7 Binární logistická regrese

Příklad 1. V souboru head.txt máme k dispozici antropometrické údaje mladých dospělých lidí (převážně studentů vysokých škol z Brna a Ostravy). Známe také pohlaví zaznamenaných jedinců (proměnná sex). Sestrojte model, který na základě tělesné výšky (proměnná body.H), délky hlavy (proměnná head.L), šířky hlavy (proměnná head.W), šířky dolní čelisti (proměnná bigo.W) a šířky obličeje (proměnná bizyg.W) určí pravděpodobnost, že neznámý případ je muž. Všechny rozměry byly měřeny v milimetrech.

Načteme datový soubor a zkontrolujeme, že R pracuje s proměnnou pohlaví jako s faktorem. Pokub by byla v datovém souboru kódována například pomocí 0 a 1, tak by s ní R pracovalo jako s numerickou proměnnou, nikoli kategoriální. V takovém případě bychom ji museli změnit na kategoriální pomocí funkce factor().

```
head <- read.table("DATA/head.txt", header=T)
summary(head)
```

```
##  sex         body.H         head.L          head.W          bigo.W
##  f:100   Min.   :1531   Min.   :170.0   Min.   :135.0   Min.   : 90.0
##  m: 75   1st Qu.:1650   1st Qu.:183.5   1st Qu.:145.0   1st Qu.: 99.0
##          Median :1717   Median :189.0   Median :151.0   Median :102.0
##          Mean   :1720   Mean   :189.7   Mean   :150.7   Mean   :103.7
##          3rd Qu.:1788   3rd Qu.:195.5   3rd Qu.:155.0   3rd Qu.:108.0
##          Max.   :1906   Max.   :214.0   Max.   :170.0   Max.   :126.0
##     bizyg.W
##  Min.   :113.0
##  1st Qu.:131.0
##  Median :136.0
##  Mean   :136.4
##  3rd Qu.:142.0
##  Max.   :155.0
```

```
is.factor(head$sex)
```

```
## [1] TRUE
```

Než budeme sestavovat model, je vhodné se podívat na vztah mezi vysvětlovanou veličinou (v našem případě je to pohlaví) a každou vysvětlující veličinou zvlášť. Vypočítáme rozsahy, výběrové průměry a výběrové směrodatné odchylky všech velčin pro každé pohlaví zvlášť. Abychom nemuseli vše psát ručně, vytvoříme si funkci, která nám tyto hodnoty Zároveň si vykreslíme krabicové diagramy.

```
charakteristiky <- function(x){
  # funkce pocitajici pocet pozorovani, prumer a smerodatnou odchylku
  # argument: x ... vektor
  # vraci: vektor (pocet pozorovani, prumer, smerodatna odchylka)
  x <- na.omit(x) #odstrani chybejici hodnoty
  n <- length(x)
  m <- mean(x)
  s <- sd(x)
  return(c(n, m, s))
}

charakteristiky(head$body.H[head$sex=='f'])
```

```
## [1]  100.00000 1667.33000   67.20811
```

```
charakteristiky(head$body.H[head$sex=='m'])
```

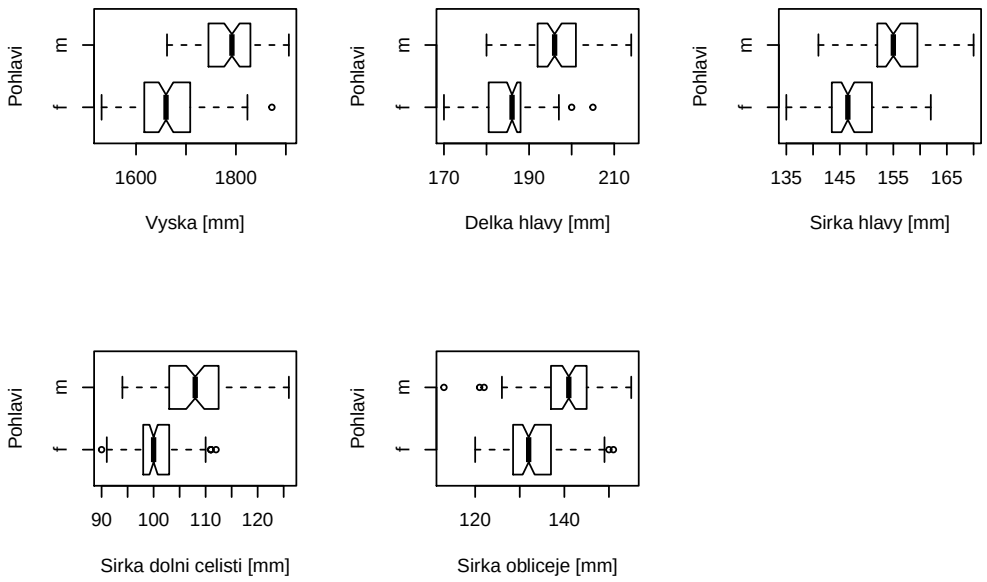
```
## [1]   75.00000 1789.72000   59.70639

charakteristiky(head$head.L[head$sex=='f'])

## [1] 100.000000 185.010000   6.545096

charakteristiky(head$head.L[head$sex=='m'])

## [1]  75.000000 195.946667   6.970776

charakteristiky(head$head.W[head$sex=='f'])

## [1] 100.000000 146.920000   5.336514

charakteristiky(head$head.W[head$sex=='m'])

## [1]  75.000000 155.653333   6.081637

charakteristiky(head$bigo.W[head$sex=='f'])

## [1] 100.00000 100.57000   4.69957

charakteristiky(head$bigo.W[head$sex=='m'])

## [1]  75.000000 107.813333   6.872769

charakteristiky(head$bizyg.W[head$sex=='f'])

## [1] 100.000000 133.460000   6.110795

charakteristiky(head$bizyg.W[head$sex=='m'])

## [1]  75.000000 140.293333   7.714103
```

		Tělesná výška (mm)		Délka hlavy (mm)		Šířka hlavy (mm)	
	rozsah	průměr	sm. odchylka	průměr	sm. odchylka	průměr	sm. odchylka
Ženy							
Muži							

		Šířka dolní čelisti (mm)		Šířka obličeje (mm)	
	rozsah	průměr	sm. odchylka	průměr	sm. odchylka
Ženy					
Muži					

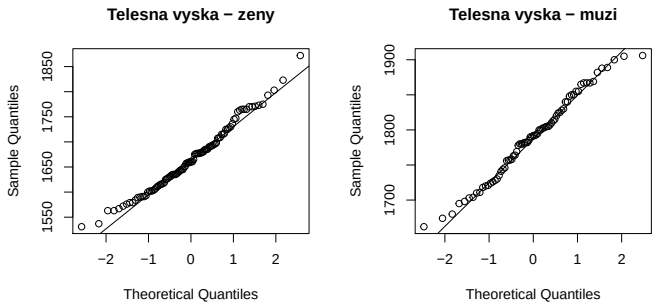
```
par(mfrow=c(2,3))
boxplot(head$body.H ~ head$sex, varwidth=T, notch=T, xlab="Vyska [mm]",
ylab="Pohlavi", horizontal=T)
boxplot(head$head.L ~ head$sex, varwidth=T, notch=T, xlab="Delka hlavy [mm]",
ylab="Pohlavi", horizontal=T)
boxplot(head$head.W ~ head$sex, varwidth=T, notch=T, xlab="Sirka hlavy [mm]",
ylab="Pohlavi", horizontal=T)
boxplot(head$bigo.W ~ head$sex, varwidth=T, notch=T, xlab="Sirka dolni celisti [mm]",
ylab="Pohlavi", horizontal=T)
```

```
boxplot(head$bizyg.W ~ head$sex, varwidth=T, notch=T, xlab="Sirka obliceje [mm]",
ylab="Pohlavi", horizontal=T)
```



Pomocí t-testů otestujeme hypotézy, že muži a ženy se v jednotlivých mírách liší. Nezapomeneme ověřit předpoklady.

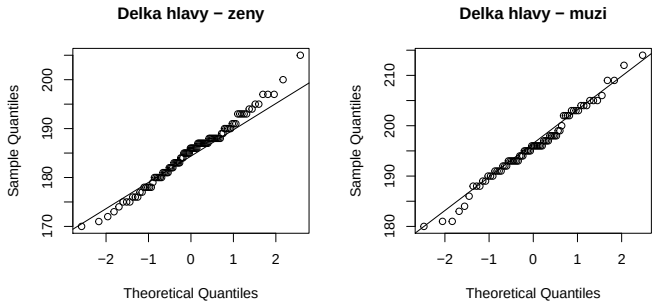
```
par(mfrow=c(1,2))
shapiro.test(head$body.H[head$sex=='f'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$body.H[head$sex == "f"]
## W = 0.98171, p-value = 0.1803

qqnorm(head$body.H[head$sex=='f'], main='Telesna vyska - zeny')
qqline(head$body.H[head$sex=='f'])
shapiro.test(head$body.H[head$sex=='m'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$body.H[head$sex == "m"]
## W = 0.98364, p-value = 0.445

qqnorm(head$body.H[head$sex=='m'], main='Telesna vyska - muzi')
qqline(head$body.H[head$sex=='m'])
```




```
var.test(head$body.H ~ head$sex)

##
##  F test to compare two variances
##
## data:  head$body.H by head$sex
## F = 1.2671, num df = 99, denom df = 74, p-value = 0.2854
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.819648 1.932581
## sample estimates:
## ratio of variances
##           1.267073

t.test(head$body.H ~ head$sex)

##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  head$body.H by head$sex
## t = -12.712, df = 168.04, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -141.3977 -103.3823
## sample estimates:
## mean in group f mean in group m
##         1667.33         1789.72
```

```
par(mfrow=c(1,2))
shapiro.test(head$head.L[head$sex=='f'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$head.L[head$sex == "f"]
## W = 0.98979, p-value = 0.6479

qqnorm(head$head.L[head$sex=='f'], main='Delka hlavy - zeny')
qqline(head$head.L[head$sex=='f'])
shapiro.test(head$head.L[head$sex=='m'])

##
```

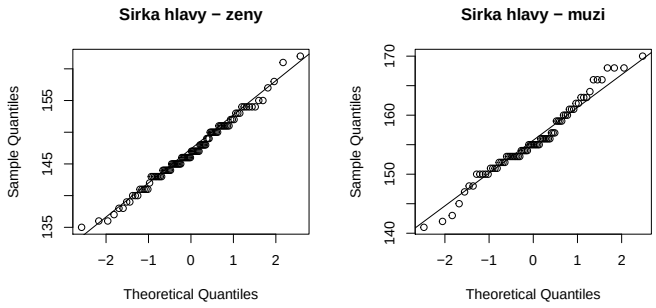
```
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$head.L[head$sex == "m"]
## W = 0.98453, p-value = 0.494

qqnorm(head$head.L[head$sex=='m'], main='Delka hlavy - muzi')
qqline(head$head.L[head$sex=='m'])
```




```
var.test(head$head.L ~ head$sex)

##
##  F test to compare two variances
##
## data:  head$head.L by head$sex
## F = 0.8816, num df = 99, denom df = 74, p-value = 0.555
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.5702896 1.3446395
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.8815965

t.test(head$head.L ~ head$sex)

##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  head$head.L by head$sex
## t = -10.542, df = 153.91, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -12.986117  -8.887216
## sample estimates:
## mean in group f mean in group m
##        185.0100        195.9467
```

```
par(mfrow=c(1,2))
shapiro.test(head$head.W[head$sex=='f'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
```

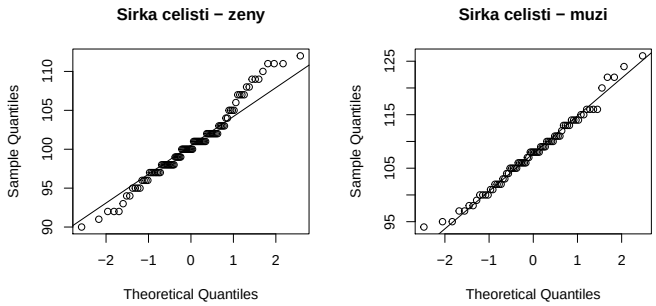
```
##
## data:  head$head.W[head$sex == "f"]
## W = 0.98863, p-value = 0.5555

qqnorm(head$head.W[head$sex=='f'], main='Sirka hlavy - zeny')
qqline(head$head.W[head$sex=='f'])
shapiro.test(head$head.W[head$sex=='m'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$head.W[head$sex == "m"]
## W = 0.97419, p-value = 0.1285

qqnorm(head$head.W[head$sex=='m'], main='Sirka hlavy - muzi')
qqline(head$head.W[head$sex=='m'])
```




```
var.test(head$head.W ~ head$sex)

##
##  F test to compare two variances
##
## data:  head$head.W by head$sex
## F = 0.76997, num df = 99, denom df = 74, p-value = 0.2241
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.498081 1.174385
## sample estimates:
## ratio of variances
##           0.769971

t.test(head$head.W ~ head$sex)

##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  head$head.W by head$sex
## t = -9.9017, df = 147.4, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -10.476344  -6.990323
## sample estimates:
## mean in group f mean in group m
##        146.9200        155.6533
```

U šířky čelisti žen Shapirův-Wilkův test zamítl hypotézu, že data pocházejí z normálního rozdělení. Máme ale dost pozorování a v kvantil-kvantilovém grafu není odchýlení od přímky velké. Budeme tedy tento předpoklad považovat za splněný. Dále u šířky čelisti F-test zamítá hypotézu o rovnosti rozptylů žen a mužů, použijeme proto variantu t-testu pro nestejné rozptyly (nastavíme argument var.equal=F).

```
par(mfrow=c(1,2))
shapiro.test(head$bigo.W[head$sex=='f'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$bigo.W[head$sex == "f"]
## W = 0.97377, p-value = 0.04327

qqnorm(head$bigo.W[head$sex=='f'], main='Sirka celisti - zeny')
qqline(head$bigo.W[head$sex=='f'])
shapiro.test(head$bigo.W[head$sex=='m'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$bigo.W[head$sex == "m"]
## W = 0.98478, p-value = 0.5078

qqnorm(head$bigo.W[head$sex=='m'], main='Sirka celisti - muzi')
qqline(head$bigo.W[head$sex=='m'])
```




```
var.test(head$bigo.W ~ head$sex)

##
##  F test to compare two variances
##
## data:  head$bigo.W by head$sex
## F = 0.46758, num df = 99, denom df = 74, p-value = 0.0004304
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.3024672 0.7131630
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.4675766

t.test(head$bigo.W ~ head$sex, var.equal=F)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  head$bigo.W by head$sex
## t = -7.8535, df = 123.64, p-value = 1.667e-12
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -9.068900 -5.417767
## sample estimates:
## mean in group f mean in group m
##        100.5700        107.8133
```

U šířky obličeje žen i mužů Shapirův-Wilkův test zamítl hypotézu, že data pocházejí z normálního rozdělení. Na základě množství dat a grafického posouzení budeme i zde tento předpoklad považovat za splněný. Opět máme problém i s homogenitou rozptylů, proto použijeme variantu t-testu pro nestejné rozptyly (nastavíme argument var.equal=F).

```
par(mfrow=c(1,2))
shapiro.test(head$bizyg.W[head$sex=='f'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$bizyg.W[head$sex == "f"]
## W = 0.96672, p-value = 0.01247

qqnorm(head$bizyg.W[head$sex=='f'], main='Sirka obliceje - zeny')
qqline(head$bizyg.W[head$sex=='f'])
shapiro.test(head$bizyg.W[head$sex=='m'])

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  head$bizyg.W[head$sex == "m"]
## W = 0.9457, p-value = 0.002916

qqnorm(head$bizyg.W[head$sex=='m'], main='Sirka obliceje - muzi')
qqline(head$bizyg.W[head$sex=='m'])
```


```
var.test(head$bizyg.W ~ head$sex)

##
```

```
##  F test to compare two variances
##
## data:  head$bizyg.W by head$sex
## F = 0.62752, num df = 99, denom df = 74, p-value = 0.03054
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.4059291 0.9571072
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.6275157

t.test(head$bizyg.W ~ head$sex, var.equal=F)

##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  head$bizyg.W by head$sex
## t = -6.3259, df = 137.31, p-value = 3.309e-09
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -8.969328 -4.697339
## sample estimates:
## mean in group f mean in group m
##        133.4600        140.2933
```

U všech vysvětlujících proměnných se prokázaly rozdíly mezi muži a ženami, při sestavování modelu logistické regrese použijeme pro začátek všechny.

```
m.head <- glm(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W,
              family=binomial(logit), data=head)
```

Vypíšeme si podrobné informace o modelu.

```
summary(m.head)

##
## Call:
## glm(formula = sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W,
##     family = binomial(logit), data = head)
##
## Deviance Residuals:
##      Min        1Q    Median        3Q       Max
## -1.86737  -0.25202  -0.04043   0.19981   2.92685
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -1.086e+02  1.797e+01  -6.045 1.49e-09 ***
## body.H       2.180e-02  5.302e-03   4.112 3.92e-05 ***
## head.L       1.658e-01  4.802e-02   3.453 0.000554 ***
## head.W       2.700e-01  8.503e-02   3.175 0.001499 **
## bigo.W       1.340e-01  5.920e-02   2.264 0.023578 *
## bizyg.W     -1.150e-01  5.939e-02  -1.937 0.052773 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 239.018  on 174  degrees of freedom
## Residual deviance:  81.205  on 169  degrees of freedom
## AIC: 93.205
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Abychom mohli provést celkový test významnosti modelu, potřebujeme sestavit model konstanty, který s ním budeme srovnávat.

```
m0 <- glm(sex ~ 1, family=binomial(logit), data=head)
anova(m0, m.head, test="Chisq")

## Analysis of Deviance Table
##
## Model 1: sex ~ 1
## Model 2: sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W
##   Resid. Df Resid. Dev Df Deviance  Pr(>Chi)
## 1       174    239.018
## 2       169     81.205  5   157.81 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Protože jsme na hladině významnost 0.05 zamítli hypotézu, že dostačující je model konstanty, zkusíme z maximálního modelu vynechat proměnné, které dílčí testy ukazují jako nevýznamné. Vynecháme tedy šířku obličeje.

```
m.head2 <- glm(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W, family=binomial(logit), data=head)
anova(m.head2, m.head, test="Chisq")

## Analysis of Deviance Table
##
## Model 1: sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W
## Model 2: sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W
##   Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
## 1       170     85.283
## 2       169     81.205  1   4.0788  0.04343 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Vynechání šířky obličeje tedy nevede k lepšímu modelu, zůstaneme proto u maximálního. Podíváme se na odhadnuté parametry a vypočítáme pro ně intervaly spolehlivosti.

```
coef(m.head)

##   (Intercept)        body.H        head.L        head.W        bigo.W
## -108.63634714    0.02179998    0.16581097    0.26995038    0.13403001
##       bizyg.W
##   -0.11502670

lower <- coef(m.head) - qnorm(0.975) * summary(m.head)$coefficients[,2]
upper <- coef(m.head) + qnorm(0.975) * summary(m.head)$coefficients[,2]
cbind(lower,upper)

##                      lower         upper
## (Intercept) -143.85962875 -73.413065533
## body.H         0.01140885   0.032191111
## head.L         0.07170056   0.259921384
## head.W         0.10330082   0.436599940
## bigo.W         0.01799600   0.250064019
## bizyg.W       -0.23143071   0.001377304
```

Lépe se ale interpretují hodnoty e^{β_i}. Při interpretaci je potřeba mít na paměti, kterou kategorii bere R jako referenční, v našem případě jsou referenční skupinou ženy.

```
exp(coef(m.head))

##  (Intercept)       body.H       head.L       head.W       bigo.W
## 6.604408e-48 1.022039e+00 1.180350e+00 1.309899e+00 1.143427e+00
##      bizyg.W
## 8.913423e-01

exp(cbind(lower,upper))

##                      lower        upper
## (Intercept) 3.330865e-63 1.309516e-32
## body.H      1.011474e+00 1.032715e+00
## head.L      1.074334e+00 1.296828e+00
## head.W      1.108825e+00 1.547437e+00
## bigo.W      1.018159e+00 1.284108e+00
## bizyg.W     7.933977e-01 1.001378e+00
```

Například hodnota e^{β_3}, která se vztahuje k šířce hlavy, znamená, že pokud se o 1 mm zvětší šířka hlavy, šance, že pozorování patří muži, se zvýší 1.31-krát.
Pro výběr modelu můžeme použít i STEPWISE proceduru, obdobně jako v případě lineárního regresního modelu.

```
step(glm(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W, family=binomial(logit), data=head),
     direction='backward')

## Start:  AIC=93.2
## sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W
##
##           Df Deviance     AIC
## <none>         81.205  93.205
## - bizyg.W  1   85.283  95.283
## - bigo.W   1   87.350  97.350
```

```
## - head.W   1   94.218 104.218
## - head.L   1   96.129 106.129
## - body.H   1  108.208 118.208
##
## Call:  glm(formula = sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W,
##     family = binomial(logit), data = head)
##
## Coefficients:
## (Intercept)       body.H       head.L       head.W       bigo.W
##   -108.6363       0.0218       0.1658       0.2700       0.1340
##     bizyg.W
##     -0.1150
##
## Degrees of Freedom: 174 Total (i.e. Null);  169 Residual
## Null Deviance:     239
## Residual Deviance: 81.2  AIC: 93.2
```

```
step(glm(sex ~ 1, family=binomial(logit), data=head),
     scope= ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W, direction='forward')
```

```
## Start:  AIC=241.02
## sex ~ 1
##
##           Df Deviance    AIC
## + body.H   1   133.46 137.46
## + head.L   1   151.75 155.75
## + head.W   1   158.70 162.70
## + bigo.W   1   181.64 185.64
## + bizyg.W  1   200.88 204.88
## <none>         239.02 241.02
##
## Step:  AIC=137.46
## sex ~ body.H
##
##           Df Deviance    AIC
## + head.W   1   106.25 112.25
## + head.L   1   109.34 115.34
## + bigo.W   1   110.10 116.10
## + bizyg.W  1   125.36 131.36
## <none>         133.46 137.46
##
## Step:  AIC=112.25
## sex ~ body.H + head.W
##
##           Df Deviance     AIC
## + head.L   1   89.378  97.378
## + bigo.W   1   98.429 106.429
## <none>        106.252 112.252
## + bizyg.W  1  105.258 113.258
##
## Step:  AIC=97.38
## sex ~ body.H + head.W + head.L
##
##           Df Deviance    AIC
```

```
## + bigo.W   1   85.283 95.283
## + bizyg.W  1   87.350 97.350
## <none>         89.378 97.378
##
## Step:  AIC=95.28
## sex ~ body.H + head.W + head.L + bigo.W
##
##           Df Deviance    AIC
## + bizyg.W  1   81.205 93.205
## <none>         85.283 95.283
##
## Step:  AIC=93.2
## sex ~ body.H + head.W + head.L + bigo.W + bizyg.W
##
## Call:  glm(formula = sex ~ body.H + head.W + head.L + bigo.W + bizyg.W,
##     family = binomial(logit), data = head)
##
## Coefficients:
## (Intercept)       body.H       head.W       head.L       bigo.W
##   -108.6363       0.0218       0.2700       0.1658       0.1340
##     bizyg.W
##     -0.1150
##
## Degrees of Freedom: 174 Total (i.e. Null);  169 Residual
## Null Deviance:     239
## Residual Deviance: 81.2  AIC: 93.2
```

```
step(glm(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W, family=binomial(logit), data=head),
     direction='both')
```

```
## Start:  AIC=93.2
## sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W
##
##           Df Deviance     AIC
## <none>         81.205  93.205
## - bizyg.W  1   85.283  95.283
## - bigo.W   1   87.350  97.350
## - head.W   1   94.218 104.218
## - head.L   1   96.129 106.129
## - body.H   1  108.208 118.208
##
## Call:  glm(formula = sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W,
##     family = binomial(logit), data = head)
##
## Coefficients:
## (Intercept)       body.H       head.L       head.W       bigo.W
##   -108.6363       0.0218       0.1658       0.2700       0.1340
##     bizyg.W
##     -0.1150
##
## Degrees of Freedom: 174 Total (i.e. Null);  169 Residual
## Null Deviance:     239
## Residual Deviance: 81.2  AIC: 93.2
```

```
step(glm(sex ~ 1, family=binomial(logit), data=head),
     scope= ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W, direction='both')

## Start:  AIC=241.02
## sex ~ 1
##
##           Df Deviance    AIC
## + body.H   1   133.46 137.46
## + head.L   1   151.75 155.75
## + head.W   1   158.70 162.70
## + bigo.W   1   181.64 185.64
## + bizyg.W  1   200.88 204.88
## <none>         239.02 241.02
##
## Step:  AIC=137.46
## sex ~ body.H
##
##           Df Deviance    AIC
## + head.W   1   106.25 112.25
## + head.L   1   109.34 115.34
## + bigo.W   1   110.10 116.10
## + bizyg.W  1   125.36 131.36
## <none>         133.46 137.46
## - body.H   1   239.02 241.02
##
## Step:  AIC=112.25
## sex ~ body.H + head.W
##
##           Df Deviance     AIC
## + head.L   1   89.378  97.378
## + bigo.W   1   98.429 106.429
## <none>        106.252 112.252
## + bizyg.W  1  105.258 113.258
## - head.W   1  133.457 137.457
## - body.H   1  158.696 162.696
##
## Step:  AIC=97.38
## sex ~ body.H + head.W + head.L
##
##           Df Deviance     AIC
## + bigo.W   1   85.283  95.283
## + bizyg.W  1   87.350  97.350
## <none>         89.378  97.378
## - head.L   1  106.252 112.252
## - head.W   1  109.342 115.342
## - body.H   1  115.986 121.986
##
## Step:  AIC=95.28
## sex ~ body.H + head.W + head.L + bigo.W
##
##           Df Deviance     AIC
## + bizyg.W  1   81.205  93.205
## <none>         85.283  95.283
```

```
## - bigo.W   1   89.378  97.378
## - head.W   1   94.274 102.274
## - head.L   1   98.429 106.429
## - body.H   1  111.026 119.026
##
## Step:  AIC=93.2
## sex ~ body.H + head.W + head.L + bigo.W + bizyg.W
##
##           Df Deviance     AIC
## <none>         81.205  93.205
## - bizyg.W  1   85.283  95.283
## - bigo.W   1   87.350  97.350
## - head.W   1   94.218 104.218
## - head.L   1   96.129 106.129
## - body.H   1  108.208 118.208
##
## Call:  glm(formula = sex ~ body.H + head.W + head.L + bigo.W + bizyg.W,
##     family = binomial(logit), data = head)
##
## Coefficients:
## (Intercept)       body.H       head.W       head.L       bigo.W
##   -108.6363       0.0218       0.2700       0.1658       0.1340
##     bizyg.W
##     -0.1150
##
## Degrees of Freedom: 174 Total (i.e. Null);  169 Residual
## Null Deviance:     239
## Residual Deviance: 81.2  AIC: 93.2
```

Ve všech případech jsme došli ke stejnému modelu. Pro hodnocení kvality modelu si vypíšeme hodnoty koeficientů determinace.

```
library(rsq)
rsq(m.head, type='n') # nagelkerke

## [1] 0.7977113

rsq(m.head, type='kl') # mcfadden

## [1] 0.6602573

rsq(m.head, type='lr') # cox and snell

## [1] 0.5941575
```

Dále sestavíme klasifikační tabulku, která nám ukáže počty správně a nesprávně zařazených objektů. Nejprve musíme na základě odhadnutých pravděpodobností odhadnout, která pozorování patří mužům a která ženám. Jako dělící bod zvolíme hodnotu 0.5.

```
fitted <- predict(m.head, newdata=head, type="response")
fitted.cat <- ifelse(fitted < 0.5, "f", "m")
tab <- table(fitted.cat,head$sex)
tab

##
```

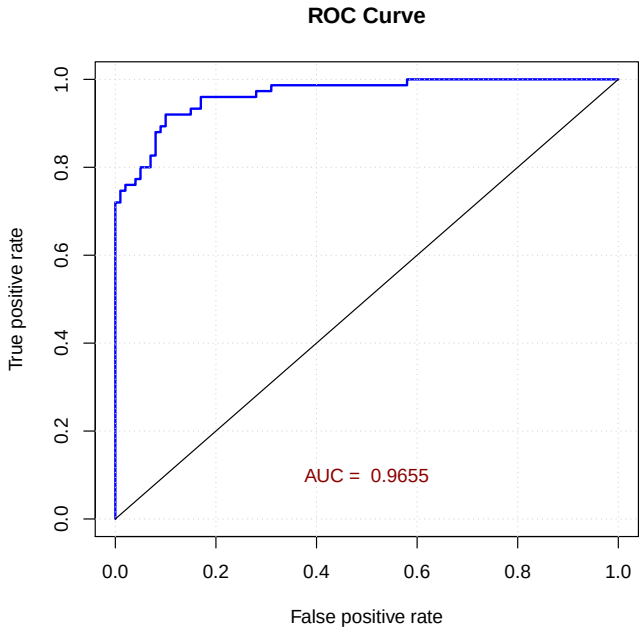
```
## fitted.cat  f  m
##          f 91  9
##          m  9 66
```

Z tabulky můžeme vypočítat relativní četnost správně zařazených pozorování.

```
sum(diag(tab))/sum(tab)

## [1] 0.8971429
```

Pro hodnocení kvality modelu můžeme použít i ROC křivku a hodnotu AUC (area under the curve - plocha pod křivkou).

```
library(ROCR)
preds <- prediction(fitted, as.numeric(head$sex))
roc <- performance(preds, "tpr", "fpr")
auc <- performance(preds, "auc")
auc.value <- round(as.numeric(auc@y.values),4)
plot(roc, main="ROC Curve", lwd=2, col="blue")
grid()
lines(c(0,1),c(0,1))
text(0.5, 0.1, paste("AUC = ",auc.value), col="darkred")
```



Negelkerkův koeficient nabývá hodnoty ....., úspěšnost správné klasifikace je ..... a hodnota AUC je ....., můžeme tedy soudit, že .....