Introdução ao Software R e à Análise Econométrica

Alexandre Xavier Ywata Carvalho Geraldo Sandoval Góes

Seleção de Variáveis em Modelos de Regressão

Considere agora o modelo geral de regressão:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \dots + \beta_k x_{ki} + \epsilon_i$$

- Imagine que o nosso objetivo é de fazer previsões sobre a variável y_i com base em conjunto possível de variáveis preditoras
- Em geral, a inclusão adicional de variáveis preditoras na regressão, como já mencionamos aumenta o coeficiente de determinação (R²)
- A inclusão adicional de variáveis preditoras também reduz (mesmo que marginalmente) o erro de previsão (dentro da amostra) mesmo que as variáveis preditoras não façam sentido
- Portanto, quanto mais incluímos variáveis explicativas na regressão, o R² aumenta e a soma do quadrado dos erros diminui

$$SQE = \sum_{i=1}^{n} [y_i - \hat{y}_i]^2$$

- O problema é que a soma do quadrados do erros SQE corresponde aos erros da regressão dentro da amostra (*in-sample error*)
- Nós gostaríamos de ter um modelo de regressão que possa ter boas previsões para dados fora da amostra
 - Exemplo: queremos um modelo para avaliar a probabilidade de sucesso de novos cursos, com base em uma base de dados histórica de cursos anteriores, que fracassaram ou foram bem sucedidos
- Portanto, nós gostaríamos de ter um modelo que apresentasse baixo erro de previsão fora da amostra (*out-of-sample error*)
- Essa ideia de termos um bom modelo para previsão fora da amostra está intrinsicamente ligada aos procedimentos de validação cruzada (cross-validation) de um determinado modelo de regressão
 - A ideia da validação cruzada é dividir a amostra disponível em duas subamostras; por exemplo, uma delas com 80% das observações, e a outra com 20%.
 - Essa divisão tem que ser cuidadosa, para manter um certo balanço das informações em cada uma delas.

- Validação cruzada:
 - Dividimos a amostra em duas partes podemos fazer uma divisão aleatória entre as observações que vão entrar em cada subamostra; a primeira amostra com n_1 observações e a segunda com n_2 observações
 - A primeira subamostra é usada para estimar os coeficientes da regressão $(\beta_0, \beta_1, \beta_2, ..., \beta_k)$
 - Usamos os coeficientes estimados na primeira amostra para prever a variável reposta na segunda amostra
 - Calculamos agora o erro médio quadrático de previsão (mean square prediction error) com base apenas na segunda amostra

$$MSPE = \frac{1}{n_2} \sum_{i=1}^{n_2} [y_i - \hat{y}_i]^2$$

- Podemos então procurar o modelo de regressão, com as variáveis preditoras, que nos forneça o menor MSPE
- O MSPE nos dá uma ideia do erro fora da amostra
- Um dos pacotes em R para previsão: "caret" (http://topepo.github.io/caret/index.html)

- Vamos agora testar o erro de previsão via *cross-validation* para três modelos
- Vamos dividir a amostra em 20% e 80% aleatoriamente, baleando-se por macrorregião; evitamos assim que uma região fique subrepresentada em uma das amostras
 - Amostra de treinamento: "dadosTrain"
 - Amostra de test: "dadosTest"
- Usaremos o pacote "caret" em R
- Usaremos 80% da amostra para estimação e 20% para testar os erros de previsão de cada modelo
- Três modelos serão avaliados qual a sua aposta?
 - Vamos utilizar métodos estatísticos para encontrar o "melhor" modelo

- Vamos agora testar o erro de previsão via *cross-validation* para três modelos
- Vamos dividir a amostra em 20% e 80% aleatoriamente, baleando-se por macrorregião; evitamos assim que uma região fique subrepresentada em uma das amostras
 - Amostra de treinamento: "dadosTrain"
 - Amostra de test: "dadosTest"

Modelo 1:

Modelo 2:

Modelo 3:

Comparando os três modelos:

```
mod1.pred <- predict(mod1, newdata = dadosTest, se.fit = T)
mod2.pred <- predict(mod2, newdata = dadosTest, se.fit = T)
mod3.pred <- predict(mod3, newdata = dadosTest, se.fit = T)
mod1.pred.error <- mod1.pred$fit - dadosTest$mort infantil
mod2.pred.error <- mod2.pred$fit - dadosTest$mort infantil
mod3.pred.error <- mod3.pred$fit - dadosTest$mort_infantil</pre>
mod1.mspe <- mean(mod1.pred.error^2)</pre>
mod2.mspe <- mean(mod2.pred.error^2)</pre>
mod3.mspe <- mean(mod3.pred.error^2)</pre>
mod1.mspe
mod2.mspe
mod3.mspe
```

• *K-fold cross-validation*:

Atualmente, uma regra de ouro para a seleção de modelos de previsão baseia-se na metodologia chamada *K-fold cross-validation*

- 1. Nesse caso, dividimos (em geral, aleatoriamente) a amostra total de dados em K subamostras; Em geral, usa-se K = 10; podemos usar também K = 5 ou K = 20
- 2. Depois de dividir a amostra em K = 10 partes, separamos a primeira dessas partes, e estimamos os coeficientes da regressão com base nas outras nove partes conjuntamente
- 3. Calculamos agora o erro médio quadrático de previsão (*mean square prediction error*) com base apenas na primeira das 10 partes

$$MSPE_1 = \frac{1}{n_1} \sum_{i=1}^{n_1} [y_i - \hat{y}_i]^2$$

- 4. Repetimos os passos 2 e 3 mais nove vezes, cada uma das vezes deixando um 1/10 da amostra de fora estimações, e depois calculando o erro médio de previsão justamente na subamostra deixada de fora
- 5. Combinamos os erros médios quadráticos das 10 partes para chegarmos a uma medida agregada do erro de previsão fora da amostra

- Em geral, a inclusão indiscriminada de novas variáveis preditoras, apesar de reduzir o erro dentro da amostra, acaba aumentando o erro fora da amostra
- Por outro lado, a não inclusão de variáveis preditoras importantes pode também causar também uma perda de poder de previsão fora da amostra
- Portanto, todos os métodos de seleção automática de variáveis na literatura consideram essa relação de compromisso entre o aumento do poder explicatório da regressão versus a parcimônia na especificação
- Chamamos de trade-off viés-variância
 - Quando incluímos variáveis, *reduzimos o viés* do modelo (é possível capturar mais especificidades da relação entre preditores e variável resposta)
 - No entanto, quando incluímos variáveis, temos que estimar mais parâmetros e a imprecisão (*variância*) de cada um deles aumenta
- Uma série de técnicas e indicadores foram criados para encontrarmos modelos para atender a essa relação de compromisso, sem necessariamente termos que recorrer à validação cruzada
 - Vamos estudar algumas dessas técnicas nos próximos slides

Método de Máxima Verossimilhança

- Para um conjunto de parâmetros β_0 , β_1 , β_2 , ..., β_k para um modelo de regressão
- A função de verossimilhança, assumindo que os resíduos da regressão são normais, independentes e identicamente distribuídos, é escrita como

$$L(\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_k, \sigma^2) = \prod_{i=1}^{n} \frac{1}{(2\pi\sigma^2)^{\frac{1}{2}}} e^{\left[-\frac{1}{2\sigma^2}(y_i - \beta_0 - \beta_1 x_{1i} - \dots - \beta_k x_{ki})^2\right]}$$

- O termo σ^2 corresponde à variância dos resíduos da regressão, que também precisa ser estimada
- O método de máxima verossilhança é comumente empregado para estimar os parâmetros do modelo de regressão linear
- Pode-se mostrar que a fórmula para a estimativa dos coeficientes via máxima verossilhança é idêntica à fórmula para estimativa via método de mínimos quadrados ordinários
- A diferença entre os dois métodos está na estimativa da variância σ^2

Método de Máxima Verossimilhança

Pelo método de mínimos quadrados ordinário (MQO), a estimativa de σ^2 é dada por

$$s^{2} = \frac{SQE}{n - k - 1} = \frac{\sum_{i=1}^{n} [y_{i} - \hat{y}_{i}]^{2}}{n - k - 1}$$

• Pelo método de máxima verossimilhança, a estimativa de σ^2 tem expressão

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SQE}{n} = \frac{\sum_{i=1}^n [y_i - \hat{y}_i]^2}{n}$$

- A estimativa via MQO para σ^2 é não viesada; porém, o viés na estimativa via máxima verossimilhança desaparece quando o número de observações na amostra aumenta
- Por motivos numéricos e analíticos, trabalhamos com o log da função de verossimilhança, ao invés da função original

$$\log L(\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_k, \sigma^2) = -\frac{n}{2} \log 2\pi \sigma^2 - \frac{1}{2\sigma^2} \sum_{i=1}^n (y_i - \beta_0 - \beta_1 x_{1i} - \dots - \beta_k x_{ki})^2$$

Método de Máxima Verossimilhança

 Por motivos numéricos e analíticos, trabalhamos com o log da função de verossimilhança, ao invés da função original

$$\log L(\beta_0, \beta_1, ..., \beta_k, \sigma^2) = -\frac{n}{2} \log 2\pi \hat{\sigma}^2 - \frac{n}{2} = -\frac{n}{2} (1 + \log 2\pi \hat{\sigma}^2)$$

onde
$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SQE}{n} = \frac{\sum_{i=1}^{n} [y_i - \hat{y}_i]^2}{n}$$

- Portanto, quanto menor a SQE, maior a função de log verossimilhança
- O parâmetro $\hat{\sigma}^2$ é calculado usando-se os erros dentro da amostra; portanto, quando incluímos mais variáveis (mesmo desnecessárias) no modelo, o erro diminui e a função de log verossimilhança aumenta
- Diversos indicadores surgiram com base em penalizações da função de log verossimilhança para a inclusão de mais variáveis na regressão
- Critérios comuns: AIC, BIC

Critério de Informação de Akaike - AIC

$$AIC = -2 \log L(\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_k, \sigma^2) + 2 \times p$$

O número p corresponde ao número de parâmetros livres na regressão. No caso da regressão linear, temos: um intercepto, k variáveis preditoras, a variância dos resíduos

$$p = 1 + k + 1 = 2 + k$$

No caso de regressão linear, o AIC é equivalente o critério *Cp* de Mallow

Critério de Informação Bayesiano - BIC

$$BIC = -2 \log L(\beta_0, \beta_1, ..., \beta_k, \sigma^2) + \log n \times p$$

- Os termos $[2 \times p]$ e $[\log n \times p]$, no AIC e BIC, correspondem a pênaltis para a inclusão adicional de variáveis
- Portanto, a inclusão de variáveis vai aumentar $\log L(\beta_0,\beta_1,\ldots,\beta_k,\sigma^2)$, mas aumenta também os pênaltis $[2\times p]$ e $[\log n\times p]$

- Portanto, quando da escolha de um melhor modelo, selecionar aquele que resulte em menor BIC ou menor AIC
- O pênalti no BIC é mais pesado do que no AIC; consequência: o BIC em geral indica a escolha de modelos mais parcimoniosos
- Outros critérios existem, considerando-se outros pênaltis para o número de parâmetros livres p, entre eles:
 - Critério de informação de Hannan-Quinn
 - AIC corrigido
- No R:

AIC(mod1)

AIC(mod2)

AIC(mod3)

BIC(mod1)

BIC(mod2)

BIC(mod3)

- Imagine agora queremos encontrar automaticamente um conjunto de variáveis que resulte em um melhor modelo para fins de previsão
- Diversas possibilidades existem na literatura, entre elas:
 - Seleção best subset *
 - Seleção stepwise
 - Seleção backwards
 - Seleção foward
 - Regressão *ridge*
 - Lasso
- Todas elas buscam satisfazer a relação de compromisso entre erro dentro da amostra e parcimônia do modelo
- O R possui ferramentas para utilização dos métodos acima

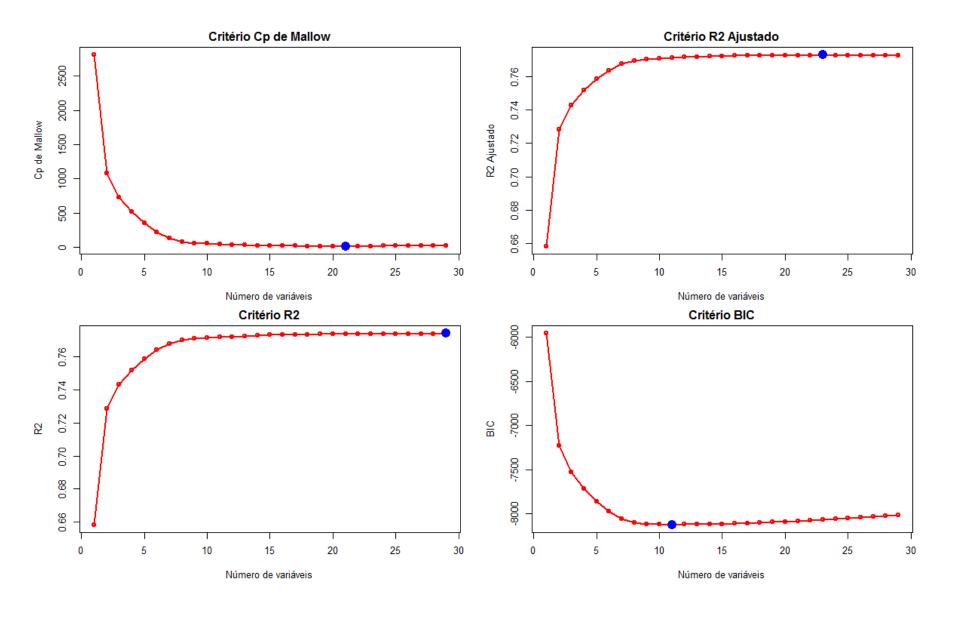
- Seleção best subset
 - Varre todas as combinações possíveis de variáveis preditoras para encontrar o conjunto com melhor R² ajustado ou melhor critério Cp de Mallow, por exemplo
 - Computacionalmente, pode ser bastante demandante, e pode se tornar inviável quando temos muitas variáveis candidatas
 - Se tivermos M variáveis candidatas, há 2^M conjuntos possíveis; por exemplo, M = 100, há 1,268 x 10³⁰ regressões possíveis

No R:

- Pacote "leaps"
- Para cada número de variáveis, encontra o modelo com menos SQE
- Podemos analisar o valor do Cp (AIC), do BIC, do R² ajustado e do R² para cada número de variáveis
- Para cada número de variáveis na regressão, o pacote "leaps" encontra o melhor conjunto de variáveis

Modelo completo:

```
bestsub <- regsubsets(mort infantil ~ renda per capita
       + I(renda per capita^2)
       + I(renda per capita^3)
       + I(renda per capita^4)
       + I(renda per capita^5)
       + indice gini
       + I(indice gini^2)
       + I(indice gini^3)
       + I(indice gini^4)
       + I(indice gini^5)
       + salario medio mensal
       + I(salario medio mensal^2)
       + I(salario medio mensal^3)
       + I(salario medio mensal^4)
       + I(salario medio mensal^5)
       + perc criancas extrem pobres
       + perc criancas pobres
       + perc pessoas dom agua estogo inadequados
       + perc pessoas dom paredes inadequadas
       + perc pop dom com coleta lixo
       + perc pop rural
       + as.factor(Regiao)
       + as.factor(Regiao)*renda per capita, data = dados3,
       nvmax = 50
```



- Para um número grande (maior do que 50 ou 100) de potenciais preditores, a opção de best subset pode ser inviável computacionalmente
- Alternativas computacionalmente viáveis incluem:
 - Seleção stepwise
 - Seleção backwards
 - Seleção foward
- Seleção forward:
 - 1. Comece com uma regressão com apenas o intercepto
 - Para as demais variáveis candidatas, escolha aquela cuja inclusão implica em maior aumento de R²
 - 3. Se essa nova adição foi estatisticamente significante, mantenha a variável; caso contrário, retire a variável, volte ao modelo anterior, e pare o algoritmo
 - Repita os passos 2 e 3 até que a adição de qualquer nova variável não seja estatisticamente significante (a um nível de significância pré-especificado)

• Seleção backwards:

- 1. Comece com uma regressão com todas as variáveis candidatas
- 2. Se houver alguma variável cujo coeficiente é estatisticamente não significativo, elimine a variável que tenha menor nível de significância no modelo (maior p-valor); caso contrário, esse é o modelo final
- 3. Repita o passo 2 até atingir um modelo no qual todas as variáveis são estatisticamente significantes (a um nível de significância pré-definido)

Seleção Stepwise:

- 1. Trata-se de uma combinação das seleções do tipo forward e backwards
- 2. Os passos *forward* e *backwards* são intercalados, de forma a adicionarmos variáveis que sejam significativas e retirarmos variáveis que não sejam estatisticamente significativas
- O algoritmo para quando não for mais possível adicionar variáveis novas que sejam estatisticamente significantes, ou retirar variáveis incluídas que forem estatisticamente não significantes
- Os passos acima dão uma ideia geral dos algoritmos; diferentes softwares possuem versões que são variações ao redor dessa ideia geral

```
#---- Backwards, forward e stepwise selection
mod.full <- Im(mort infantil ~ renda per capita
          + I(renda per capita^2)
          + I(renda per capita^3)
          + indice gini
          + as.factor(Regiao)
          + as.factor(Regiao)*renda per capita, data = dados3)
summary(mod.full)
step1 <- step(mod.full, direction = "backward")</pre>
summary(step1)
step2 <- step(mod.full, direction = "forward")</pre>
summary(step2)
step3 <- step(mod.full, direction = "both")</pre>
summary(step3)
formula(step3)
mod.step3 <- Im(formula = formula(step3), data = dados3)
summary(mod.step3)
```

• Exercício 6 - para entregar em 2 semanas:

Utilize como base o código em R 'Analise_de_Regressao_Linear_Exercicios_Praticos_2'.
 Considere o modelo completo abaixo. Usando os diversos métodos aprendidos em sala de aula, encontre um modelo, subconjunto do modelo abaixo, que apresente o menor AIC. O grupo de alunos que obtiver o modelo com AIC de menor valor terá a nota deste exercício multiplicada por dois. No resultado entregue, você deverá incluir o código em R para obter o melhor modelo, e deverá incluir também a fórmula em R para essa "melhor" regressão

```
mod.full <- Im(mort infantil ~ renda per capita
          + I(renda per capita^2)
          + I(renda per capita^3)
          + I(renda per capita^4)
          + I(renda per capita^5)
          + indice gini
          + I(indice gini^2)
          + I(indice gini^3)
          + I(indice gini^4)
          + I(indice gini^5)
          + salario medio mensal
          + I(salario medio mensal^2)
          + I(salario medio mensal^3)
          + I(salario medio mensal^4)
          + I(salario medio mensal^5)
          + perc criancas extrem pobres
          + perc criancas pobres
          + perc pessoas dom agua estogo inadequados
          + perc pessoas dom paredes inadequadas
          + perc pop dom com coleta lixo
          + perc pop rural
          + as.factor(Regiao)
          + as.factor(Regiao)*renda per capita, data = dados3)
```

Obrigado!