Forschungsfragen für binäre AV

Kapitel 9

Gliederung

Teil 1

Grundlagen der logistischen Regression

Lineare Modelle für binäre AV?

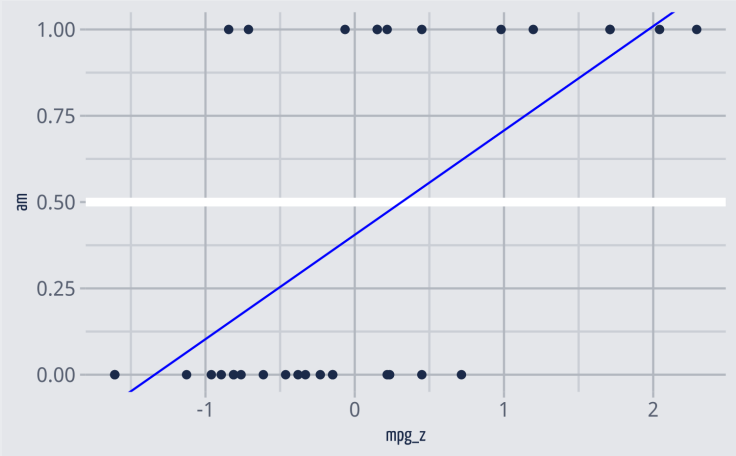
> *Forschungsfrage*: Kann man anhand des Spritverbrauchs vorhersagen, ob ein Auto eine Automatik- bzw. ein manuelle Schaltung hat? Anders gesagt: Hängen Spritverbrauch und Getriebeart? (Datensatz `mtcars`)

```
data(mtcars)
mtcars <-
  mtcars %>%
  mutate(mpg_z = scale(mpg))
```

```
m91 <-
  stan_glm(am ~ mpg_z,
           data = mtcars,
           refresh = 0)
coef(m91)
```

```
## (Intercept)        mpg_z
##       0.405        0.302
```

Wir können die Vorhersagen des Modells, d.h. $\hat{y}_i$, als *Wahrscheinlichkeit* interpretieren (für `am=1`).



$Pr(\text{am} = 1 | m91, \text{mpg\_z} = 0) = 0.46$: Die Wahrscheinlichkeit einer manuelle Schaltung, gegeben einem durchschnittlichen Verbrauch (und dem Modell `m91`) liegt bei knapp 50%.

Lineare Modelle running wild

Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit für eine manuelle Schaltung ...

- ... bei `mpg_z = -2`?

```
(predict(m91, newdata = data.frame(mpg_z = -2)))
```

```
##      1
## -0.197
```

$Pr(\hat{y}) < 0$ macht keinen Sinn. ⚡

- ... bei `mpg_z = +2`?

```
(predict(m91, newdata = data.frame(mpg_z = 2)))
```

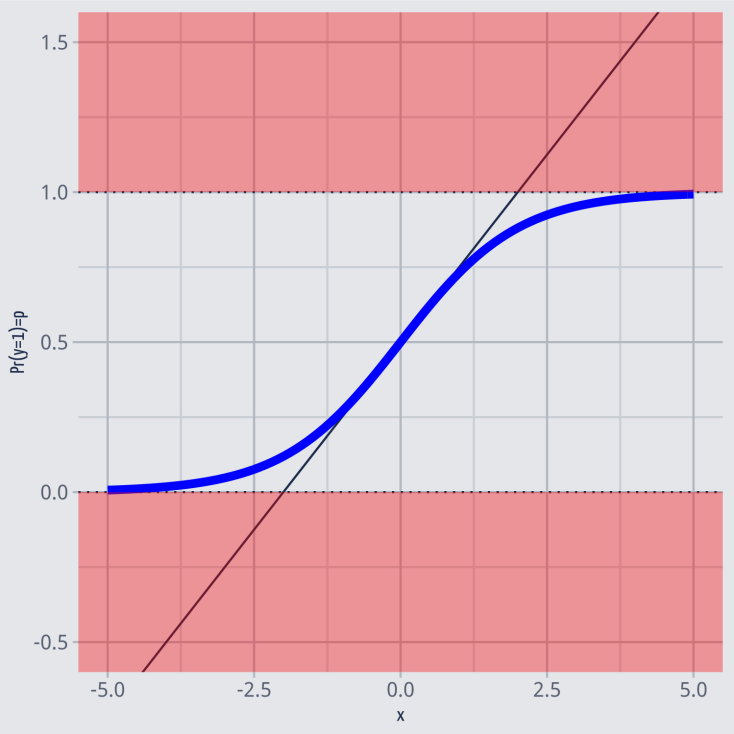
```
## 1
## 1
```

$Pr(\hat{y}) > 1$ macht keinen Sinn. ⚡

Schauen Sie sich mal die Vorhersage an für `mpg_z=5` 🤯

Wir müssen die Regressionsgerade umbiegen

... wenn der vorhergesagte Wert eine Wahrscheinlichkeit, p_i, ist.



McElreath (2020, Kap. 10.2)

- Die *schwarze* Gerade verlässt den Wertebereich der Wahrscheinlichkeit.
- Die *blaue* Kurve, f, bleibt im erlaubten Bereich, $Pr(y) \in [0, 1]$.
- Wir müssen also die linke oder die rechte Seite des linearen Modells transformieren:

$p_i = f(\alpha + \beta \cdot x)$ bzw.:

$f(p) = \alpha + \beta \cdot x$

- f nennt man eine *Link-Funktion*.

Verallgemeinerte lineare Modelle zur Rettung

- Für metrische AV mit theoretisch unendlichen Grenzen des Wertebereichs haben wir bisher eine Normalverteilung verwendet:

$$y_i \sim \mathcal{N}(\mu_i, \sigma)$$

- Dann ist die Normalverteilung eine voraussetzungsarme Wahl (maximiert die Entropie).
- Aber wenn die AV *binär* ist bzw. *Häufigkeiten* modelliert, braucht man eine Variable die nur positive Werte zulässt.
- In diesem Fall passt die *Binomialverteilung*, $\mathcal{B}in$ oder $\mathcal{B}$, gut und ist voraussetzungsarm (maximiert die Entropie):

$$y_i \sim \mathcal{B}in(n, p_i)$$
$$f(p_i) = \alpha + \beta x$$

- Eine binäre Variablen ist eine Häufigkeitsvariable mit $\mathcal{B}in(1, p)$.
- Diese Verallgemeinerung des linearen Modells bezeichnet man als *generalisiertes lineares Modell* (generalized linear model).

Der Logit-Link

- Der *Logit-Link*, $\mathcal{L}$, `logit`, Log-Odds oder Logit-Funktion genannt, ordnet einen Parameter, der als Wahrscheinlichkeitsmasse definiert ist (und daher im Bereich von 0 bis 1 liegt), einem linearen Modell zu (das jeden beliebigen reellen Wert annehmen kann):

$$
\begin{aligned}
y_i &\sim \mathcal{B}(n, p_i) \\
\text{logit}(p_i) &= \alpha + \beta x_i
\end{aligned}
$$

- Die Logit-Funktion $\mathcal{L}$ ist definiert als der (natürliche) Logarithmus des Verhältnisses der Wahrscheinlichkeit zu Gegenwahrscheinlichkeit:

$$
\mathcal{L} = \log \frac{p_i}{1 - p_i}
$$

- Das Verhältnis der Wahrscheinlichkeit zu Gegenwahrscheinlichkeit nennt man auch *Odds*.

- Also:

$$
\mathcal{L} = \log \frac{p_i}{1 - p_i} = \alpha + \beta x_i
$$

Inverser Logit

Um nach p aufzulösen, müssen wir einige Algebra bemühen:

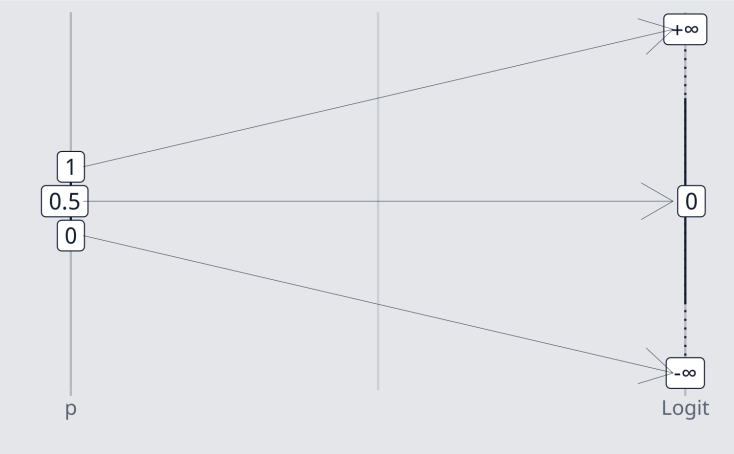
$$
\begin{aligned}
\log \frac{p}{1-p} &= \alpha + \beta x && \text{Exponentieren} \\
\frac{p}{1-p} &= e^{\alpha+\beta x} \\
p_i &= e^{\alpha+\beta x_i}(1-p) && \text{Zur Vereinfachung: } x := e^{\alpha+\beta x_i} \\
p_i &= x(1-p) \\
&= x - xp \\
p + px &= x \\
p(1+x) &= x \\
p &= \frac{x}{1+x} && \text{Lösen wir x wieder auf.} \\
p &= \frac{e^{\alpha+\beta x_i}}{1+e^{\alpha+\beta x_i}} = \mathcal{L}^{-1}
\end{aligned}
$$

Diese Funktion nennt man auch *inverser Logit*, logit^{-1}, $\mathcal{L}^{-1}$.

Logit und Inverser Logit

Logit

$(0, 1) \rightarrow (-\infty, +\infty)$

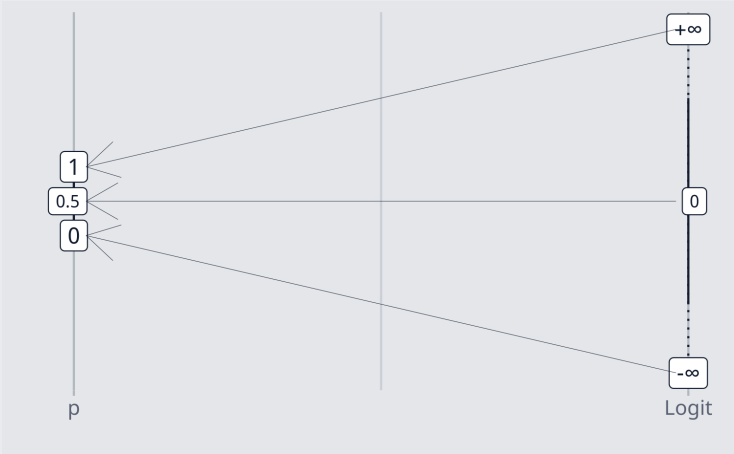


Praktisch, um Wahrscheinlichkeit zu modellieren.

$$p \rightarrow \boxed{\text{logit}} \rightarrow \alpha + \beta x$$

Inv-Logit

$(-\infty, +\infty) \rightarrow (0, 1)$



Praktisch, um in Wahrscheinlichkeiten umzurechnen.

$$p \leftarrow \boxed{\text{inv-logit}} \leftarrow \alpha + \beta x$$

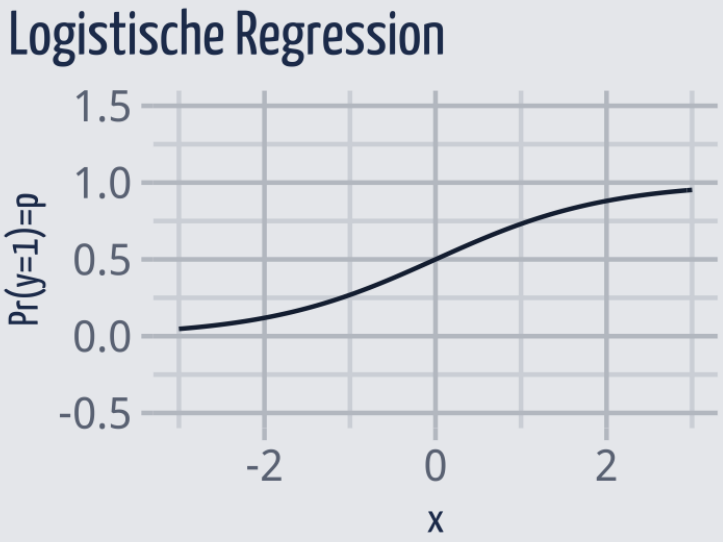
Logistische Regression

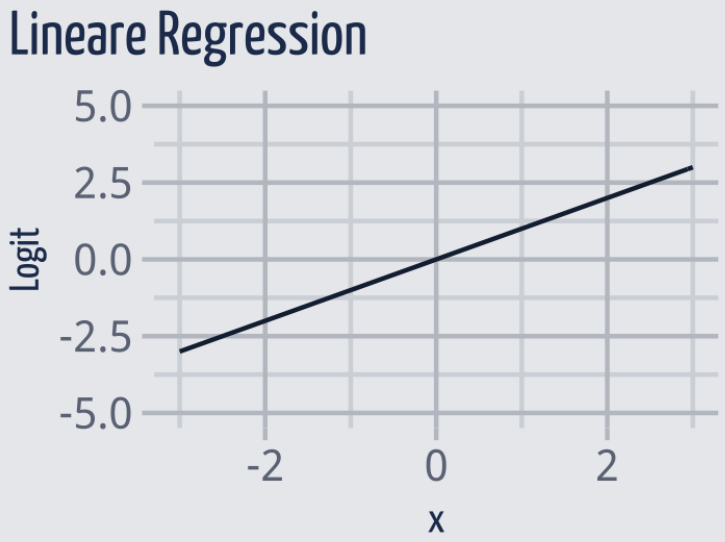
- Eine Regression mit binomial verteilter AV und Logit-Link nennt man *logistische Regression*.
- Man verwendet die logistische Regression um binomial verteilte AV zu modellieren, z.B.
  - Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass ein Kunde das Produkt kauft?
  - Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass ein Mitarbeiter kündigt?
  - Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, die Klausur zu bestehen?
- Die logistische Regression ist eine normale, lineare Regression für den Logit von $Pr(y = 1)$, wobei y (AV) binomialvereteilt mit $n = 1$ angenommen wird:

$$y_i \sim \mathcal{B}(1, p_i)$$
$$\text{logit}(p_i) = \alpha + \beta x_i$$

- Da es sich um eine normale, lineare Regression handelt, sind alle bekannten Methoden und Techniken der linearen Regression zulässig.
- Da Logits nicht einfach zu interpretieren sind, rechnet man nach der Berechnung des Modells den Logit häufig in Wahrscheinlichkeiten um.

Die Koeffizienten sind schwer zu interpretieren





- In der logistischen Regression gilt *nicht* mehr, dass eine konstante Veränderung in der UV mit einer konstanten Veränderung in der AV einhergeht.
- Stattdessen geht eine konstante Veränderung in der UV mit einer konstanten Veränderung im *Logit* der AV einher.
- Beim logistischen Modell hier gilt, dass in der Nähe von $x = 0$ die größte Veränderung in p von statten geht; je weiter weg von $x = 0$, desto geringer ist die Veränderung in p.

Logits vs. Wahrscheinlichkeiten p

```
konvert_logits <-
  tibble(
    logit = c( -10, -3,
               -2, -1, -0.5, -.25,
               0,
               .25, .5, 1, 2,
               3, 10),
    p = invlogit(logit)
  )
```

logit	p
−10.00	0.00
−3.00	0.05
−2.00	0.12
−1.00	0.27
−0.50	0.38
−0.25	0.44
0.00	0.50
0.25	0.56
0.50	0.62
1.00	0.73
2.00	0.88
3.00	0.95
10.00	1.00

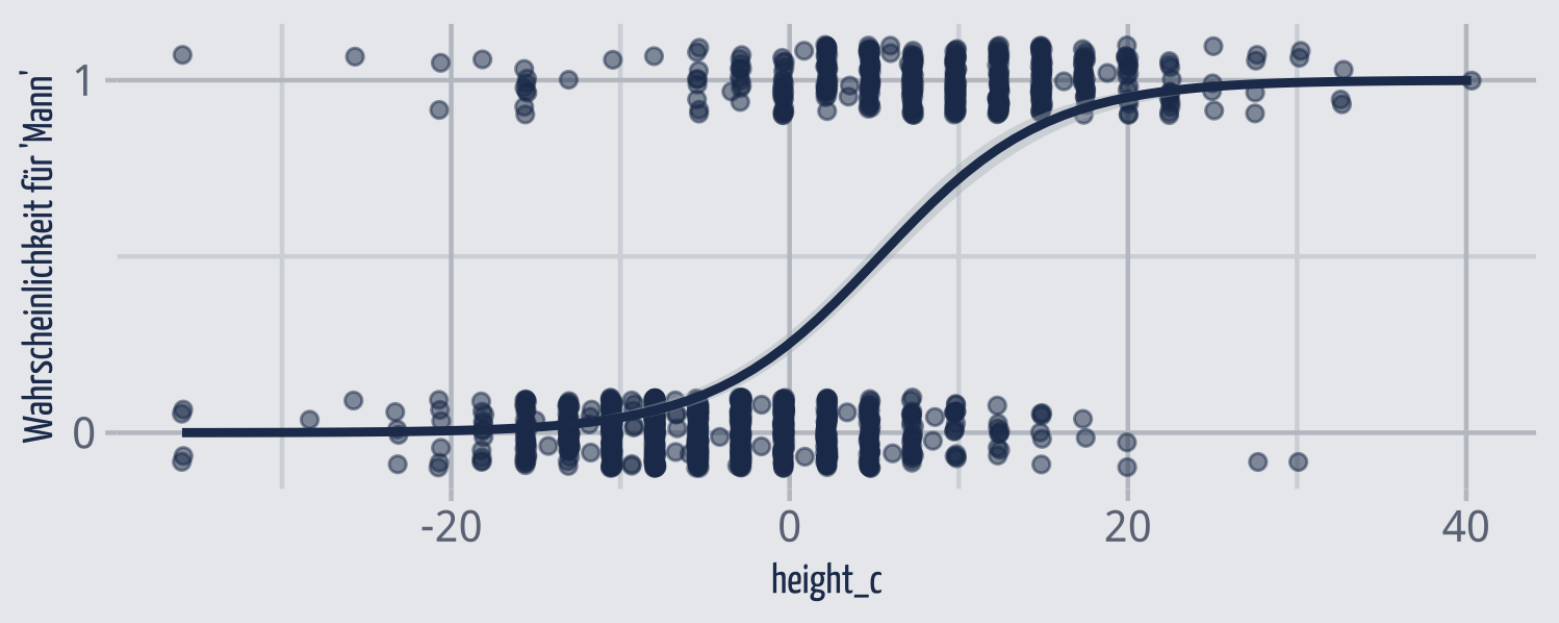
Teil 2

Metrische UV

Geschlecht vorhersagen auf Basis der Körpergröße

Beschreibung des Datensatzes, Datenquelle

```
d <- read_csv(
"https://vincentarelbundock.github.io/Rdatasets/csv/openintro/speed_genc
```



Zusammenhang von Körpergröße und 'Mann'?

> *Forschungsfrage*: Ist der Zusammenhang von *Körpergröße* und 'Mann' positiv? Gehen also höhere Werte in Körpergröße `height` einher mit einer höheren Wahrscheinlichkeit, dass es sich um einen Mann `m` handelt?

$$
\begin{aligned}
m_i &\sim \mathcal{B}(1, p_i) \\
\mathcal{L}(p_i) &= \alpha + \beta \cdot \text{height}_i \\
\alpha &\sim \text{klären wir noch} \\
\beta &\sim \text{klären wir noch}
\end{aligned}
$$

- Die Variable m_i (ob eine Person ein Mann ist) wird als binomial verteilt angenommen mit der Wahrscheinlichkeit p_i.
- Die Häufigkeiten, die pro Person möglich sind, begrenzen sich auf 0 und 1 (solche Ereignisse nennt man auch *Bernoulli verteilt*).
- Pro Person wird der Logit von p_i modelliert als lineare Funktion der Körpergröße dieser Person.
- Entsprechend gilt auch:

$$p_i = \text{logit}^{-1}(\alpha + \beta \cdot \text{height}_i)$$

Modell m92

```
d2 <- d %>%
  drop_na() %>%
  mutate(male = ifelse(gender == "male", 1, 0),
         height_cm = height * 2.54,
         height_c = height_cm - mean(height_cm))

m92 <- stan_glm(male ~ height_c,
                family = binomial(link="logit"),
                data = d2, refresh = 0)

coef(m92)
```

```
## (Intercept)    height_c
##      -1.080       0.203
```

- Die Modellgleichung kann man so schreiben:
  $Pr(y = 1) = Pr(\text{male}) = \text{logit}^{-1}(-1.08 + 0.2 * \text{height})$
- Bei einer mittleren Größe (`height_c = 0`) ist der Logit für 'Mann' -1.08.
- WEnn dieser Wert kleiner ist als Null, ist die Wahrscheinlichkeit kleiner als 50%.
- Für jeden zusätzlichen Zentimeter Größe steigt die Wahrscheinlichkeit, dass wir 'Mann' vorhersagen um ca. 0.2 Logits.
- Der Zuwachs an Wahrscheinlichkeit ist *nicht* konstant pro zusätzlichen Logit.

Umrechnen von Logits in Wahrscheinlichkeit

- Logits sind schwer zu interpretieren, rechnen wir in Wahrscheinlichkeit, p um.
- Der Achsenabschnitt im zentrierten (oder z-standardisierten) Modell gibt, den Y-Wert an für eine Beobachtung mit mittleren X-Wert:

```
invlogit <- plogis  # Funktion, um Inv-Logit von R berechnen zu lassen

invlogit(coef(m92)[1])
```

```
## (Intercept)
##       0.253
```

- Bei einer Person mittleren Größe sagt unser Modell mit einer Wahrscheinlichkeit von ca. 0.25 vorher, dass es ein Mann ist.

```
invlogit(coef(m92)[1] + coef(m92)[2]*10)
```

```
## (Intercept)
##       0.721
```

- Bei einer Person, die 10cm größer ist als der Mittelwert, geht unser Modell von einer Wahrscheinlichkeit von 0.72 aus.

Post befragen: 95%-PI

```
posterior_interval(m92, prob = .95)
```

```
##                2.5%  97.5%
## (Intercept) -1.251 -0.925
## height_c     0.182  0.226
```

```
invlogit(c(-1.22, -0.95))  # Von Logits in Pr umrechnen
```

```
## [1] 0.228 0.279
```

Die Wahrscheinlichkeit, dass eine mittelgroße Person ein Mann ist, liegt zwischen ca. 23% und 28%, laut dem Modell.

Die Intervallgrenzen des Regressionsgewichts β sind schwieriger zu interpretieren, da die Veränderung in den Wahrscheinlichkeiten nicht konstant sind: Je größere eine Person, desto geringer der Zuwachs in Wahrscheinlichkeit (ein Mann zu sein) pro zusätzliche Logit-Einheit.

Ist der Zusammenhang von Größe und 'Mann' positiv?

> Forschungsfrage: Ist der Zusammenhang von Körpergröße und 'Mann' positiv?

Zählen wir den Anteil der Stichproben, die ein positives β findet:

```
m92 %>%
  as_tibble() %>%
  count(height_c > 0)
```

```
## # A tibble: 1 × 2
##   `height_c > 0`     n
##   <lgl>          <int>
## 1 TRUE            4000
```

Das hatten wir schon mit `posterior_interval()` gesehen, das ein 95%-PI ausgegeben hat, in dem die Null nicht enthalten ist.

> Der Zusammenhang von Körpergröße und 'Mann' ist sehr sicher positiv, laut dem Modell: Je größer eine Person, desto höher die Wahrscheinlichkeit, dass sie ein Mann ist.

Vorhersagen auf Basis der Post-Verteilung

> $Pr(\text{Mann} \mid \text{height}_c = 10, m92)$?

- Ausgabe in Logit, $\mathcal{L}$:

```
posterior_linpred(m92, newdata = tibble(height_c = 10)) %>%
  mean()  # `invlogit()` rechnet in Pr. um
```

```
## [1] 0.948
```

- Ausgabe in Wahrscheinlichkeit, Pr:

```
m92_post_10 <-
  posterior_epred(m92, newdata = tibble(height_c = 10))

m92_post_10 %>% as_tibble() %>%
  summarise(mean(`1`), sd(`1`))  # Punktschätzer plus Streuung
```

Vorhergesagter Wert: ca. 72% (MW, Punktschätzer) ± 2% (Streuung d.h. Standardfehler)

PPV befragen 1

Betrachten wir die PPV für Personen der Größe -40, -30, ..., +40 cm größer als der Durchschnitt, hier hilft `posterior_predict()`:

```
height_vec <- seq(-40, 40, by = 10)
heights_df <- tibble(height_c = height_vec)
m92_ppv <- posterior_predict(m92, newdata = heights_df) %>%
  as_tibble()
```

Die ersten paar Zeilen von `m92_ppv`:

1	2	3	4	5	6	7	8	9
0	0	0	0	1	1	1	1	1
0	0	0	0	0	1	1	1	1
0	0	0	0	1	1	1	1	1
0	0	0	0	0	1	1	1	1
0	0	0	0	1	1	1	1	1

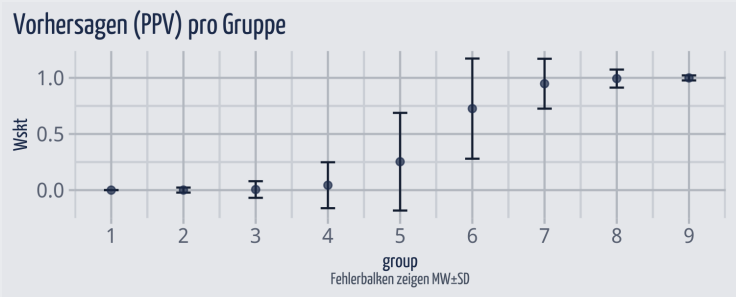
Die 9 Spalten entsprechen den 9 Werten von `height_vec`, (-40, -30, ..., +40).

PPV befragen 2

> Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine Person, die -40, -30, ..., 40 cm größer ist als der Durchschnitt (`group`), als Mann klassifiziert wird?

```
m92_ppv %>%  pivot_longer(everything(),
               names_to = "group",
               values_to = "pred") %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(group_avg = mean(pred), group_sd = sd(pred))
```

group	group_avg	group_sd
1.000	0.000	0.000
2.000	0.001	0.022
3.000	0.005	0.074
4.000	0.044	0.205
5.000	0.253	0.435



Die Streuungswerte aus der PPV sind nur bedingt zu interpretieren.

PPV befragen 3

> Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine überdurchschnittlich große Person als Mann klassifiziert wird? Wie hoch ist die Ungewissheit dieser Klassifizierung?

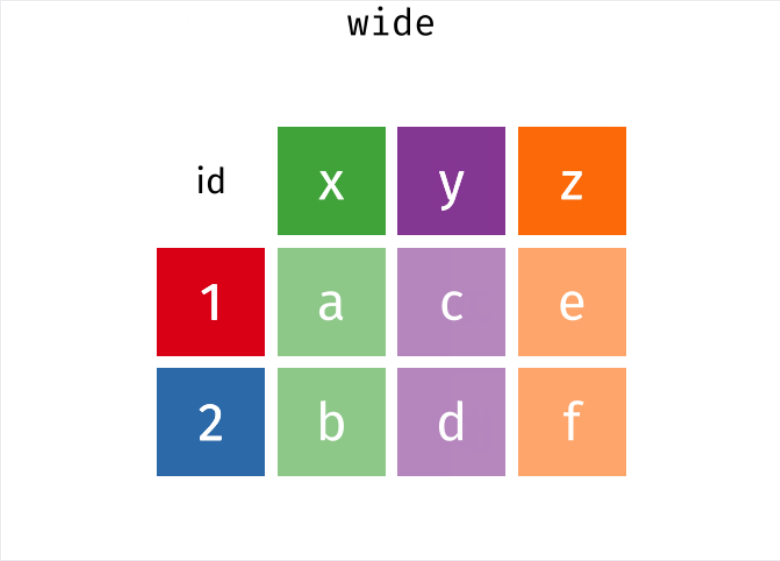
- Dazu bilden wir den Mittelwert der Spalten 6-9.
- Für diesen Zweck muss die Tabelle so umgeformt werden, dass die Wahrscheinlichkeiten aller 9 Gruppen in einer Spalte stehen (`pivot_wider()`).
- Dann filtern wir die Gruppen 5-9.

```
m92_ppv %>%
  pivot_longer(everything()) %>%
  filter(name == c("6", "7", "8", "9")) %>%
  summarise(p_mann_avg = mean(value),
            p_mann_sd = sd(value))
```

```
## # A tibble: 1 × 2
##   p_mann_avg p_mann_sd
##        <dbl>     <dbl>
## 1      0.918     0.275
```

Tabellen umformen von lang nach breit und zurück

- `pivot_longer()` von breit nach lang (`gather`)
- `pivot_wider()` von lang nach breit (`spread`)



Garrick Aden-Buie Quelle; vgl. auch dieses Tutorial

Datensatz zu außerehelichen Affären

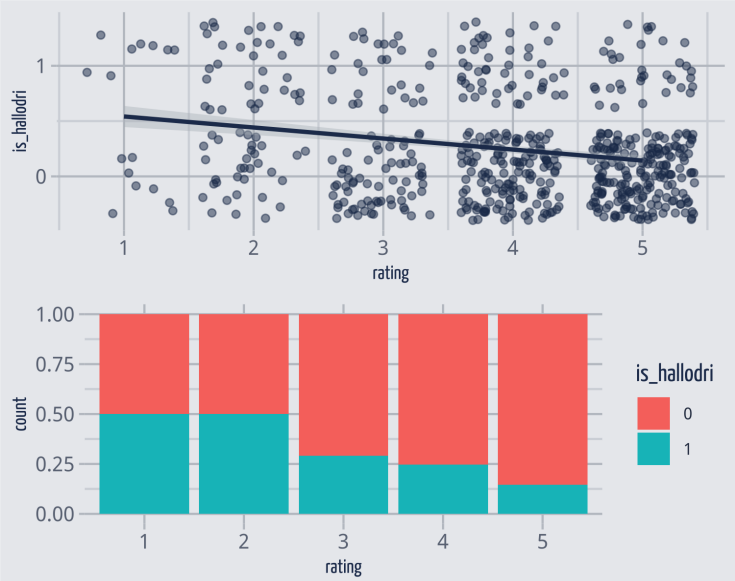
Beschreibung des Datensatzes, Datenquelle

```
d_hallodri <- read_csv(
 "https://vincentarelbundock.github.io/Rdatasets/csv/AER/Affairs.csv")
```

EDA:

```
d_hallodri <-
  d_hallodri %>%
  mutate(is_hallodri =
    ifelse(affairs > 0, 1, 0),
    rating_z =
           scale(rating))

d_hallodri %>%
  select(is_hallodri, rating_z) %
  group_by(rating_z) %>%
  get_summary_stats(
    type = "mean_sd")
```



Hallodri-Modell

> Kovariiert die Wahrscheinlichkeit p_i für *Hallodri* h_i (negativ) mit der (z-standardisierten) Ehezufriedenheit r_i?

$$
\begin{aligned}
h_i &\sim \mathcal{B}(1, p_i) \\
\mathcal{L}(p_i) &= \alpha + \beta \cdot r_i \\
\alpha &\sim \mathcal{N}(0, 2.5) \\
\beta &\sim \mathcal{N}(0, 2.5)
\end{aligned}
$$

```
m_hallodri1 <-
  stan_glm(is_hallodri ~ rating_z, data = d_hallodri, refresh = 0,
           family = binomial(link = "logit"))
```

💣 Der AV liegt eine metrische Variable zugrunde (`affairs`). Zumeist ist es sinnvoller, die informationsreichere metrische Variable zu modellieren. Die Dichotomisierung zu einer binären Variablen verschenkt viel Information. Hier zu didaktischen Zwecken.

Hallodri-Modell: Ergebnisse

```
posterior_interval(m_hallodri1, pars = "(Intercept)") %>% invlogit()
```

```
##                 5%   95%
## (Intercept) 0.207 0.267
```

```
posterior_interval(m_hallodri1, pars = "rating_z")
```

```
##                5%    95%
## rating_z -0.717 -0.414
```

- Bei mittlerer Ehezufriedenheit liegt die Wahrscheinlichkeit eines Seitensprungs bei ca. 21% bis 27% (95%-PI).
- Je höher die Ehezufriedenheit, desto geringer die Wahrscheinlichkeit für einen Seitensprung.
- Laut dem Modell ist β mit hoher Wahrscheinlichkeit negativ.

Vorhersagen bei den Hallordis

> Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit für einen Seitensprung, wenn `rating_z = -3`?

Punktschätzer:

```
predict(m_hallodri1,
  newdata = tibble(rating_z=-3))
```

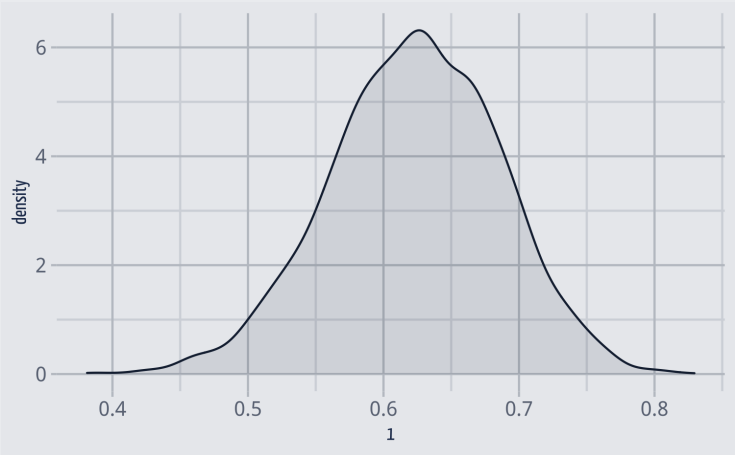
```
##     1
## 0.511
```

95%-PI aus der Post-Verteilung (nicht PPV) als Wahrscheinlichkeit:

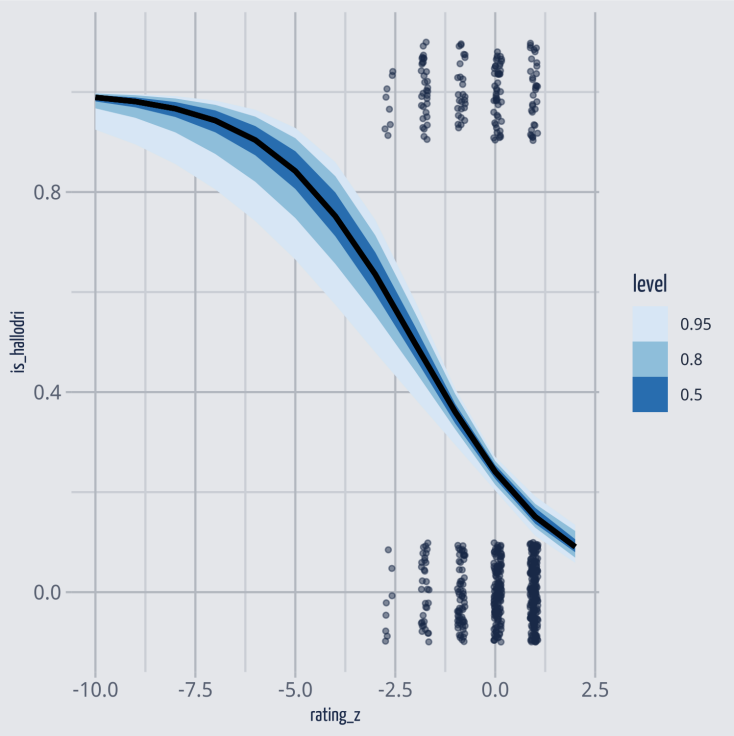
```
posterior_epred(m_hallodri1,
  newdata = tibble(rating_z = -3)
  quantile(prob = c(0.025, .975))
```

```
##  2.5% 97.5%
## 0.497 0.741
```

```
posterior_epred(m_hallodri1,
  newdata = tibble(rating_z = -3)
  as_tibble() %>%
  ggplot(aes(x = `1`)) +
  geom_density()
```



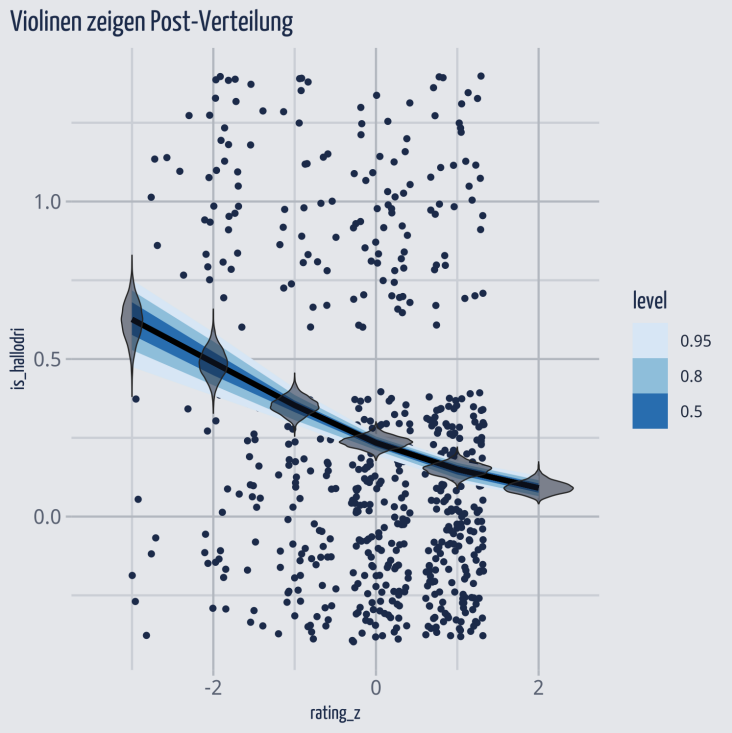
Visualisierung der Modellfunktion



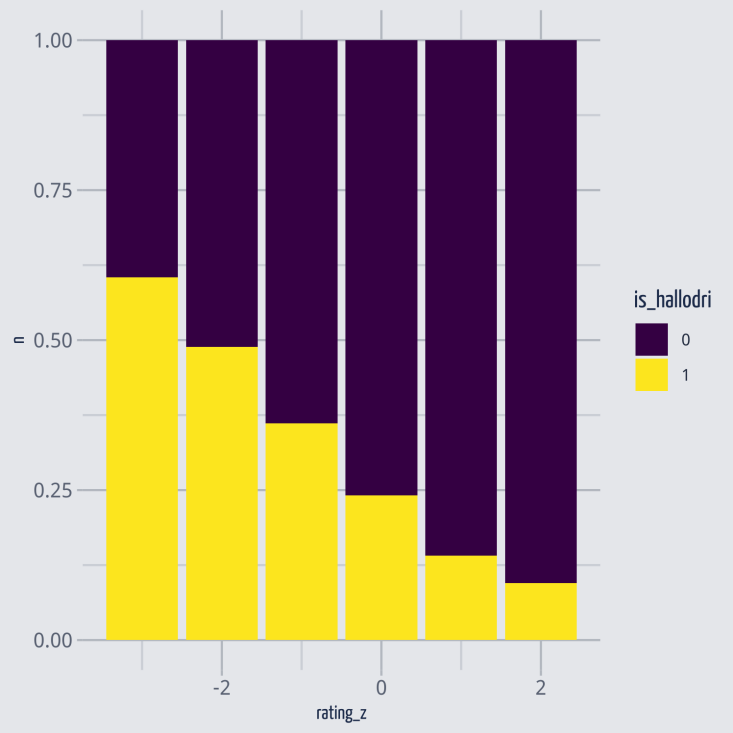
- Um den charakterischen, s-förmigen Verlauf der logistischen Funktion zu zeigen, ist hier der Wertebereich des Prädiktors übermäßig nach links erweitert.
- Extreme Wahrscheinlichkeiten sind mit weniger Unsicherheit verbunden als mittlere Wahrscheinlichkeiten.

Vorhersagen mit Ungewissheit visualisiert

Vorhersagen aus der Post-Verteilung für jede Stufe von `rating_z`.



Vorhersagen aus der PPV für jede Stufe von `rating_z`.



Teil 3

Prioris

Prioris bei den Hallodri

```
prior_summary(m_hallodri1)
```

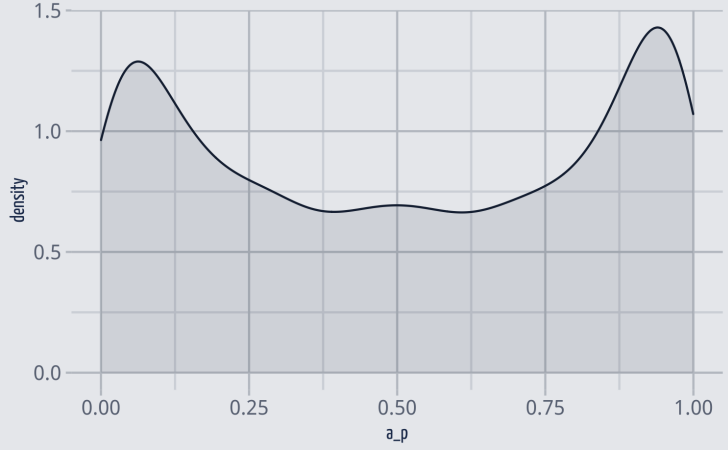
```
## Priors for model 'm_hallodri1'
## ------
## Intercept (after predictors centered)
##  ~ normal(location = 0, scale = 2.5)
##
## Coefficients
##   Specified prior:
##     ~ normal(location = 0, scale = 2.5)
##   Adjusted prior:
##     ~ normal(location = 0, scale = 2.5)
## ------
## See help('prior_summary.stanreg') for more details
```

- Unser Prädiktor ist z-standardisiert.
- Ein Prior für σ gibt es bei Binomialmodellen nicht. Ein Binomialmodell sagt nicht, wie groß die Abweichung vom vorhergesagten Wert ist; es kennt nur "Treffer" oder "daneben".

Priori-Analyse

```
m_hallodri2 <-
  stan_glm(is_hallodri ~ rating_z, data = d_hallodri, refresh = 0,
           prior_PD = TRUE,
           family = binomial(link = "logit"))
```

```
m_hallodri2 %>%
  as_tibble() %>%
  rename(a = `(Intercept)`) %>%
  mutate(a_p = invlogit(a)) %>%
  ggplot(aes(x = a_p)) +
  geom_density()
```

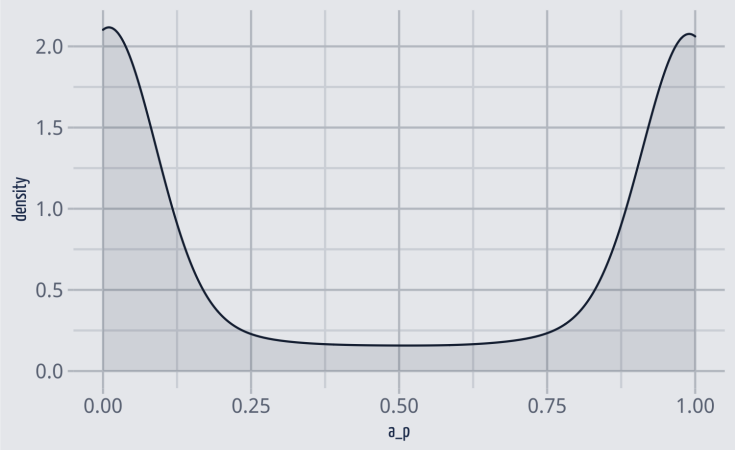


Unser Golem geht apriori von extremen Wahrscheinlichkeiten des Hallodritums aus: Entweder du bist einer 🏫 oder du bist es nicht 🧐.

Uninformativer Prior

```
m_hallodri3 <-
  stan_glm(is_hallodri ~ rating_z, data = d_hallodri, refresh = 0,
           prior_PD = TRUE,
           prior_intercept = normal(0, 10),
           family = binomial(link = "logit"))
```

```
m_hallodri3 %>%
  as_tibble() %>%
  rename(a = `(Intercept)`) %>%
  mutate(a_p = invlogit(a)) %>%
  ggplot(aes(x = a_p)) +
  geom_density()
```



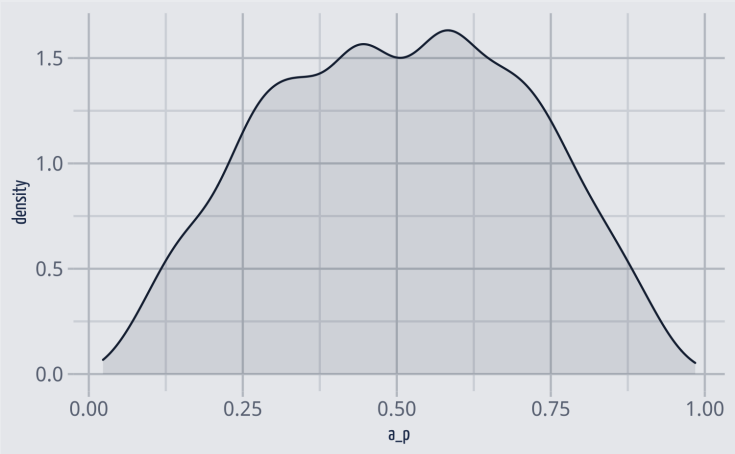
💡 Je flacher der Priori, desto extremer die Priori-Verteilung bei einem Binomial-Modell.

Wir sollten gemäßigtere Prioris bevorzugen.

Gemäßigter Prior

```
m_hallodri4 <-
  stan_glm(is_hallodri ~ rating_z, data = d_hallodri, refresh = 0,
           prior_PD = TRUE,
           prior_intercept = normal(0, 1),
           family = binomial(link = "logit"))
```

```
m_hallodri4 %>%
  as_tibble() %>%
  rename(a = `(Intercept)`) %>%
  mutate(a_p = invlogit(a)) %>%
  ggplot(aes(x = a_p)) +
  geom_density()
```



👍 Das sieht gut aus!

Dieser Priori ist konservativer, vorsichtiger. Er hat keine starke Meinung; daher lässt er die Daten stärker zum Sprechen kommen. Das ist meist zu bevorzugen.

Teil 4

Binäre UV

Logistische Regression nur mit Achsenabschnitt

- *Lineare* ("normale") Regression nur mit Achsenabschnitt ist identisch zur Schätzung eines *Mittelwerts.*
- Lineare Regression mit einer binären UV ist identisch zur Schätzung eines Unterschieds im Mittelwert zwischen zwei Gruppen.
- Analog dazu entspricht eine *logistische* Regression nur mit Achsenabschnitt dem Schätzen eines *Anteils.*

> 50 Personen werden auf Ignoranzitis getestet (eine schlimme Krankheit), davon 10 Personen positiv. Was ist der Anteil in der Population?

Vermutlich so etwa 20% (wenn die Stichprobe gut ist), plus minus ein bisschen.

Als logistische Regression:

```
y <- rep(c(0,1), c(40, 10)) # 40 mal 0, 10 mal 1
ignor_df <- tibble(y)
ignor_m <- stan_glm(y ~ 1, data = ignor_df, refresh = 0,
                    family = binomial(link = "logit"))
```

Ergebnisse des Ignoranzitis-Modells

Logit-Skala

Der Achsenabschnitt ist der Punktschätzer zum Anteil der Ignoranzitis-Positiven (in der Population):

```
coef(ignor_m)
```

```
## (Intercept)
##       -1.39
```

Und hier die Ungenauigkeit (Standardfehler) für den Punktschätzer:

```
se(ignor_m)
```

```
## (Intercept)
##       0.342
```

Wahrscheinlichkeits-Skala

Der Anteil in der Pr-Skala:

```
coef(ignor_m) %>% invlogit()
```

```
## (Intercept)
##         0.2
```

95%-PI des Punktschätzers:

```
UG <- (coef(ignor_m) -
  2*se(ignor_m)) %>% invlogit()
OG <- (coef(ignor_m) +
  2*se(ignor_m)) %>% invlogit()
```

UG: 0.11; OG: 0.33.

Eine binäre UV

- Die logistische Regression mit einer UV ist äquivalent zum Vergleich zweier Anteile.

> Zur Bekämpfung der Ignoranzitis wird das Medikament Lisliberin verabreicht. In der Experimentalgruppe (mit Lisliberin) liegt der Anteil von Ignoranzitis danach noch bei 5 von 50. In der Kontrollgruppe liegt der Anteil bei 20 von 60.

```
gruppe <- rep(c(0, 1), c(50, 60))
ignor <- rep(c(0, 1, 0, 1), c(45, 5, 40, 20))
lisliber_df <- tibble(gruppe, ignor)

lisliber_m <- stan_glm(ignor ~ gruppe, data = lisliber_df, refresh = 0,
                       family = binomial(link = "logit"))
coef(lisliber_m)
se(lisliber_m)
```

```
## (Intercept)      gruppe
##       -2.23        1.52
## (Intercept)      gruppe
##       0.459       0.549
```

Ergebnisse zum Lisliber-Modell

Vorhersagen pro Gruppe in der Pr-Skala bekommt man auch mit `posterior_epred()`:

```
neu <- tibble(gruppe = c(0,1))
lisliber_post <- posterior_epred(lisliber_m, newdata = neu)
lisliber_post <- lisliber_post %>%
  as_tibble() %>%
  mutate(diff_gruppen = `2` - `1`)
```

Vorhersagen auf Basis der Post-Verteilung (ersten paar Stichproben):

1	2	diff_gruppen
0.0636	0.371	0.307
0.0493	0.300	0.251
0.0482	0.355	0.307

```
lisliber_post %>%
  summarise(
   diff_mw = mean(diff_gruppen),
   diff_sd = sd(diff_gruppen))
```

```
## # A tibble: 1 × 2
##   diff_mw diff_sd
##     <dbl>   <dbl>
## 1   0.232  0.0747
```

Teil 5

Modellgüte

Fehlerrate

Die *Fehlerrate* ist definiert als der Anteil für den eine der beiden folgenden Fehler zutrifft:

- Fehler 1: $y_i = 1$ wenn $Pr(\hat{y}_i) < 0.5$
- Fehler 2: $y_i = 0$ wenn $Pr(\hat{y}_i) > 0.5$

- Die Fehlerrate sollte immer kleiner sein als $1/2$: Sonst könnten wir alle βs auf 0 setzen und würden eine bessere Fehlerrate (besseren "Fit") bekommen.
- Man kann die Fehlerrate seines Modells mit dem *Nullmodell* vergleichen, das für alle y_i die gleiche Wahrscheinlichkeit annimmt.
- Das Nullmodell ist die Regression ohne Prädiktoren (nur mit Achsenabschnitt).
- Die Fehlerrate des Nullmodells entspricht dem Anteil p von $y_i = 1$ oder $1 - p$ (je nachdem, welcher Wert von beiden kleiner ist).

(Gelman, Hill, and Vehtari, 2021, S. 255)

Fehlerrate berechnen für das Hallodri-Modell

```
d_hallodri <-
  d_hallodri %>%
  mutate(hallodri_pred =  predict(m_hallodri1))
```

```
d_hallodri <-
  d_hallodri %>%
  mutate(wrong_pred =
     (hallodri_pred>0.5 & is_hallodri==0) |   # Fehler 1
     (hallodri_pred<0.5 & is_hallodri==1))    # Fehler 2

error_rate <-
  d_hallodri %>%
  summarise(error_rate = mean(wrong_pred))

error_rate
```

```
## # A tibble: 1 × 1
##   error_rate
##        <dbl>
## 1      0.250
```

Hinweise

Zu diesem Skript

- Dieses Skript bezieht sich auf folgende Lehrbücher:
  - Regression and other stories (Kap. 13); Statistical Rethinking (Kap. 10.2)
- Dieses Skript wurde erstellt am 2021-12-20 11:24:40.
- Lizenz: MIT-Lizenz
- Autor: Sebastian Sauer.
- Um die HTML-Folien korrekt darzustellen, ist eine Internet-Verbindung nötig.
- Mit der Taste `?` bekommt man eine Hilfe über Shortcuts für die HTML-Folien.
- Wenn Sie die Endung `.html` in der URL mit `.pdf` ersetzen, bekommen Sie die PDF-Version (bzw. HTML-Version) der Datei.
- Alternativ können Sie im Browser Chrome die Folien als PDF drucken (klicken Sie auf den entsprechenden Menüpunkt).
- Den Quellcode der Skripte finden Sie hier.
- Eine PDF-Version aus den HTML-Folien kann erzeugt werden, indem man im Chrome-Browser die Webseite druckt (Drucken als PDF).

Homepage

Literatur

Diese R-Pakete wurden verwendet.

Gelman, A., J. Hill, and A. Vehtari (2021). *Regression and other stories*. Analytical methods for social research. Cambridge University Press.

McElreath, R. (2020). *Statistical rethinking: a Bayesian course with examples in R and Stan*. 2nd ed. CRC texts in statistical science. Taylor and Francis, CRC Press.