Лекция 3. Линейные модели. Продолжение.

27 марта 2013 г.

Обобщенные линейные модели

Определение (Экспоненциальное семейство распределений)

$$f(y|\theta,\phi) = exp\left(\frac{y\theta - b(\theta)}{a(\phi)} + c(y,\theta)\right)$$

θ - параметр сдвига, ϕ - параметр масштаба.

Пример (Нормальное распределение)

$$f(y|\theta,\phi) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} exp\left(-\frac{(y-\mu)^2}{2\sigma^2}\right) =$$

$$= exp\left(\frac{y\mu - \mu^2/2}{\sigma^2} - \frac{1}{2}\left(\frac{y^2}{\sigma^2} + log(2\pi\sigma^2)\right)\right)$$

$\theta = \mu$, $\phi = \sigma^2$, $a(\phi) = \phi$, $b(\theta) = \theta^2/2$ *и*
$c(y,\phi) = -(y^2/\phi + log(2\pi\phi))/2$

Обобщенные линейные модели

Пример (Распределение Пуассона)

$$f(y|\theta,\phi) = \frac{e^{-\mu}\mu^y}{y!} = exp(ylog\mu - \mu - log y!)$$

$\theta = log(\mu)$, $\phi = 1$, $a(\phi) = 1$, $b(\theta) = exp(\theta)$ и $c(y,\phi) = -log y!$

Пример (Биномиальное распределение)

$$f(y|\theta,\phi) = \binom{n}{k}\mu^y(1-\mu)^{n-u} =$$

$$= exp(ylog\frac{\mu}{1-\mu} + nlog(1-\mu) + log\binom{n}{k})$$

$\theta = log(\frac{\mu}{1-\mu})$, $a(\phi) = 1$, $b(\theta) = -nlog(1-\mu)$ и $c(y,\phi) = log\binom{n}{k}$

Обобщенные линейные модели

Определение (Link function)

$$\eta = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p = x^T \beta$$

Пусть $EY = \mu$. *Тогда*

$$\eta = g(\mu)$$

функция g *называется link function.*
Link function называется канонической, если

$$g(\mu) = \theta$$

Основная идея link function - сопоставить среднее значение y и линейный предиктор.

Пример (Канонические link functions)

Нормальное распределение: $\eta = \mu$
Распределение Пуассона: $\eta = log \mu$
Биномиальное распределение: $\eta = log(\mu/(1-\mu))$

Использование в R

```
> library(faraway) #для получения датасета
> glm1<-glm(Species~Area+Elevation+Nearest+Scruz+Adjacent,
data=gala,family=gaussian)
Call:  glm(formula = Species ~ Area + Elevation + Nearest +
    Scruz + Adjacent, family = gaussian, data = gala)
Coefficients:
(Intercept)         Area    Elevation      Nearest
   7.068221    -0.023938     0.319465     0.009144
      Scruz     Adjacent
  -0.240524    -0.074805
Degrees of Freedom: 29 Total (i.e. Null);  24 Residual
Null Deviance:      381100
Residual Deviance: 89230  AIC: 339.1
```

Определение (Deviance)

Если $l(y, \phi|y)$ *- логарифм функции правдоподобия для "полной"модели(которая предсказывает значения выборки точно), а* $l(\hat{\mu}, \phi|y)$ *- логарифм функции правдоподобия для используемой, то deviance будем называть:*

$$D(y, \hat{\mu}) = 2(l(y, \phi|y) - l(\hat{\mu}, \phi|y))$$

Null deviance - deviance для "нулевой"модели(которая представляет собой только intercept)

Биномиальная(логистическая) регрессия

Определение

$$P(Y_i = y_i) = \binom{n_i}{y_i} p_i^{y_i} (1 - p_i)^{n_i - y_i}$$

Link function:

$$\eta_i = g(p_i), \quad 0 \leq g^{-1}(\eta) \leq 1$$

Обычно выбирают одну из 3:
1) Logit: $\eta = log(p/(1-p))$
2) Probit: $\eta = \Phi^{-1}(p)$, *где* Φ *- функция нормального распределения*
3) Complementary log-log: $\eta = log(-log(1-p))$

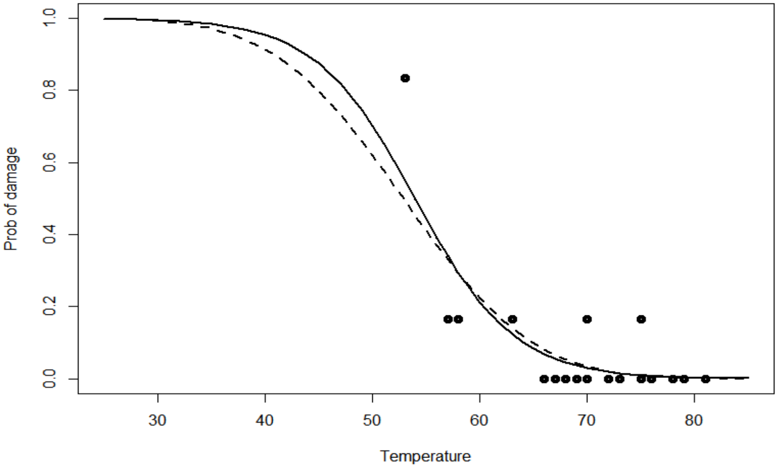
Использование в R

```
> (logitmod <- glm(cbind(damage,6-damage) ~ temp,
family=binomial, orings))
Coefficients:
(Intercept)         temp
    11.6630      -0.2162
Degrees of Freedom: 22 Total (i.e. Null);  21 Residual
Null Deviance:     38.9
Residual Deviance: 16.91  AIC: 33.67

> (logitmod<-glm(damage/6~temp,family=binomial, orings))
Coefficients:
(Intercept)         temp
    11.6630      -0.2162
Degrees of Freedom: 22 Total (i.e. Null);  21 Residual
Null Deviance:     6.483
Residual Deviance: 2.819  AIC: 8.058
```

Использование в R

```
> (probitmod <- glm(cbind(damage,6-damage) ~ temp,
family=binomial(link=probit), orings))
Coefficients:
(Intercept)         temp
     5.5915      -0.1058
Degrees of Freedom: 22 Total (i.e. Null);  21 Residual
Null Deviance:      38.9
Residual Deviance: 18.13  AIC: 34.89

> plot (damage/6 ~ temp, orings, xlim=c(25,85),lwd=4
ylim=c(0,1),xlab="Temperature", ylab="Prob of damage")
> x <- seq(25,85,1)
> lines(x,ilogit(11.6630-0.2162*x),lwd=2)
> lines(x, pnorm(5.5915-0.1058*x), lty=2,lwd=2)
```

Биномиальная(логистическая) регрессия



Оценка качества биномиальной регрессии

Определение

$$D \sim \chi^2(n - l)$$

где n - количество наблюдений, l - количество предикторов

Использование в R

```
# для модели биномиальной регрессии
> pchisq(deviance(logitmod),df.residual(logitmod),lower=F)
[1] 0.7164099
# для "нулевой" модели
> pchisq(38.9,22,lower=F)
[1] 0.01448877
```

Определение (Аналог статистики R^2)

$$R^2 = \frac{1 - exp((D - D_{null})/n)}{1 - exp(-D_{null}/n)}$$

n - общее количество наблюдений

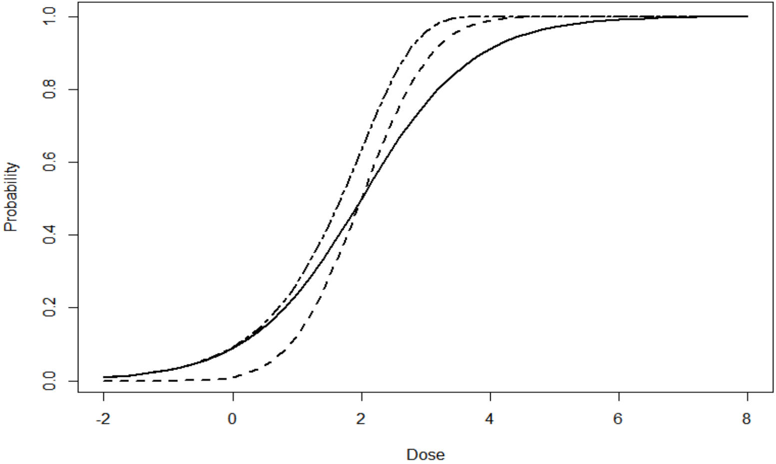
Использование в R

```
> modl<-glm(cbind(dead,alive)~conc,family=binomial,bliss)
> (1-exp((modl$dev-modl$null)/150))/(1-exp(-modl$null/150))
[1] 0.9953178
```

Использование в R

```
> modl<glm(cbind(dead,alive)~conc,family=binomial,
data=bliss)
> modp<glm(cbind(dead,alive)~conc,
family=binomial(link=probit),data=bliss)
> modc<-glm(cbind(dead,alive)~conc,
family=binomial(link=cloglog),data=bliss)
> x<-seq(-2,8,0.2)
> pl<-ilogit(modl$coef[1]+modl$coef[2]*x)
> pp<-pnorm(modl$coef[1]+modl$coef[2]*x)
> pc<-1-exp(-exp(modl$coef[1]+modl$coef[2]*x))
> plot(x,pl,type="l",ylab="Probability",xlab="Dose",lwd=2)
> lines(x,pp,lty=2,lwd=2)
> lines(x,pc,lty=6,lwd=2)
```

Сравнение link function биномиальной регрессии



Использование в R

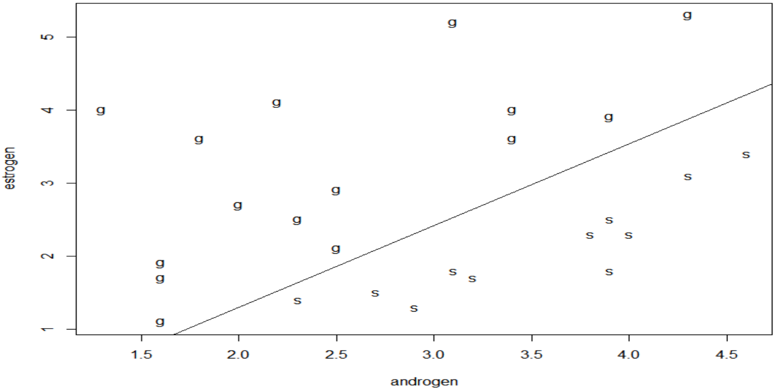
```
> modl<-glm(orientation~estrogen+androgen,hormone,
family=binomial)
Warning messages:
1: glm.fit: algorithm did not converge
2: glm.fit: fitted probabilities numerically 0 or 1
occurred
```

Использование в R

```
> summary(modl)
Deviance Residuals:
       Min          1Q      Median          3Q         Max
-2.759e-05  -2.100e-08  -2.100e-08   2.100e-08   3.380e-05
Coefficients:
             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -84.49  136095.03  -0.001    1.000
estrogen       -90.22   75910.98  -0.001    0.999
androgen       100.91   92755.62   0.001    0.999
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
    Null deviance: 3.5426e+01  on 25  degrees of freedom
Residual deviance: 2.3229e-09  on 23  degrees of freedom
AIC: 6
Number of Fisher Scoring iterations: 25
```

Использование в R

```
> plot(estrogen~androgen,data=hormone,
pch=as.character(orientation))
> abline(-84.5/90.2,100.9/90.2)
```



Определение

$$P(Y = y) = \frac{e^{-\mu}\mu^{y}}{y!}$$

Причины появления распределения Пуассона:
1) Вероятность успеха мала, а число случаев достаточно большое. Например, наличие редкой формы рака.
2) Вероятность события на некотором интервале времени пропорциональна его размеру и не зависит от появления других событий. Например, количество телефонных звонков.
3) Времена между событиями независимы и экспоненциально распределены. Главное отличие от биномиального распределения - число успехов не ограничено.

Использование в R

```
> modp<-glm(Species~Area+Elevation+Nearest+Scruz+
Adjacent,family=poisson,gala)
> summary(modp)
Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  3.155e+00  5.175e-02  60.963  < 2e-16 ***
Area        -5.799e-04  2.627e-05 -22.074  < 2e-16 ***
Elevation    3.541e-03  8.741e-05  40.507  < 2e-16 ***
Nearest      8.826e-03  1.821e-03   4.846 1.26e-06 ***
Scruz       -5.709e-03  6.256e-04  -9.126  < 2e-16 ***
Adjacent    -6.630e-04  2.933e-05 -22.608  < 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: 3510.73  on 29  degrees of freedom
Residual deviance:  716.85  on 24  degrees of freedom
AIC: 889.68
```

Определение

$$\hat{f}_\lambda(x) = \frac{1}{n\lambda}\sum_{j=1}^{n} K\left(\frac{x - x_j}{\lambda}\right) Y_j = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{n} w_j Y_j$$

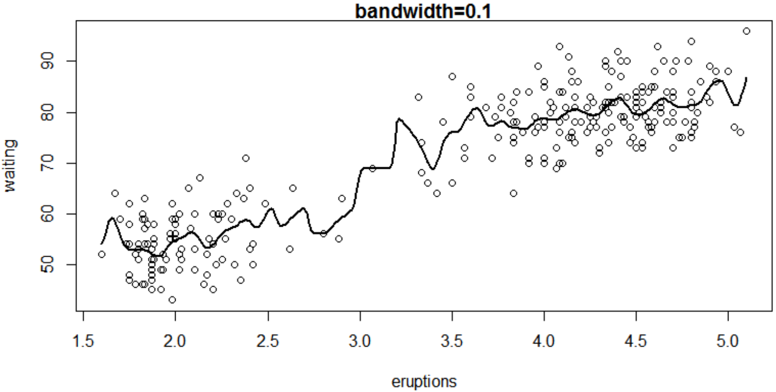
где $w_j = K\left(\frac{x-x_j}{\lambda}\right)/\lambda$ *и* $\int K(x)dx = 1$. *Функция* K *называется ядром регрессии.*

Определение (Оценка Nadaraya-Watson)

$$f_\lambda(x) = \frac{\sum_{j=1}^{n} w_j Y_j}{\sum_{j=1}^{n} w_j}$$

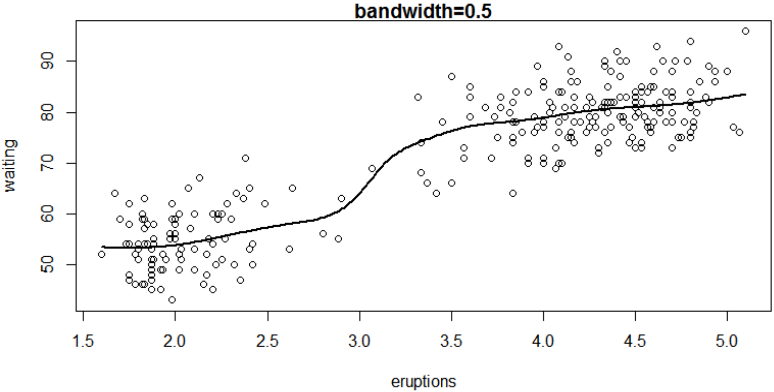
Использование в R

```
> plot(waiting~eruptions,faithful,main="bandwidth=0.1")
> lines(ksmooth(faithful$eruptions,faithful$waiting,
"normal",0.1),lwd=2)
```



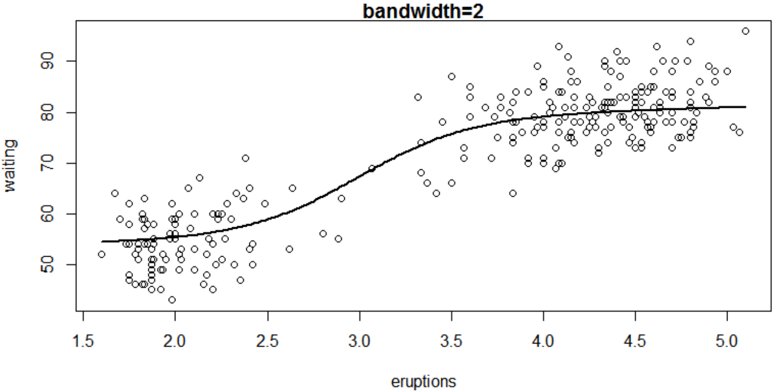
Использование в R

```
> plot(waiting~eruptions,faithful,main="bandwidth=0.5")
> lines(ksmooth(faithful$eruptions,faithful$waiting,
"normal",0.5),lwd=2)
```



Использование в R

```
> plot(waiting~eruptions,faithful,main="bandwidth=2")
> lines(ksmooth(faithful$eruptions,faithful$waiting,
"normal",2),lwd=2)
```



Определение

$$y = \beta_0 + \sum_{j=1}^{p} f_j(X_j) + \epsilon$$

где f_j - сглаживающие функции.

Определение (Backfitting algorithm)

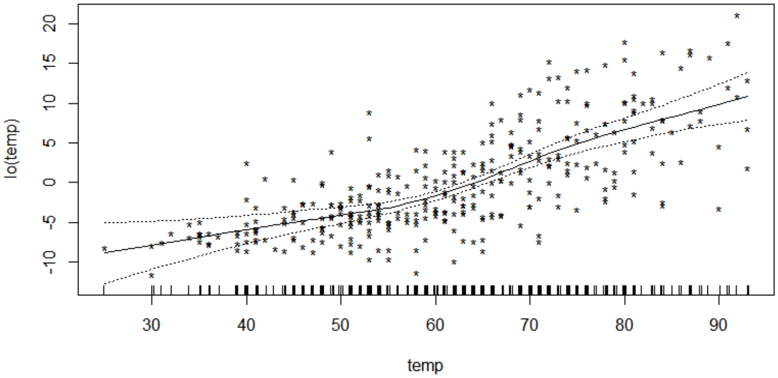
1) $\beta_0 = \overline{y}$ *и* $f_j = 0$
Повторять до сходимости:
2) $f_j = S(x_j, y - \beta(0) - \sum_{k \neq j} f_k)$
где S - какая-нибудь сглаживающая функция.

Использование в R

```
> amgam<-gam(O3~lo(temp)+lo(ibh)+lo(ibt),data=ozone)
> summary(amgam)
Deviance Residuals:
     Min        1Q    Median        3Q       Max
-13.1146  -2.3624  -0.2092   2.1732  12.4447
(Dispersion Parameter for gaussian family taken to be 18.663
    Null Deviance: 21115.41 on 329 degrees of freedom
Residual Deviance: 5935.096 on 318.0005 degrees of freedom
AIC: 1916.049
Number of Local Scoring Iterations: 2
DF for Terms and F-values for Nonparametric Effects
            Df Npar Df Npar F     Pr(F)
(Intercept)  1
lo(temp)     1     2.5 7.4550 0.0002456 ***
lo(ibh)      1     2.9 7.6205 8.243e-05 ***
lo(ibt)      1     2.7 7.8434 9.917e-05 ***
```

Использование в R

```
> plot(amgam,residuals=T,se=T,pch="*")
```



Регуляризация

Определение (Ридж регрессия)

$$J(\theta) = \frac{1}{2}(y - f(X\theta))^T(y - f(X\theta)) + \frac{\lambda}{2}||\theta||_{L^2}$$

Определение (Лассо регрессия)

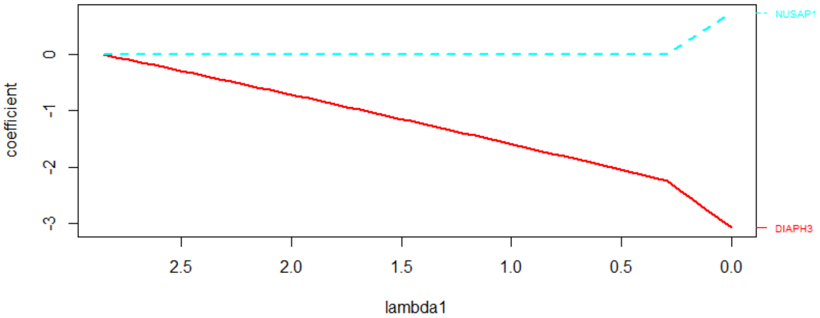
$$J(\theta) = \frac{1}{2}(y - f(X\theta))^T(y - f(X\theta)) + \frac{\lambda}{2}||\theta||_{L^1}$$

Использование в R

```
> library(penalized)
> data(nki70)
> lmr1 <- penalized(ER~DIAPH3+NUSAP1,data=nki70,lambda1=1)
# nonzero coefficients: 2
> lmr2 <- penalized(ER~DIAPH3+NUSAP1,data=nki70,lambda2=1)
> coefficients(lmr1)
(Intercept)      DIAPH3
   1.457045   -1.587166
> coefficients(lmr2)
(Intercept)      DIAPH3      NUSAP1
  1.4475712  -1.2150576  -0.2340205
```

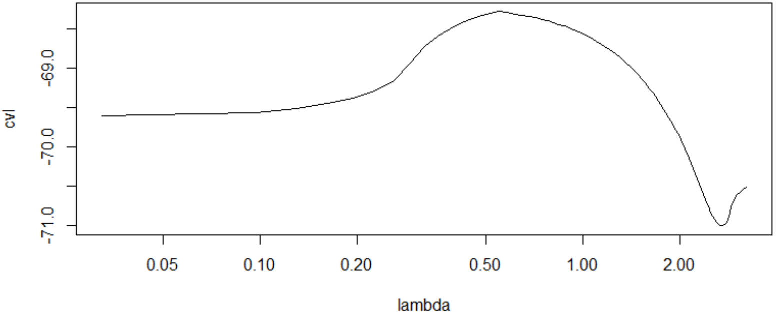
Использование в R

```
lmr1 <- penalized(ER~DIAPH3+NUSAP1, data=nki70,
lambda1=0,step=50)
plotpath(lmr1,lwd=2)
```



Использование в R

```
> profL1(ER~DIAPH3+NUSAP1, data=nki70,plot=T,trace=F)
> optL1(ER~DIAPH3+NUSAP1, data=nki70,trace=F)$lambda
[1] 0.5486795
```



Подбор оптимального параметра λ_2

Использование в R

```
> profL2(ER~DIAPH3+NUSAP1,data=nki70,minlambda=0.01,
maxlambda=5,plot=T,trace=F)
> optL2(ER~DIAPH3+NUSAP1, data=nki70,trace=F)$lambda
[1] 0.6114319
```