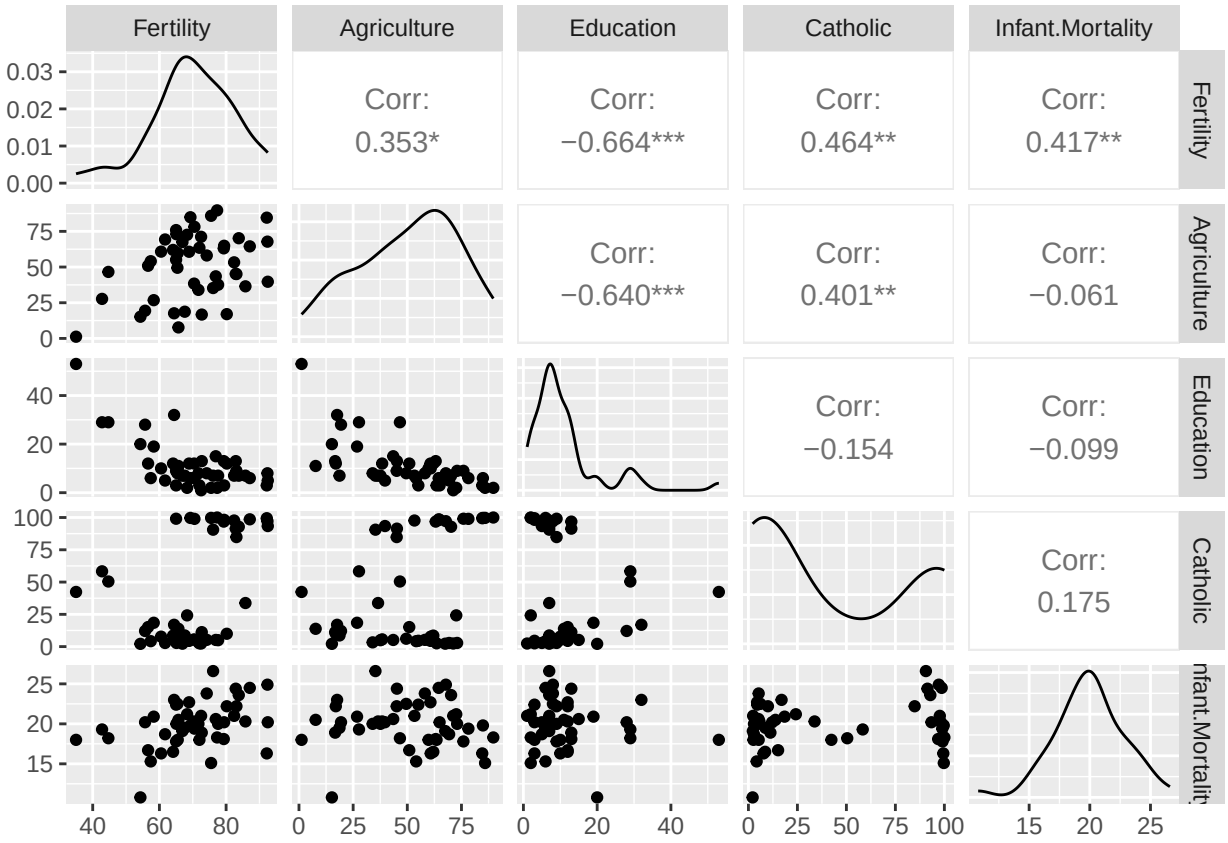
```
summary(Swiss)
```

```
##    Fertility      Agriculture     Examination      Education
##  Min.   :35.00   Min.   : 1.20   Min.   : 3.00   Min.   : 1.00
##  1st Qu.:64.70   1st Qu.:35.90   1st Qu.:12.00   1st Qu.: 6.00
##  Median :70.40   Median :54.10   Median :16.00   Median : 8.00
##  Mean   :70.14   Mean   :50.66   Mean   :16.49   Mean   :10.98
##  3rd Qu.:78.45   3rd Qu.:67.65   3rd Qu.:22.00   3rd Qu.:12.00
##  Max.   :92.50   Max.   :89.70   Max.   :37.00   Max.   :53.00
##     Catholic       Infant.Mortality
##  Min.   :  2.150   Min.   :10.80
##  1st Qu.:  5.195   1st Qu.:18.15
##  Median : 15.140   Median :20.00
##  Mean   : 41.144   Mean   :19.94
##  3rd Qu.: 93.125   3rd Qu.:21.70
##  Max.   :100.000   Max.   :26.60
```

```
Swiss <- Swiss[,-3] #remove "Examination"
str(Swiss)
```

```
## 'data.frame':    47 obs. of  5 variables:
##  $ Fertility       : num  80.2 83.1 92.5 85.8 76.9 76.1 83.8 92.4 82.4 82.9 ...
##  $ Agriculture     : num  17 45.1 39.7 36.5 43.5 35.3 70.2 67.8 53.3 45.2 ...
##  $ Education       : int  12 9 5 7 15 7 7 8 7 13 ...
##  $ Catholic        : num  9.96 84.84 93.4 33.77 5.16 ...
##  $ Infant.Mortality: num  22.2 22.2 20.2 20.3 20.6 26.6 23.6 24.9 21 24.4 ...
```

```
ggpairs(Swiss)
```



Überprüfung der Koeffizienten mittels Scatterplot Matrix.

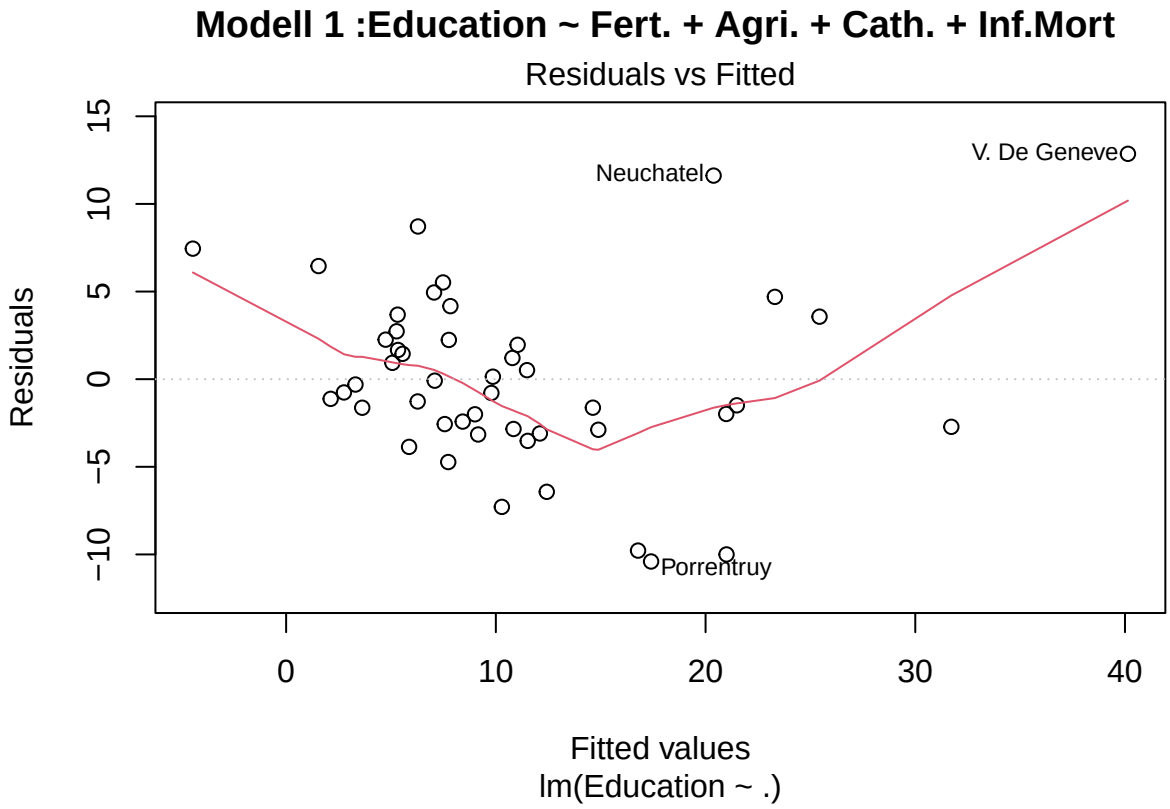
In der Scatterplot-Matrix zeigt sich, dass Education stark signifikant mit Fertility und Agriculture negativ korreliert ist. Bei Catholic und infant mortality lässt sich keine Korrelation feststellen. Es wird auch die Korrelation der Regressoren überprüft. Hier sind keine Werte über 0,5 feststellbar, weshalb wir initial alle Parameter als Regressoren modellieren und anschließend die Residuenplots überprüfen.

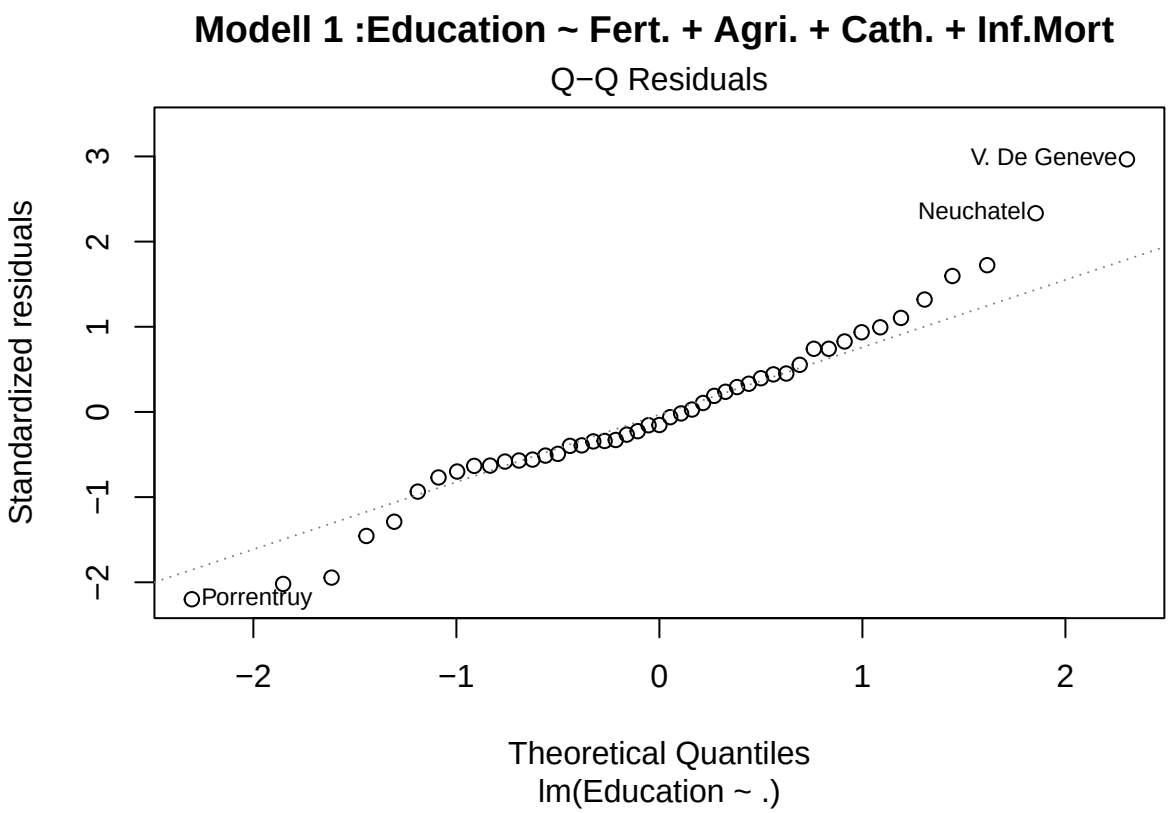
```
education_lm1 <- lm(Education ~ ., data=Swiss )
summary(education_lm1)
```

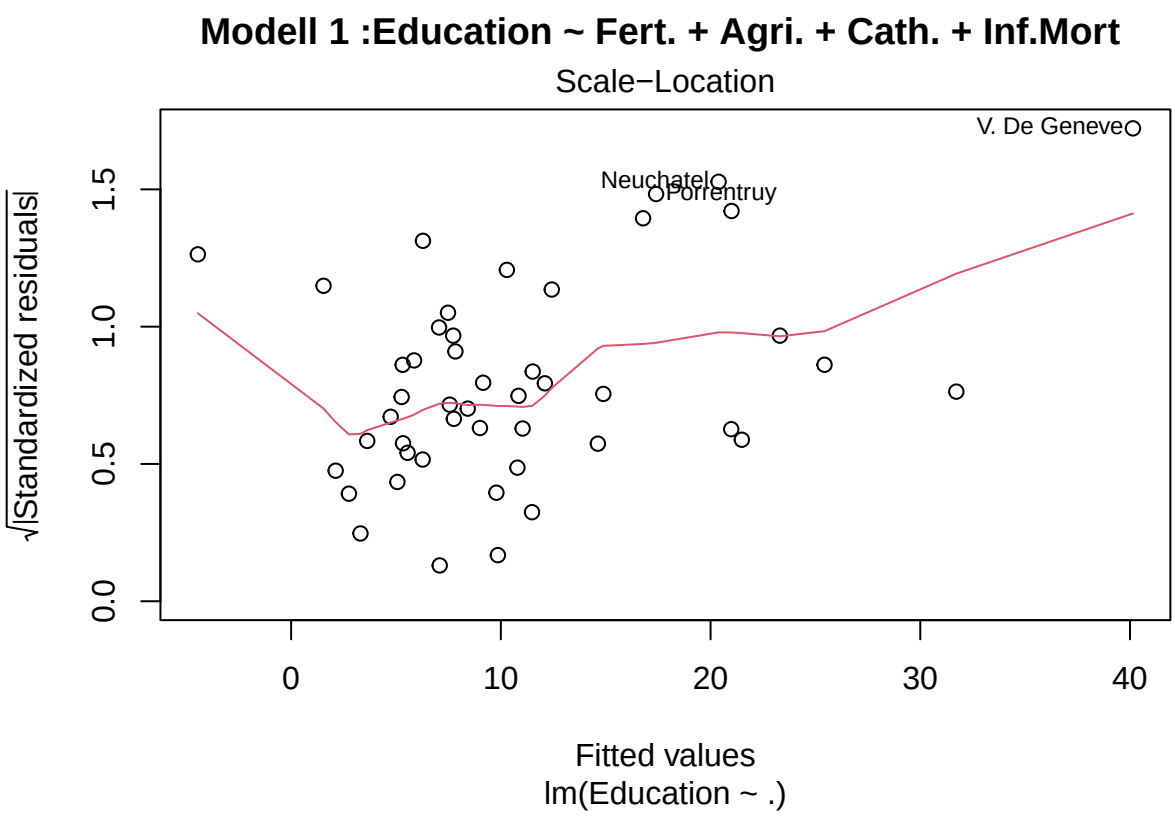
```
##
## Call:
## lm(formula = Education ~ ., data = Swiss)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -10.4029  -2.7803  -0.7571   2.4934  12.8590
##
## Coefficients:
##                  Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      49.99303    6.18641   8.081 4.31e-10 ***
## Fertility        -0.52070    0.07869  -6.617 5.14e-08 ***
## Agriculture      -0.22880    0.03906  -5.857 6.37e-07 ***
## Catholic          0.08333    0.02179   3.825 0.000428 ***
## Infant.Mortality  0.28437    0.30040   0.947 0.349243
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

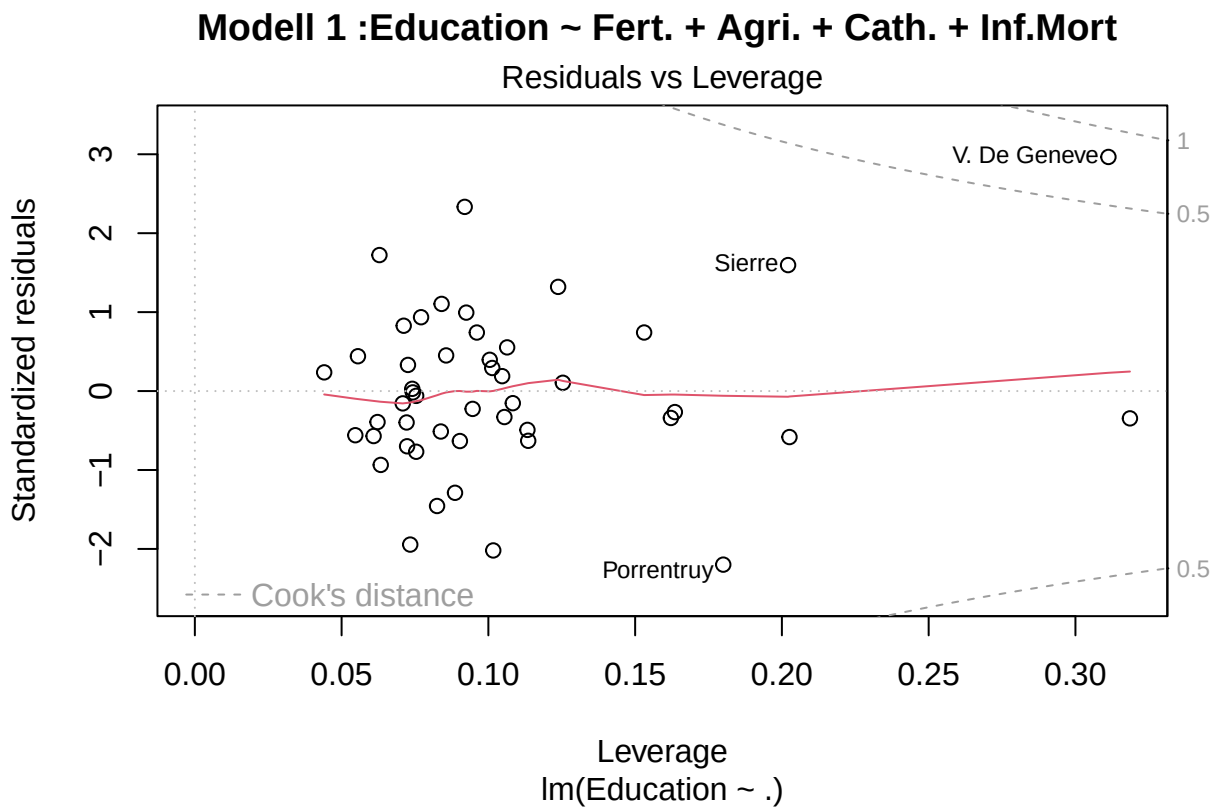
```
##
## Residual standard error: 5.224 on 42 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7305, Adjusted R-squared:  0.7048
## F-statistic: 28.46 on 4 and 42 DF,  p-value: 1.804e-11
```

```
plot(education_lm1 , main = "Modell 1 :Education ~ Fert. + Agri. + Cath. + Inf.Mort ")
```




Modell 1 :Education ~ Fert. + Agri. + Cath. + Inf.Mort
Q−Q Residuals
Standardized residuals
Theoretical Quantiles
lm(Education ~ .)
V. De Geneve
Neuchatel
Porrentruy
−2
−1
0
1
2
3


Modell 1 :Education ~ Fert. + Agri. + Cath. + Inf.Mort
Scale−Location
V. De Geneveo
Neuchatelo
Porrentruy
√|Standardized residuals|
0.0
0.5
1.0
1.5
0
10
20
30
40
Fitted values
lm(Education ~ .)



##Überprüfung der Residuen

Residuals vs fitted: Überprüfung der Linearisitätsannahme und Homoskedastizität (konstante Varianz der Fehler). Das Modell hat keinen systematischen Fehler mehr in den Residuals und ist daher dsbbzgl. geeignet. “V. De Geneve” ist als Ausreißer erkennbar

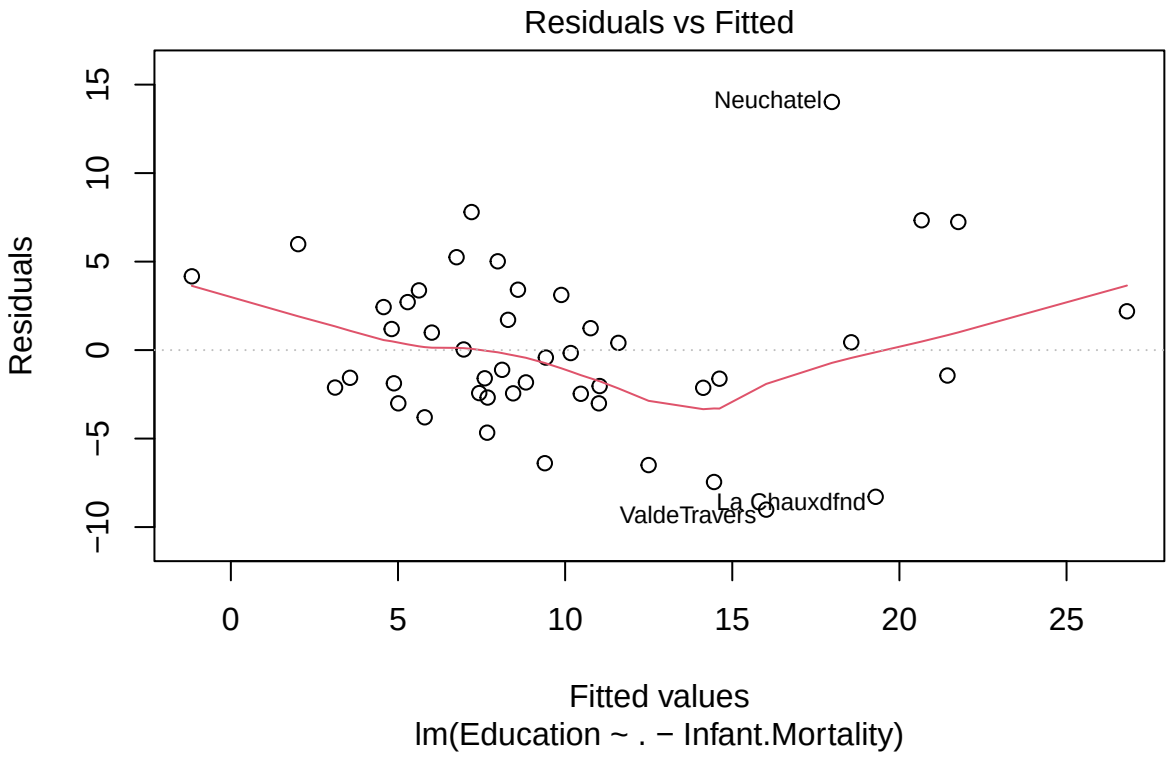
QQPlot: Überprüfung der Normalverteilungsannahme der Residuen. Die Residuen-Fehler approximieren in Annäherung eine Normalverteilung und ist daher dsbbzgl. geeignet. “V. De Geneve” ist als Ausreißer erkennbar

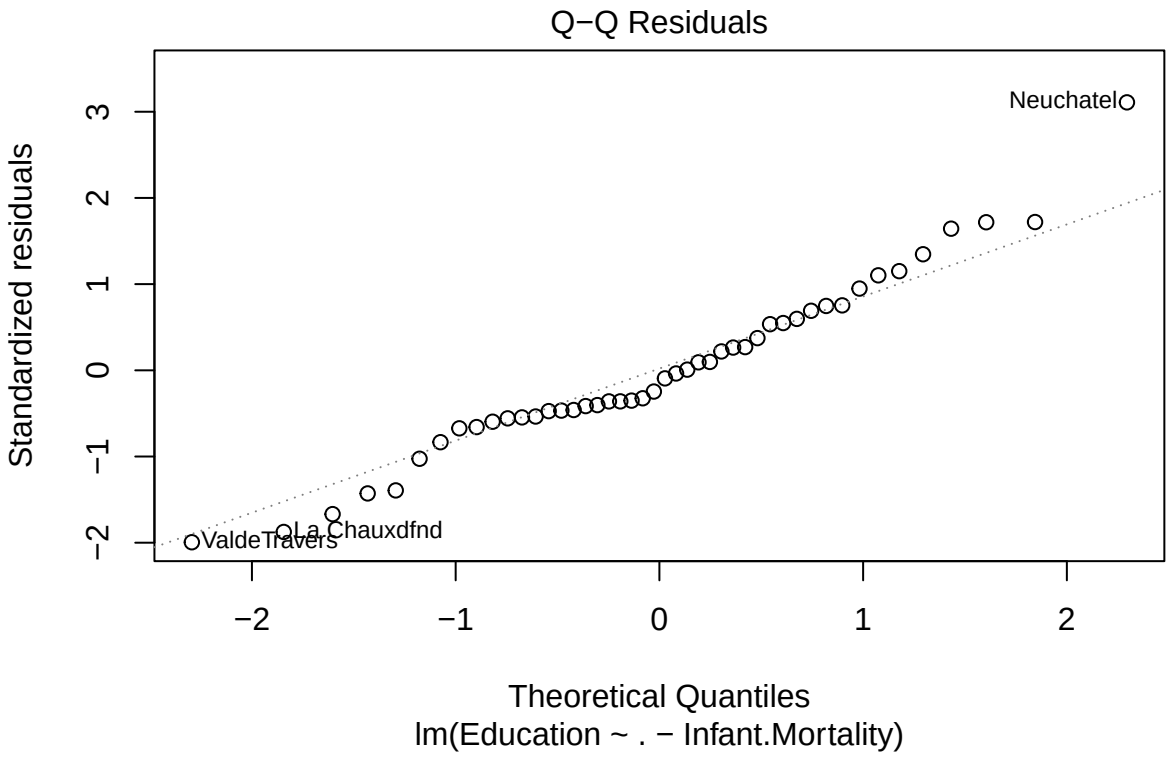
Scal-Location-Plot: Überprüfung der Homoskedastizität. Im Scale-Location plot ist Homoskedastizit gegeben. Es leigt eine Punktwolke vor. Daher ist das Modell auch dsbbzgl. geeignet.

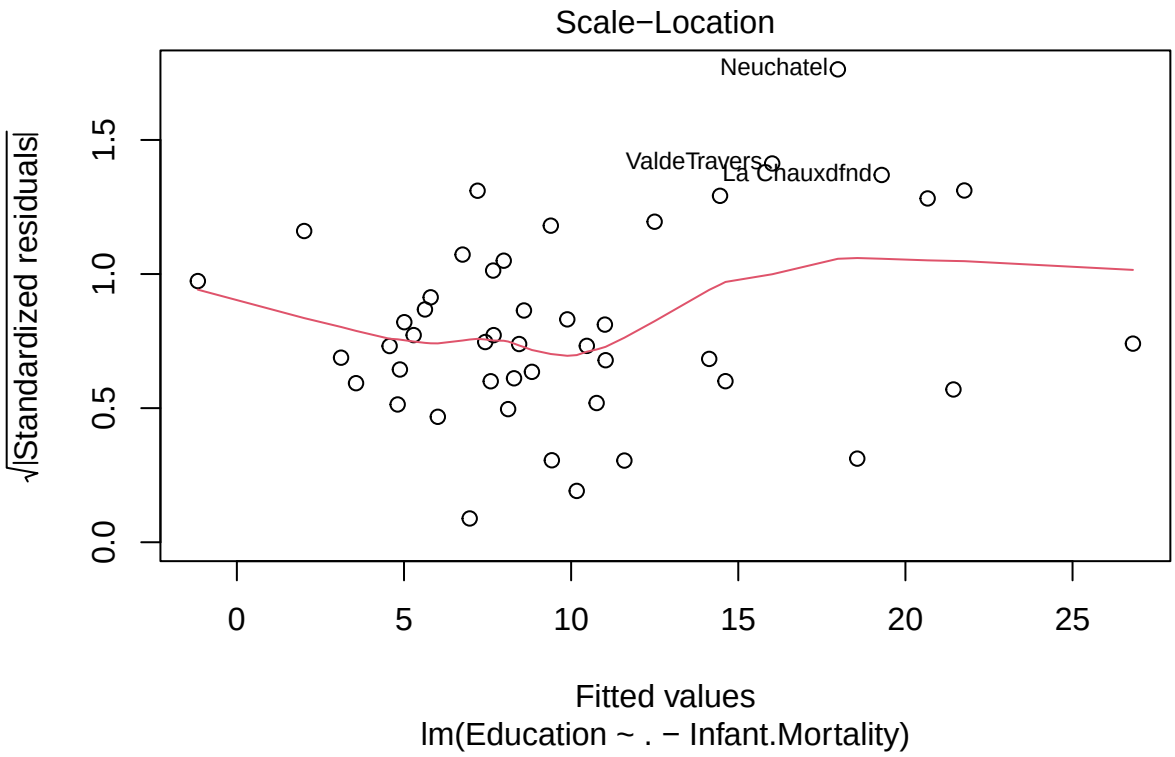
Residuals vs leverage Plot: Identifizierung von einflussreichen Datenpunkten (d.h. Punkte, die einen großen Einfluss auf die Anpassung des Modells haben). Die meisten Punkte sind nahe der y-Achse un haben keine große Hebelwirkung. “V. De Geneve” leigt ausserhalb der Cooks-Distance.

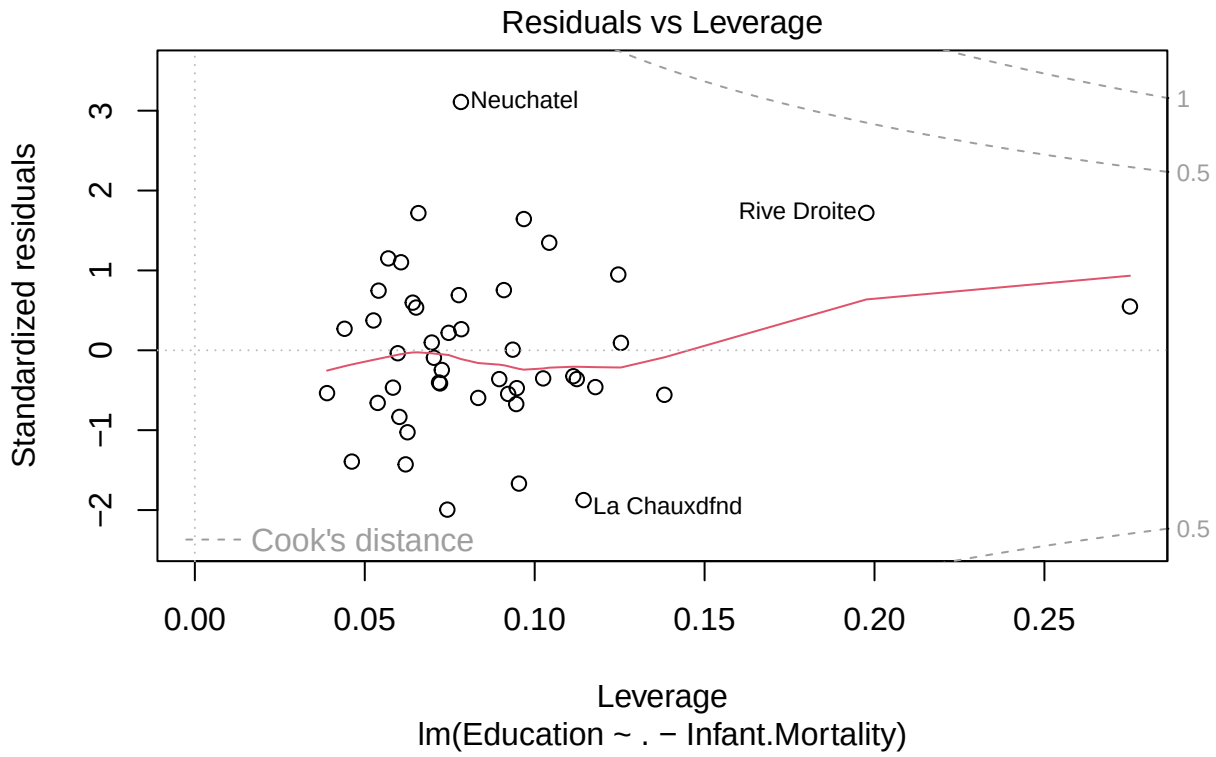
Aus der Summary erkennt man, dass alle Regressoren ausser Infant Mortality signifikant sind. Der Punkt “V. De Geneve” ist ind der Residuenplot als Ausreißer erkennbar und wird daher entfernt. Infant Mortality wird ebenfalls als Regressor entfernt.

```
education_lm2 <- lm(Education ~ . -Infant.Mortality, data=Swiss[-c(45),])
plot(education_lm2)
```


Residuals vs Fitted
Residuals
Fitted values
lm(Education ~ . − Infant.Mortality)
Neuchatel
La Chauxdfnd
ValdeTravers
15
10
5
0
−5
−10
0
5
10
15
20
25


Q−Q Residuals
Standardized residuals
Theoretical Quantiles
lm(Education ~ . − Infant.Mortality)
Neuchatel
La Chauxdfnd
ValdeTravers
−2
−1
0
1
2
3


Scale−Location
Neuchatel
ValdeTravers
La Chauxdfnd
√|Standardized residuals|
0.0
0.5
1.0
1.5
0
5
10
15
20
25
Fitted values
lm(Education ~ . − Infant.Mortality)




```
summary(education_lm2)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Education ~ . - Infant.Mortality, data = Swiss[-c(45),
##     ])
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -9.0144 -2.4407 -0.7688  2.6409 14.0202
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 45.26863    4.91660   9.207 1.24e-11 ***
## Fertility   -0.38468    0.07120  -5.403 2.86e-06 ***
## Agriculture -0.20240    0.03566  -5.676 1.16e-06 ***
## Catholic     0.06188    0.02070   2.989  0.00466 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 4.697 on 42 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.6216, Adjusted R-squared:  0.5945
## F-statistic: 22.99 on 3 and 42 DF,  p-value: 5.776e-09
```

Wir bekommen nun mit summary die Multiple Regression (ohne Infant.Mortality und "V. De Geneve"):

Das R^2 ist 62.16% und damit niedriger als jenes der ersten Anpassung, bei der Infant Mortality und "V. De Geneve" nicht entfernt wurden. Wir wählen daher education_lm1 als Modell aus, welches mit 73.05% eine bessere Modellanpassung hat.

Das bedeutet unser Modell ist: Education = 49.99 + (-0.52) * Fertility + (-0.23) * Agriculture + 0.08 * Catholic + 0.28 * Infant.Mortality mit R^2 = 73.05%

Die Aussage dieser Formel ist, dass die Education (% der Wehrpflichtigen mit mehr als Grundschulausbildung) theoretisch bei 49.99% läge, wenn alle anderen Werte Null sind (= Intercept bzw. alpha). ##Interpretation

Die Werte für Katholizismus und Säuglingssterblichkeit spielen eine untergeordnete Rolle. Es zeigt sich daher, man über die Geburtenrate und die Beschäftigungsrate in der Landwirtschaft Vorhersagen zur formalen Ausbildung der männlichen Wehrpflichtigen in der Schweiz im Untersuchungszeitraum treffen. Höhere Beschäftigung in der Landwirtschaft geht meist mit einem geringeren Urbanisierungsgrad und einer geringeren Entwicklung einer Region einher. Auch in anderen Ländern zeigt sich, dass die Geburtenrate negativ mit dem Einkommen korreliert ist und das Einkommen positiv mit der Ausbildung.

#Ergänzung SS24

Ausghehend von unserem einfachen logtischen RFegressionsmodell bilden wir mittels RIDGE und LASSO ebenfalls lineare Regressionsmodelle. To find a better linear model for our data, we can use Ridge Regression or LASSO. Ridge regression works by penalizing the sum of squared coefficients. This also means, the coefficients will never be fully discarded, as they won't reach zero.

LASSO uses absolute values of the coefficents to penalize them, so the values will reach zero fast(er) and then be discarded – this means, it performs feature selection.

In general, RR is used for multicollinear Data, when you want to keep all regressors, while LASSO is used when you want to perform feature selection and only keep relevant coefficients.

Cross validation is then used, to split the data into multiple chunks, and then iteratively, some will be used to train the model, while others to test the trained model. The variable which is "trained" is lambda, a factor for the penalty. We supply a range of numbers to lambda.

In the end, a linear model of the parameters is received.

Load Libraries and Datasets

```
library(glmnet)
library(dplyr)

swiss_df <- swiss
lambda.grid <- 10^seq(10, -2, length=100) # 10^10 bis 10^-2 in 100 stufen
```

Data Preparation

```
# Data prep USA
#unabhängige variablen
X <- swiss_df %>% dplyr::select(-Examination, -Education) %>% as.matrix()
#abhängige variable
Y <- swiss_df %>% dplyr::select(Education) %>% as.matrix()

head(X)
```

```
##              Fertility Agriculture Catholic Infant.Mortality
## Courtelary        80.2        17.0     9.96             22.2
## Delemont          83.1        45.1    84.84             22.2
## Franches-Mnt      92.5        39.7    93.40             20.2
## Moutier           85.8        36.5    33.77             20.3
## Neuveville        76.9        43.5     5.16             20.6
## Porrentruy        76.1        35.3    90.57             26.6
```

```
head(Y)
```

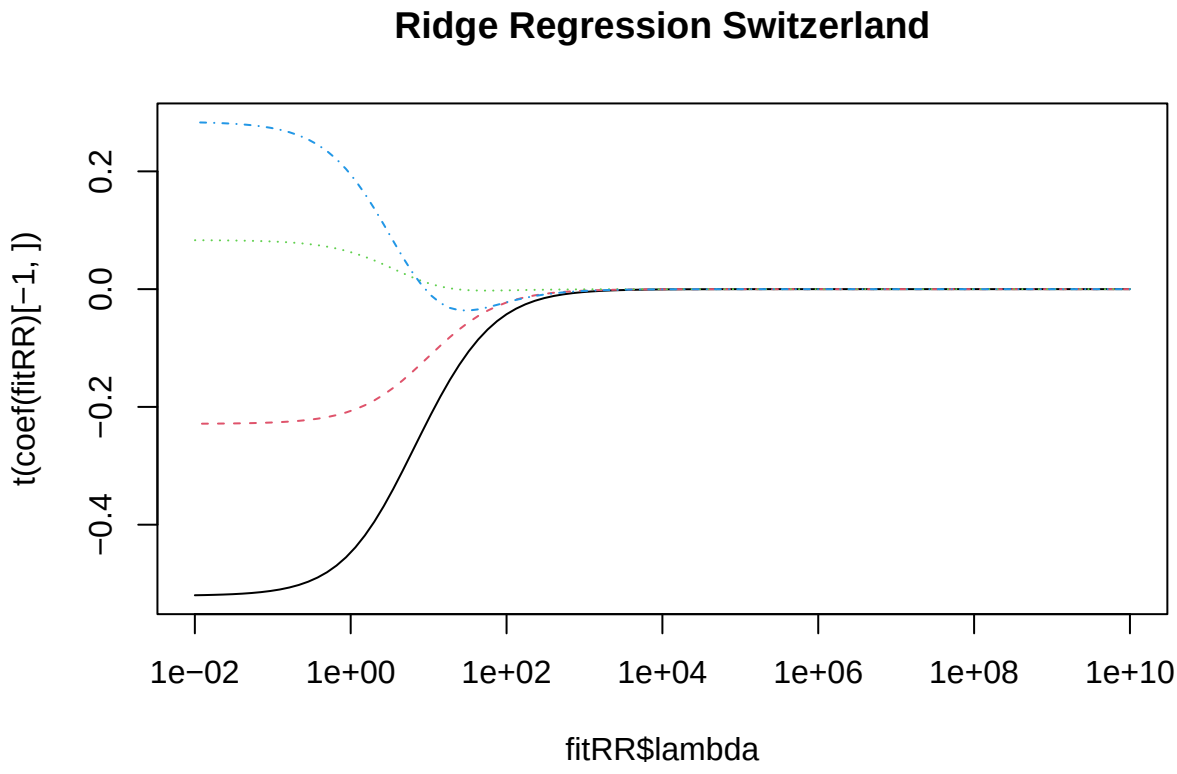
```
##              Education
## Courtelary          12
## Delemont             9
## Franches-Mnt         5
## Moutier              7
## Neuveville          15
## Porrentruy           7
```

```
fitRR <- glmnet::glmnet(x=X, y=Y, alpha = 0, lambda = lambda.grid) #alpha = zero->ridge regression
dim(coef(fitRR)) #zur kontrolle, zeigt welche dimensions (inkl. intercept) wir haben
```

```
## [1]   5 100
```

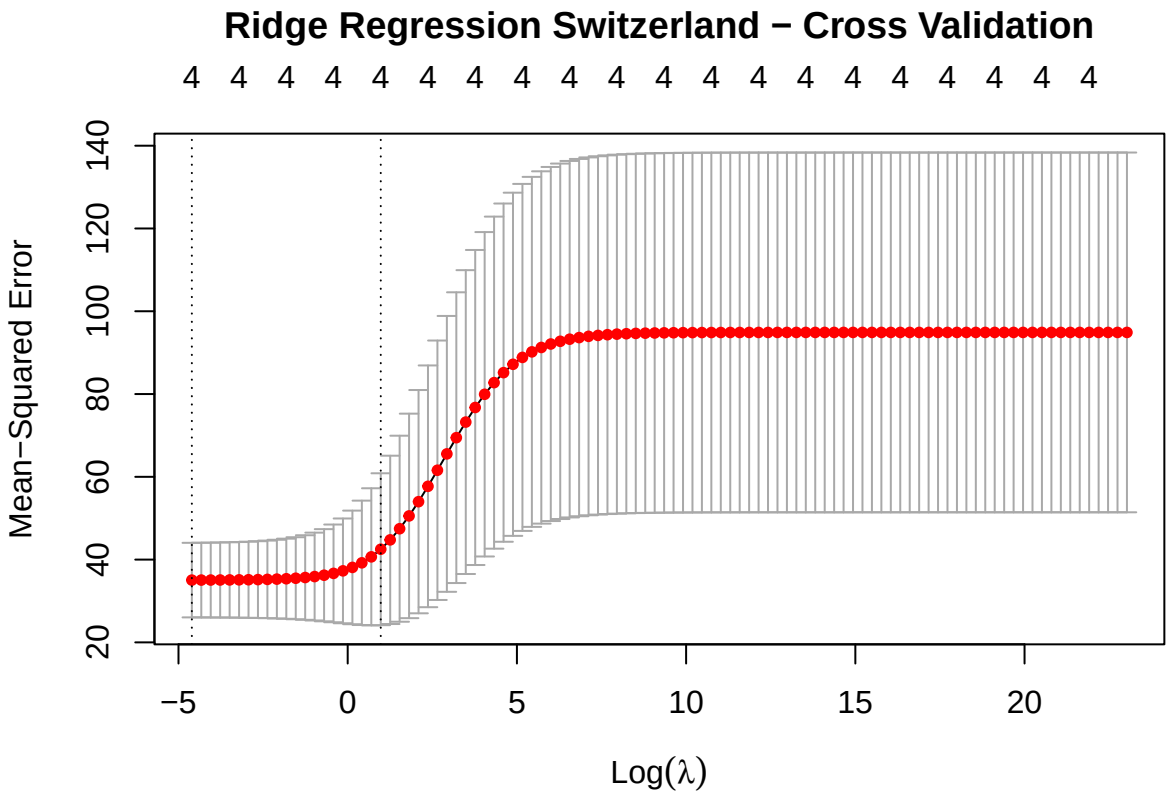
Daten Plotten:

```
matplot(fitRR$lambda, t(coef(fitRR)[-1, ]), type="l", log="x", main="Ridge Regression Switzerland")
```



Cross Validation

```
fitRR_cv <- cv.glmnet(x=X, y=Y, alpha = 0, lambda = lambda.grid)
fitRR_cv_min <- fitRR_cv$lambda.min
fitRR_cv_1se <- fitRR_cv$lambda.1se

#plotting
plot(fitRR_cv, type="l")
title("Ridge Regression Switzerland - Cross Validation", line=2.5)
```



In the row above the graph, it shows the number of regressors that are kept. So as can be seen here, none of them are discarded.

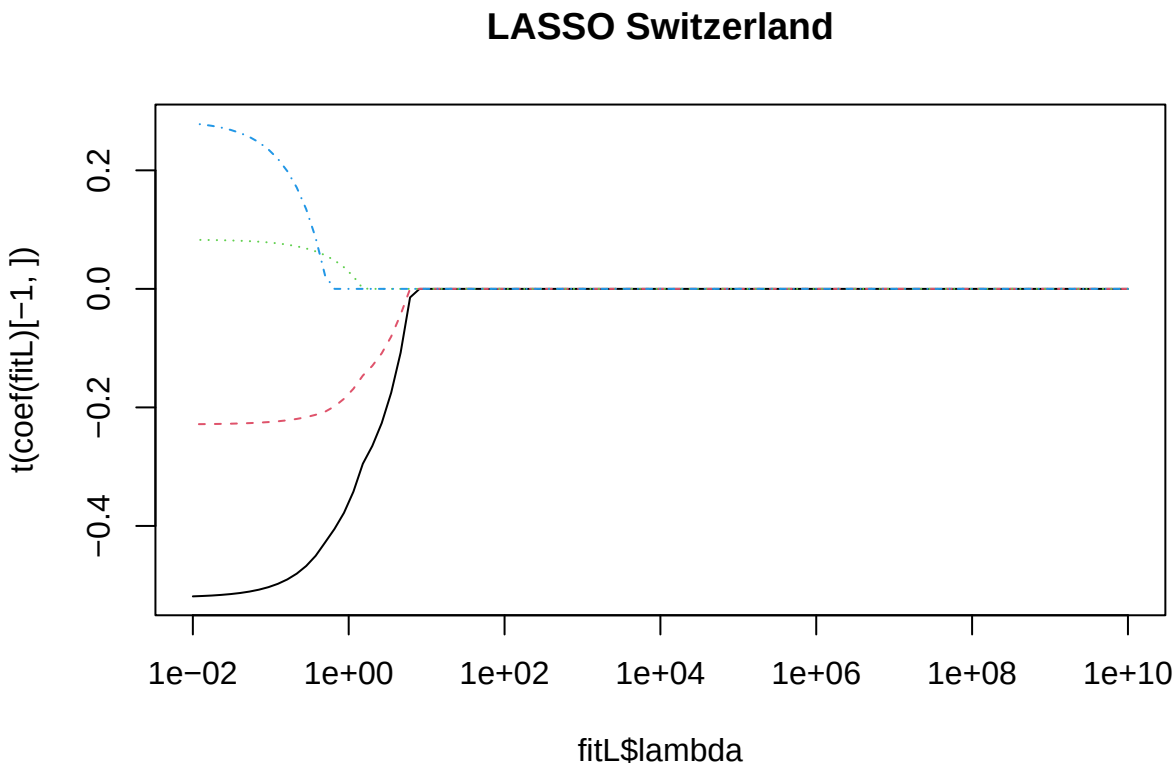
Swiss – LASSO

```
fitL <- glmnet(x=X, y=Y, alpha=1, lambda=lambda.grid) # alpha = 1 --> LASSO
dim(coef(fitL))
```

```
## [1]   5 100
```

Plotten

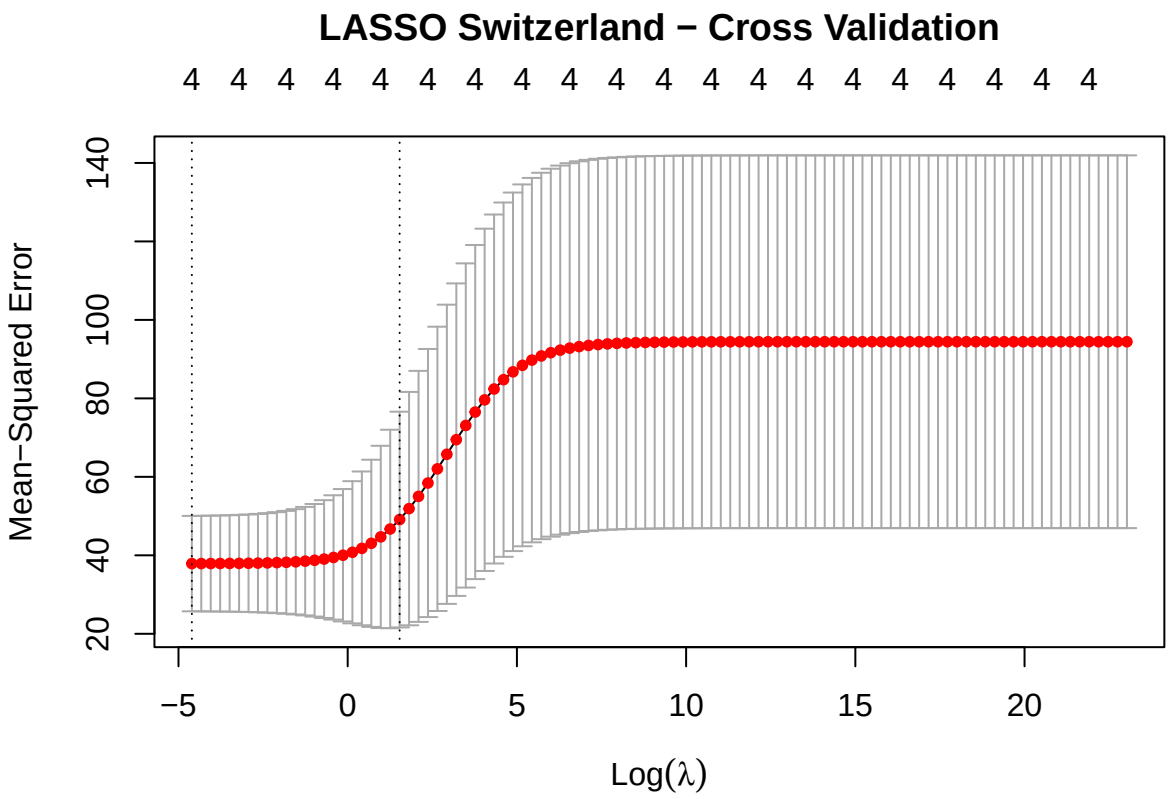
```r
#Plotten der LASSO
matplot(fitL$lambda, t(coef(fitL)[-1, ]), type="l", log="x", main="LASSO Switzerland")
```



Cross Validation Swiss LASSO

```r
fitL_cv <- cv.glmnet(x=X, y=Y, alpha=1, lambda=lambda.grid) # cv = Cross Validation
```

```r
fitL_cv <- cv.glmnet(x=X, y=Y, alpha = 0, lambda = lambda.grid)
fitL_cv_min <- fitL_cv$lambda.min
fitL_cv_1se <- fitL_cv$lambda.1se

#plotting
plot(fitL_cv, type="l")
title("LASSO Switzerland - Cross Validation", line=2.5)
```



Get Coefficients for RR and LASSO Model fit

```
#for RR
RRlambda_min <- fitRR_cv$lambda.min # lamda of minimum mean cross-validated error
RRlambda_1se <- fitRR_cv$lambda.1se #largest value of lamda such that error is within 1 standard error

fitRR_min_coef <- round(coef(fitRR)[,which(fitRR$lambda == RRlambda_min)], 3)
fitRR_1se_coef <- round(coef(fitRR)[,which(fitRR$lambda == RRlambda_1se)], 3)
```

Ridge Regression Fit, with lambda of minimum mean cross-validated error

$Education = 49,950 - 0,520 \cdot Fertility - 0,229 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,283 \cdot InfantMortality$

Ridge Regression Fit, with largest lambda within 1 std. error of lambda.min

$Education = 49,950 - 0,520 \cdot Fertility - 0,229 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,283 \cdot InfantMortality$

```
#coefficients for LASSO Model fit:
Llambda_min <- fitL_cv$lambda.min #lamda of minimum mean cross-validated error
Llambda_1se <- fitL_cv$lambda.1se #largest value of lamda such that error is within 1 standard error of

fitL_min_coef <- round(coef(fitL)[,which(fitL$lambda == Llambda_min)], 3)
fitL_1se_coef <- round(coef(fitL)[,which(fitL$lambda == Llambda_1se)], 3)
```

LASSO Fit, with lambda of minimum mean cross-validated error

$Education = 49,967 - 0,0.519 \cdot Fertility - 0,0.228 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,0.279 \cdot InfantMortality$

LASSO Fit, with largest lambda within 1 std. error of lambda.min **Here, Infant Mortality is discarded as a regressor**

$Education = 49,967 - 0,0.519 \cdot Fertility - 0,0.228 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,0.279 \cdot InfantMortality$

USA

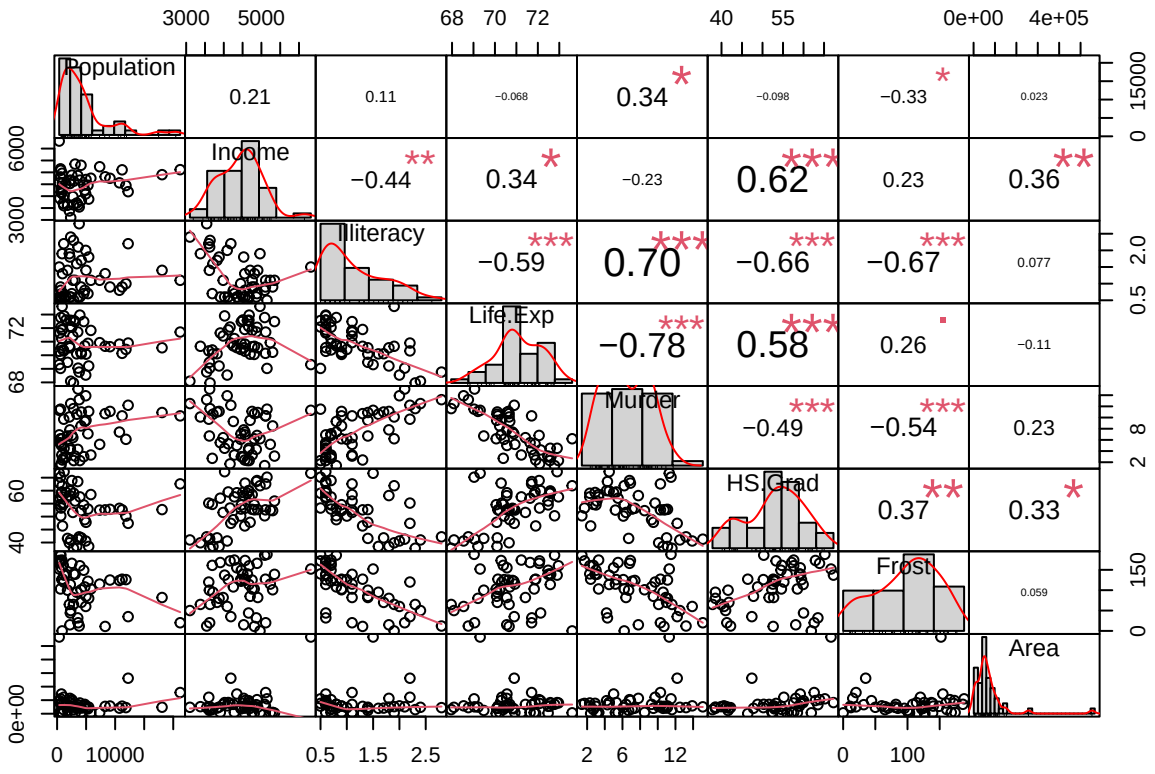
Wir kehren zurück zu den Variablen “Population”, “Income”, “Illiteracy”, “Life.Exp”, “Murder”, “HS Grade” und “Frost” aus dem R Datensatz state.x77. Passen Sie für die oben genannten Variablen ein lineares Modell (lm) an, das “Murder” durch die übrigen Variablen erklärt, soweit dies zulässig ist. #

Im ersten Schritt überprüfen wir mittels Scatterplot die Korrelation der Variablen.

```
library(utils)
library("PerformanceAnalytics")

df <- data.frame(state.x77)
summary(df)
```

```
##    Population        Income       Illiteracy       Life.Exp
##  Min.   :  365   Min.   :3098   Min.   :0.500   Min.   :67.96
##  1st Qu.: 1080   1st Qu.:3993   1st Qu.:0.625   1st Qu.:70.12
##  Median : 2838   Median :4519   Median :0.950   Median :70.67
##  Mean   : 4246   Mean   :4436   Mean   :1.170   Mean   :70.88
##  3rd Qu.: 4968   3rd Qu.:4814   3rd Qu.:1.575   3rd Qu.:71.89
##  Max.   :21198   Max.   :6315   Max.   :2.800   Max.   :73.60
##      Murder          HS.Grad          Frost             Area
##  Min.   : 1.400   Min.   :37.80   Min.   :  0.00   Min.   :  1049
##  1st Qu.: 4.350   1st Qu.:48.05   1st Qu.: 66.25   1st Qu.: 36985
##  Median : 6.850   Median :53.25   Median :114.50   Median : 54277
##  Mean   : 7.378   Mean   :53.11   Mean   :104.46   Mean   : 70736
##  3rd Qu.:10.675   3rd Qu.:59.15   3rd Qu.:139.75   3rd Qu.: 81163
##  Max.   :15.100   Max.   :67.30   Max.   :188.00   Max.   :566432
```

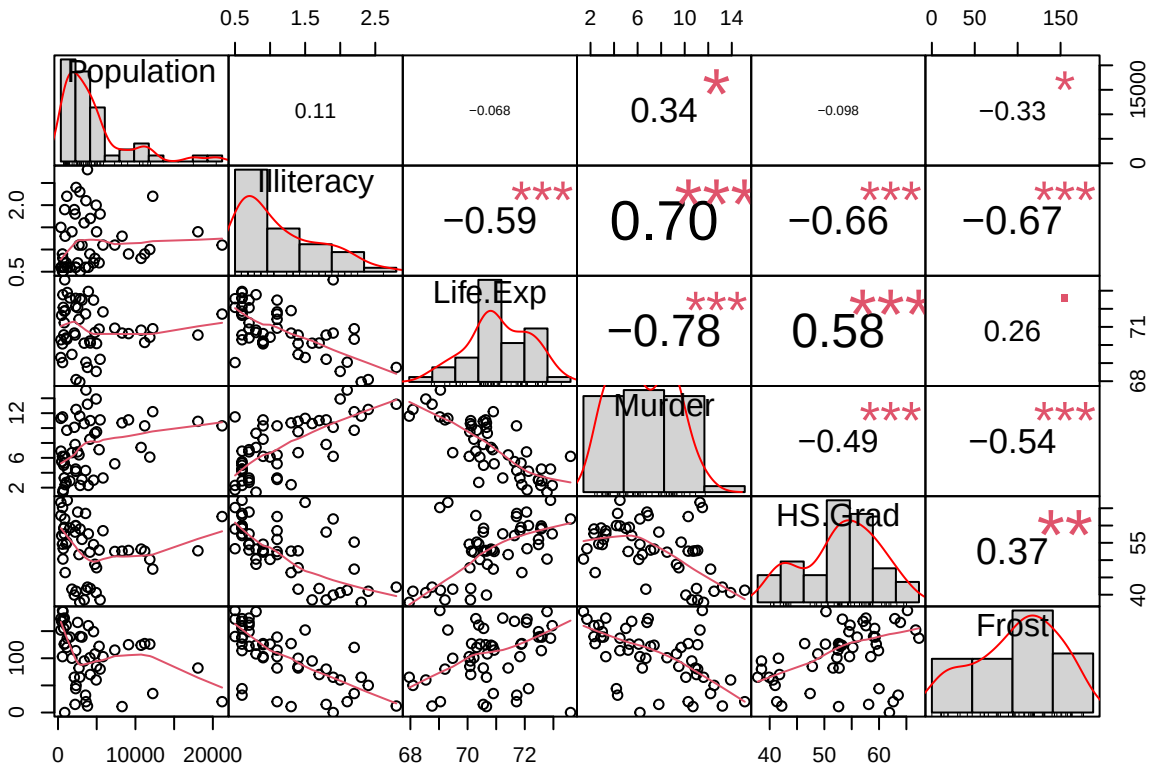
```
invisible(na.omit(df, "NA"))
#my_data <- df[, c(1,2,3,4,5,6)]
chart.Correlation(df, histogram=TRUE, pch=19)
```




```
#modell1 <- lm(formula = Murder ~ . - Area - Frost, data = df)
```

Dabei wird ersichtlich, dass alle Variablen außer Area und Income mit Murder korrelieren. Diese werden im ersten Schritt entfernt und erneut mittels Scatterplot die Korrelation der Variablen überprüft.

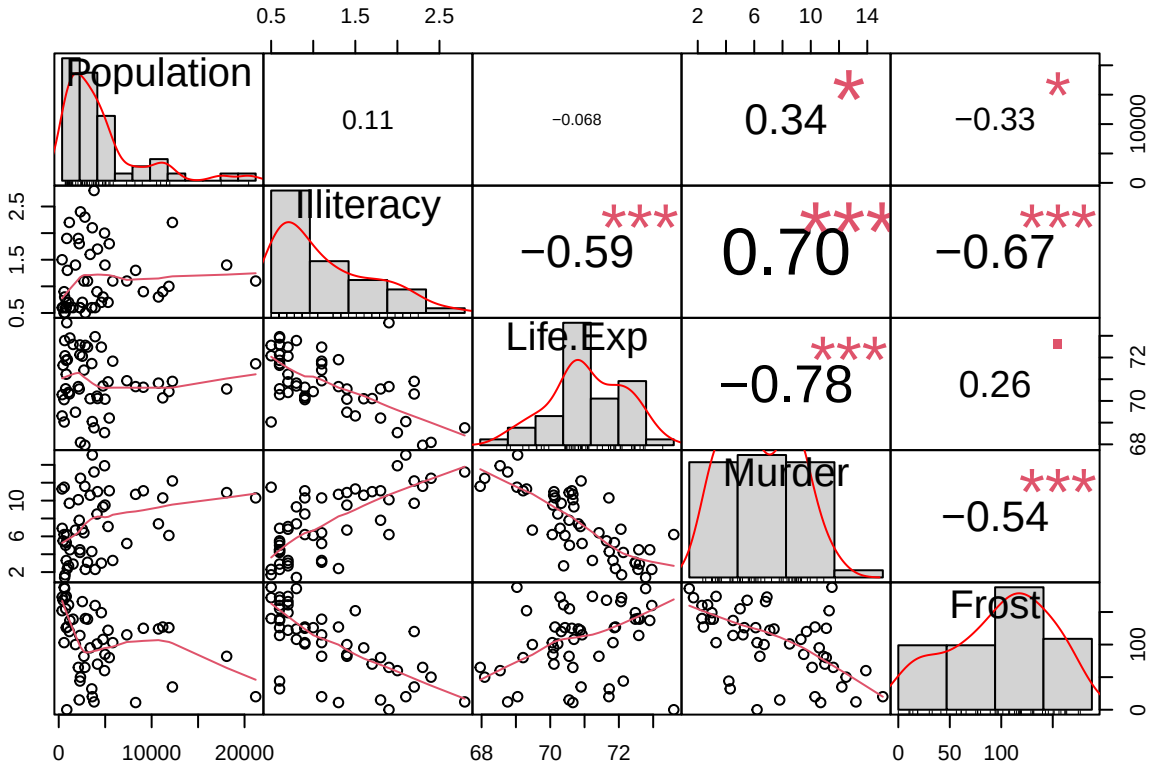
```
df_intitialRemoved <- df[, c(1,3,4,5,6,7)]
View(df_intitialRemoved)
chart.Correlation(df_intitialRemoved, histogram=TRUE, pch=19)
```




```
#modell1 <- lm(formula = Murder ~ . - Area - Frost, data = df)
```

Ausgehend dabon bleiben nur die stark zu Murder korrelierten variablen. Das Problem ist nun, dass auch einige der Kovariablen stark miteinander Korreliert sind. Dabei konzentrieren wir uns vor allem auf die Werte über 0.5 bzw. um 0.8 herum. Wir haben uns dazu entschieden, HS.Grad komplett zu trimmen, da diese Variable viel höhere Korrelation zu den Kovariablen hat als zu Murder an sich hat.

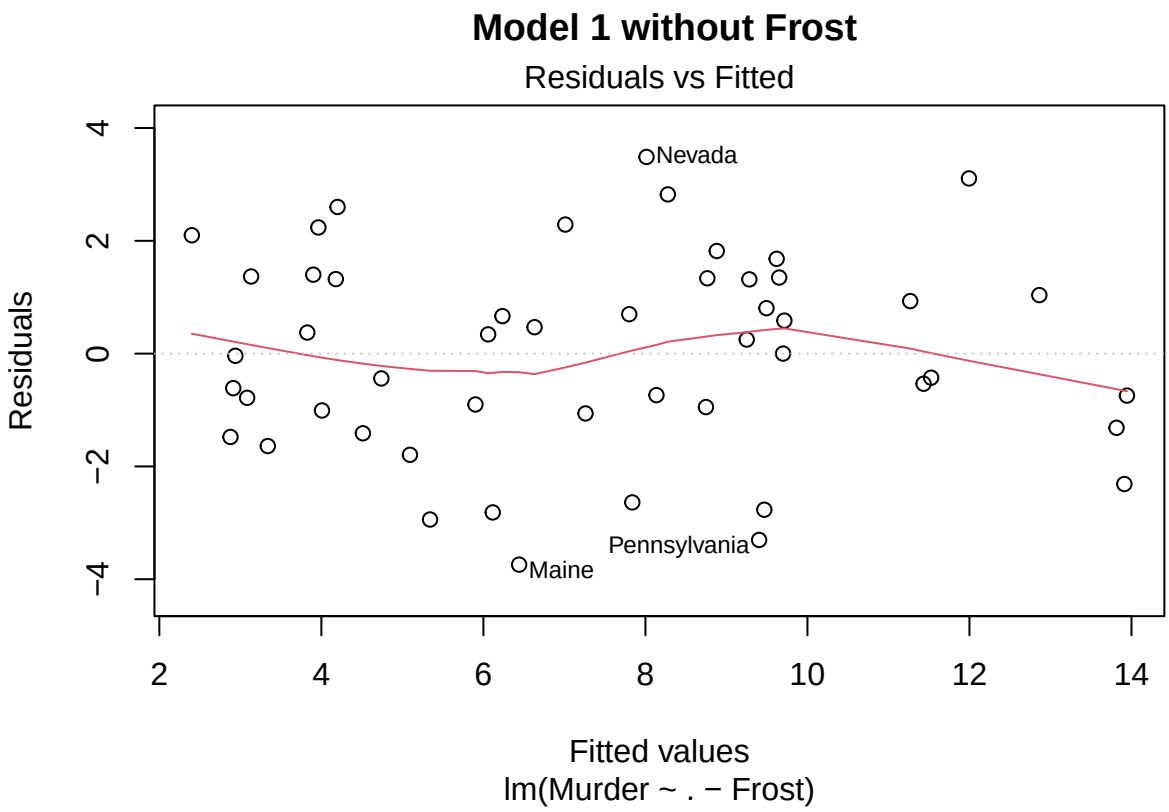
```
df_secondRemoval <- df[, c(1,3,4,5,7)]
#View(df_secondRemoval)
chart.Correlation(df_secondRemoval, histogram=TRUE, pch=19)
```

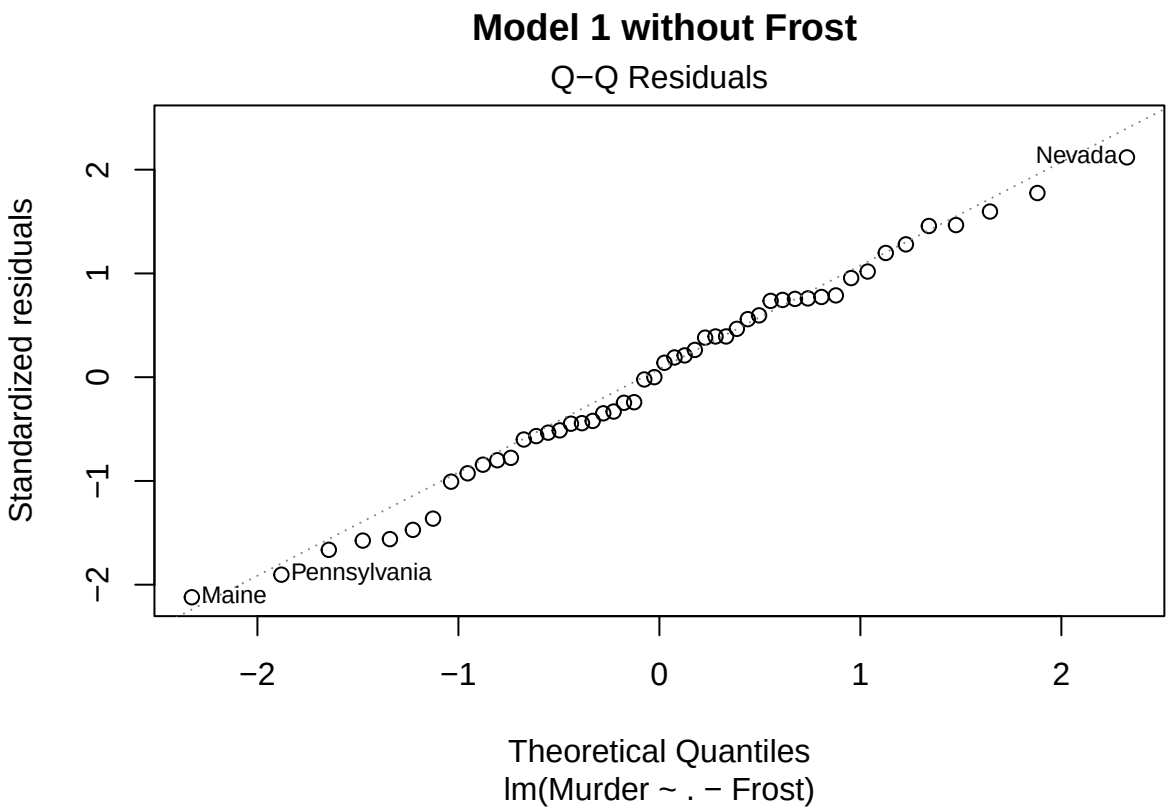


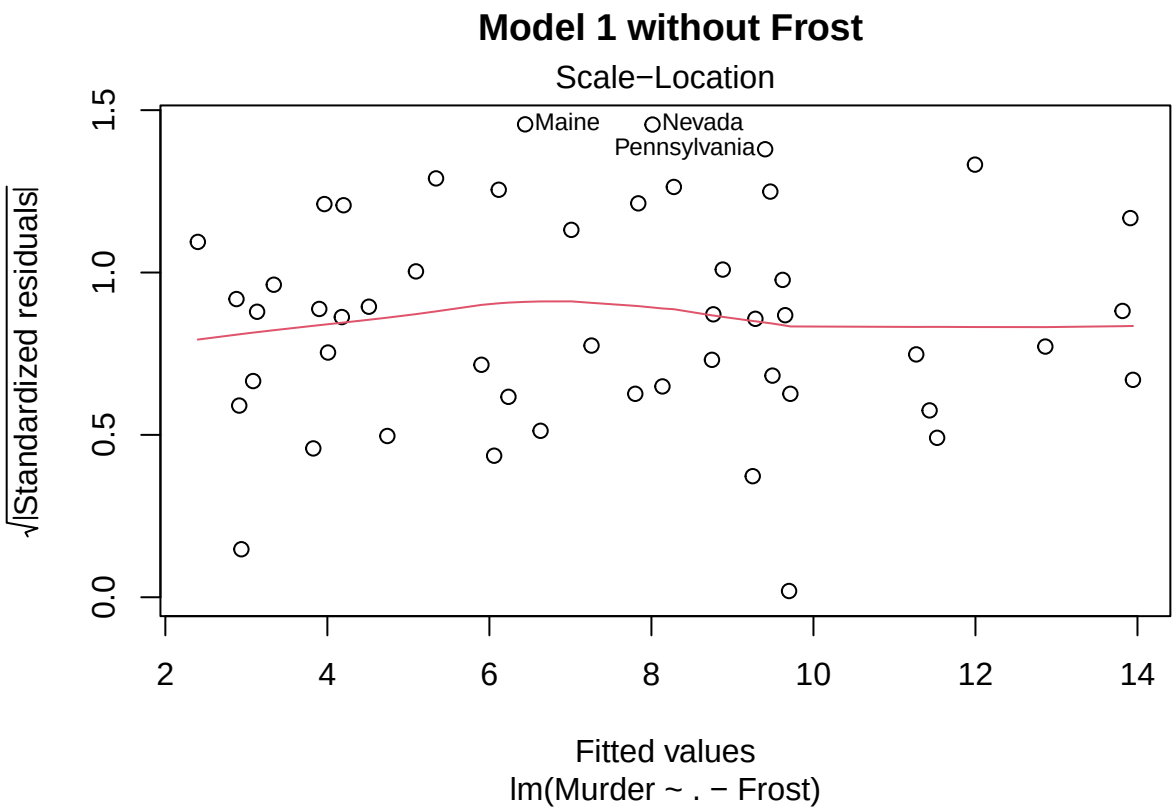

```
#modell1 <- lm(formula = Murder ~ . - Area - Frost, data = df)
```

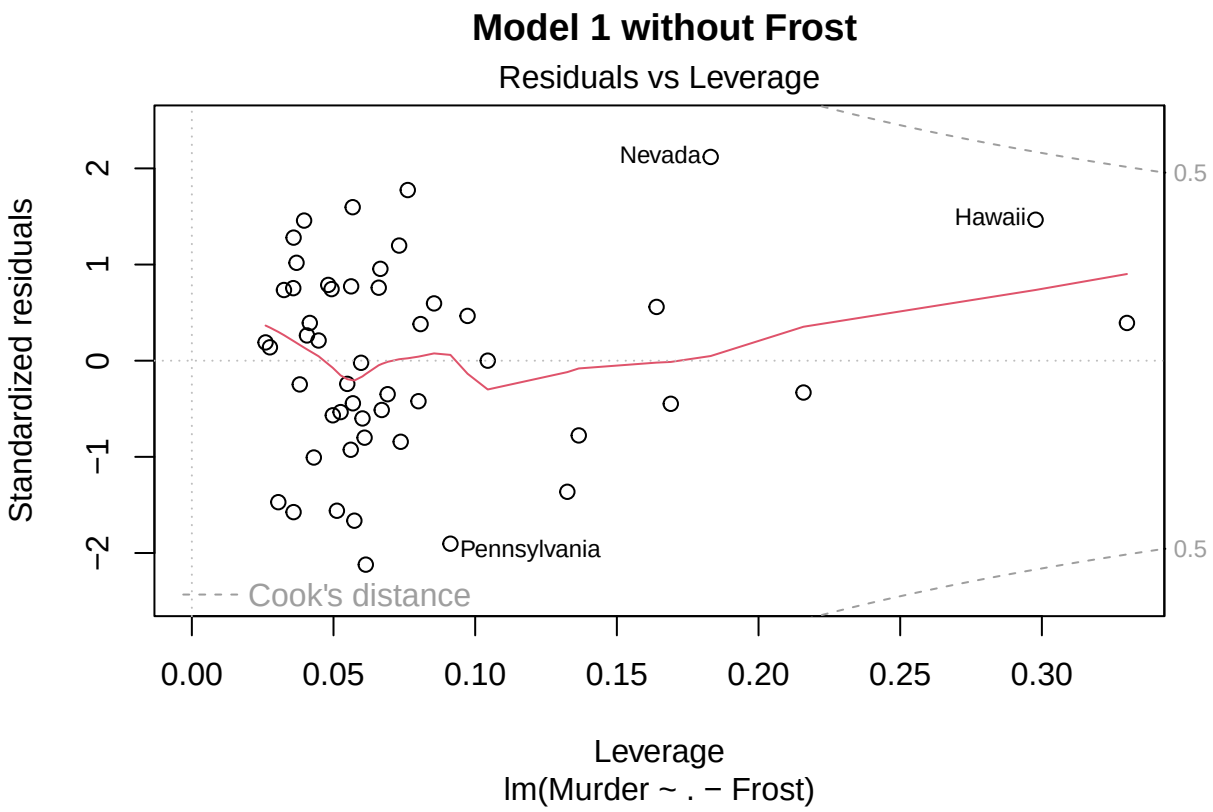
Somit bleiben nur noch mit Murder korrelierte Variablen und die Illiteracy und Frost, die Korrelation zu Kovariablen über 0.5 haben. Wir bilden also 2 Modelle, wo jeweils eine dieser Variablen verworfen wird, und analysieren anschließend die Residuenplots.

```
modell1WithoutFrost <- lm(formula = Murder ~ . - Frost   , data = df_secondRemoval)
modell1WithoutIlliteracy<- lm(formula = Murder ~ . - Illiteracy   , data = df_secondRemoval)
plot(modell1WithoutFrost, main = " Model 1 without Frost")
```


Model 1 without Frost
Residuals vs Fitted
Residuals
Fitted values
lm(Murder ~ . − Frost)
Nevada
Pennsylvania
Maine
4
2
0
−2
−4
2
4
6
8
10
12
14


Model 1 without Frost
Q−Q Residuals
Standardized residuals
−2
−1
0
1
2
Nevada
Pennsylvania
Maine
−2
−1
0
1
2
Theoretical Quantiles
lm(Murder ~ . − Frost)

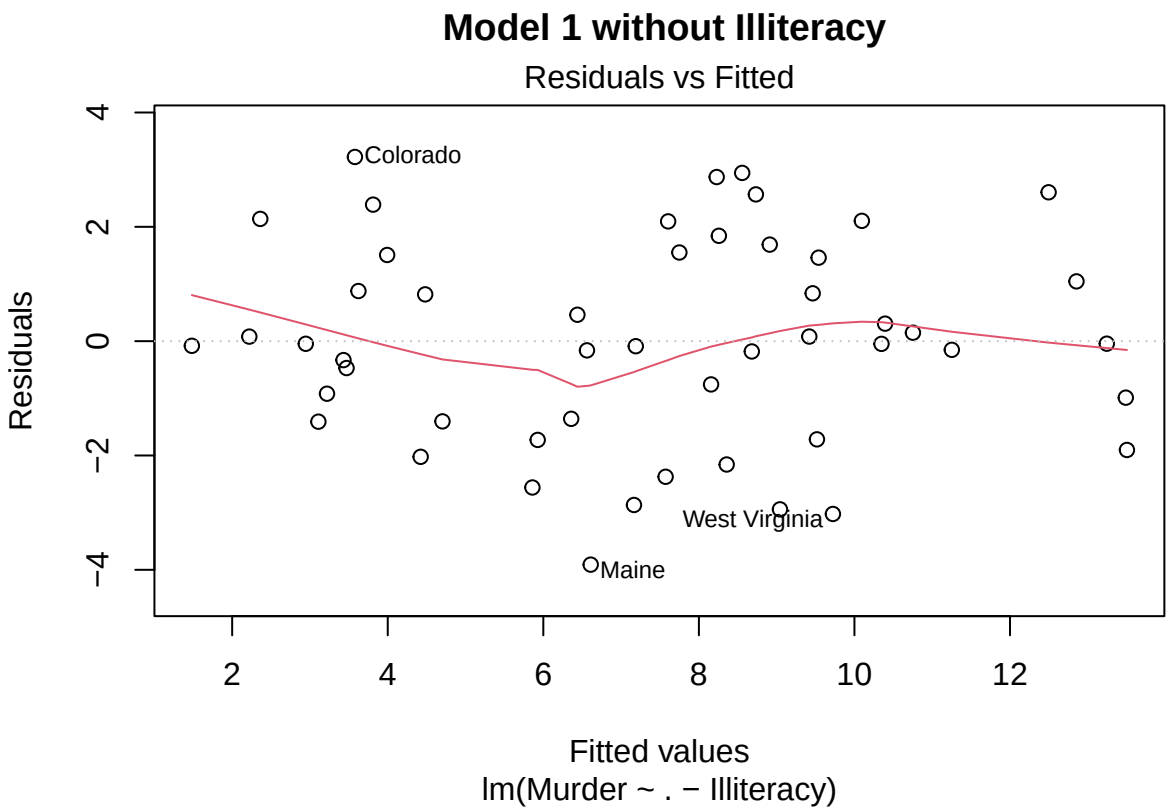

Model 1 without Frost
Scale−Location
Maine
Nevada
Pennsylvania
√|Standardized residuals|
0.0
0.5
1.0
1.5
2
4
6
8
10
12
14
Fitted values
lm(Murder ~ . − Frost)

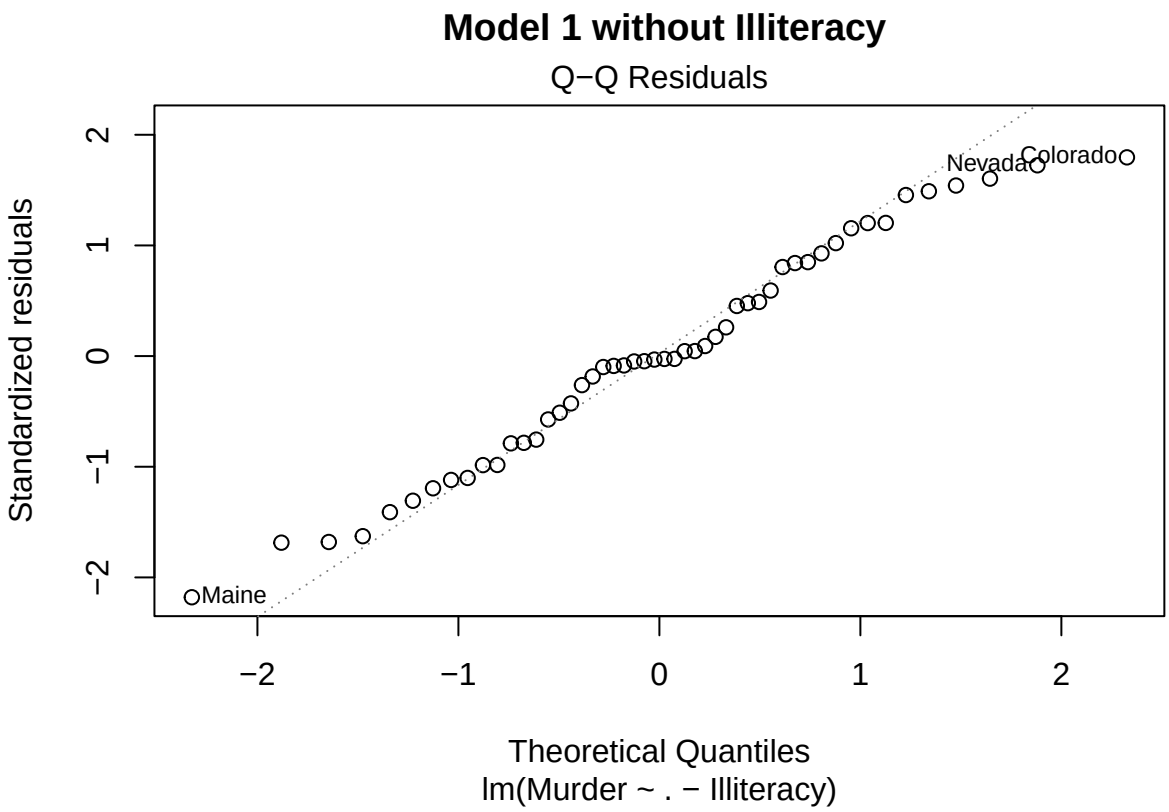


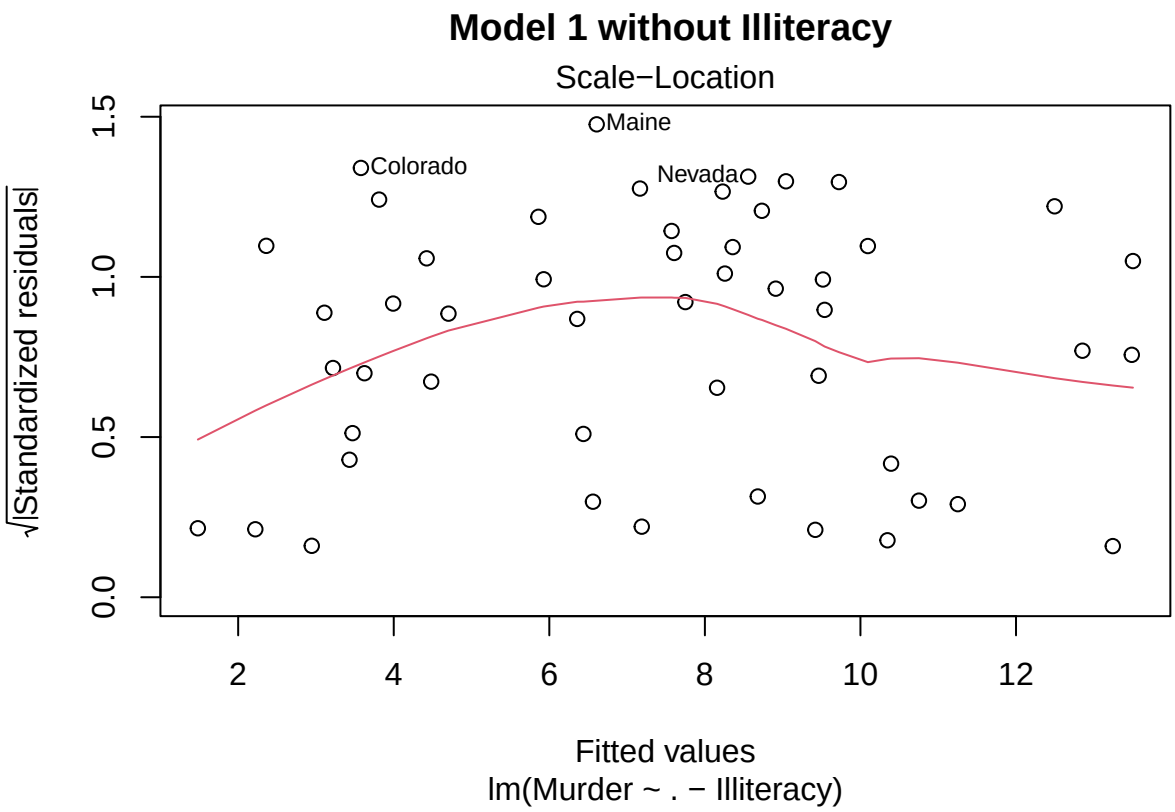

```
summary(modell1WithoutFrost)
```

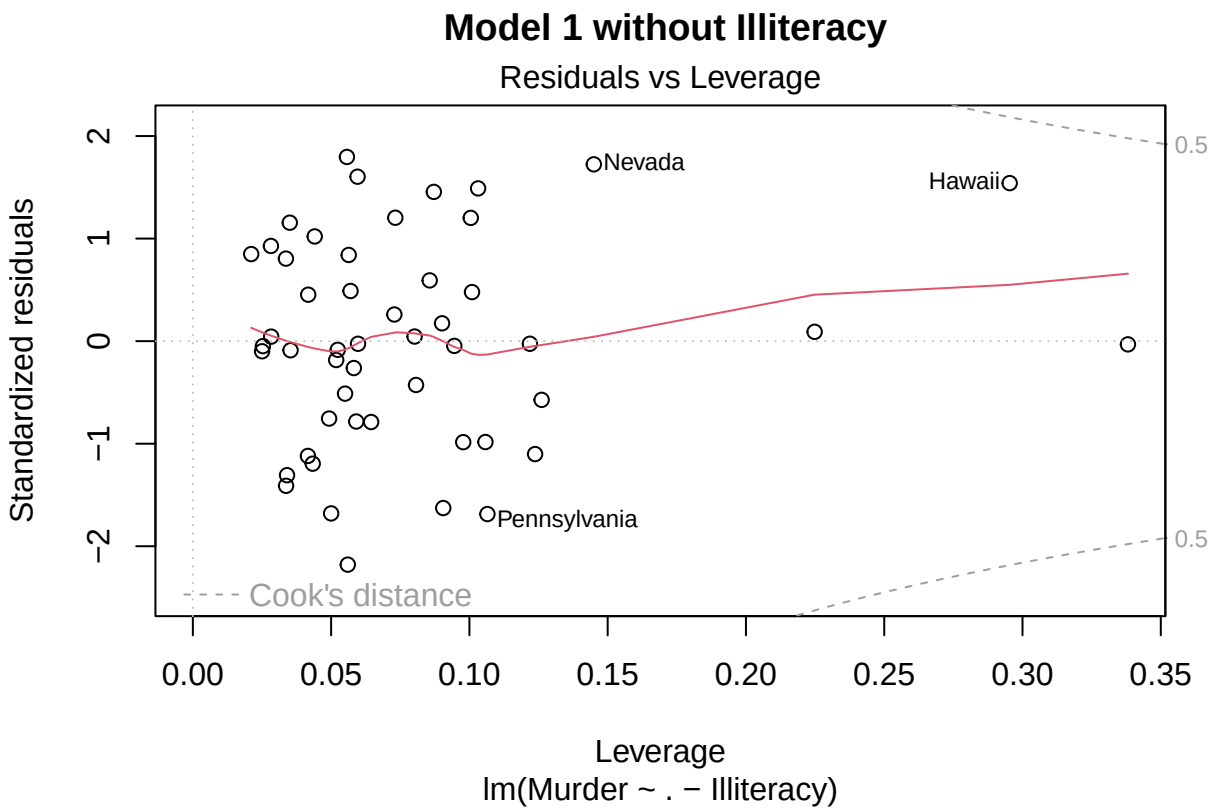
```
##
## Call:
## lm(formula = Murder ~ . - Frost, data = df_secondRemoval)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.7412 -1.0472  0.1251  1.3323  3.4869
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  1.131e+02  1.736e+01   6.514 4.89e-08 ***
## Population   2.220e-04  5.860e-05   3.788 0.000440 ***
## Illiteracy   2.088e+00  5.297e-01   3.941 0.000274 ***
## Life.Exp    -1.539e+00  2.397e-01  -6.423 6.71e-08 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.821 on 46 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7716, Adjusted R-squared:  0.7567
## F-statistic: 51.81 on 3 and 46 DF,  p-value: 8.619e-15
```

```
plot(modell1WithoutIlliteracy,  main = " Model 1 without Illiteracy")
```


Model 1 without Illiteracy
Residuals vs Fitted
Residuals
Fitted values
lm(Murder ~ . − Illiteracy)
Colorado
West Virginia
Maine
4
2
0
−2
−4
2
4
6
8
10
12


Model 1 without Illiteracy
Q−Q Residuals
Standardized residuals
−2
−1
0
1
2
Maine
Nevada
Colorado
−2
−1
0
1
2
Theoretical Quantiles
lm(Murder ~ . − Illiteracy)


Model 1 without Illiteracy
Scale−Location
√|Standardized residuals|
0.0
0.5
1.0
1.5
Maine
Colorado
Nevada
2
4
6
8
10
12
Fitted values
lm(Murder ~ . − Illiteracy)




```
summary(modell1WithoutIlliteracy)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Murder ~ . - Illiteracy, data = df_secondRemoval)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.9092 -1.3924 -0.0468  1.4957  3.2221
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  1.435e+02  1.430e+01  10.035 3.64e-13 ***
## Population   1.652e-04  6.265e-05   2.637 0.011358 *
## Life.Exp    -1.900e+00  2.036e-01  -9.330 3.53e-12 ***
## Frost       -2.070e-02  5.562e-03  -3.721 0.000539 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.846 on 46 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7652, Adjusted R-squared:  0.7499
## F-statistic: 49.97 on 3 and 46 DF,  p-value: 1.627e-14
```

##Auswertung Summary und Residuenplots

#Model 1 : lm(formula = Murder ~ . - Frost, data = df_secondRemoval)

Residuals vs fitted: Überprüfung der Linearisitätsannahme und Homoskedastizität (konstante Varianz der Fehler). Das Modell hat keinen systematischen Fehler mehr in den Residuals und ist daher dsbbzgl. geeignet.

QQPlot: Überprüfung der Normalverteilungsannahme der Residuen. Die Residuen-Fehler approximieren in Annäherung eine Normalverteilung und ist daher dsbbzgl. geeignet.

Scal-Location-Plot: Überprüfung der Homoskedastizität. Im Scale-Location plot ist Homoskedastizit gegeben. Es leigt eine Punktwolke vor. Daher ist das Modell auch dsbbzgl. geeignet.

Residuals vs leverage Plot: Identifizierung von einflussreichen Datenpunkten (d.h. Punkte, die einen großen Einfluss auf die Anpassung des Modells haben). Die meisten Punkte sind nahe der y-Achse un haben keine große Hebelwirkung. Kein Punkt liegt ausserhalb der Cooks-Distance.

Summary: Sowohl Intercept als auch alle anderen Regressoren sind statitisch siginifkant. Mit Multiple R-squared: 0.7716 können also 77% der Varianz von Murder durch die Prädikatoren erklärt werden. Mit einem p-value: 8.619e-15 iust das Modell insgesamt statisitsch hoch signifikant.

#Model 2 : lm(formula = Murder ~ . - Illiteracy, data = df_secondRemoval)

Residuals vs fitted: Überprüfung der Linearisitätsannahme und Homoskedastizität (konstante Varianz der Fehler). Das Modell hat keinen systematischen Fehler mehr in den Residuals und ist daher dsbbzgl. geeignet.

QQPlot: Überprüfung der Normalverteilungsannahme der Residuen. Die Residuen-Fehler approximieren in Annäherung eine Normalverteilung und ist daher dsbbzgl. geeignet.

Scal-Location-Plot: Überprüfung der Homoskedastizität. Im Scale-Location plot ist Homoskedastizit gegeben. Es leigt eine Punktwolke vor. Daher ist das Modell auch dsbbzgl. geeignet.

Residuals vs leverage Plot: Identifizierung von einflussreichen Datenpunkten (d.h. Punkte, die einen großen Einfluss auf die Anpassung des Modells haben). Die meisten Punkte sind nahe der y-Achse un haben keine große Hebelwirkung. Kein Punkt liegt ausserhalb der Cooks-Distance.

Summary: Sowohl Intercept als auch alle anderen Regressoren sind statitisch hoch siginifkant, mit Ausnahme von Poulation, was in diesem Modell nur segnifikant ist. Mit Multiple R-squared: 0.7652 können also 76% der Varianz von Murder durch die Prädikatoren erklärt werden. Mit einem p-value: 1.627e-14 iust das Modell insgesamt hoch statisitsch signifikant.

#Conclusion und Interpretation

Wir haben also 2 Modelle, die beinahe gleiche Güte bzgl der Modellanpassung besitzen. Im gesellschaftlichen Kontext ist es schwierig, den gegenseitigen Ausschluss von Frost und Illiteary aufgrund deren Multikollinearität zu interpretieren. Einfacher dagegen ist nachzuvollziehen, dass wohl eine höhere Population direkt mit einer erhöhtern Mordrate zusammenhängt, und dass Illiteracy direkt mit der Mordrate korreliert, weslab sich aus diesen Regressoren ein multiples lineares GM modellieren lässt.

Im nöchsten Schritt werden wir nun mittels RIDGE und LASSO versuchen, das optimale zu ermittlen, und dieses mit unseren 2 bisherigen Modellen zu vergleichen.

##Ridge und LASSOO

```
library(glmnet)
library(ggplot2)
library(dplyr)
library(GGally)

usa <- state.x77
lambda.grid <- 10^seq(10, -2, length=100) # 10^10 bis 10^-2 in 100 stufen
```

```
#=================================================================
#=================================================================
```

Bsp. 03 – USA

```
#=========================================================================
#=========================================================================
```

##Ridge Regression USA

Data Preparation

```
# Data prep USA
usa <- as.data.frame(state.x77)
#unabhängige variablen
X <- usa %>% dplyr::select(-Murder) %>% as.matrix()
#abhängige variable
Y <- usa %>% dplyr::select(Murder) %>% as.matrix()
Y
```

```
##                Murder
## Alabama          15.1
## Alaska           11.3
## Arizona           7.8
## Arkansas         10.1
## California       10.3
## Colorado          6.8
## Connecticut       3.1
## Delaware          6.2
## Florida          10.7
## Georgia          13.9
## Hawaii            6.2
## Idaho             5.3
## Illinois         10.3
## Indiana           7.1
## Iowa              2.3
## Kansas            4.5
## Kentucky         10.6
## Louisiana        13.2
## Maine             2.7
## Maryland          8.5
## Massachusetts     3.3
## Michigan         11.1
## Minnesota         2.3
## Mississippi      12.5
## Missouri          9.3
## Montana           5.0
## Nebraska          2.9
## Nevada           11.5
## New Hampshire     3.3
## New Jersey        5.2
## New Mexico        9.7
## New York         10.9
## North Carolina   11.1
## North Dakota      1.4
```

```
## Ohio              7.4
## Oklahoma          6.4
## Oregon            4.2
## Pennsylvania      6.1
## Rhode Island      2.4
## South Carolina   11.6
## South Dakota      1.7
## Tennessee        11.0
## Texas            12.2
## Utah              4.5
## Vermont           5.5
## Virginia          9.5
## Washington        4.3
## West Virginia     6.7
## Wisconsin         3.0
## Wyoming           6.9
```

```
X
```

```
##                Population Income Illiteracy Life Exp HS Grad Frost   Area
## Alabama              3615   3624        2.1    69.05    41.3    20  50708
## Alaska                365   6315        1.5    69.31    66.7   152 566432
## Arizona              2212   4530        1.8    70.55    58.1    15 113417
## Arkansas             2110   3378        1.9    70.66    39.9    65  51945
## California          21198   5114        1.1    71.71    62.6    20 156361
## Colorado             2541   4884        0.7    72.06    63.9   166 103766
## Connecticut          3100   5348        1.1    72.48    56.0   139   4862
## Delaware              579   4809        0.9    70.06    54.6   103   1982
## Florida              8277   4815        1.3    70.66    52.6    11  54090
## Georgia              4931   4091        2.0    68.54    40.6    60  58073
## Hawaii                868   4963        1.9    73.60    61.9     0   6425
## Idaho                 813   4119        0.6    71.87    59.5   126  82677
## Illinois            11197   5107        0.9    70.14    52.6   127  55748
## Indiana              5313   4458        0.7    70.88    52.9   122  36097
## Iowa                 2861   4628        0.5    72.56    59.0   140  55941
## Kansas               2280   4669        0.6    72.58    59.9   114  81787
## Kentucky             3387   3712        1.6    70.10    38.5    95  39650
## Louisiana            3806   3545        2.8    68.76    42.2    12  44930
## Maine                1058   3694        0.7    70.39    54.7   161  30920
## Maryland             4122   5299        0.9    70.22    52.3   101   9891
## Massachusetts        5814   4755        1.1    71.83    58.5   103   7826
## Michigan             9111   4751        0.9    70.63    52.8   125  56817
## Minnesota            3921   4675        0.6    72.96    57.6   160  79289
## Mississippi          2341   3098        2.4    68.09    41.0    50  47296
## Missouri             4767   4254        0.8    70.69    48.8   108  68995
## Montana               746   4347        0.6    70.56    59.2   155 145587
## Nebraska             1544   4508        0.6    72.60    59.3   139  76483
## Nevada                590   5149        0.5    69.03    65.2   188 109889
## New Hampshire         812   4281        0.7    71.23    57.6   174   9027
## New Jersey           7333   5237        1.1    70.93    52.5   115   7521
## New Mexico           1144   3601        2.2    70.32    55.2   120 121412
## New York            18076   4903        1.4    70.55    52.7    82  47831
## North Carolina       5441   3875        1.8    69.21    38.5    80  48798
## North Dakota          637   5087        0.8    72.78    50.3   186  69273
```

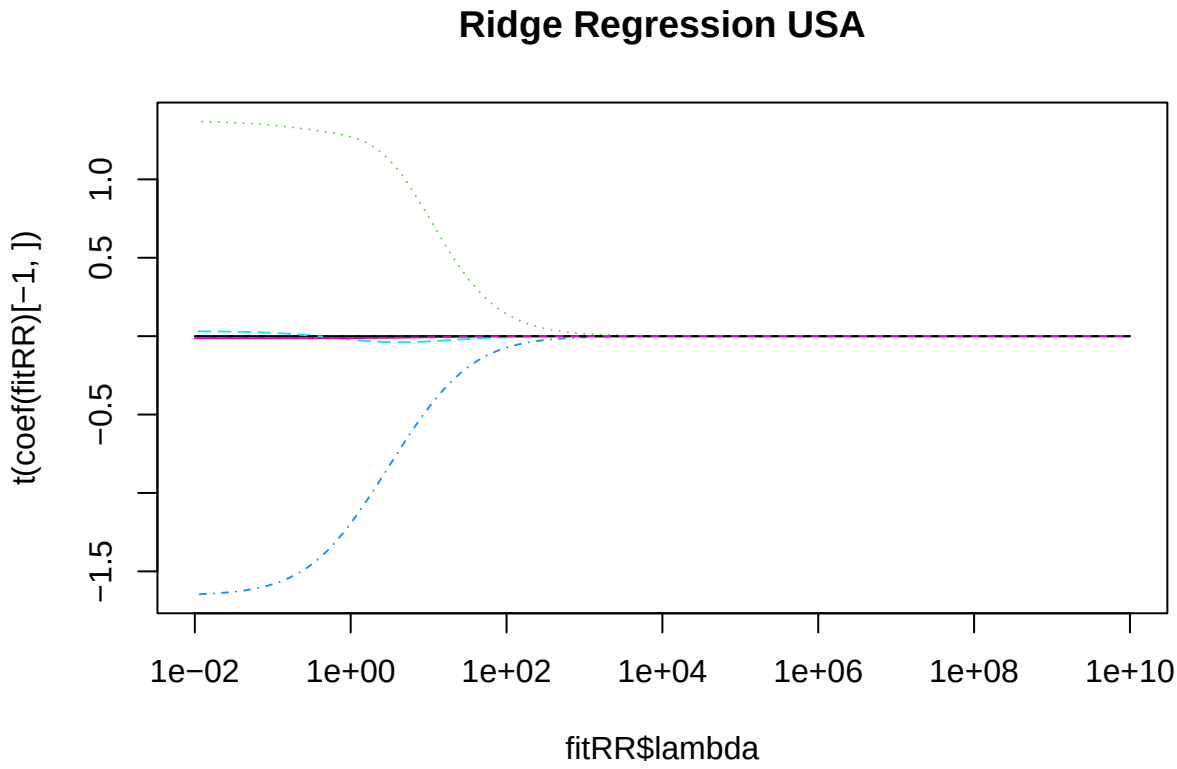
```
## Ohio                10735   4561        0.8    70.82    53.2   124  40975
## Oklahoma             2715   3983        1.1    71.42    51.6    82  68782
## Oregon               2284   4660        0.6    72.13    60.0    44  96184
## Pennsylvania        11860   4449        1.0    70.43    50.2   126  44966
## Rhode Island          931   4558        1.3    71.90    46.4   127   1049
## South Carolina       2816   3635        2.3    67.96    37.8    65  30225
## South Dakota          681   4167        0.5    72.08    53.3   172  75955
## Tennessee            4173   3821        1.7    70.11    41.8    70  41328
## Texas               12237   4188        2.2    70.90    47.4    35 262134
## Utah                 1203   4022        0.6    72.90    67.3   137  82096
## Vermont               472   3907        0.6    71.64    57.1   168   9267
## Virginia             4981   4701        1.4    70.08    47.8    85  39780
## Washington           3559   4864        0.6    71.72    63.5    32  66570
## West Virginia        1799   3617        1.4    69.48    41.6   100  24070
## Wisconsin            4589   4468        0.7    72.48    54.5   149  54464
## Wyoming               376   4566        0.6    70.29    62.9   173  97203
```

```
fitRR <- glmnet::glmnet(x=X, y=Y, alpha = 0, lambda = lambda.grid) #alpha = zero->ridge regression
dim(coef(fitRR)) #zur kontrolle, zeigt welche dimensions (inkl. intercept) wir haben
```

```
## [1]   8 100
```

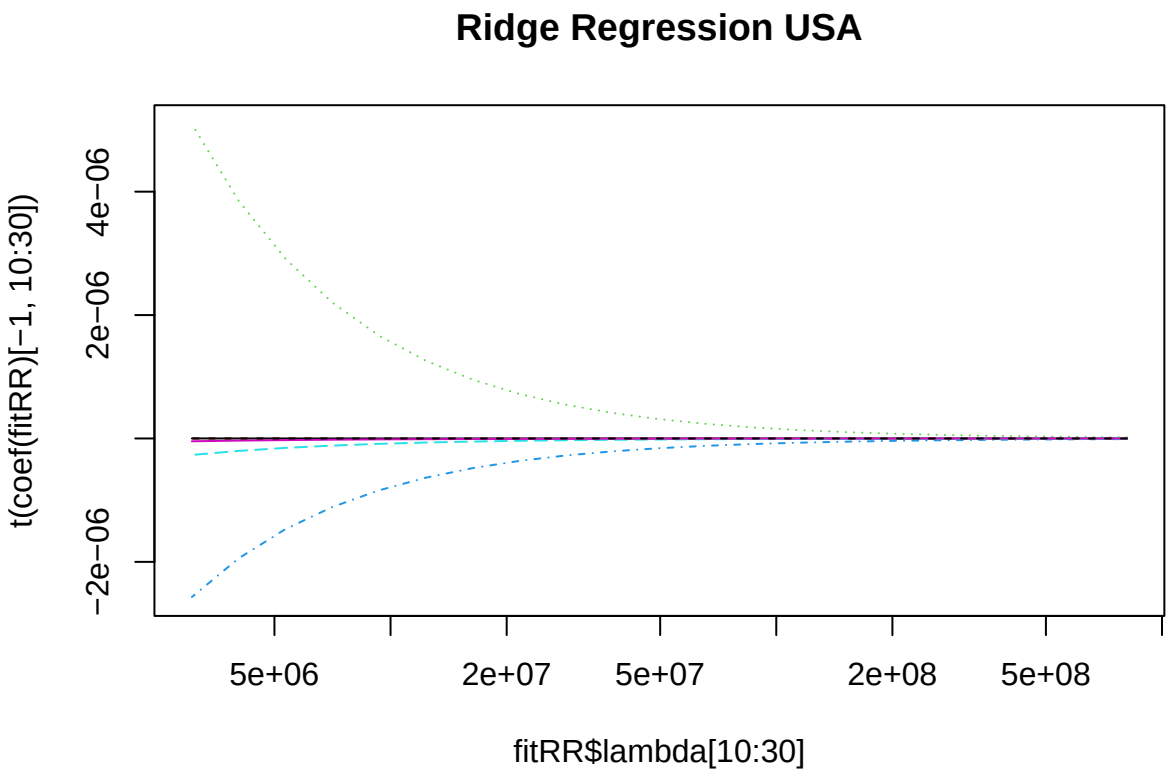
Daten Plotten:

```
matplot(fitRR$lambda, t(coef(fitRR)[-1, ]), type="l", log="x", main="Ridge Regression USA")
```



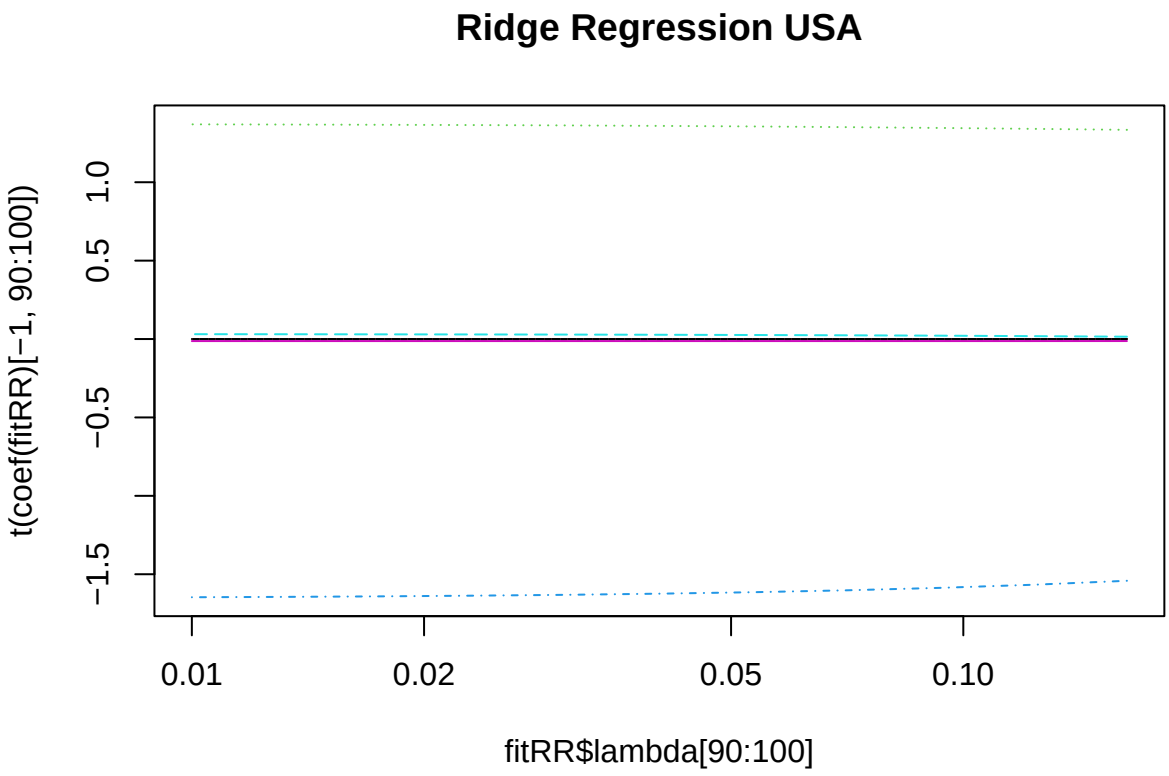
Zoomed in its possible to see, how the slopes are approaching zero very slowly.

```
matplot(fitRR$lambda[10:30], t(coef(fitRR)[-1, 10:30]), type="l", log="x", main="Ridge Regression USA")
```



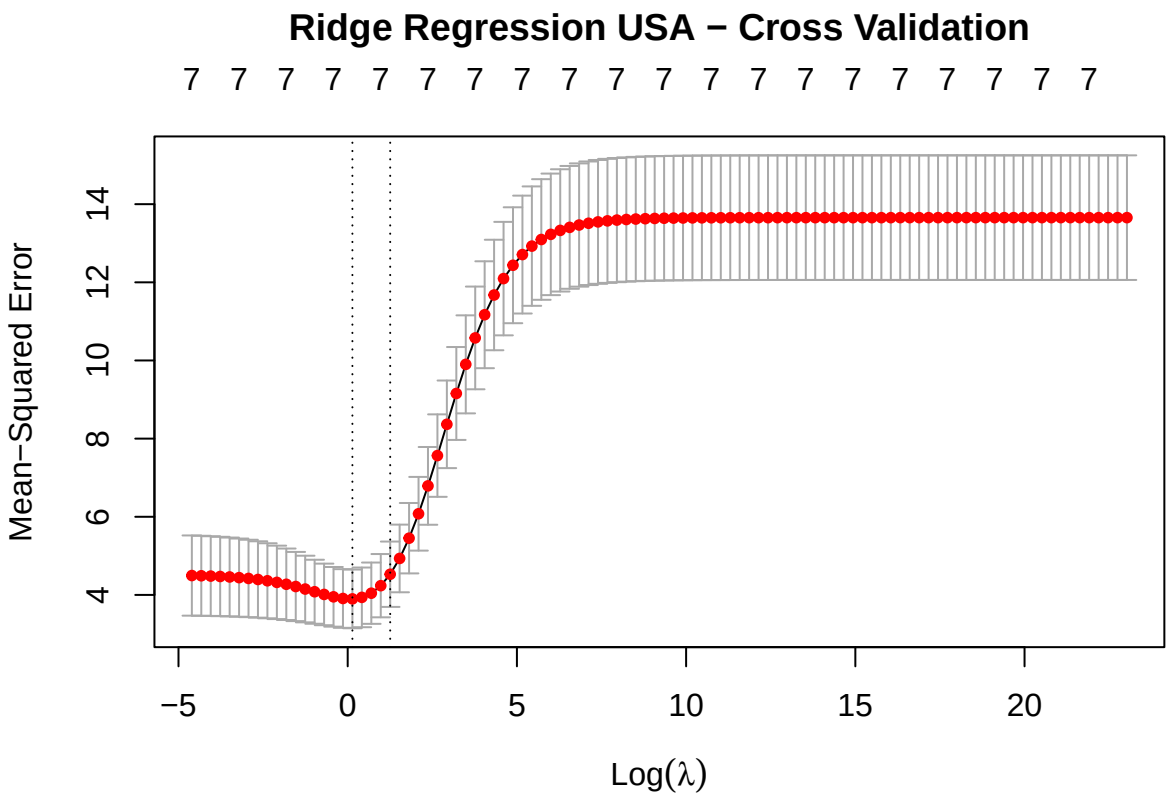
Zooming in even further, the lines are approaching parallel to zero, as they will never reach it:

```
matplot(fitRR$lambda[90:100], t(coef(fitRR)[-1, 90:100]), type="l", log="x", main="Ridge Regression USA
```



Cross Validation

```
fitRR_cv <- cv.glmnet(x=X, y=Y, alpha = 0, lambda = lambda.grid)
fitRR_cv_min <- fitRR_cv$lambda.min
fitRR_cv_1se <- fitRR_cv$lambda.1se

#plotting
plot(fitRR_cv, type="l")
title("Ridge Regression USA - Cross Validation", line=2.5)
```



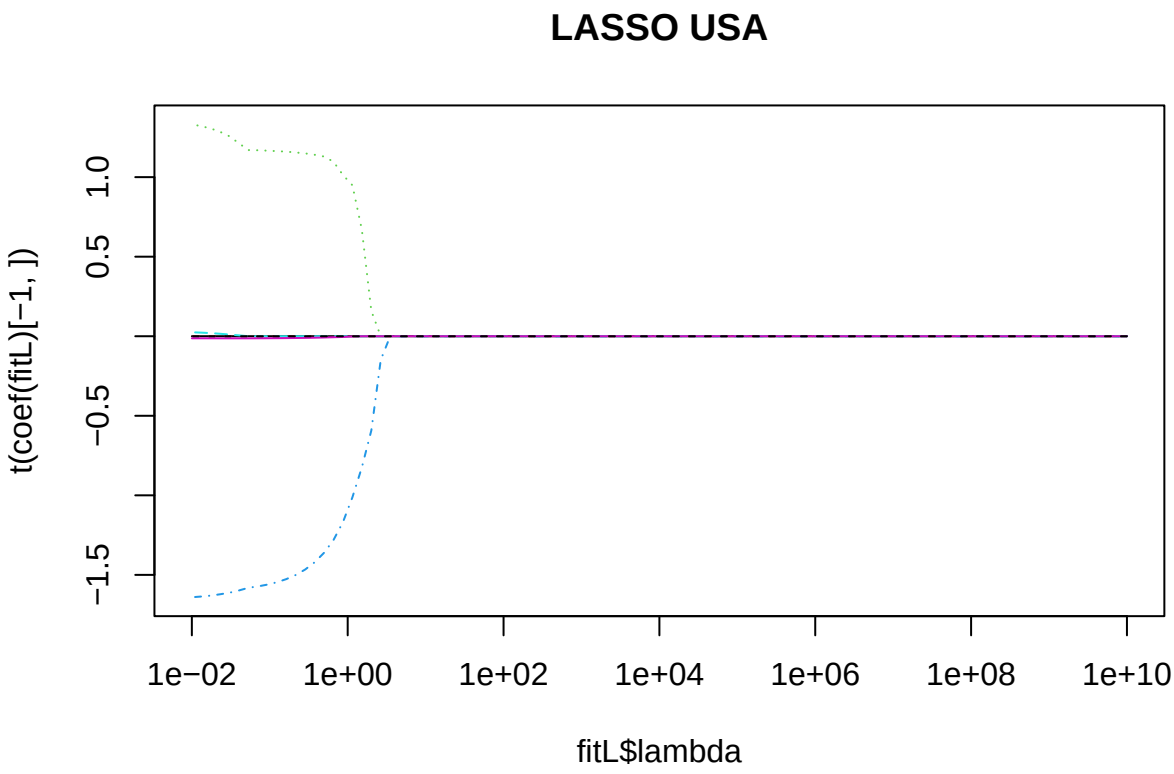
USA – LASSO

```
fitL <- glmnet(x=X, y=Y, alpha=1, lambda=lambda.grid) # alpha = 1 --> LASSO
dim(coef(fitL))
```

```
## [1]   8 100
```

Plotten

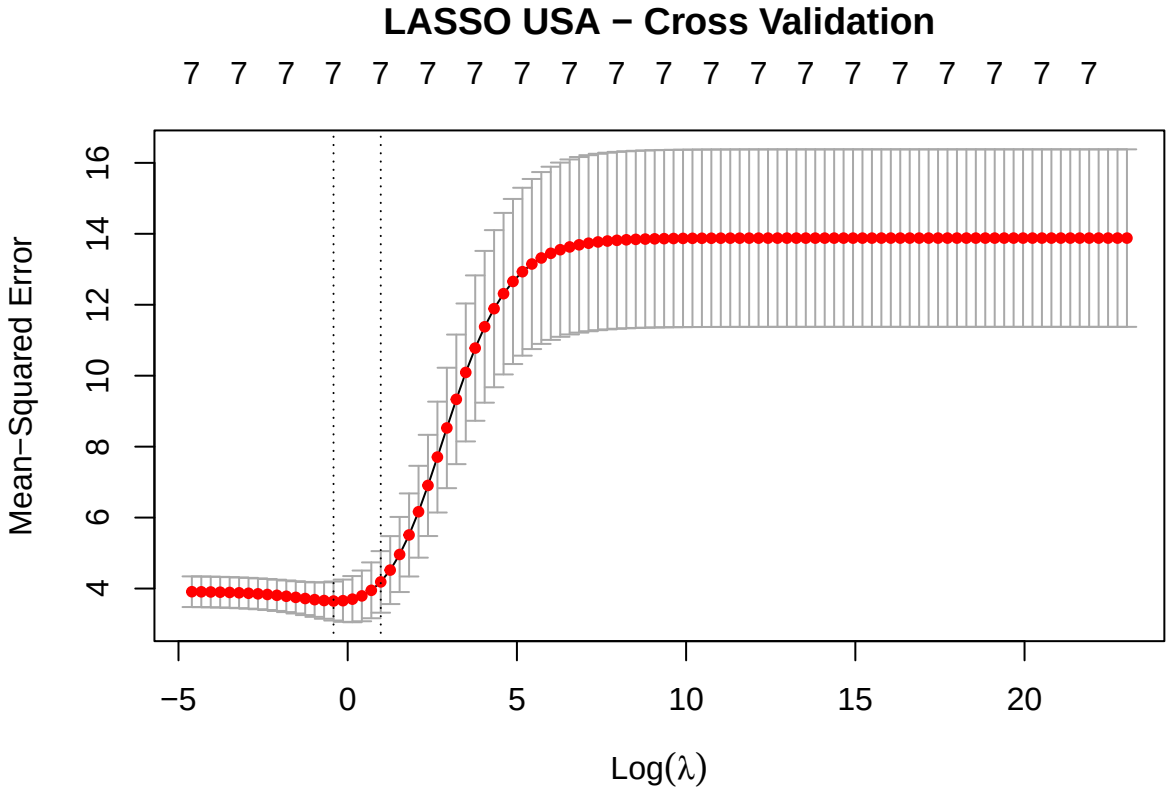
```
#Plotten der LASSO
matplot(fitL$lambda, t(coef(fitL)[-1, ]), type="l", log="x", main="LASSO USA")
```



Here it is nice to see, how the slopes are moving to zero, which mean the Regressor will 'disappear'. In comparison to RR, with LASSO, the values reach zero. ### Cross Validation USA LASSO

```
fitL_cv <- cv.glmnet(x=X, y=Y, alpha=1, lambda=lambda.grid) # cv = Cross Validation
```

```
fitRR_cv <- cv.glmnet(x=X, y=Y, alpha = 0, lambda = lambda.grid)
fitRR_cv_min <- fitL_cv$lambda.min
fitRR_cv_1se <- fitL_cv$lambda.1se

#plotting
plot(fitRR_cv, type="l")
title("LASSO USA - Cross Validation", line=2.5)
```



Get Coefficients for RR and LASSO Model fit

```
#for RR
RRlambda_min <- fitRR_cv$lambda.min #lamda of minimum mean cross-validated error
RRlambda_1se <- fitRR_cv$lambda.1se #largest value of lamdalamda such that error is within 1 standard e


fitRR_min_coef <- round(coef(fitRR)[,which(fitRR$lambda == RRlambda_min)], 3)
fitRR_1se_coef <- round(coef(fitRR)[,which(fitRR$lambda == RRlambda_1se)], 3)
```

Ridge Regression Fit, with lambda of minimum mean cross-validated error

$$Education = 49,950 - 0,520 \cdot Fertility - 0,229 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,283 \cdot InfantMortality$$

Ridge Regression Fit, with largest lambda within 1 std. error of lambda.min

$$Education = 49,950 - 0,520 \cdot Fertility - 0,229 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,283 \cdot InfantMortality$$

```
#coefficients for LASSO Model fit:
Llambda_min <- fitL_cv$lambda.min #lamda of minimum mean cross-validated error
Llambda_1se <- fitL_cv$lambda.1se #largest value of lamda such that error is within 1 standard error of


fitL_min_coef <- round(coef(fitL)[,which(fitL$lambda == Llambda_min)], 3)
fitL_1se_coef <- round(coef(fitL)[,which(fitL$lambda == Llambda_1se)], 3)
```

LASSO Fit, with lambda of minimum mean cross-validated error

$Education = 49,967 - 0,0.519 \cdot Fertility - 0,0.228 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,0.279 \cdot InfantMortality$

LASSO Fit, with largest lambda within 1 std. error of lambda.min **Here, Infant Mortality is discarded as a regressor**

$Education = 49,967 - 0,0.519 \cdot Fertility - 0,0.228 \cdot Agriculture + 0,083 \cdot Catholic + 0,0.279 \cdot InfantMortality$

Lake Huron

Wir kehren zurück zum Datensatz "LakeHuron". Passen Sie ein Modell an, das den Zeittrend modelliert. Überprüfen Sie alle erforderlichen statistischen Voraussetzungen für die Gültigkeit dieses Modells mtihilfe der quality plots der Residuen.

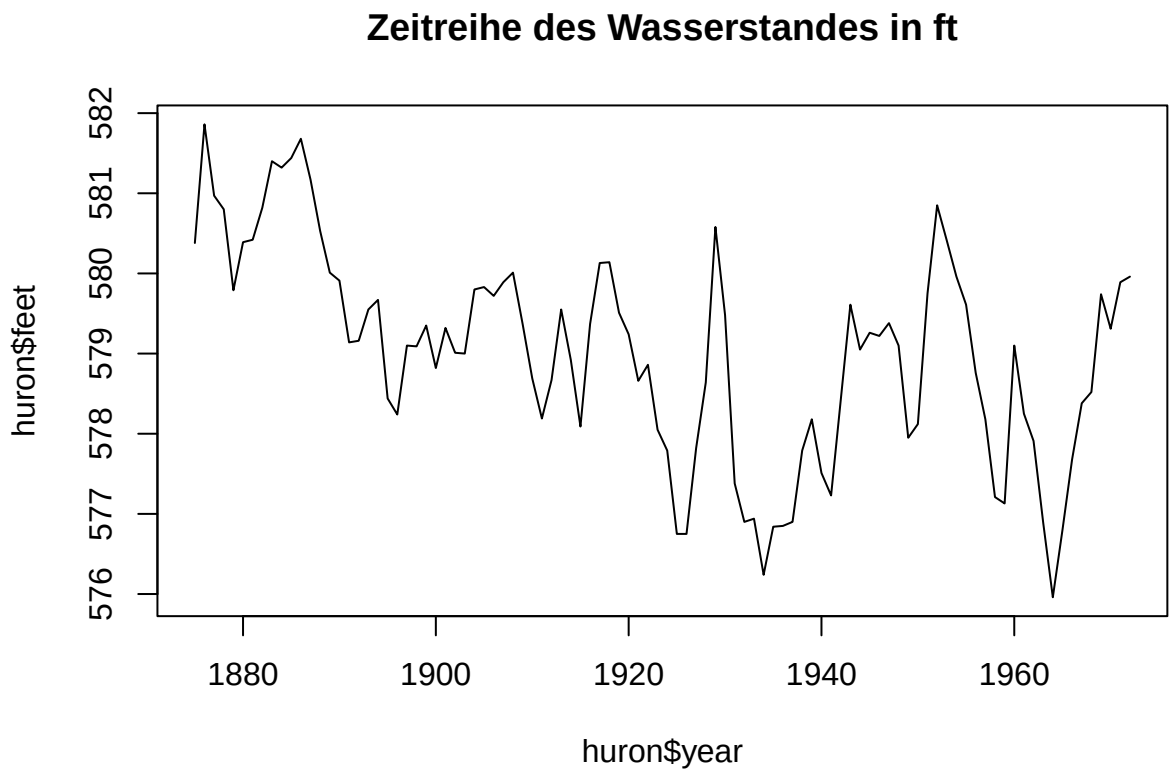
```
huron <- data.frame(feet=as.matrix(LakeHuron), date=time(LakeHuron))
huron["year"] <- 1875:1972
huron <- subset(huron, select = -c(date))
str(huron)
```

```
## 'data.frame':    98 obs. of  2 variables:
##  $ feet: num  580 582 581 581 580 ...
##  $ year: int  1875 1876 1877 1878 1879 1880 1881 1882 1883 1884 ...
```

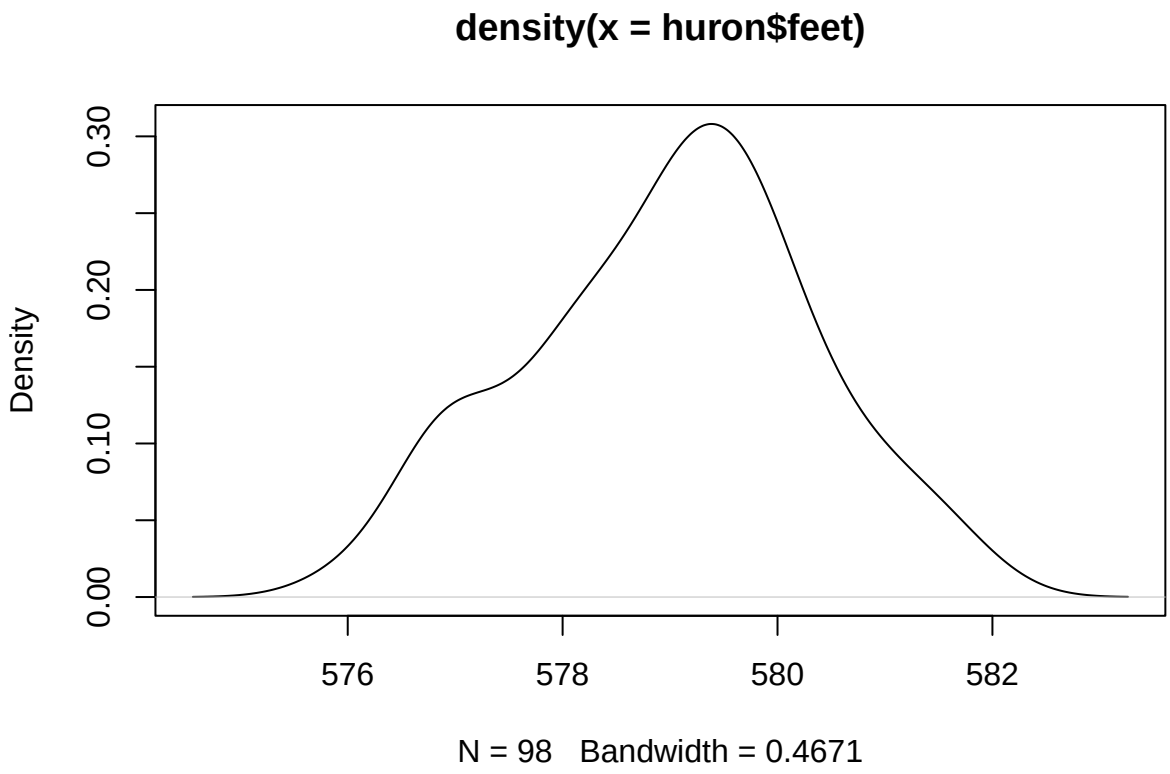
```
summary(huron)
```

```
##       feet            year
##  Min.   :576.0   Min.   :1875
##  1st Qu.:578.1   1st Qu.:1899
##  Median :579.1   Median :1924
##  Mean   :579.0   Mean   :1924
##  3rd Qu.:579.9   3rd Qu.:1948
##  Max.   :581.9   Max.   :1972
```

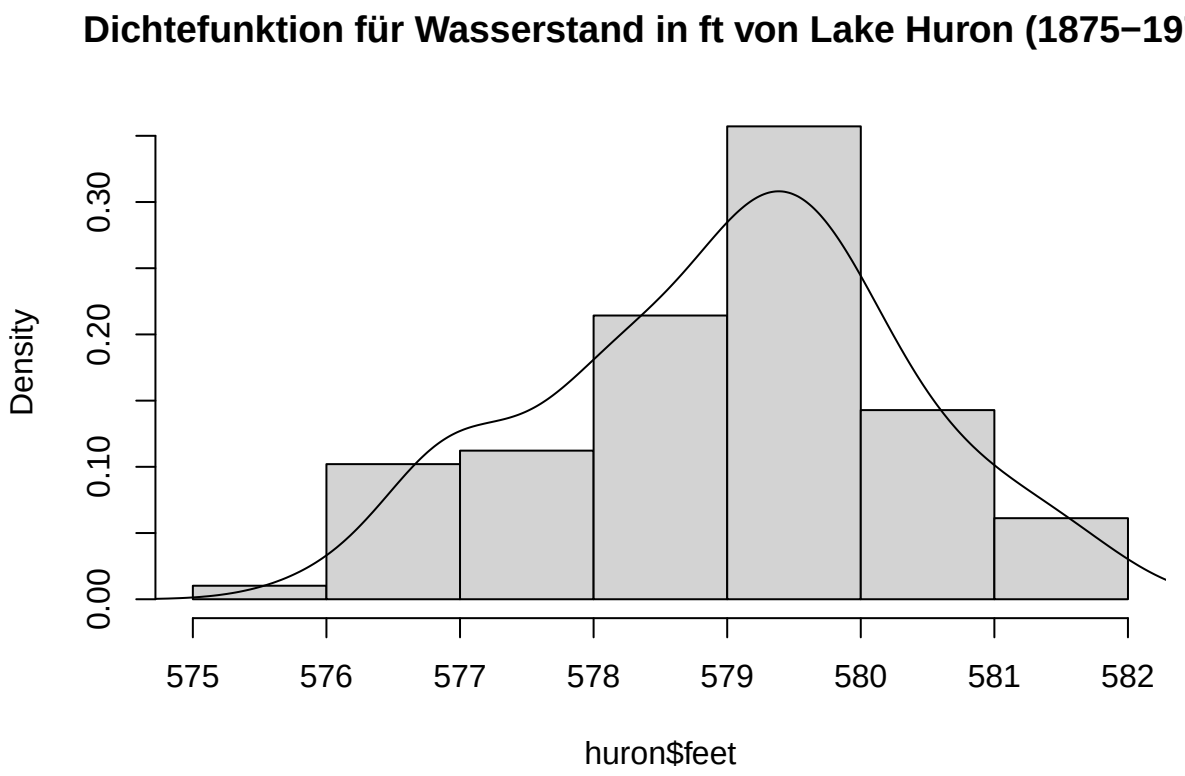
```
plot(x = huron$year, y=huron$feet, type="l", main="Zeitreihe des Wasserstandes in ft")
```



```r
plot(density(huron$feet))
```




```r
hist(huron$feet, freq=F, main="Dichtefunktion für Wasserstand in ft von Lake Huron (1875-1972)")
lines(density(huron$feet))
```

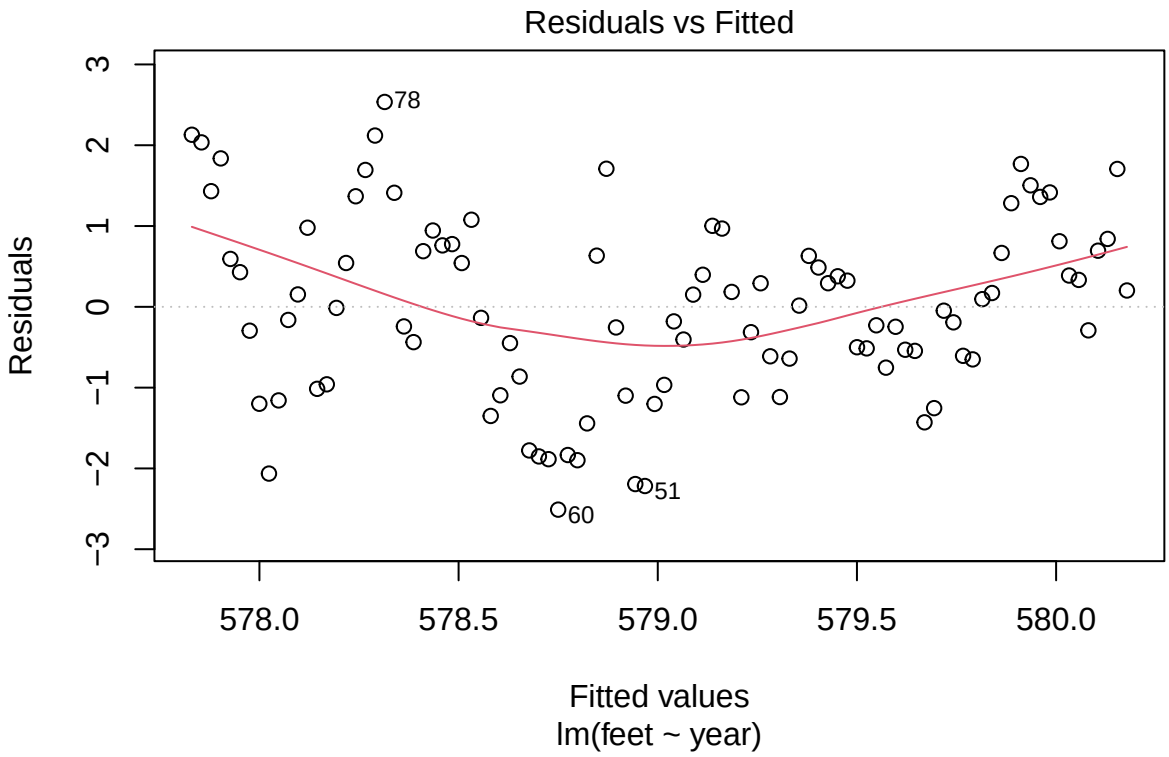


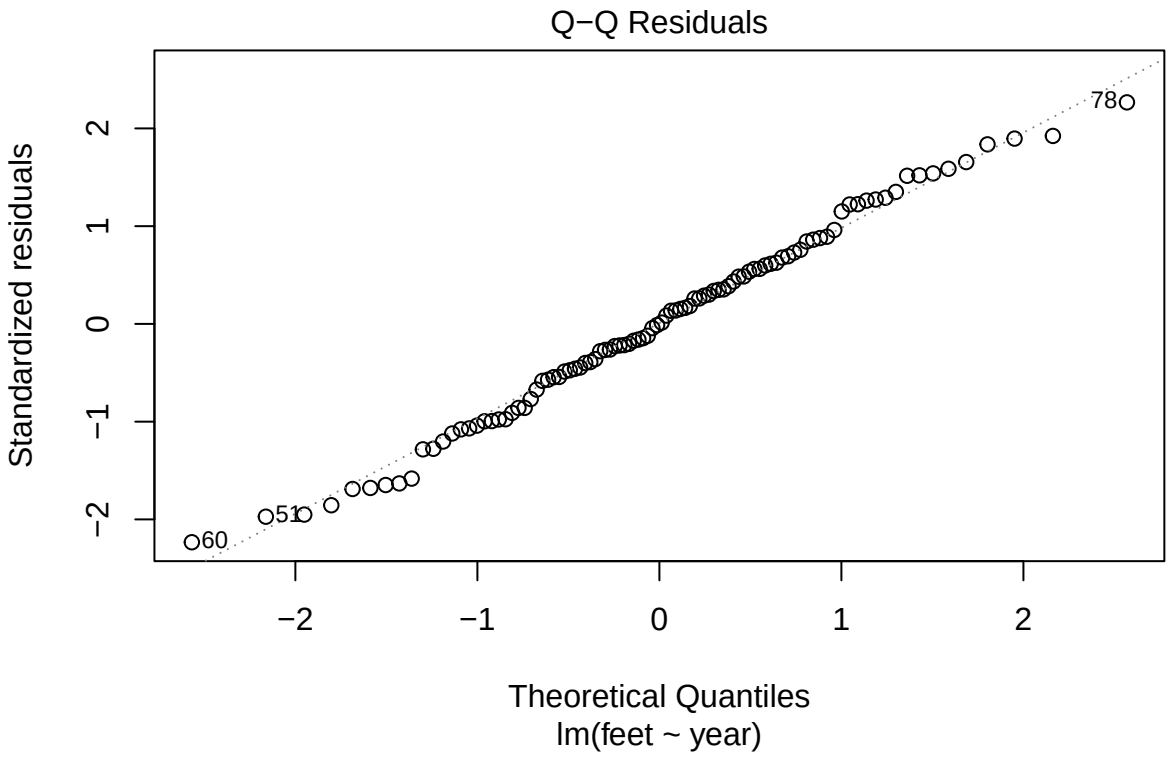

```
shapiro.test(huron$feet)
```

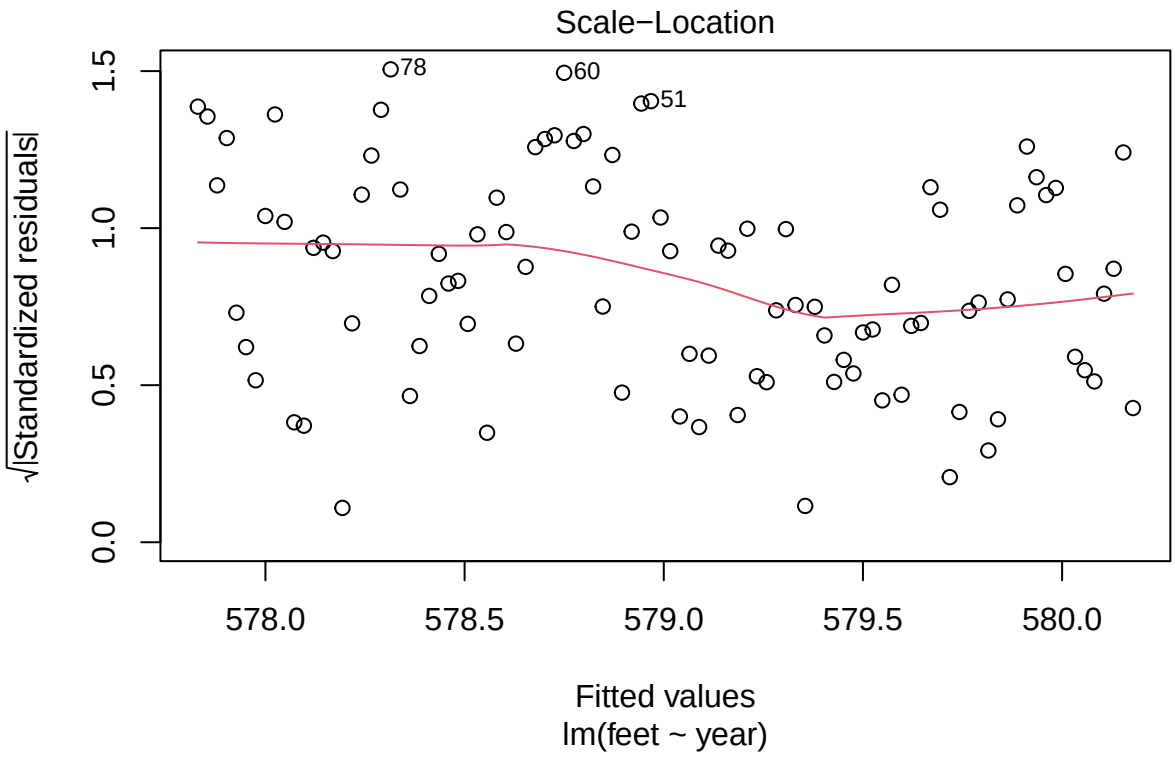
```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  huron$feet
## W = 0.98492, p-value = 0.3271
```

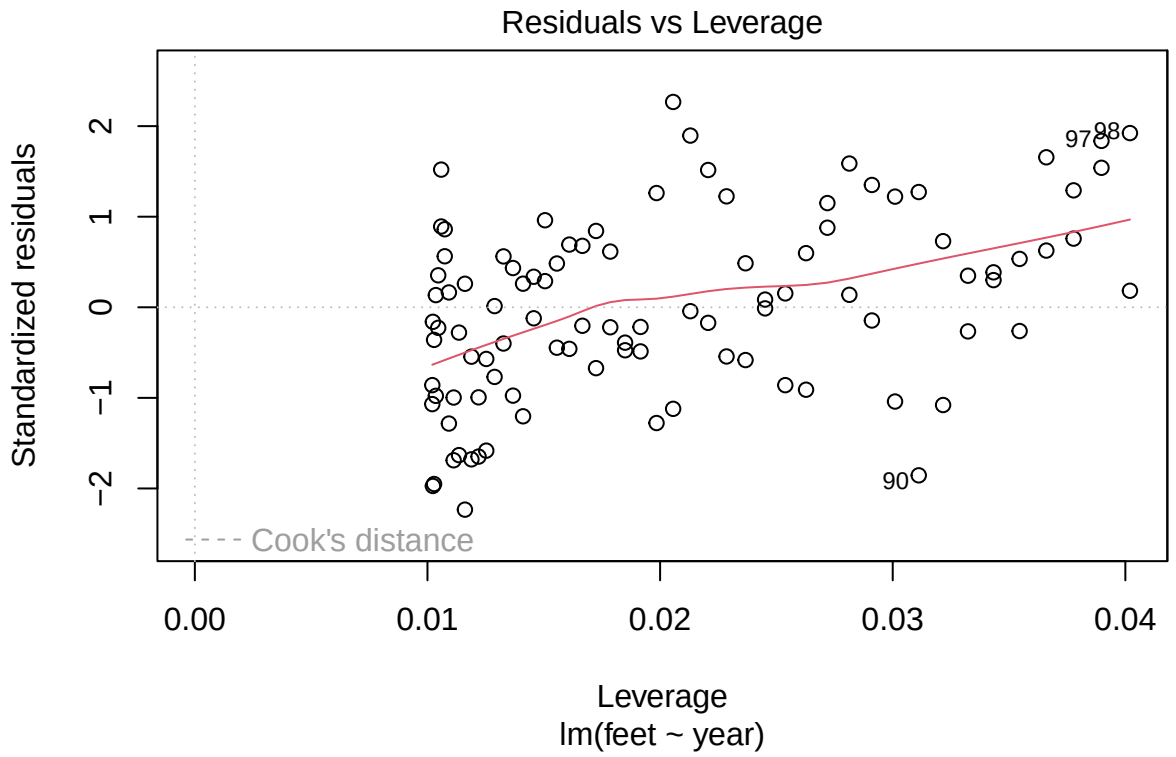
Man erkennt, dass die Daten annähern Normalverteilt (und daher unimodal) sind. Auch der Shapiro-Wilk normality test zeigt eine Normalverteilung mit einem p-Wert von 0.3271 an.

```
huron_lm1 <- lm(feet ~ year, data=huron)
plot(huron_lm1)
```


Residuals vs Fitted
Residuals
Fitted values
lm(feet ~ year)
78
51
60
−3
−2
−1
0
1
2
3
578.0
578.5
579.0
579.5
580.0


Q−Q Residuals
Standardized residuals
−2
−1
0
1
2
60
51
78
−2
−1
0
1
2
Theoretical Quantiles
lm(feet ~ year)


Scale−Location
78
60
51
1.5
1.0
0.5
0.0
√|Standardized residuals|
578.0
578.5
579.0
579.5
580.0
Fitted values
lm(feet ~ year)



Man sieht im Plot Residuals vs. Fitted deutlich, dass die Punkte nicht zufällig liegen, sondern Sinus-artig um die Linie verlaufen. Eine Voraussetzung der vier am Anfang genannten Voraussetzungen für ein lineares Regressionsmodell, nämlich jenes, dass die Komponenten des Fehlerterms nicht korrelieren, trifft hier nicht zu. Die anderen 3 Voraussetungen sind hier erfüllt.

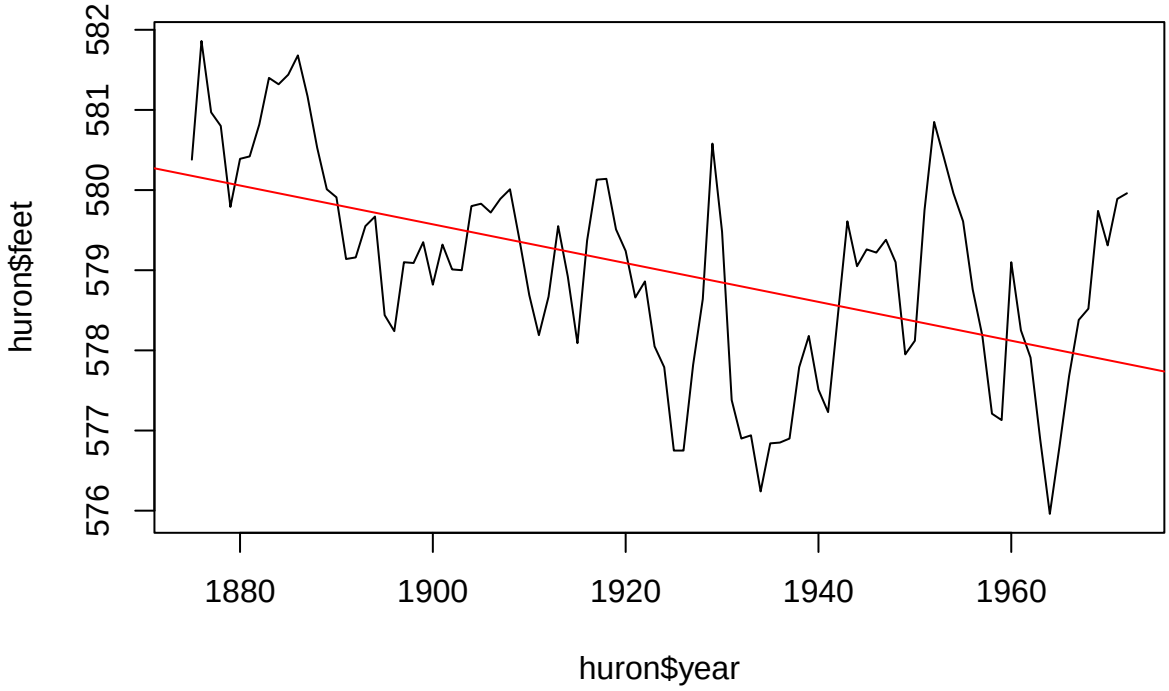
Im QQ-Plot sieht man keine Ausreißer oder gegen Normalverteilung sprechende Werte. Und keiner der Werte deutet darauf hin, als Hebel zu fungieren. Wir setzen trotzdem ein lineares Modell an, dass die Änderung des Pegels über die Zeit zeigt:

```
model <- lm(formula = feet ~ year, data=huron)
summary(model)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = feet ~ year, data = huron)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.50997 -0.72726  0.00083  0.74402  2.53565
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 625.554918   7.764293  80.568  < 2e-16 ***
## year         -0.024201   0.004036  -5.996 3.55e-08 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
```

```
## Residual standard error: 1.13 on 96 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.2725, Adjusted R-squared:  0.2649
## F-statistic: 35.95 on 1 and 96 DF,  p-value: 3.545e-08
```

```r
plot(huron$year, huron$feet, type="l")
abline(model, col="red")
```



Dieses Lineare Modell zeigt, dass der Wasserstand des Sees über die Jahre kontinuierlich sinkt. Der jährliche Rückgang beträgt gemäß unserem Modell 0.024 feet, also etwa 7.3 mm. Findet der Rückgang weiterhin so schnell statt, dann wäre der See in etwa 2400 Jahren ausgetrocknet.

Pima Indians

Laden Sie den Datensatz 'Pima.tr' aus der library 'MASS'. Ermittle ein logistisches Regressionsmodell, dass das Auftreten von Diabetes ('type') durch die übrigen unabhängigen Variablen Alter (age), Anzahl der Schwangerschaften (npreg), BMI, Glukosespiegel (glu), Blutdruck (bp), familiäre Häufung von Diabetesfällen (ped) und Hautfaltendickemessung am Oberarm (skin) erklärt. Schreibe die Modellgleichung an und interpretiere die Werte der Koeffizienten im Kontext.

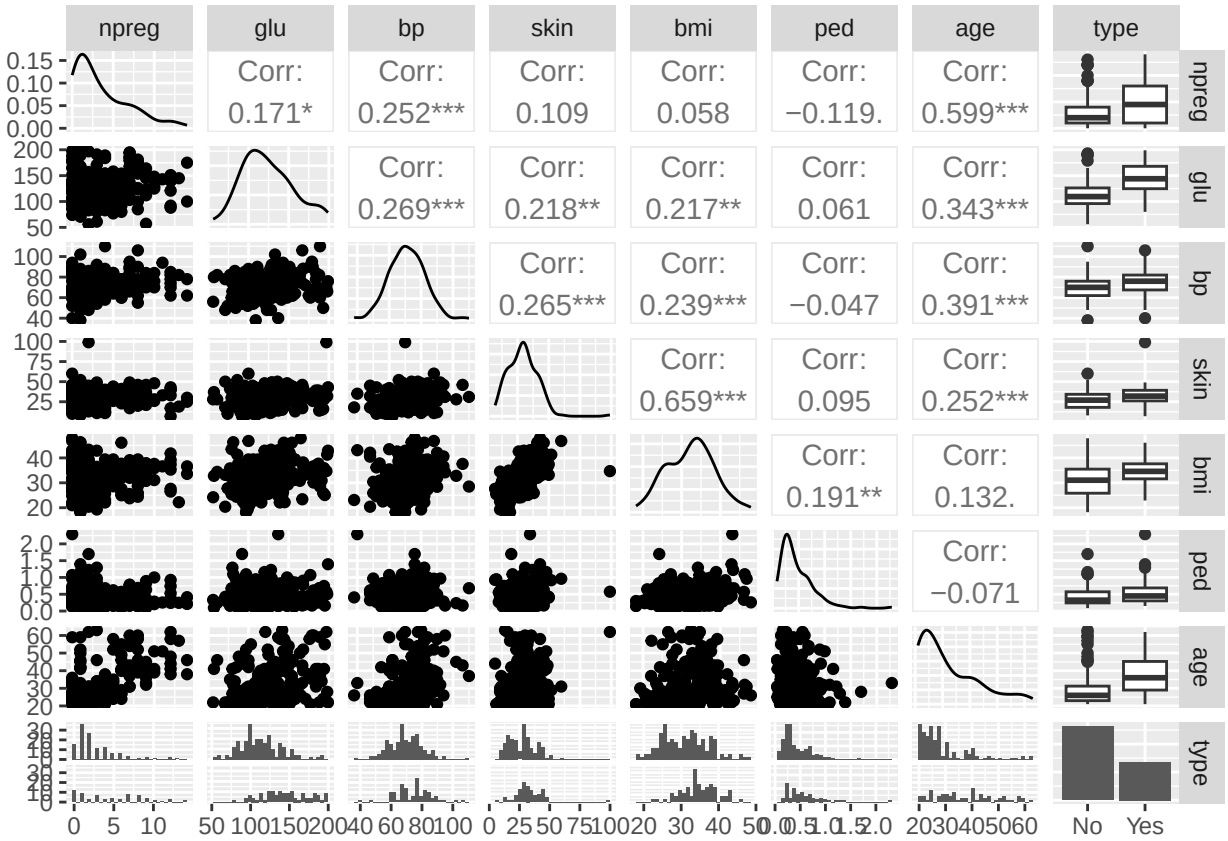
Ermitteln Sie die prädiktive Qualität des Modells mithilfe einer Receiver Operating Characteristic (ROC) Kurve. Führen Sie auch die False Positive, False Negative, True Positive und True Negative Raten in einer Tabelle (Konfusionsmatrix) an.

Eine Bevölkerung von Frauen im Alter von mindestens 21 Jahren, von Pima-Indianer-Herkunft und wohnhaft in der Nähe von Phoenix, Arizona, wurde gemäß den Kriterien der Weltgesundheitsorganisation auf Diabetes getestet. Die Daten wurden vom US National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases gesammelt.

Wir wollen für dieses Beispeiel ein logitisches Regressionsmodell entwicklen,d abei es sich bei Diabetis ja/nein um ein nominalsklaierstes Kriterium handelt.

Im ersten schritt wird die Multikollinearität mittels Scatterplotmatrix überprüft, um etwaige Fehler bei der Modellbildung im Vorhinein auszuschleißen.

```
library(pROC)
library(MASS)
df <- Pima.tr
#View(df_secondRemoval)
ggpairs(df)
```



Hier wird gleich erkennbar, dass innerhalb der Variablen Multikollinearität besteht, was auch für logitische

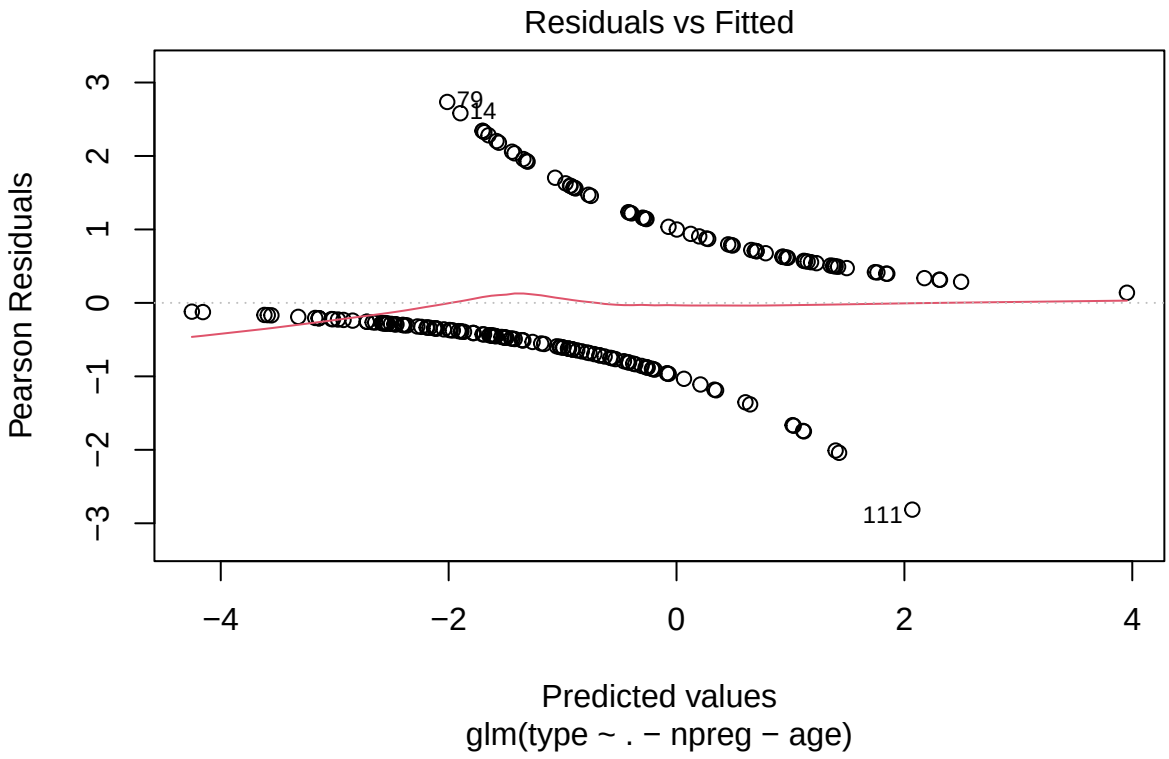
Regression problematisch sein kann. Wie konzentrieren uns hierbei auf Werte um BEreich >0.5 bzw 0.8, bmi - skin (0.659) und age - npreg (0.599) sind die einzigen Variablen, deren Korrelationskoeffizienten in eine kritischen Bereich fallen. Daher hahen wir uns dazu entschieden, skin und npreg aus der dem Modell herauszutrimmen.

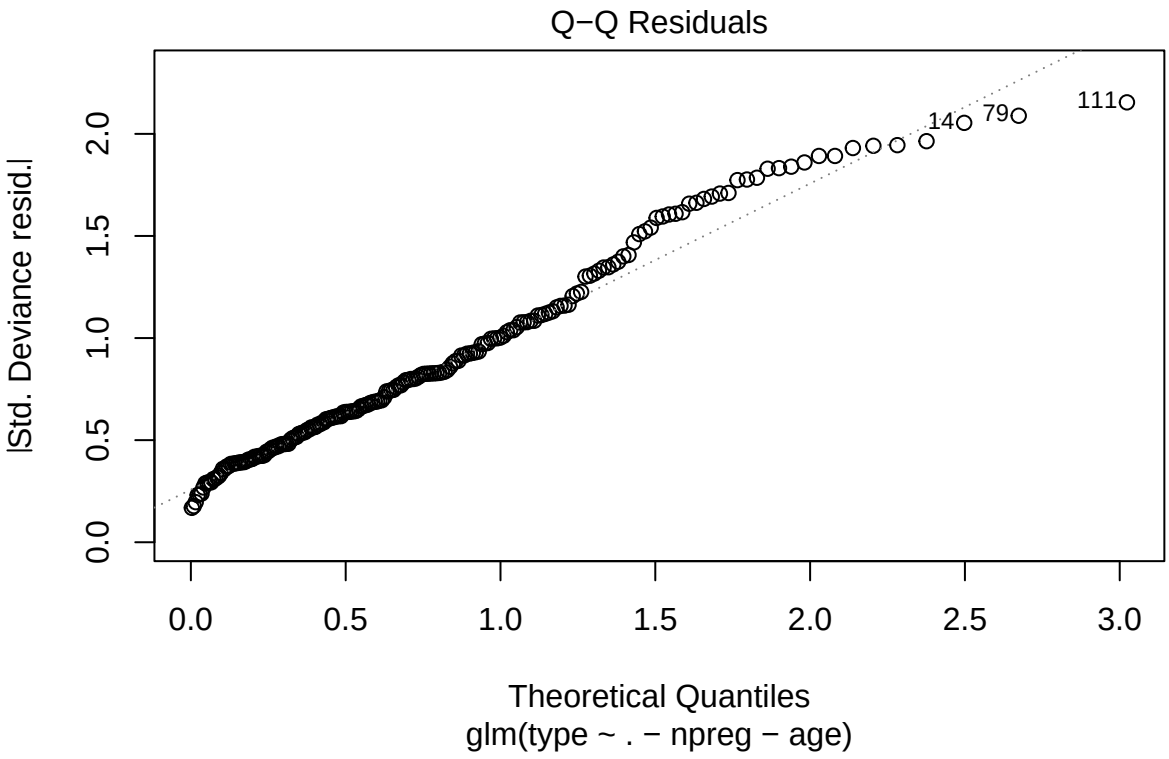
Für die Modlleriung verwenden wir logit-Funktion, die log-Odds der Ergebnisses abbildet.

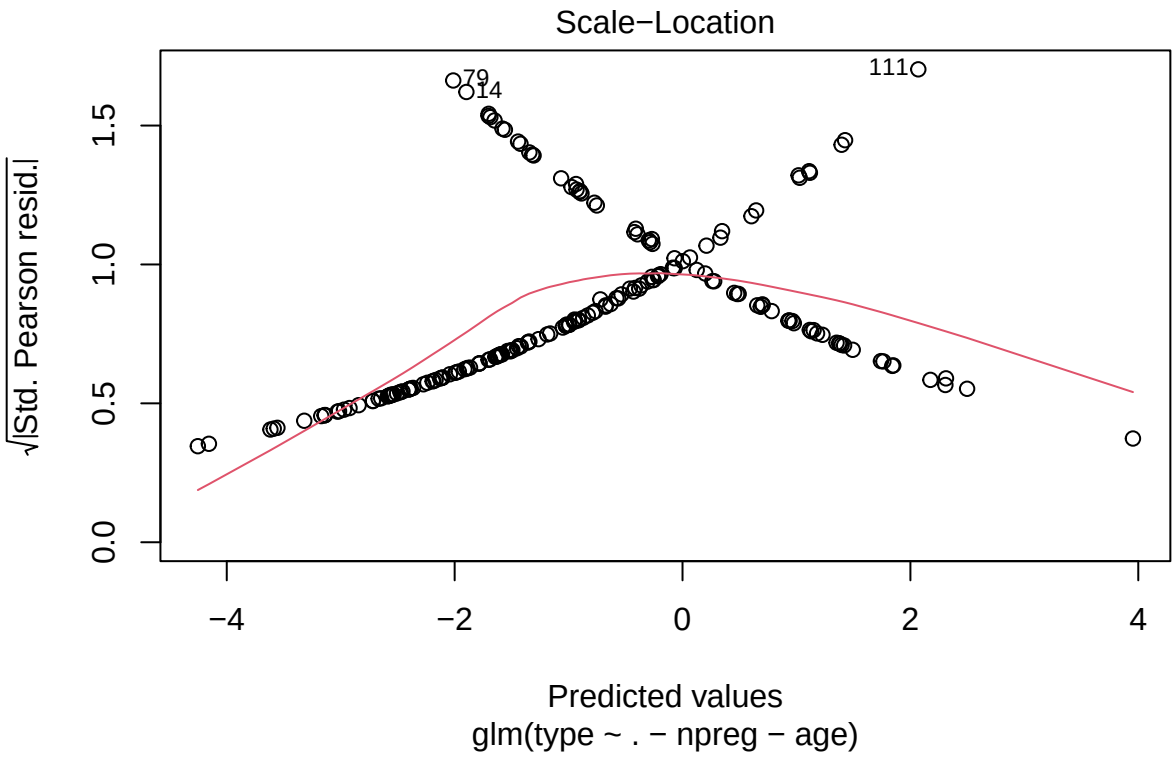
```
library(pROC)
library(MASS)


#summary(data)

df <- data.frame(Pima.tr)
modell <- glm(type~ . - npreg - age ,data=df,family=binomial(link = "logit"))
summary(modell)
```

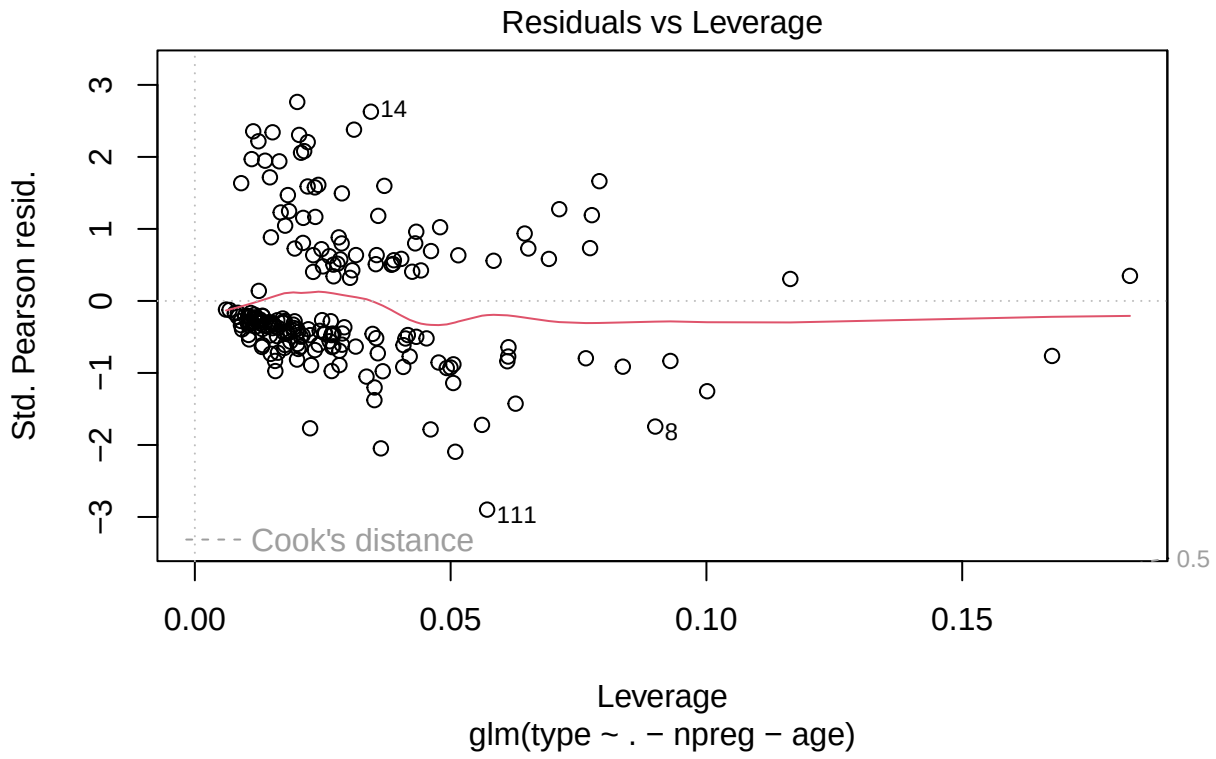
```
##
## Call:
## glm(formula = type ~ . - npreg - age, family = binomial(link = "logit"),
##     data = df)
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -9.296518   1.693633  -5.489 4.04e-08 ***
## glu          0.035295   0.006566   5.376 7.63e-08 ***
## bp           0.015239   0.016793   0.907   0.3642
## skin         0.004617   0.021485   0.215   0.8298
## bmi          0.066066   0.040992   1.612   0.1070
## ped          1.459866   0.619486   2.357   0.0184 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 256.41  on 199  degrees of freedom
## Residual deviance: 191.91  on 194  degrees of freedom
## AIC: 203.91
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

```
plot(modell)
```


Residuals vs Fitted
Pearson Residuals
3
2
1
0
−1
−2
−3
79
14
111
−4
−2
0
2
4
Predicted values
glm(type ~ . − npreg − age)


Q−Q Residuals
|Std. Deviance resid.|
0.0
0.5
1.0
1.5
2.0
0.0
0.5
1.0
1.5
2.0
2.5
3.0
14
79
111
Theoretical Quantiles
glm(type ~ . − npreg − age)


Scale−Location
79
14
111
√|Std. Pearson resid.|
0.0
0.5
1.0
1.5
−4
−2
0
2
4
Predicted values
glm(type ~ . − npreg − age)



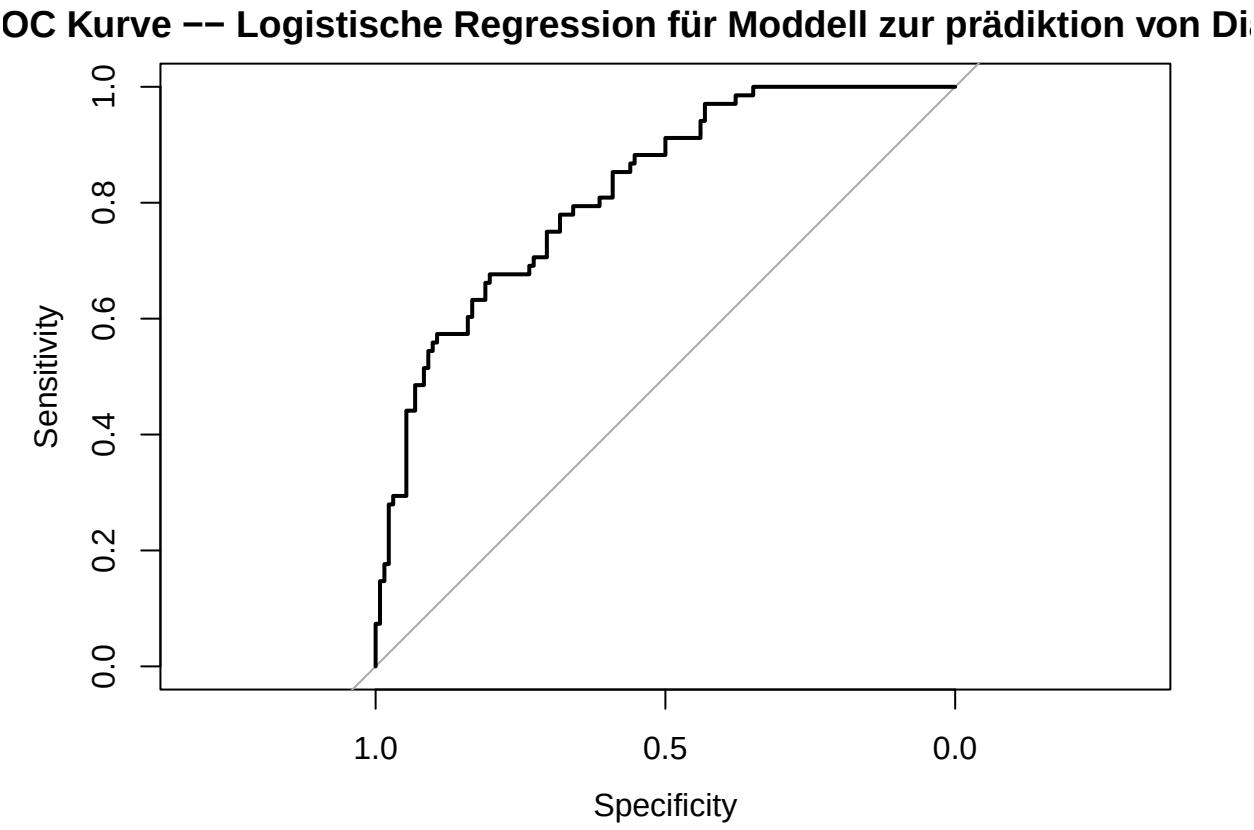

```
#neu classification table
#data.predictions <- predict(modell, type = "response")
# classification <- data.frame(response =df$type)
```

Mittels der glm Funktion wird ein logistisches Modell aus den Prädikatoren modelliert. Folgendes Modell wird durch die errechneten Koeffizienten beschrieben:

$$type = -9.296518 + (0.066066 * bmi) + (0.035295 * glu) + (0.015239 * bp) + (0.004617 * skin) + (1.459866 * ped)$$

Die Analyse der Residuenplots entfällt bei einer logistischen Regressionsanalyse. Aus der Summary können die Koeffizienten des Modells abgelesen werden. Hierbei sieht man, dass nur Glucose und der familiäre Hintergrund signifikant sind. Die prädiktive Qualität des Modells wird nun mithile einer ROC Kurve ermittelt.Diese stellt die Ergebnisse der Prädiktion durch das Modell grapfisch dar, wobeei hohe AUC Werte für eine gute Trefferquote sprechen. In unserem Fall beträgt die AUC 0.8205214, was dafür spricht, dass unsere Modell eine gute Vorhersagequalität hat.

```
#neu classification table

classification <- data.frame(response =df$type)
View(classification)
predictions <- predict(modell, type = "response")
roc_curve <- roc(Pima.tr$type, predictions)
plot(roc_curve,main ="ROC Kurve -- Logistische Regression für Moddell zur prädiktion von Diabetis")
```




```
auc_value <- auc(roc_curve)
cat("AUC (Area Under the Curve):", auc_value, "\n")
```

```
## AUC (Area Under the Curve): 0.8205214
```

Abschließend erstellen wir eine Konfusionsmatrix und Klassifiizieren unsere Daten ausgehend von unserem Modell. Als Treshold setzen wir 0.5

```
#Wir setzen als ja/nein-Kriterium
data.predictions <- predict(modell, type = "response")
classification <- data.frame(response =df$type)


threshold <- 0.5
data.pred.class <- ifelse(data.predictions >= threshold, 1, 0)
table(data.pred.class)
```

```
## data.pred.class
##   0   1
## 149  51
```

```
table(Pima.tr$type)
```

```
##
```

```
##  No Yes
## 132  68
```

```
classification.matrix <- table(PRED = data.pred.class, ACTUAL = Pima.tr$type)
classification.matrix
```

```
##      ACTUAL
## PRED  No Yes
##    0 119  30
##    1  13  38
```

```
colnames(classification.matrix) <- c("Neg", "Pos")
rownames(classification.matrix) <- c("Neg", "Pos")
addmargins(classification.matrix)
```

```
##       ACTUAL
## PRED   Neg Pos Sum
##   Neg 119  30 149
##   Pos  13  38  51
##   Sum 132  68 200
```

Zusammenfassend kann man aus der erstellten Tabelle (Konfusionsmatrix) folgende Informationen entnehmen:

True negative = 119 True positive = 28 False negative = 30 False positive = 13

Insgesamt ist das Modell also eher spezifisch, und klassifiziert häfiger falsch-negativ als falsch-positiv.

SS24 Für einenweiterführende Analyse werden wir mit Ridge und LASSO versuchen, ein noch besseres Modell zu bilden.