

# Biomeetria

## 7. praktikum

Loeme sisse andmestiku fishcatch.dat:

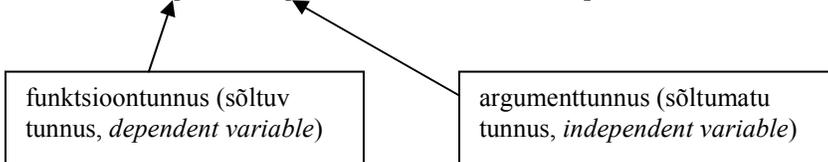
1. `andmed=read.table("http://www.ms.ut.ee/mart/biomeetria2007/fishcatch.dat", header=TRUE)`
2. Lühikeste tunnuste nimede kasutamiseks anna käsk  
`attach (andmed)`

## Regressioonanalüüs

Anna-Liisa tegi latikate elu kirjeldavat loodusfilmi. Peale veealuste kaadrite filmimist hakati tavainimese jaoks sobivaid selgitusi lisama. Telekanali esindaja, vana kalamees Kalamees soovis tungival, et ühe eriti uhke latika kaalu ka selgitavas tekstis mainitakse. Kuna filmitähest latikas oli juba ammu tont teab kuhu ujunud (või nahka pandud), tuli kala kaal kuidagi muidu välja nuputada. Õnneks oli filmitud kaadrite pealt võimalik mõõta latika pikkust ja laiust. Anna-Liisa otsustaski kaalu prognoosida kas latika pikkuse või laiuse järgi (kumb iganes neist täpsema prognoosi annab), kasutades prognoosiva mudeli loomiseks Laenelmavesi järvest püütud latikate andmeid.

Mudeli loomine (latikate jaoks on tunnus *Species* väärtus 1):

```
> mudel=lm(Weight~Length3, data=andmed[Species==1,])
```



```
> mudel
```

Call:

```
lm(formula = Weight ~ Length3, data = andmed[Species == 1, ])
```

Coefficients:

```
(Intercept)      Length3  
-1194.40         47.37
```

Kaalu prognoosiv mudel on  
$$\text{Kaal} = -1194,4 + 47,37 * \text{Pikkus}$$

Seega 30 cm pikkuse latika kaaluks prognoosib leitud mudel  $-1194,4 + 47,37 * 30 = 226,7\text{g}$

```

> summary(mudel)

Call:
lm(formula = Weight ~ Length3, data = andmed[Species == 1, ])

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-101.671  -29.643   -8.777   28.855  176.486

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -1194.395     89.815  -13.30 8.29e-15 ***
Length3      47.369       2.328   20.34 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 56.45 on 33 degrees of freedom
Multiple R-Squared: 0.9261,    Adjusted R-squared: 0.9239
F-statistic: 413.8 on 1 and 33 DF, p-value: < 2.2e-16

```

Prognosivead:  
50% prognosivigadest jääb vahemikku  
-29,6 ... +28,9

Testitakse, kas kala pikkuse muutudes  
ikka kala kaal ka muutub (kas  
regressioonmudel is pikkuse ees olev  
kordaja erineb nullist)

Determinatsioonikordaja  $R^2=0,9261$ .  
Mudel prognoosib kaalu küllaltki täpselt.

Milliste pikkuste jaoks prognoose  
soovime

Prognoosime erinevate pikkustega latikate kaale:

```

> prognoos=predict(mudel, data.frame(Length3=c(20,30,50)))
> prognoos
      1          2          3
-247.0199  226.6678 1174.0432

```

20 cm pika latika kaaluks prognoositi  
-247 g (Näide sellest, et väljapoole  
olemasolevate andmete piire üldiselt  
prognoosida ei tohiks)

30 cm pika latika kaaluks prognoositi  
226,7 g (Mis paistab juba pisut  
mõistlikum)

Saadud tulemused võib esitada graafiliselt. Kõigepealt joonistame latikate pikkuste ja kaalude hajuvusgraafiku:

```

plot(Length3[Species==1], Weight[Species==1],
     main="Latika kaalu prognoosimine", xlab="Kala pikkus (cm)",
     ylab="Kala kaal (g)")

```

Lisame saadud joonisele regressioonsirge. Seda on võimalik teha kahel moel. Lihtsaim viis (aga mitte samavõrra hästi üldistatav) oleks käsuga `abline(mudel)`. Teine võimalus (ja ehk veidi paremini üldistatav) on kasutada lines ja predict-käske:

```

lines(c(20,30,50), prognoos)

```

Saadud graafikule võime lisada ka usaldus- ja prognoosiintervalli. Selleks kasutame järgmiseid käske:

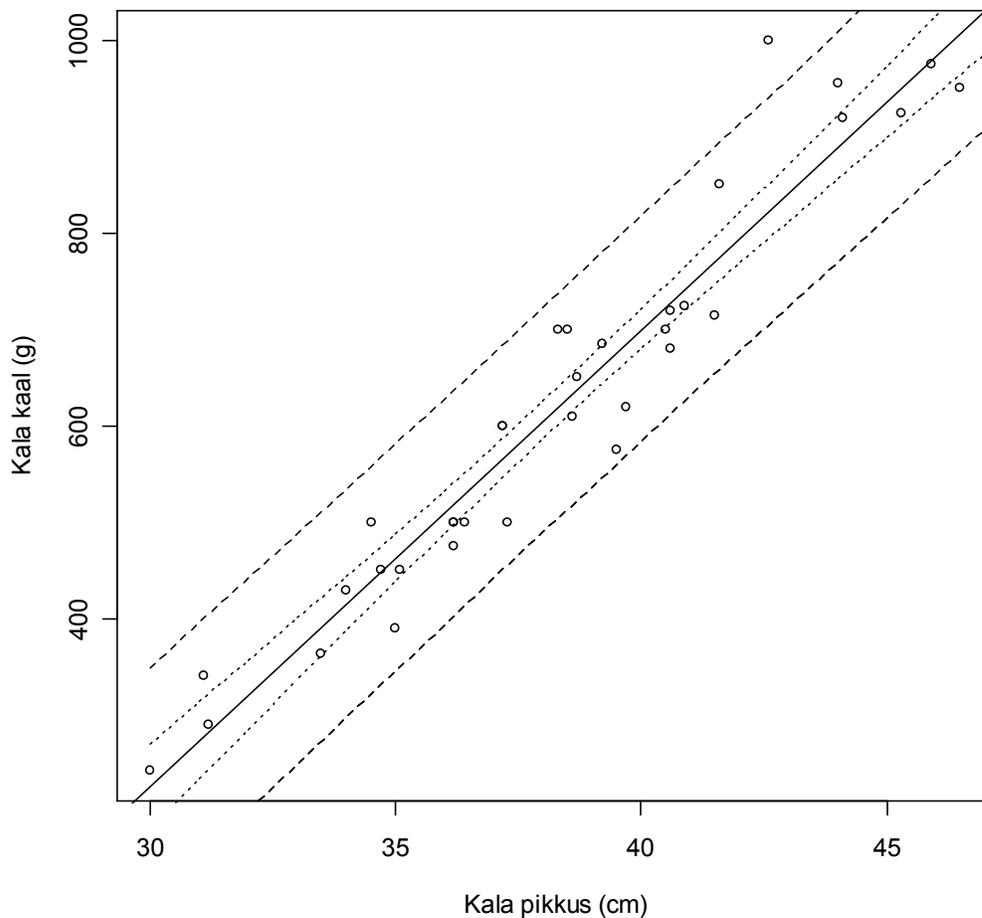
Prognosiintervalli lisamine:

```
prognosis=predict(mudel, data.frame(Length3=c(30:50)),  
interval="prediction")  
lines(30:50,prognosis[,2],lty=2)  
lines(30:50,prognosis[,3],lty=2)
```

Usaldusintervalli lisamine:

```
prognosis=predict(mudel, data.frame(Length3=c(30:50)),  
interval="confidence")  
lines(30:50,prognosis[,2],lty=3)  
lines(30:50,prognosis[,3],lty=3)
```

### Latika kaalu prognoosimine



Konkreetsel latika kaal, keda filmisime (pikkus 44cm) on seega suure tõenäosusega vahemikus 770g...1009g, kaalu prognoos 889,8 e. ligikaudu 900g ehk ligikaudu kilo ehk ligikaudu ... :

```
> predict(mudel, data.frame(Length3=44), interval="prediction")  
      fit      lwr      upr  
[1,] 889.8305 770.3174 1009.344
```

## Eelduste kontroll

Paljude saadud tulemused on usaldusväärsed vaid siis, kui teatavad eeldused on täidetud. Põhilised eeldused, millele tähelepanu pöörata:

1. Kas sirge ikka sobib kaalu kasvamist seletama?
2. Kas mudeli jäägid on (ligikaudu) normaaljaotusega?
3. Kas jääkide hajuvus on ligikaudu konstantne?

Esimesele küsimusele saime vastuse juba joonistatud graafiku abil. Sageli kasutatakse ka mudeli jääkide ja prognoosiva tunnuse hajuvusgraafikut vaatamaks, kas seos tunnuste vahel on keerukam kui lineaarne (meetod väärib tundmaõppimist sest keerukamate mudelite korral osutub ta üsna kasulikuks):

```
plot(Length3[Species==1], resid(mudel))
```

Samalt graafikult võib kontrollida ka kolmanda eelduse paikapidavust. Mida teha, kui vaatlused ei paikne sirgel? Lihtsaid lahendusi on kaks:

1. teisenda kasutatud tunnuseid. Sageli võib aidata funktsioontunnuse (või nii sõltuva- kui sõltumatu tunnuse) logaritmine;
2. Teine võimalus on kaasata mudelisse argumenttunnuse kõrgemad astmed, st prognoosida  $y$ -tunnust kasutades polünoomi:  $y = c_0 + c_1 x + c_2 x^2 + c_3 x^3 + \dots + e$ . Kõrgemaid astmeid saame mudelisse kaasata R'is järgmisel moel:

```
model3 = lm(Weight~Length3+I(Length3^2), data=andmed[Species==1,])
summary(model3)
predict(model3, data.frame(Length3=c(20,30)))
```

või, saadud regressioonseose kujutamine joonisel:

```
x=seq(8, 50, 0.1)
plot(Length3[Species==1], Weight[Species==1])
y=predict(model3, data.frame(Length3=x))
lines(x, y)
```

NB! Lisa ise joonisele usaldusintervall regressioonkõverale ja 95%-tolerantsiintervall!

Antud juhul – kuna seos on tegelikult (peaaegu) lineaarne – ei muutu joonis pikkuse kõrgemate astmete lisamisel mudelisse kuigivõrd. Teistsuguste andmete puhul võib aga muutus osutada vägagi märkimisväärseks.

Jääkide normaaljaotust saab teadagi kontrollida tõenäosuspaberi (normaaljaotusgraafika) abil:

```
qqnorm(resid(mudel))
qqline(resid(mudel))
```

Tulemus on enam-vähem rahuldav (aga miks üks latikas nii eriline on? Ega tegemist pole sisestusveaga?). Kes ta üldse selline on? *Identify*-käsk võimaldab meil joonisel punkte hiirega klõpsida ja nende kohta informatsiooni saada (lõpetamiseks vajuta *Escape*'i):

```
identify(qqnorm(resid(mudel)))
andmed[Species==1,][30,]
```

### Parima prognoosiva tunnuse otsimisest:

Äkki saab aga kaalu kala kõrguse järgi paremini määrata?

```
> mudel2=lm(Weight~Height, data=andmed[Species==1,])
> summary(mudel2)
```

Call:

```
lm(formula = Weight ~ Height, data = andmed[Species == 1, ])
```

Residuals:

```
      Min       1Q   Median       3Q      Max
-362.72 -136.45   19.91  124.00  431.55
```

Coefficients:

```
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -1904.80      749.96  -2.540  0.01598 *
Height        63.94       18.96   3.373  0.00191 **
```

---

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Residual standard error: 179.1 on 33 degrees of freedom

Multiple R-Squared: 0.2563, Adjusted R-squared: 0.2338

F-statistic: 11.37 on 1 and 33 DF, p-value: 0.001915

Determinatsioonikordaja on märgatavalt väiksem,  $R^2=0,2363$ . Kala kõrgus on peaaegu kasutu kala kaalu prognoosimisel.

Näeme mudeli viletsust ka sellest, et tolerantsiintervall tuleb märksa laiem:

```
> predict(mudel2, data.frame(Height=40), interval="prediction")
      fit      lwr      upr
[1,] 652.725 282.6357 1022.814
```

Põhimõtteliselt on prognoosimiseks võimalik kasutada nii kala kõrgust kui pikkust:

```
mudel3=lm(Weight~Height+Length3, data=andmed[Species==1,])
summary(mudel3)
predict(mudel3, data.frame(Height=40, Length3=44),
interval="prediction")
```

ja prognoosiks sobivate tunnuste leidmisel võib olla abi järgmistest käskudest:

```
cor(andmed[Species==1, 3:8])
plot(andmed[Species==1, 3:8])
```

### Ülesanne

Proovi prognoosida ahvena kaalu kasutades ahvena pikkust (nähtud ahven oli 45cm pikk).

## Loe sisse andmestik lapsed2:

```
andmed = read.csv2(
  „http://www.ms.ut.ee/mart/biomeetria2007/lapsed2.csv“,
  header=TRUE)
```

Vaata andmeid  
andmed[1:3,]

Antud andmestikus on järgmised tunnused:

vanus – lapse vanus mõõtmise tegemise hetkel (aastates)  
kaal – lapse kaal (kg)  
pikkus – lapse pikkus (cm).  
sugu – lapse sugu

NB! Millise käsu peaksid andma, et saaksid hiljem selle andmestiku tunnuseid (lihtsalt) kasutada?

Meid huvitab, kuidas lapse kasvades (vanuse suurenedes) muutub lapse kaal.

## Esialgne mudel

```
m1=lm(pikkus~vanus)
summary(m1)
```

Milline näeb välja hinnatud mudel? Pane see kirja!

Kommenteeri tulemusi – kas vanuse abil saab pikkust prognoosida? Kui hästi?

Mis on hinnatud mudeli puhul viltu?

Unustame hetkeks oma kahtlused ja prognoosime oma mudelit kasutades 1,2 aasta vanuse lapse pikkust. Leiame ka 95%-usaldusintervalli 1,2 aastaste laste keskmisele pikkusele ja 95%-prognoosiintervalli 1,2 aastase lapse pikkusele:

```
> predict(m1, data.frame(vanus=1.2))
[1] 78.55209
> predict(m1, data.frame(vanus=1.2), interval="confidence")
      fit      lwr      upr
[1,] 78.55209 78.50859 78.59559
> predict(m1, data.frame(vanus=1.2), interval="prediction")
      fit      lwr      upr
[1,] 78.55209 71.60648 85.4977
```

Joonistame vanuse-pikkuse hajuvusgraafiku ning lisame gaafikule meie poolt leitud regressioonisirge:

```
plot(vanus, pikkus, xlab="Vanus (aastates)", ylab="Pikkus (cm)")
x=seq(0,2.2,0.01)
y=predict(m1, data.frame(vanus=x))
lines(x,y, col="red", lwd=2)
```

Mida teevad ülaltoodud programmi kolm viimast rida? Mida loed välja joonistatud graafikult? Milliseid probleeme näed, kuidas võiks esinenud probleeme lahendada?

Vaatame ka teist regressioonanalüüsi eeldust – nõuet, et uuritav tunnus peab olema normaaljaotusega juhuslik suurus:

```
qqnorm(residuals(m1)); qqline(residuals(m1))
```

või vaatame lihtsalt jääkide histogrammi:

```
hist(residuals(m1))
```

Milline on otsus?

**Ülesanne:** Täiendage mudelit selliselt, et vähemalt hajuvusgraafikult silma jäänud probleemid leiaksid lahenduse. Selleks lisage mudelisse vanuse ruut, kuup jne. Salvestage uus mudel nime all m2.

Joonistame graafiku, kust oleks näha, kuhu vahemikku võiksid sattuda „minu beebi“ pikkus. Käsud võivad välja näha umbes nii, vaata allpool ka soovitud graafikut

```
x=seq(0, 2, 0.01)
y=predict(m2, data.frame(vanus=x), interval="prediction", level=0.5)

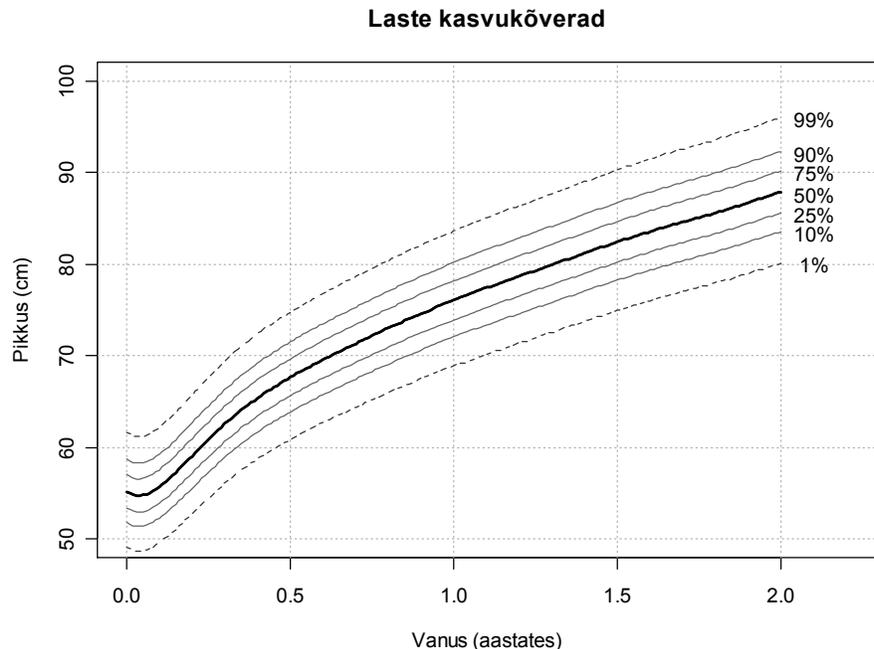
plot(x,y[,1], type="l", lwd=2, ylim=c(50,100), xlim=c(0, 2.2), xlab="Vanus (aastates)",
      ylab="Pikkus (cm)", main="Laste kasvukõverad")

grid(col="gray70")
lines(x,y[,1], lwd=2)
lines(x,y[,2], col="gray40")
lines(x,y[,3], col="gray40")

y=predict(m2, data.frame(vanus=x), interval="prediction", level=0.8)
lines(x,y[,2], col="gray40")
lines(x,y[,3], col="gray40")

y=predict(m2, data.frame(vanus=x), interval="prediction", level=0.98)
lines(x,y[,2], col="gray20", lty=2)
lines(x,y[,3], col="gray20", lty=2)
```

**NB!** Regressioonanalüüsi puhul üldiselt, aga eriti siis, kui kasutatakse polünoome, ei tohi „prognoosida“ kaugemale kui andmed seda lubavad. Leitud regressioonmudel on täiesti kasutu, kui soovitakse leida näiteks 2,3 aasta vanuste laste pikkust!



## Ülipüüdlikele

Kui esineb kahtluseid normaaljaotuse eelduse suhtes, või teevad muret üksikud erandid, võib tavalise regressioonanalüüsi asemel kasutada seose kirjeldamiseks kvantiilregressiooni (mediaanregressiooni). Tuleb meeles pidada, et 0,5-erinevate kvantiilide kirjeldamisel väheneb kvantiilregressiooni täpsus kiiresti. Kvantiilregressiooni mudelit saab R-is hinnata funktsiooni `rq` abil (lisamoodul `quantreg`).

```
library(quantreg)
m3=rq(pikkus~vanus+I(vanus^2)+I(vanus^3)+I(vanus^4)+I(vanus^5)+
      I(vanus^6), tau=c(0.5, 0.1, 0.9, 0.25, 0.75) )

x=seq(0, 2, 0.01)
y=predict(m3, data.frame(vanus=x))
matplot(x,y, type="l", xlab="Vanus", ylab="Pikkus", ylim=c(50,100) ,
        xlim=c(0, 2.2), lwd=c(2,1,1,1,1), lty=c(1,2,2,3,3),
        col=c(1,"gray40","gray40", "gray30","gray30"))

text(2.1, y[201,], c("50%","10%","90%","25%","75%"))
```

