Dzień 4 - Uogólnione modele liniowe, modele addytywne (GLM, GLMM, GAM) - zadania

Marcin K. Dyderski, Patryk Czortek

20 kwietnia 2023

Zadania do wykonania

1. Wczytaj zbiór danych dotyczący występowania gatunków wskaźnikowych starych lasów w Poznaniu. Możesz również ściągnąć go do R za pomocą funkcji read.csv():

W zbiorze danych mamy informacje o udziale procentowym terenów otwartych (agricultural, semi-natural & wetlans, kolumna ASW), lasów (Forests), terenów przemysłowych (Industrial), wód ('Water), zabudowy gęstej (Urban.dense) i rzadkiej (Urban.sparse), typ lasów w kwadracie (OLDFR,stare, nowe i brak lasów), liczbę gatunków wskaźnikowych starych lasów (AFIS) oraz obecność (0/1) pięciu wybranych gatunków.

- a. Używając zbioru danych afis przygotuj wykres na którym pokażesz zależność pomiędzy AFIS a Forests z linią regresji zakładającą rozkład Poissona w oparciu o geom_smooth(method='glm', method.args=list(family='poisson')) dla celów poglądowych.
- b. Wykonaj model dla liczby gatunków wskaźnikowych starych lasów (kolumna AFIS) w opraciu o trzy predyktory: Water, Urban.dense oraz OLDFR. Z uwagi na charakter danych skorzystaj z rozkładu Poissona używając funkcji glm(...., family=poisson).
- c. Za pomocą testDispersion() sprawdź czy jest problem z dyspersją, jeśli jest to zastosuj odpowieni rozkład używając glmmTMB
- d. Sprawdź VIFy, dokonaj selekcji zmiennych za pomocą dredge()
- e. Sprawdź model finalny obejrzyj summary(), współczynniki r2, przygotuj wizualizację za pomocą ggpredict()
- 2. Wykonaj analogiczny model używając zamiast OLDFR kolumny Forests. Potraktuj te dane odpowiednim rozkładem (Beta proporcja udziału lasów), pamiętaj o zamianie na wartości z zakresu 0-1. Przeprowadź cały cykl budowy modelu (VIFy, dredge), oceń model finalny i przygotuj wizualizację.
- 3. Korzystając ze zbioru danych afis przygotuj model występowania wybranego gatunku (np. Ficavern) używając jako predyktorów wybranych cech. Pamiętaj że występowanie gatunków w tym zbiorze danych jest wyrażone zerojedynkowo użyj glm(...., family = binomial(link='logit')). Przeprowadź cały cykl budowy modelu (VIFy, dredge), oceń model finalny i przygotuj wizualizację.
- 4. Wczytaj zbiór danych survi link: [https://github.com/mkdyderski/BSS/blob/BSS2019/datasety/survi.csv]. Możesz również ściągnąć go do R za pomocą funkcji read.csv():

W zbiorze tym sprawdź wpływ pH, light, cover i stand_type na przeżywalność siewek (kolumna surv). Stwórz GLMM (funkcja glmer z pakietu lmerTest) z rozkładem dwumianowym używając family=binomial(link='logit') - jako efekt losowy sprawdź rok oraz blok - pomiń efekty związane z plotem. Przeprowadź cały cykl budowy modelu (VIFy, dredge), oceń model finalny i przygotuj wizualizację.

4. Wczytaj zbiór danych regen.plots link: [https://github.com/mkdyderski/BSS/blob/BSS2019/datasety/regen.plots.csv]. Możesz również ściągnąć go do R za pomocą funkcji read.csv():

zawiera on liczbę jaworów (Acer), buków (Fagus) i jesionów (Fraxinus) na 100 m2 na 32 poletkach oraz trzy zmienne: DIFN (miarę dostępności światła), ph gleby i cyfrowy zapis kompozycji gatunkowej d-stanu: wartości ujemne - świerkowe, blisko zera - bukowe, dodatnie - jaworzyny i łegi. riv to kod doliny rzecznej - potraktuj go jako random intercept

- a. przygotuj model liczebności jawora używając funkcji glmmTMB() z pakietu glmmTMB. Sprawdź za pomocą funkcji testDispersion(simulateResiduals(model)) i testZeroInflation(simulateResiduals(model)) dyspersję i zera. Po zbudowaniu modelu globalnego zredukuj go używając funkcji dredge. Jaki model jest ostateczny?
- b. przygotuj model dla buka czy można zastosować rozkład Poissona, czy ujemny dwumianowy? sprawdź wielkość efektów używając funkcji ggpredict z pakietu ggeffects
- c. przygotuj model dla jesionu i porównaj go z pozostałymi
- d. dla wybranego przez siebie modelu przygotuj wizualizację obejmującą punkty (dane rzeczywiste) i krzywe z modelu

##Propozycje do pracy z własnym zbiorem danych 5. Przetestuj hipotezy o wpływie czynników na zmienną zależną używając odpowiednich modeli. Weź pod uwagę rozkłady i logikę badanych zmiennych - np. tempo wzrostu korzeni nie może być ujemne, a temperatura ciała poniżej pewnej wartości oznacza śmierć. 6. Sprawdź czy do modelu należy włączyć efekty losowe - czasem może to przewrócić wnioskowanie do góry nogami, ale lepiej zinterpretować to teraz niż po uwagach recenzenta;) Zastanów się co może być modyfikowane przez czynniki losowe - nachylenie krzywej (tempo odpowiedzi) czy też tylko jej położenie (intercept)? 7. Jeśli korzystasz z analizy wariancji zastanów się czy nie włączyć do niej efektów losowych - spróbuj wrzucić w anova() obiekt typu lmer zamiast lm. Sprawdź odpowiedzi brzegowe używając funkcji cld i emmeans