11 Lineární diskriminační analýza (LDA)

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). Pomocí lineární diskriminační analýzy sestrojte funkci, která bude na základě 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) rozlišovat muže a ženy. 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().

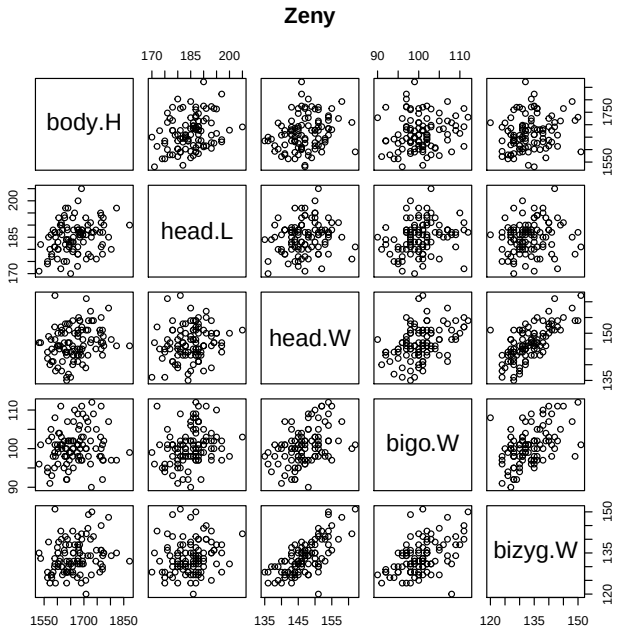
```
head <- read.table('DATA/head.txt', header=T)
is.factor(head$sex)

## [1] TRUE
```

Zjistíme počet pozorování a odhady vektoru středních hodnot a varianční matice zvlášť pro muže a pro ženy.

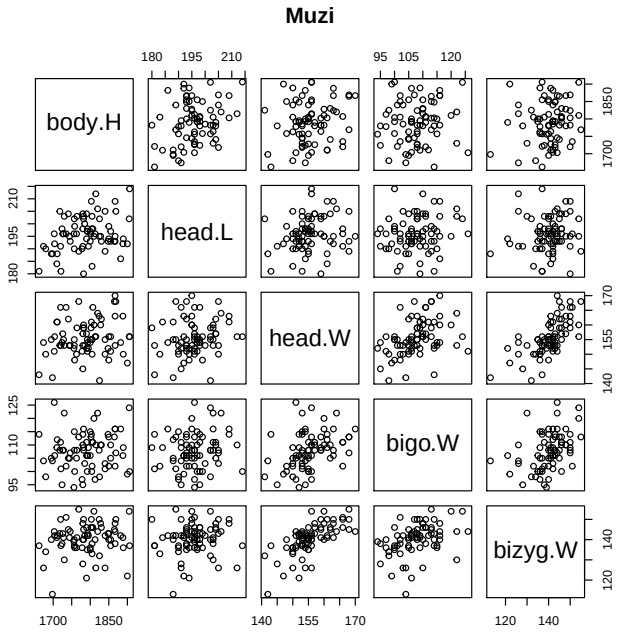
```
table(head$sex)

##
##   f   m
## 100  75

colMeans(head[head$sex=='f', 2:6])

##  body.H  head.L  head.W  bigo.W bizyg.W
## 1667.33  185.01  146.92  100.57  133.46

cov(head[head$sex=='f', 2:6])

##             body.H     head.L    head.W    bigo.W   bizyg.W
## body.H  4516.93040 121.855253 85.976162 42.789798 88.028485
## head.L   121.85525  42.838283  5.526061  6.943737  5.278182
## head.W    85.97616   5.526061 28.478384 10.056162 22.724040
## bigo.W    42.78980   6.943737 10.056162 22.085960 13.735152
## bizyg.W   88.02848   5.278182 22.724040 13.735152 37.341818

colMeans(head[head$sex=='m', 2:6])

##    body.H    head.L    head.W    bigo.W   bizyg.W
## 1789.7200  195.9467  155.6533  107.8133  140.2933

cov(head[head$sex=='m', 2:6])

##             body.H     head.L    head.W    bigo.W   bizyg.W
## body.H  3564.85297 123.295676 64.671892 37.717297 61.826486
## head.L   123.29568  48.591712  8.008288  7.300721  5.623964
## head.W    64.67189   8.008288 36.986306 15.880360 31.832793
## bigo.W    37.71730   7.300721 15.880360 47.234955 21.285225
## bizyg.W   61.82649   5.623964 31.832793 21.285225 59.507387
```

Orientačně ověříme linearitu vztahů mezi proměnnými u obou pohlaví.

```
plot(head[head$sex=='f', 2:6], main='Zeny')
```

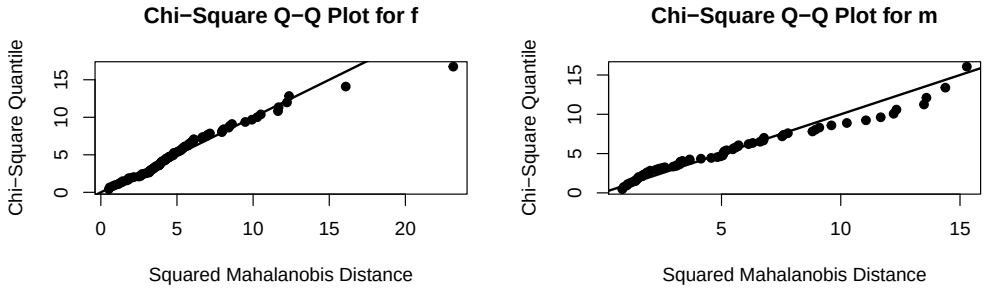



```
plot(head[head$sex=='m', 2:6], main='Muzi')
```



Jedním z předpokladů lineární diskriminační analýzy je to, že pozorování ve všech skupinách pocházejí z vícerozměrného normálního rozdělení. Ověříme tedy tento předpoklad.

```
library(MVN)
par(mfrow=c(1,2))
mvn(head, subset='sex', mvnTest = 'mardia', multivariatePlot = 'qq')$multivariateNormality
```




```
## $f
##              Test         Statistic           p value Result
## 1 Mardia Skewness  50.5746767007763 0.042931208765896     NO
## 2 Mardia Kurtosis 0.862869966797547  0.38820896499104    YES
## 3             MVN              <NA>              <NA>     NO
##
## $m
##              Test        Statistic            p value Result
## 1 Mardia Skewness 54.6432331943984 0.0183339920325426     NO
## 2 Mardia Kurtosis  1.6376808454306  0.101488288386985    YES
## 3             MVN             <NA>               <NA>     NO

mvn(head, subset='sex', mvnTest = 'hz')$multivariateNormality

## $f
##            Test        HZ   p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.9067157 0.2858417 YES
##
## $m
##            Test       HZ     p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 1.081892 0.002485063  NO
```

Ženy:
Mardiův test pro šikmost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Muži:
Mardiův test pro šikmost:

Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

```
## ---
## biotools version 3.1
```

Dále je potřeba ověřit předpoklad shodných variančních matic. K tomu použijeme Boxův M test.
Pozn.: Pokud někomu nešlo nainstalovat balíček biotools, lze použít funkci z balíčku heplots.

```
library('biotools')
boxM(head[,2:6], grouping=head$sex)

##
##  Box's M-test for Homogeneity of Covariance Matrices
##
## data:  head[, 2:6]
## Chi-Sq (approx.) = 24.749, df = 15, p-value = 0.05342
```

```
library('heplots')
boxM(head[,2:6], group=head$sex)

##
##  Box's M-test for Homogeneity of Covariance Matrices
##
## data:  head[, 2:6]
## Chi-Sq (approx.) = 24.749, df = 15, p-value = 0.05342
```

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

Dále otestujeme hypotézu o shodnosti vektorů středních hodnot mezi skupinami. Pokud bychom hypotézu nezamítli, pak vybrané proměnné nezpůsobují rozdíly mezi skupinami, takže bychom nesestavili účinné pravidlo, které by nám je pomohlo třídit.

```
library('ICSNP')
HotellingsT2(head[head$sex=="f",2:6], head[head$sex=="m",2:6])

##
##  Hotelling's two sample T2-test
##
## data:  head[head$sex == "f", 2:6] and head[head$sex == "m", 2:6]
## T.2 = 53.421, df1 = 5, df2 = 169, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true location difference is not equal to c(0,0,0,0,0)
```

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

Na základě pozorování nyní sestavíme funkci pro rozlišení mužů a žen.

```
library('MASS')
head.lda <- lda(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W, data=head)
head.lda

## Call:
## lda(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W, data = head)
##
## Prior probabilities of groups:
##         f         m
## 0.5714286 0.4285714
##
## Group means:
##    body.H   head.L   head.W   bigo.W  bizyg.W
## f 1667.33 185.0100 146.9200 100.5700 133.4600
## m 1789.72 195.9467 155.6533 107.8133 140.2933
##
## Coefficients of linear discriminants:
##                  LD1
## body.H   0.008650545
## head.L   0.056486003
## head.W   0.076367221
## bigo.W   0.047399638
## bizyg.W -0.023550688
```

Ve výstupu vidíme apriorní pravděpodobnosti (tj. pravděpodobnosti odhadnuté z původních hodnot), dále vektory skupinových průměrů a koeficienty lineární diskriminační funkce pro jednotlivé proměnné.

Podívejme, jak dobře funkce zařazuje muže a ženy. K tomu použijeme funkci predict().

```
fitted <- predict(head.lda)
```

Výstup (nyní uložený pod jménem fitted) poskytuje zařazení class, aposteriorní pravděpodobnosti posterior a hodnotu diskriminační funkce x. Zařazení je provedeno na základě aposteriorní pravděpodobnosti - pozorování je přiřazeno do skupiny, pro niž má vyšší aposteriorní pravděpodobnost. Podívejme se na klasifikační tabulku správně a mylně zařazených objektů.

```
(tab <- table(fitted$class, head$sex))

##
##      f  m
##   f 91  9
##   m  9 66
```

Vypočítáme podíl správně a mylně zařazených pozorování:

```
#spravna klasifikace
sum(diag(tab))/sum(tab)

## [1] 0.8971429

#mylna klasifikace
(tab[1,2] + tab[2,1])/sum(tab)

## [1] 0.1028571
```

Podíl správně zařazených objektů .....
Podíl mylně zařazených objektů .....

Podíl mylně zařazených objektů můžeme srovnat s náhodnou klasifikací, kdy bychom vzali v potaz pouze apriorní pravděpodobnosti, nikoli naměřené veličiny:

```
#mylna klasifikace pri nahodnem zarazovani
p <- head.lda$prior
2*p[1]*p[2]

##         f
## 0.4897959
```

Lineární diskriminační analýza snížila podíl špatného zařazení z ..... na .....

Na základě sestavené funkce se pokusíme zařadit dva nové případy, první má naměřené hodnoty 1820, 190, 165, 110, 152 a druhý 1700, 185, 154, 99, 130 (hodnoty jsou v pořadí výška, délka hlavy, šířka hlavy, šířka dolní čelisti, šířka obličeje).

```
predict(head.lda, newdata=list(body.H=c(1820, 1700), head.L=c(190, 185), head.W=c(165, 154),
                               bigo.W=c(110, 99), bizyg.W=c(152, 130)))

## $class
## [1] m f
## Levels: f m
##
## $posterior
##            f         m
## 1 0.01656476 0.9834352
## 2 0.79926415 0.2007358
##
## $x
##          LD1
## 1  1.9111046
## 2 -0.2527112
```

První případ má aposteriorní pravděpodobnosti ..... a ....., proto byl zařazen do skupiny ..... . Druhý případ má aposteriorní pravděpodobnosti ..... a ....., proto byl zařazen do skupiny ..... .

Pro výběr proměnných můžeme použít dopřednou krokovou metodu. K tomu slouží funkce greedy.wilks() z balíčku klaR. Funkce postupně vybírá proměnné, které vedou ke snížení hodnoty Wilskova Λ. Pokud přidání žádné další proměnné nevede ke snížení, algoritmus končí.

```
library('klaR')
greedy.wilks(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W + bizyg.W, data=head)
```

```
## Formula containing included variables:
##
## sex ~ body.H + head.W + head.L + bigo.W
## <environment: 0x000000001fdce338>
##
##
## Values calculated in each step of the selection procedure:
##
##     vars Wilks.lambda F.statistics.overall p.value.overall
## 1 body.H    0.5255017            156.20924    5.903695e-26
## 2 head.W    0.4467734            106.49132    8.081779e-31
## 3 head.L    0.4025040             84.61351    1.312298e-33
## 4 bigo.W    0.3905933             66.30883    1.045292e-33
##   F.statistics.diff p.value.diff
## 1        156.209239 5.903695e-26
## 2         30.309019 1.311737e-07
## 3         18.807447 2.457533e-05
## 4          5.183937 2.403590e-02
```

V tomto případě algoritmus vybral čtyři proměnné z původních pěti. Šířka obličeje tedy dále nepřispívá k lepší klasifikaci. Sestavme tedy funkci bez ní a podívejme se na podíl správně zařazených objektů.

```
head.lda2 <- lda(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W, data=head)
head.lda2
```

```
## Call:
## lda(sex ~ body.H + head.L + head.W + bigo.W, data = head)
##
## Prior probabilities of groups:
##         f         m
## 0.5714286 0.4285714
##
## Group means:
##    body.H   head.L   head.W   bigo.W
## f 1667.33 185.0100 146.9200 100.5700
## m 1789.72 195.9467 155.6533 107.8133
##
## Coefficients of linear discriminants:
##                LD1
## body.H 0.008620688
## head.L 0.057662299
## head.W 0.059469511
## bigo.W 0.042039058
```

```
fitted2 <- predict(head.lda2)

(tab2 <- table(fitted2$class, head$sex))
```

```
##
##      f  m
##   f 91  9
##   m  9 66
```

```
sum(diag(tab2))/sum(tab2)

## [1] 0.8971429
```

Vidíme, že vynecháním proměnné šířka obličeje se podíl správně zařazených objektů nezhoršil.

Příklad 2. V souboru Howell.csv máme k dispozici kraniometrické údaje z různých populací. Nás zajímají muži (kategorie M proměnné Sex) ze 3 populací (proměnná Population) - ZULU, BUSHMAN a AUSTRALI. Konkrétně máme tyto kraniometrické rozměry (vše v milimetrech):

- ZYB - bizygomatická šířka,
- ZMB - zygomatikomaxilární šířka,
- BPL - délka obličejové části lebky,
- NPH - výška horní části obličejového skeletu,
- NLH - výška nosu,
- OBH - výška očnice levé strany,
- WCB - minimální šířka lebky.

Načteme datový soubor. Protože v databázi jsou chybějící pozorování kódovány jako 0, je potřeba při načítání zadat, aby se 0 braly jako NA. Vybereme pozorování a proměnné, které nás zajímají, a zbavíme se nyní prázdných kategorií proměnné Population.

```
cranio <- read.csv('DATA/Howell.csv',header=T, na.strings='0')
howells.data <- cranio[cranio$Sex == 'M' & cranio$Population %in% c('ZULU', 'BUSHMAN', 'AUSTRALI'),
                       c('Population', 'ZYB', 'ZMB', 'BPL', 'NPH', 'NLH', 'OBH', 'WCB')]
howells.data$Population <- factor(howells.data$Population)
```

Zjistíme počet pozorování a odhady vektoru středních hodnot a varianční matice zvlášť pro každou populaci.

```
table(howells.data$Population)

##
## AUSTRALI  BUSHMAN     ZULU
##       52       41       55

colMeans(howells.data[howells.data$Population=='AUSTRALI',-1])

##       ZYB       ZMB       BPL       NPH       NLH       OBH       WCB
## 136.76923  98.34615 105.50000  64.76923  49.69231  33.46154  71.30769

cov(howells.data[howells.data$Population=='AUSTRALI',-1])

##           ZYB       ZMB        BPL       NPH      NLH      OBH       WCB
## ZYB 17.396682  7.297134  5.2156863  2.926094 3.045249 1.108597 6.0723982
## ZMB  7.297134 16.505279  5.1764706  3.238311 3.343891 1.562594 3.6757164
## BPL  5.215686  5.176471 19.9803922  8.215686 3.333333 1.843137 0.6666667
## NPH  2.926094  3.238311  8.2156863 17.318250 8.162896 3.147813 3.5037707
## NLH  3.045249  3.343891  3.3333333  8.162896 7.197587 1.791855 3.0573152
## OBH  1.108597  1.562594  1.8431373  3.147813 1.791855 3.665158 0.9336350
## WCB  6.072398  3.675716  0.6666667  3.503771 3.057315 0.933635 9.2368024
```

```
colMeans(howells.data[howells.data$Population=='BUSHMAN',-1])
```

```
##       ZYB       ZMB       BPL       NPH       NLH       OBH       WCB
## 123.56098  92.19512  93.65854  57.51220  43.75610  30.82927  70.00000
```

```
cov(howells.data[howells.data$Population=='BUSHMAN',-1])
```

```
##           ZYB       ZMB       BPL       NPH       NLH      OBH   WCB
## ZYB 22.002439 10.787805 15.421341 15.055488  6.815244 5.523171 9.550
## ZMB 10.787805 23.460976 10.943293  9.822561  5.423780 2.959146 5.600
## BPL 15.421341 10.943293 27.930488 15.954268  7.039634 2.090244 4.275
## NPH 15.055488  9.822561 15.954268 28.256098 12.378049 5.264634 3.825
## NLH  6.815244  5.423780  7.039634 12.378049  8.639024 3.857317 1.525
## OBH  5.523171  2.959146  2.090244  5.264634  3.857317 5.795122 2.000
## WCB  9.550000  5.600000  4.275000  3.825000  1.525000 2.000000 9.400
```

```
colMeans(howells.data[howells.data$Population=='ZULU',-1])
```

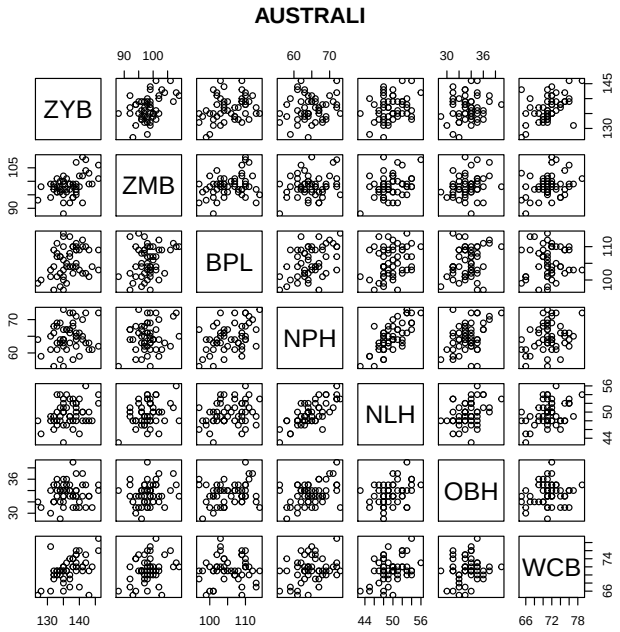
```
##       ZYB       ZMB       BPL       NPH       NLH       OBH       WCB
## 129.94545  95.87273 102.38182  67.32727  50.00000  33.76364  71.98182
```

```
cov(howells.data[howells.data$Population=='ZULU',-1])
```

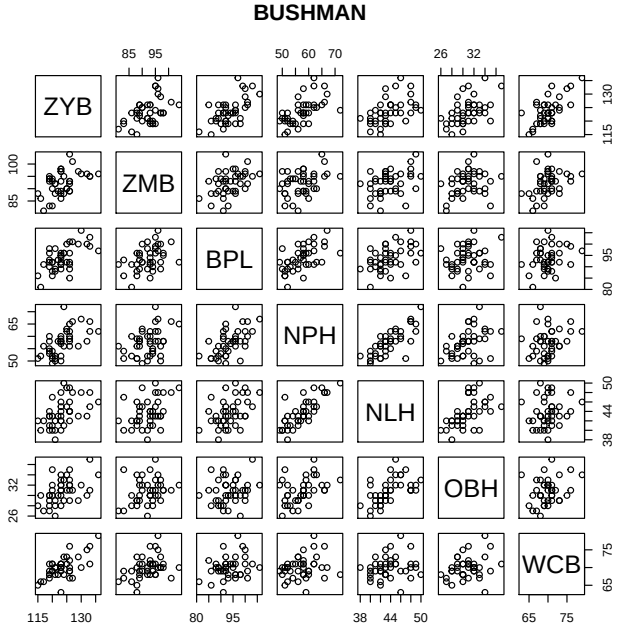
```
##           ZYB       ZMB        BPL       NPH        NLH        OBH
## ZYB 16.645118 11.400337  3.8175084  4.592256  5.0555556  1.8942761
## ZMB 11.400337 23.483502 10.4754209  7.672054  4.6296296  1.6730640
## BPL  3.817508 10.475421 37.2404040  3.780135 -0.1481481 -0.5191919
## NPH  4.592256  7.672054  3.7801347 16.557576  7.5000000  3.6343434
## NLH  5.055556  4.629630 -0.1481481  7.500000  6.5555556  2.0000000
## OBH  1.894276  1.673064 -0.5191919  3.634343  2.0000000  3.1097643
## WCB  8.554545  7.997643 -5.4373737  2.969024  3.4259259  1.0882155
##           WCB
## ZYB  8.554545
## ZMB  7.997643
## BPL -5.437374
## NPH  2.969024
## NLH  3.425926
## OBH  1.088215
## WCB 18.129293
```

Orientačně ověříme linearitu vztahů mezi proměnnými u všech populací.

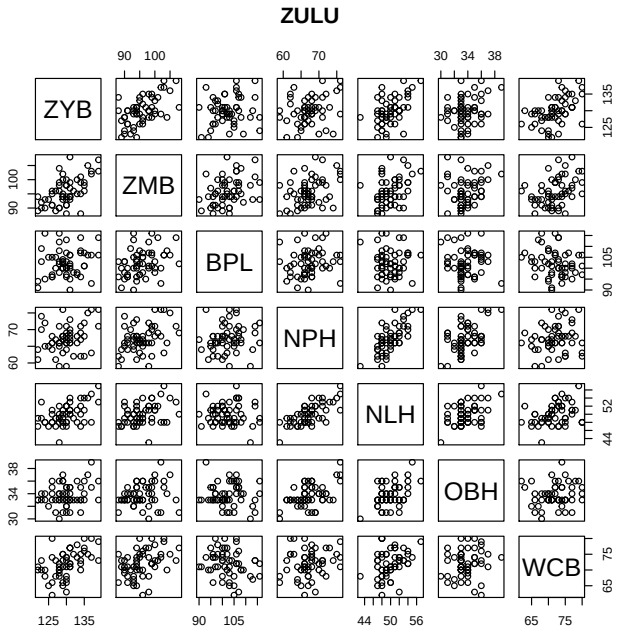
```
plot(howells.data[howells.data$Population=='AUSTRALI',-1], main='AUSTRALI')
```




```
plot(howells.data[howells.data$Population=='BUSHMAN',-1], main='BUSHMAN')
```

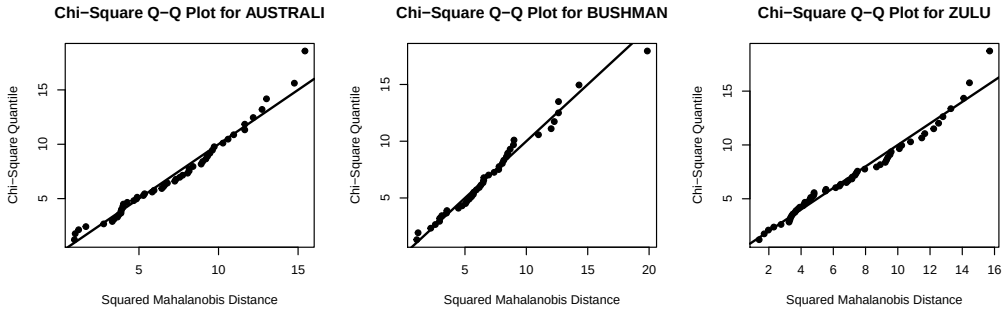



```
plot(howells.data[howells.data$Population=='ZULU',-1], main='ZULU')
```



Ověříme předpoklady lineární diskriminační analýzy.

```
library(MVN)
par(mfrow=c(1,3))
mvn(howells.data, subset='Population', mvnTest = 'mardia',
    multivariatePlot = 'qq')$multivariateNormality
```




```
## $AUSTRALI
##              Test          Statistic           p value Result
## 1 Mardia Skewness   61.7824580535975 0.967207294007091    YES
## 2 Mardia Kurtosis -0.527521156668937 0.597831728443825    YES
## 3             MVN               <NA>              <NA>    YES
##
## $BUSHMAN
##              Test          Statistic           p value Result
## 1 Mardia Skewness   98.3414107802788 0.135693050518559    YES
## 2 Mardia Kurtosis 0.0599958258921211 0.952158959159005    YES
## 3             MVN               <NA>              <NA>    YES
##
## $ZULU
```

```
##              Test          Statistic           p value Result
## 1 Mardia Skewness   93.9448325630975 0.214796045720732    YES
## 2 Mardia Kurtosis -0.295992327049272 0.767235941123309    YES
## 3             MVN               <NA>              <NA>    YES
```

```
mvn(howells.data, subset='Population', mvnTest = 'hz')$multivariateNormality
```

```
## $AUSTRALI
##            Test        HZ   p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.9066086 0.5696042 YES
##
## $BUSHMAN
##            Test       HZ    p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.967527 0.06989468 YES
##
## $ZULU
##            Test        HZ    p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.9760937 0.06599569 YES
```

Populace australských domorodců:
Mardiův test pro šikmost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Populace Křováků:
Mardiův test pro šikmost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Populace Zulu:
Mardiův test pro šikmost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....

Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

```
library('biotools')
boxM(howells.data[,-1], grouping=howells.data$Population)

##
##  Box's M-test for Homogeneity of Covariance Matrices
##
## data:  howells.data[, -1]
## Chi-Sq (approx.) = 70.37, df = 56, p-value = 0.09371
```

```
library('heplots')
boxM(howells.data[,-1], group=howells.data$Population)

##
##  Box's M-test for Homogeneity of Covariance Matrices
##
## data:  howells.data[, -1]
## Chi-Sq (approx.) = 70.37, df = 56, p-value = 0.09371
```

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

Dále otestujeme hypotézu o shodnosti vektorů středních hodnot mezi skupinami.

```
model <- manova(as.matrix(howells.data[,-1]) ~ howells.data$Population)
summary(model, test='Wilks')

##                           Df   Wilks approx F num Df den Df    Pr(>F)
## howells.data$Population    2 0.18552   26.245     14    278 < 2.2e-16 ***
## Residuals                145
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

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

Na základě pozorování nyní sestavíme funkci pro rozlišení populací.

```
library('MASS')
how.lda <- lda(Population ~ ZYB + ZMB + BPL + NPH + NLH + OBH + WCB, data=howells.data)
how.lda

## Call:
## lda(Population ~ ZYB + ZMB + BPL + NPH + NLH + OBH + WCB, data = howells.data)
```

```
##
## Prior probabilities of groups:
##  AUSTRALI   BUSHMAN      ZULU
## 0.3513514 0.2770270 0.3716216
##
## Group means:
##               ZYB      ZMB       BPL      NPH      NLH      OBH      WCB
## AUSTRALI 136.7692 98.34615 105.50000 64.76923 49.69231 33.46154 71.30769
## BUSHMAN  123.5610 92.19512  93.65854 57.51220 43.75610 30.82927 70.00000
## ZULU     129.9455 95.87273 102.38182 67.32727 50.00000 33.76364 71.98182
##
## Coefficients of linear discriminants:
##             LD1         LD2
## ZYB -0.19925338 -0.18258632
## ZMB  0.03386777 -0.03969644
## BPL -0.06286477  0.04818895
## NPH  0.05502890  0.13314518
## NLH -0.17897848  0.11188320
## OBH -0.02518774  0.10227486
## WCB  0.10632779  0.12385882
##
## Proportion of trace:
##  LD1  LD2
## 0.77 0.23
```

Ve výstupu vidíme apriorní pravděpodobnosti (tj. pravděpodobnosti odhadnuté z původních hodnot), dále vektory skupinových průměrů a koeficienty obou lineárních diskriminačních funkcí pro jednotlivé proměnné.

Přiřazení do skupin je opět na základě nejvyšší hodnoty aposteriorní pravděpodobnosti.

```
fit <- predict(how.lda)

(tab.h <- table(fit$class, howells.data$Population))

##
##            AUSTRALI BUSHMAN ZULU
##   AUSTRALI       45       1    6
##   BUSHMAN         1      33    1
##   ZULU            6       7   48

sum(diag(tab.h)) / sum(tab.h)

## [1] 0.8513514
```

Podíl správně zařazených objektů .....

Zkusme zařadit neznámé pozorovní s hodnotami ZYB 130, ZMB 98, BPL 100, NPH 68, NLH 51, OBH 34 a WCB 70.

```
predict(how.lda, newdata=list(ZYB=130, ZMB=98, BPL=100, NPH=68, NLH=51, OBH=34, WCB=70))

## $class
## [1] ZULU
```

```
## Levels: AUSTRALI BUSHMAN ZULU
##
## $posterior
##   AUSTRALI    BUSHMAN      ZULU
## 1 0.101297 0.01802436 0.8806786
##
## $x
##         LD1       LD2
## 1 -0.169831 0.8221662
```

Pozorování má aposteriorní pravděpodobnosti ..... (pro AUSTRALI), ... (pro BUSHMAN) a ..... (pro ZULU), proto bylo zařazeno k populaci ..... .

Můžeme zkusit vybrat proměnné pomocí dopředné krokové metody.

```
library('klaR')
greedy.wilks(Population ~ ZYB + ZMB + BPL + NPH + NLH + OBH + WCB, data=howells.data)
```

```
## Formula containing included variables:
##
## Population ~ ZYB + NPH + WCB + NLH + BPL
## <environment: 0x0000000021ec0210>
##
##
## Values calculated in each step of the selection procedure:
##
##   vars Wilks.lambda F.statistics.overall p.value.overall F.statistics.diff
## 1  ZYB    0.3979242            109.69551    9.672195e-30        109.695506
## 2  NPH    0.2571663             69.97943    2.469448e-41         39.408603
## 3  WCB    0.2185048             54.30612    1.770872e-44         12.650969
## 4  NLH    0.2034279             43.20876    6.610294e-45          5.262102
## 5  BPL    0.1919026             36.17372    5.160336e-45          4.234092
##   p.value.diff
## 1 9.672195e-30
## 2 2.153833e-14
## 3 8.678415e-06
## 4 6.235646e-03
## 5 1.636441e-02
```

Funkce vybrala 5 z našich původních 7 proměnných. Sestavíme diskriminační funkce pouze z vybraných proměnných a podíváme se na podíl správně zařazených objektů.

```
how.lda2 <- lda(Population ~ ZYB + NPH + WCB + NLH + BPL, data=howells.data)
fit2 <- predict(how.lda2)
(tab.h2 <- table(fit2$class, howells.data$Population))
```

```
##
##             AUSTRALI BUSHMAN ZULU
##   AUSTRALI       45       1    5
##   BUSHMAN         0      32    1
##   ZULU            7       8   49
```

```
sum(diag(tab.h2)) / sum(tab.h2)
```

```
## [1] 0.8513514
```