Korelacja. Regresja

W tej części kursu będziemy zajmować się korelacją oraz regresją. Na początek kilka uwag wstępnych. W statystyce zasadniczo odróżnia się te dwa pojęcia na poziomie konceptualnym. Rozróżnienie to nie jest konsekwentnie przez wszystkich stosowane, warto jednak je znać (dla spokoju ducha!).

Regresja - metoda pozwalająca na zbadanie związku pomiędzy zmiennymi i wykorzystanie tej wiedzy do przewidywania nieznanych wartości jednych wielkości na podstawie znajomości wartości innych. Poszukuje się zwązku między jedną (lub więcej) zmienną objaśniającą lub niezależną X a zmienną objaśnianą lub zależną Y.

W **regresji** zmienna X (objaśniająca) jest w pełni kontrolowana przez eksperymentatora i pozbawiona elementu losowości.

W **korelacji** obie zmienne sa zmiennymi losowymi.

W praktyce, tak jak wspomnieliśmy, różnica ta jest trochę zatarta, ale warto o niej pamiętać.

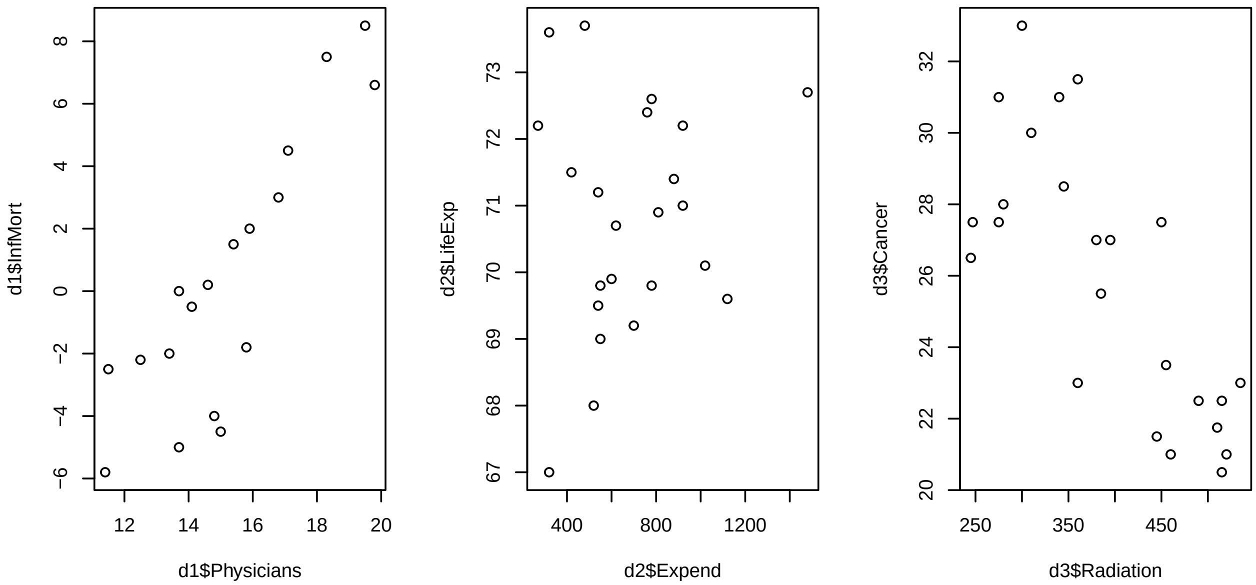
Wykres punktowy (*scatterplot*)

Na początek przyjrzyjmy się sposobowi wizualizacji relacji między dwiema zmiennymi. Nie zdziwi Państwa informacja, że znany i (przynajmniej przez niektórych) lubiany wykres punktowy (zwany takze wykresem rozrzutu) świetnie nadaje się do ilustrowania tego typu danych. Przypomnijmy więc sobie, w jaki sposób w R możemy narysować wykres punktowy.

Podstawy

Domyślnie, jeżeli wywołamy funkcje `plot` i przekażemy jej jako argumenty dwa wektory typu `numeric`, to R narysuje wykres punktowy. W tym przypadku reprodukujemy wykresy znajdujące się w rozdziale 9 podręcznika Howella. Każdy z punktów na wykresie reprezentuje jeden kraj. Pierwszy wykres przedstawia relację między liczbą lekarzy (zmienna objaśniająca) a śmiertelnością noworodków (zmienna objaśniana), drugi między wydatkami na służbę zdrowia (zmienna objaśniająca) a oczekiwaną długością życia (zmienna objaśniana), trzeci zaś między promieniowaniem słonecznym (zmienna objaśniająca) a zachorowaniem na nowotwory (zmienna objaśniana).

```
par(mfrow = c(1,3))
d1 <- read.table('Fig9-1a.dat', header = TRUE)
plot(d1$Physicians, d1$InfMort)
d2 <- read.table('Fig9-1b.dat', header = TRUE)
plot(d2$Expend, d2$LifeExp)
d3 <- read.table('Fig9-1c.dat', header = TRUE)
plot(d3$Radiation, d3$Cancer)
```



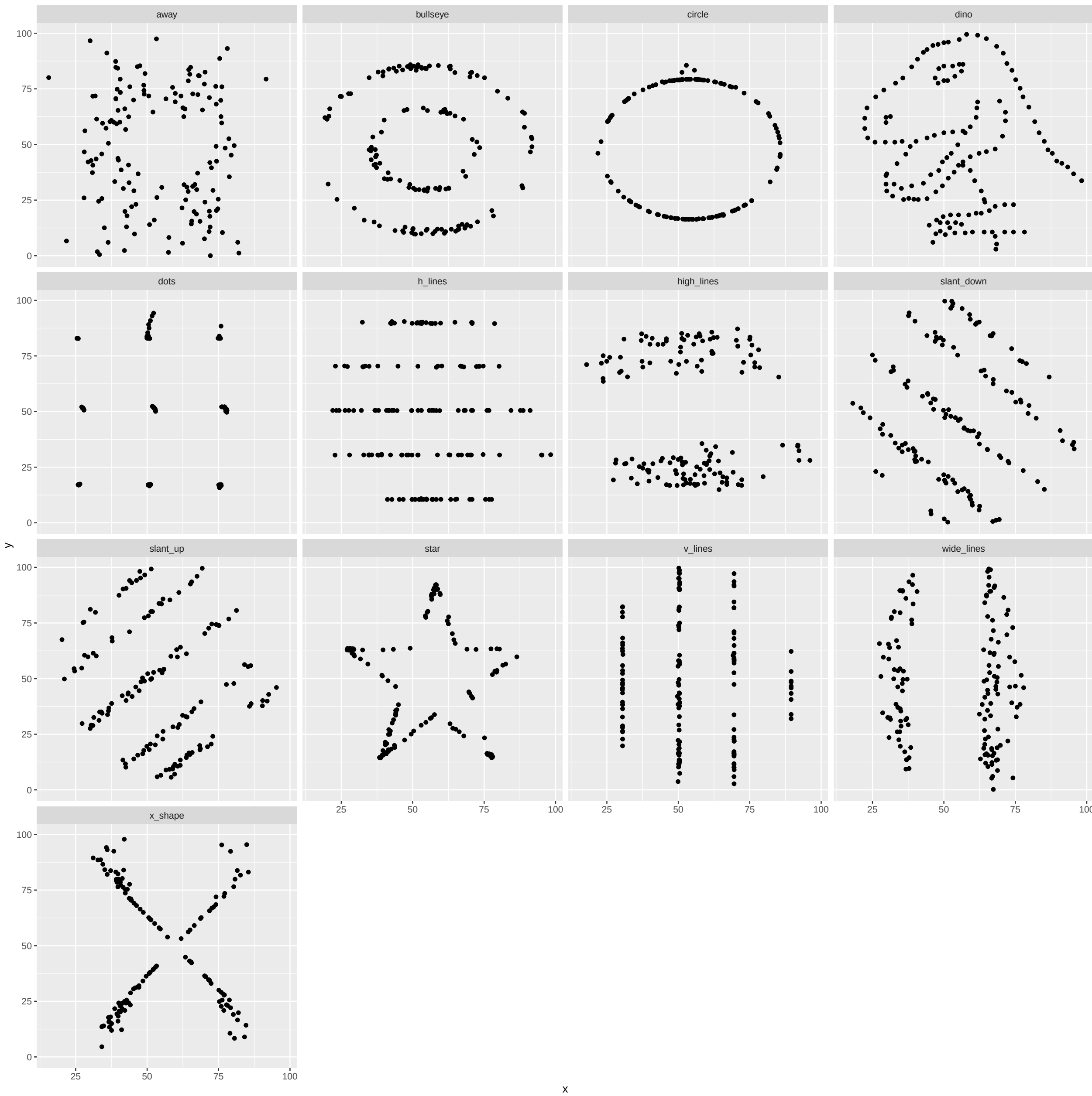
Dlaczego zawsze należy wizualizować dane? Datasaurus

Datasaurus (czyli dinozaur ułożony z punków stworzony przez badaczy z firmy Autocad; więcej informacji na: https://www.autodeskresearch.com/publications/samestats) jest dowodem na to, że zawsze powinniśmy wizualizować nasze dane przed przeprowadzeniem analiz statystycznych. Poniżej znajduje się ilustracja 13 rozkładów, które mają takie same: - średnie X - średnie Y - odchylenie standardowe X - odchylenie standardowe Y - współczynnik korelacji między X a Y - współczynnik kowariancji między X a Y

A mimo to są diametralnie różnymi rozkładami! Gdybyśmy patrzyli wyłącznie na gołe statystyki liczbowe, to nigdy byśmy nie zobaczyli, że te zbiory danych są diametralnie różne.

Oto wykresy:

```
options(repr.plot.width=15, repr.plot.height=15)
library(ggplot2)
ggplot(data = datasauRus::datasaurus_dozen) +
  geom_point(aes(x = x, y = y)) +
  facet_wrap(~dataset, ncol=4)
```



A tutaj znajdą Państwo statystyki deskryptywne!

```
library(dplyr)
group_by(datasauRus::datasaurus_dozen, dataset) %>%
  summarise(
    "Korelacja" = cor(x, y),
    "Kowariancja" = cov(x, y),
    "Średnia X" = mean(x),
    "Średnia Y" = mean(y),
    "Odchylenie standardowe X" = sd(x),
    "Odchylenie standardowe Y" = sd(y),
  )
```

```
## # A tibble: 13 x 7
##    dataset    Korelacja Kowariancja `Średnia X` `Średnia Y` Odchylenie~1 Odchy~2
```

```
##    <chr>          <dbl>       <dbl>       <dbl>       <dbl>        <dbl>   <dbl>
##  1 away         -0.0641       -29.0        54.3        47.8         16.8    26.9
##  2 bullseye     -0.0686       -31.0        54.3        47.8         16.8    26.9
##  3 circle       -0.0683       -30.8        54.3        47.8         16.8    26.9
##  4 dino         -0.0645       -29.1        54.3        47.8         16.8    26.9
##  5 dots         -0.0603       -27.2        54.3        47.8         16.8    26.9
##  6 h_lines      -0.0617       -27.9        54.3        47.8         16.8    26.9
##  7 high_lines   -0.0685       -30.9        54.3        47.8         16.8    26.9
##  8 slant_down   -0.0690       -31.2        54.3        47.8         16.8    26.9
##  9 slant_up     -0.0686       -31.0        54.3        47.8         16.8    26.9
## 10 star         -0.0630       -28.4        54.3        47.8         16.8    26.9
## 11 v_lines      -0.0694       -31.4        54.3        47.8         16.8    26.9
## 12 wide_lines   -0.0666       -30.1        54.3        47.8         16.8    26.9
## 13 x_shape      -0.0656       -29.6        54.3        47.8         16.8    26.9
## # ... with abbreviated variable names 1: `Odchylenie standardowe X`,
## #   2: `Odchylenie standardowe Y`
```

Regresja liniowa

Regresje przeprowadzamy w R za pomocą funkcji `lm`. Funkcja ta zwraca obiekt, którego metoda `print` wyświetla wyraz wolny regresji, współczynnik kierunkowy oraz informacje o wywołaniu funkcji. Jeżeli chcemy się dowiedzieć czegoś więcej, musimy obiekt ten przekazać funkcji `summary`.

Wywołanie funkcji `lm`

Wywołanie funkcji `lm` na danych zwraca nam obiekt klasy `lm`. Możemy fo przypisać do zmiennej (często spotykaną w R konwencją jest nazwa `fit` dla modelu) albo po prostu wyświetlić.

```r
# Wywołanie funkcji `lm` zwraca nam odpowiednio dopasowany model.
lm(d1$Physicians ~ d1$InfMort)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = d1$Physicians ~ d1$InfMort)
##
## Coefficients:
## (Intercept)   d1$InfMort
##     15.0346       0.4868
```

Wywołanie funkcji `summary` na obiekcie zwracanym przez `lm`

Tak, jak powiedzieliśmy sobie wczesniej, funkcja `summary` wywołana na obiekcie zwróconym przez funkcję `lm` pozwala nam się dowiedzieć więcej o stworzonym przez nas modelu. W szczególności zaś pozwala nam poznać różne jego parametry oraz przeprowadza szereg testów statystycznych (na istotność poszczególnych współczynników w regresji oraz na dopasowanie całego modelu).

```r
summary(lm(d1$Physicians ~ d1$InfMort))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = d1$Physicians ~ d1$InfMort)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -2.3176 -0.6836 -0.2450  0.9065  2.1561
```

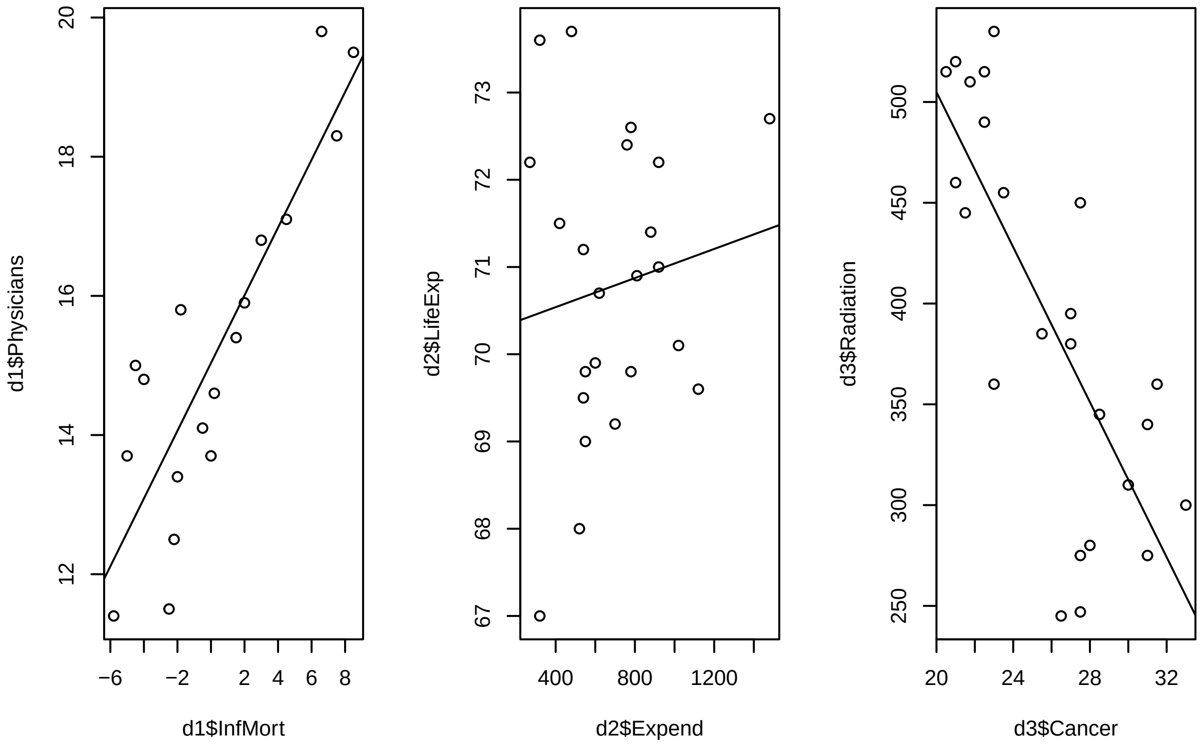
```
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 15.03459    0.29866  50.340  < 2e-16 ***
## d1$InfMort   0.48681    0.07072   6.884 3.68e-06 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.264 on 16 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7476, Adjusted R-squared:  0.7318
## F-statistic: 47.39 on 1 and 16 DF,  p-value: 3.675e-06
```

Dodawanie linii regresji

Moglibyśmy ręcznie „wydobyć'' wartości niezbędne do dodania linii regresji (są w końcu drukowane przez R!), ale możemy skorzystać z faktu, że nasz model stworzony za pomocą funkcji `lm` możemy bezpośrednio przekazać jako argument do funkcji `abline`. Funkcja ta zaś automatycznie dorysuje do istniejącego wykresu linię regresji. Należy jednak pamiętać o tym, żeby tworząc wykres punktowy używać składni formuły (z `~`). Na chwile obecną należy pamiętać, że formuły wyglądają mniej więcej tak: `Y ~ X`.

```
# Ustawiamy parametry graficzne R tak, aby narysować trójpanelowy wykres
par(mfrow = c(1,3))
# Tworzymy pierwszy wykres za pomocą składni formuły (tzn. składni z tyldą: Y ~ X)
plot(d1$Physicians ~ d1$InfMort)
# Przypisujemy model do zmiennej `fit`
fit <- lm(d1$Physicians ~ d1$InfMort)
# Model można przekazać jako argument dla funkcji `abline` i ona będzie wiedziała, co i gdzie narysować
abline(fit)

# Pozostałę dwa przypadki analogicznie
plot(d2$LifeExp ~ d2$Expend)
abline(lm(d2$LifeExp ~ d2$Expend))
plot(d3$Radiation ~ d3$Cancer)
abline(lm(d3$Radiation ~ d3$Cancer))
```



Kowariancja i współczynnik korelacji *r* Pearsona

Kowariancja

Wzór na współczynnik kowariancji między dwiema zmiennymi wygląda następująco:

$$Cov(X, Y) = E[(X - E(X))(Y - E(Y))]$$

- bardzo podobna do wariancji (gdyby za Y podstawić X byłby to wzór na wariancje)
- miara współzmienności dwóch zmiennych
- jeżeli dużym X (w sensie odległości od średniej) towarzyszą duże Y, to kowariancja będzie wysoka i dodatnia, jeśli małe Y to będzie ujemna, jeśli raz takie, a raz takie (brak korelacji) to będą się znosić a kowariancja będzie wynosić około 0

Korelacja

Problem z kowariancją jest taki, że jej wielkość zależy od tego, jakie jednostki mają nasze zmienne oraz w szczególności od tego, jakie mają odchylenie standardowe. Może to utrudnić porównania i interpretacje takiej wartości. Obliczenie współczynnika korelacji jest sposobem na poradzenie sobie z tym problem. Można o nim myśleć jako o "wystandaryzowanym" współczynniku kowiariancji. Wzór na korelację w populacji (ρ) wygląda tak:

$$\rho = \frac{Cov(X, Y)}{\sqrt{Var(X)Var(Y)}}$$

- przyjmuje wartości z przedziału $[-1, 1]$
- jest miarą liniowej zależności między zmiennymi losowymi X i Y
- jeżeli dysponujemy próbą, to możemy wyliczyć współczynnik korelacji Pearsona (r):

$$r = \frac{\sum_{i=1}^{n}(X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n}(X_i - \bar{X})^2(Y_i - \bar{Y})^2}}$$

albo prościej:

$$r = \frac{cov_{XY}}{s_x s_y}$$

- na podstawie jego wartości możemy ocenić siłę związku prostoliniowego między cechami X a Y:

Spróbujmy sprawdzić teraz, czy R oblicza oba współczynniki zgodnie ze wzorami! Zaczniemy od kowariancji:

```
print('Kowariancja')
```

```
## [1] "Kowariancja"
```

```
sum((d1$Physicians - mean(d1$Physicians)) * (d1$InfMort - mean(d1$InfMort)))/
  (nrow(d1)-1) # wzór kowariancji wpisany ręcznie
```

```
## [1] 9.14598
```

```
cov(d1$Physicians, d1$InfMort) # funkcja wbudowana w R
```

```
## [1] 9.14598
```

A teraz sprawdzimy to samo dla korelacji:

```
print('Korelacja')
```

```
## [1] "Korelacja"
```

```
cor(d1$Physicians, d1$InfMort) # funkcja wbudowana w R
```

```
## [1] 0.8646336
```

```
(sum((d1$Physicians - mean(d1$Physicians))*(d1$InfMort - mean(d1$InfMort)))/
    (nrow(d1)-1))/(sd(d1$Physicians)*sd(d1$InfMort))
```

```
## [1] 0.8646336
```

Interpretacja wartości r

Interpretując współczynnik korelacji Pearsona musimy pamiętać, że właściwa interpretacja będzie zależeć od tego, w jakiej dziedzinie się aktualnie znajdujemy. Dla fizyka inny współczynnik korelacji będzie uznany za "duży" niż dla psychologa społecznego. Poniżej znajdują się jednak pewne "zasady kciuka" dotyczące interpretacji współczynnika r w naukach psychologicznych:

- $r = 0$ - współzależność nie występuje, brak korelacji, zmienne są nieskorelowane
- $0 <\mid r \mid< 0.3$ - słaby stopień współzależności
- $0.3 \leq\mid r \mid< 0.5$ - średni stopień współzależności
- $0.5 \leq\mid r \mid< 0.7$ - znaczny stopień współzależności
- $0.7 \leq\mid r \mid< 0.9$ - wysoki stopień współzależności
- $\mid r \mid\geq 0.9$ - bardzo wysoki stopień współzależności
- $\mid r \mid= 1$ - współzależność całkowita (ścisłość)

Macierze korelacyjne - wizualizacje

Czasami mamy do czynienia z więcej niż dwiema zmiennymi. W takim przypadkach zdarza się, że chcielibyśmy zbadać korelacje między wszystkimi kombinacjami dwóch zmiennych jednocześnie. W tym celu możemy stworzyć macierz korelacyjną (tak samo tworzy się macierz kowariancji - przyda się Państwu na Statystyce II przy PCA). Tutaj zrobimy to (może nieco nudno) na losowych danych pochodzacych z rozkładu normalnego.

```
# Wylosujemy 350 obserwacji z rozkładu normalnego a następnie podzielimy je na 10 kolumn
# W ten sposób zasymulujemy sytuacje zbioru danych z 10 zmiennymi
m <- matrix(rnorm(350), 35, 10)
# Przekształcamy macierz w ramkę danych
m <- as.data.frame(m)
# Tworzymy macierz korelacyjną, dla kowariancji będzie to `cov`
cor(m)
```

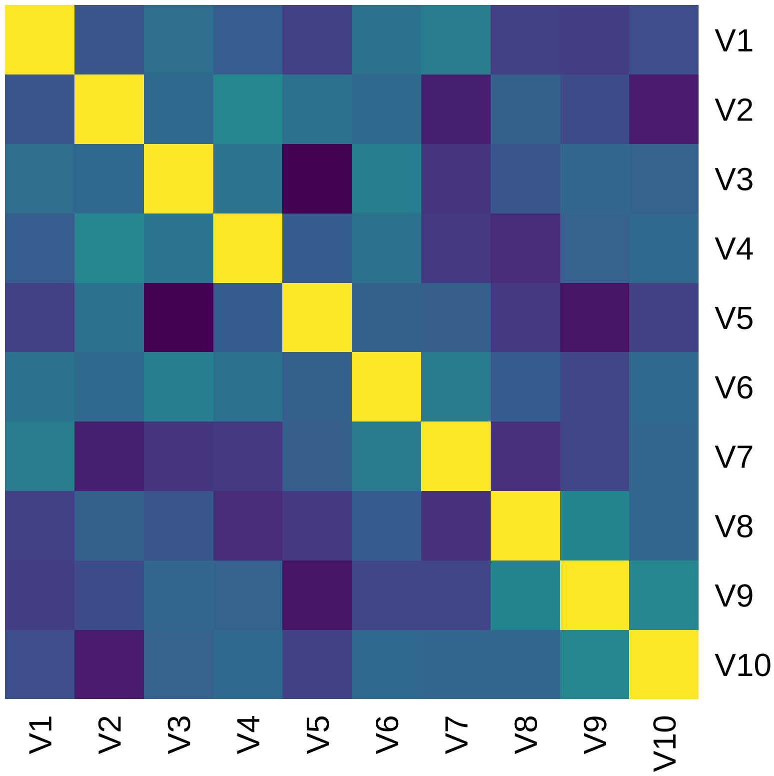
```
##                V1          V2          V3            V4           V5
## V1   1.0000000000 -0.03961022  0.08953993  0.0008712397 -0.136152713
## V2  -0.0396102209  1.00000000  0.06169268  0.2520821365  0.112336977
## V3   0.0895399300  0.06169268  1.00000000  0.1429623568 -0.406531045
## V4   0.0008712397  0.25208214  0.14296236  1.0000000000 -0.002934158
## V5  -0.1361527131  0.11233698 -0.40653105 -0.0029341575  1.000000000
## V6   0.1207248781  0.06755992  0.18947986  0.1152286446  0.018804156
## V7   0.1810643698 -0.28918143 -0.18683038 -0.1651477335  0.009309889
## V8  -0.1319531840  0.01770334 -0.02780965 -0.2318974564 -0.175643928
## V9  -0.1532009151 -0.08271040  0.05009535  0.0241224136 -0.337258570
## V10 -0.0674411199 -0.30608236  0.02609314  0.0639725940 -0.129230957
##               V6           V7           V8          V9         V10
## V1   0.120724878  0.181064370 -0.131953184 -0.15320092 -0.06744112
## V2   0.067559917 -0.289181426  0.017703336 -0.08271040 -0.30608236
## V3   0.189479860 -0.186830382 -0.027809646  0.05009535  0.02609314
## V4   0.115228645 -0.165147733 -0.231897456  0.02412241  0.06397259
## V5   0.018804156  0.009309889 -0.175643928 -0.33725857 -0.12923096
## V6   1.000000000  0.169732187 -0.004762736 -0.11065164  0.06576999
## V7   0.169732187  1.000000000 -0.206473026 -0.11872732  0.05234484
## V8  -0.004762736 -0.206473026  1.000000000  0.23198228  0.04956812
## V9  -0.110651641 -0.118727321  0.231982278  1.00000000  0.24887556
## V10  0.065769989  0.052344841  0.049568120  0.24887556  1.00000000
```

Jednym ze sposobów wizualizacji takich danych jest "mapa cieplna", w której intensywność koloru (albo jakiś jego inny parametr) oznacza siłę korelacji (tutaj - im jaśniejszy tym wyższy współczynnik korelacji, im ciemniejszy tym niższy).

```
library('viridis')
```

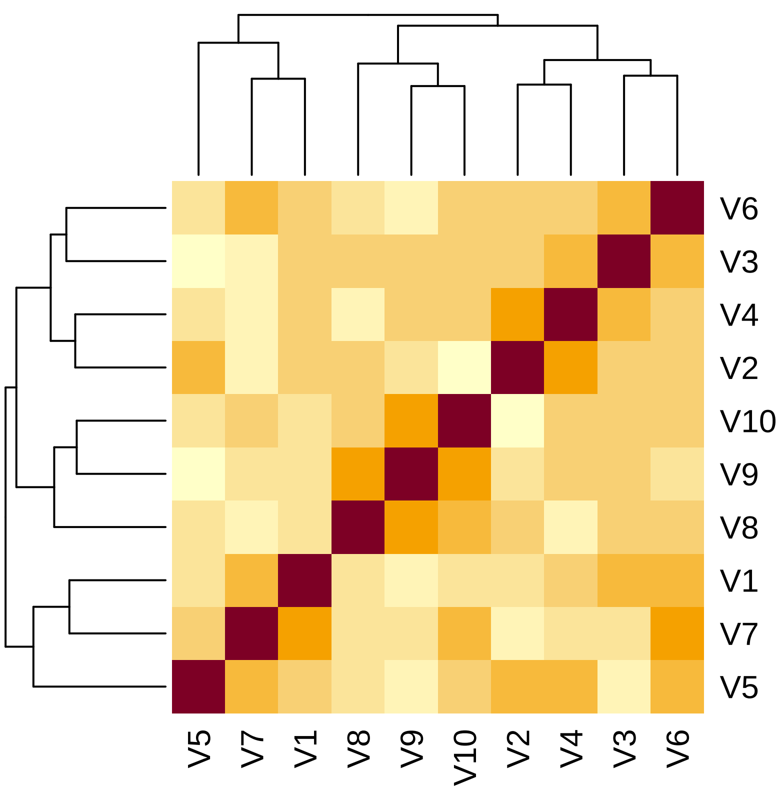
```
## Ładowanie wymaganego pakietu: viridisLite
```

```
heatmap(cor(m), symm = TRUE, Rowv = NA, col=viridis(256))
```



Wersja podstawowa produkowana przez funkcję `heatmap` wygląda w tym przypadku tak.

```
heatmap(cor(m)) # wersja z klastrami, ale one nam są niepotrzebne
```



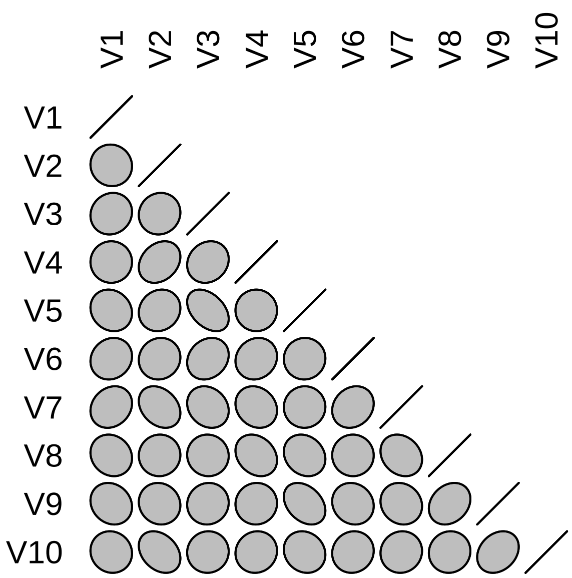
Pewną ciekawą odmianą mapy cieplnej jest wykres z elipsami, na którym widać siłę (jak bardzo spłaszczona jest elipsa) oraz kierunek (w którą stronę „kopnięta'' jest elipsa) korelacji między zmiennymi.

```
library(ellipse)
```

```
##
## Dołączanie pakietu: 'ellipse'
```

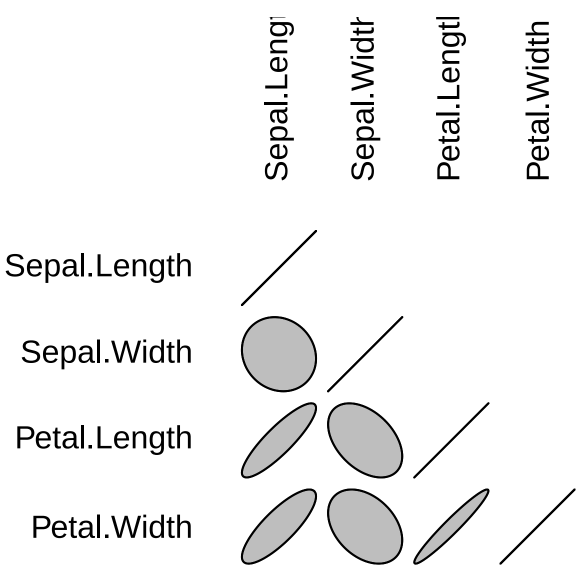
```
## Następujący obiekt został zakryty z 'package:graphics':
##
##     pairs
```

```
# `type` mówi o tym, czy chcemy umieszczać na wykresie całą macierz czy tylko jej część
# `diag` mówi, czy rysować przekątną (na przekątnej r = 1, więc nie jest za bardzo ciekawa...)
plotcorr(cor(m), type = 'lower',
         diag = TRUE)
```



W przypadku wylosowanych obserwacji może być trudno zrozumieć, jak działać mają rysowane prez `plotcorr` elipsy. Być może lepiej widać to na znanym Państwu już zbiorze dotyczącym irysów (`iris`).

```
plotcorr(cor(iris[,1:4]), type = 'lower', diag = TRUE)
```

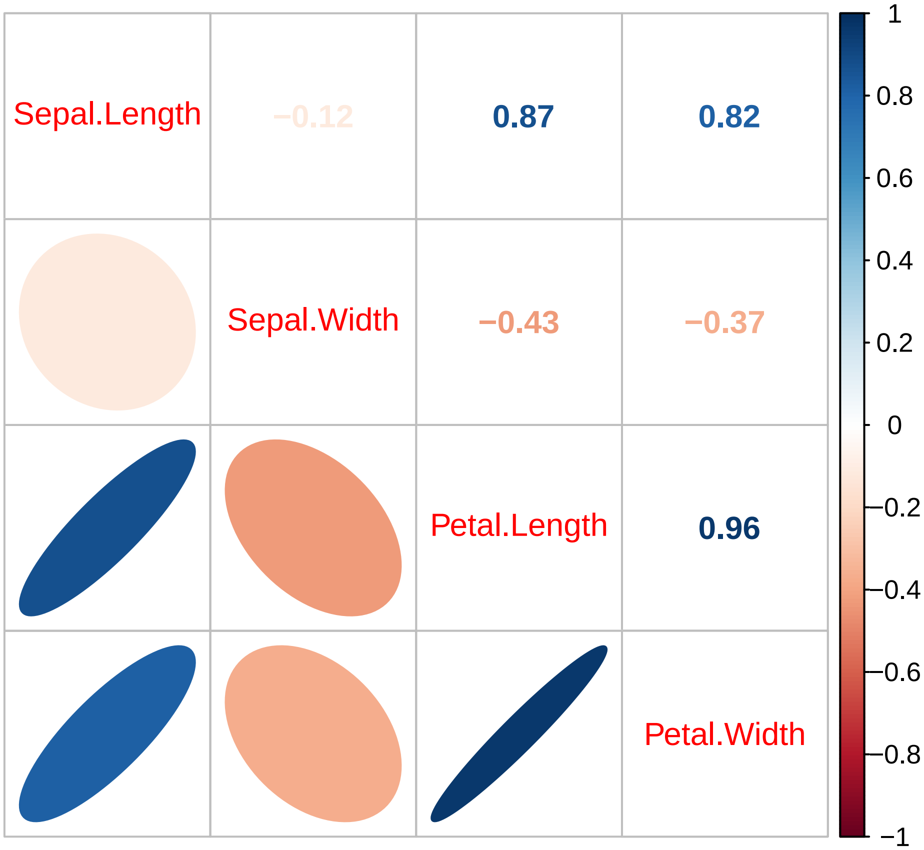


Ostatnim sposobem generowania ładnie wyglądających wizualizacji korelacji między wieloma zmiennymi, który omówimy, są funkcje `corrplot` i `corrplot.mixed` z pakietu (!) `corrplot`. Funkcje ta ma bardzo wiele możliwości dostosowania wyglądu wykresu - zachęcam do samodzielnej eksploracji!

```
library(corrplot)
```

```
## corrplot 0.92 loaded
```

```
corrplot.mixed(cor(iris[,1:4]),
               lower = "ellipse",
               upper = "number")
```



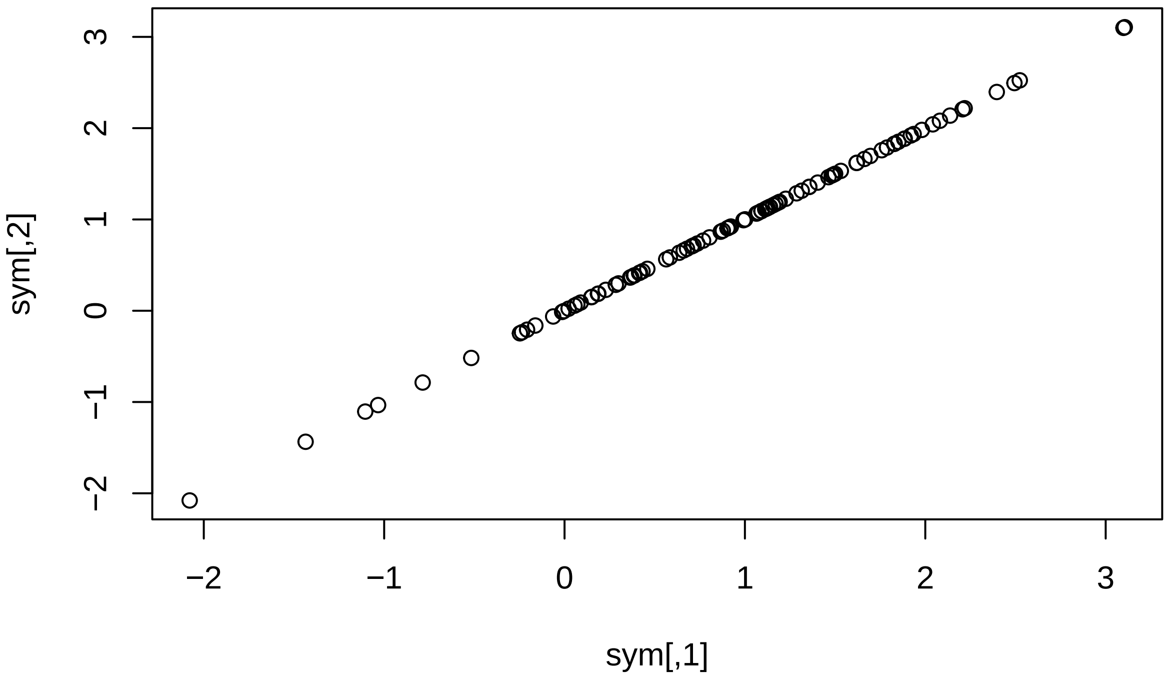
Gra - zgadnij korelacje

Jeśli będziemy w przyszłości pracować z danymi, to warto nabyć pewną intuicję dotyczącą tego, jaki wizualny "rozrzut" punktów odpowiada jakiemu współczynnikowi korelacji. Dobrym ćwiczeniem jest dostępna tutaj gra, w której możemy przetestować i "poprawić" swoją intuicję.

http://guessthecorrelation.com/

Możemy podobną grę przeprowadzić za pomocą R. Dobrym punktem wyjścia jest funkcja `rmvnorm` z pakietu `mvtnorm`, która pozwala nam losować skorelowane ze sobą zmienne.

```
library(mvtnorm)
sym <- rmvnorm(100, mean = c(1,1), sigma = matrix(c(1,1,1,1),2,2))
plot(sym)
```



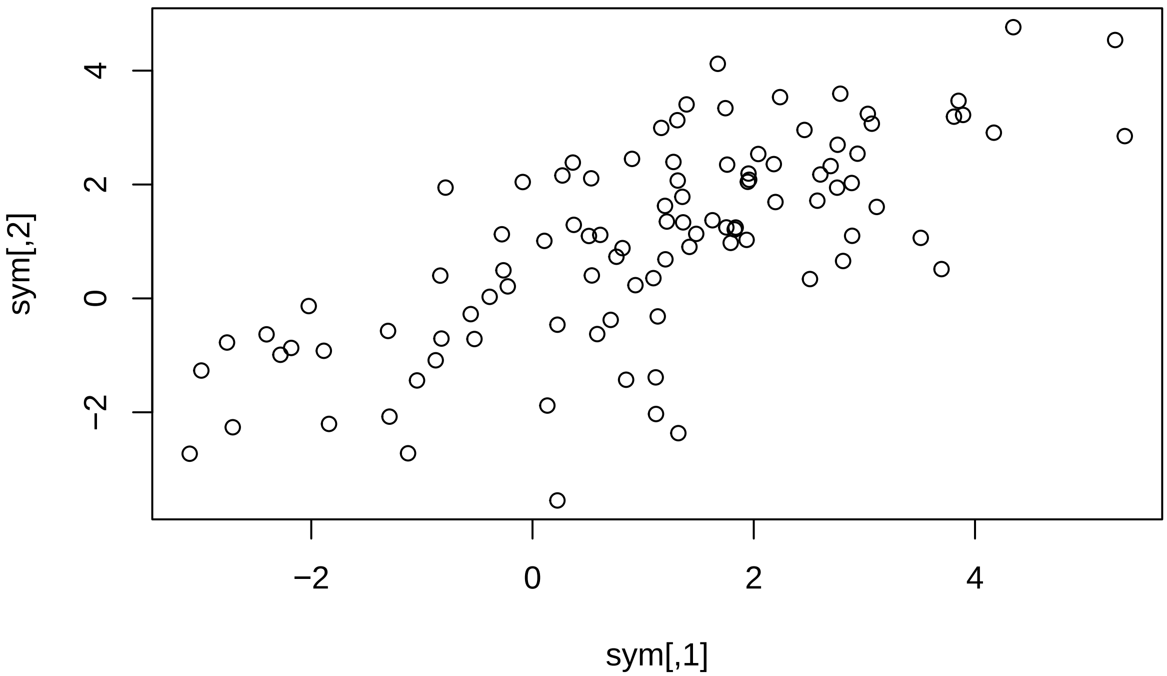

```
cov(sym)
```

```
##           [,1]      [,2]
## [1,] 0.8393016 0.8393016
## [2,] 0.8393016 0.8393016
```

```
cor(sym)
```

```
##      [,1] [,2]
## [1,]    1    1
## [2,]    1    1
```

```
sym <- rmvnorm(100, mean = c(1,1), sigma = matrix(c(3,2,2,3),2,2))
plot(sym)
```




```r
cov(sym)
```

```
##          [,1]     [,2]
## [1,] 3.320931 2.326586
## [2,] 2.326586 3.191586
```

```r
cor(sym)
```

```
##           [,1]      [,2]
## [1,] 1.0000000 0.7146375
## [2,] 0.7146375 1.0000000
```

Linia regresji

Na koniec powróćmy do regresji liniowej. Jak powszechnie wiadomo, równanie prostej dopasowywanej do danych w regresji liniowej ma postać:

$$\hat{Y} = bX + a$$

gdzie:

- $\hat{Y}$ - przewidywana wartość Y
- b - współczynnik regresji (*slope* - współczynnik kierunkowy)
- a - wyraz wolny (*intercept*)
- X - wartość zmiennej predyktora

Zadanie

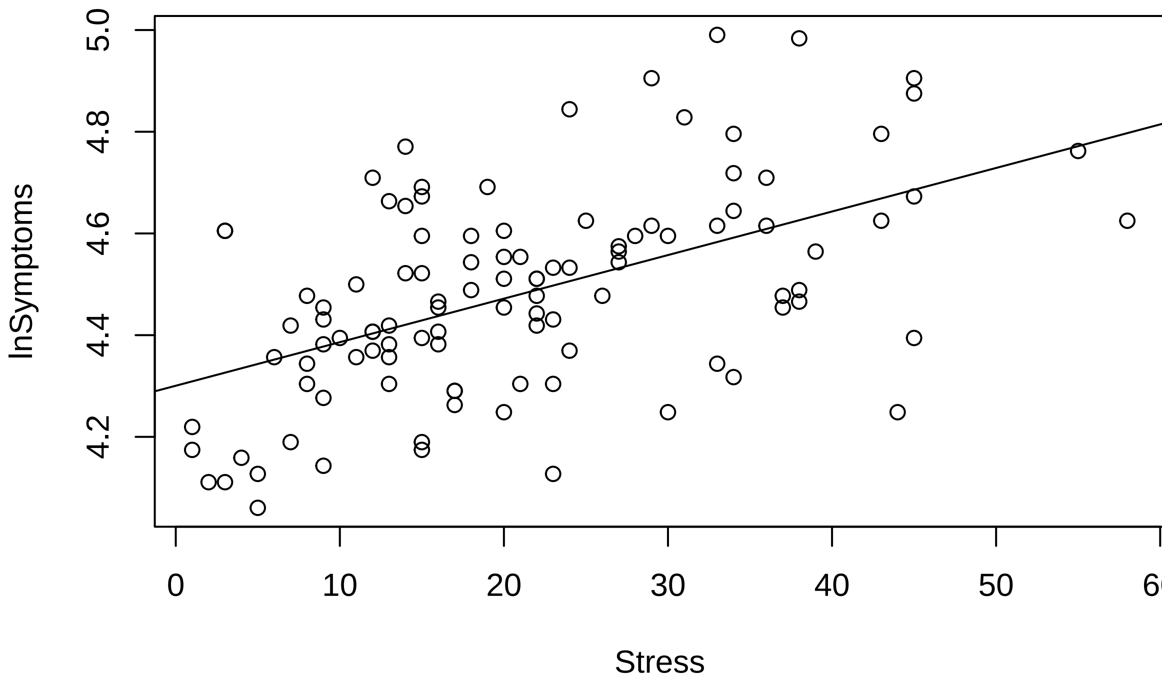
Wagner, Compas i Howell (1988) badali związek między stresem a zdrowiem psychicznym wśród studentów pierwszego roku koledżu. Używając opracowanego przez siebie narzędzia do mierzenia częstotliwości, odczuwanej wagi i pożądaności niedawnych wydarzeń życiowych, stworzyli miarę negatywnych zdarzeń w życiu. Miara ta służyła do pomiaru środowiskowego i społecznego stresu odczuwanego przez badanych. Oprócz tego poprosili swoich badanych (studentów), aby wypełnili *Hopkins Symptom Checklist*, która to służy do pomiaru występowania lub brak występowania 57 psychologicznych symptomów zaburzeń zdrowia psychicznego.

Rozpoczniemy od wczytania oraz wizualizacji danych. Za pomocą funkcji `abline` dodamy do wykresu punktowego linię regresji.

```
df <- read.table('Tab9-2.dat', header = TRUE)
head(df)
```

```
##   ID Stress Symptoms lnSymptoms
## 1  1     30       99   4.595120
## 2  2     27       94   4.543295
## 3  3      9       80   4.382027
## 4  4     20       70   4.248495
## 5  5      3      100   4.605170
## 6  6     15      109   4.691348
```

```
plot(lnSymptoms ~ Stress, data = df)
abline(lm(lnSymptoms ~ Stress, data = df))
```



Następnie przyjrzymy się bliżej stworzonemu przez nas modelowi.

```
summary(lm(lnSymptoms ~ Stress, data = df))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = lnSymptoms ~ Stress, data = df)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.42889 -0.13568  0.00478  0.09672  0.40726
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 4.300537   0.033088 129.974  < 2e-16 ***
```

```
## Stress      0.008565   0.001342   6.382 4.83e-09 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.1726 on 105 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.2795, Adjusted R-squared:  0.2726
## F-statistic: 40.73 on 1 and 105 DF,  p-value: 4.827e-09
```

(Dygresja: w pakiecie `rms` znajduje się funkcja do przeprowadzania regresji liniowej zwracająca nieco inne informacje niz ta domyślnie wbudowana w R. Można ją przetestować po wczytaniu pakietu `rms` (`library(rms)`) wywołując polecenie `ols(lnSymptoms ~ Stress, data = df)`)

Wyraz wolny (*intercept*)

- **definicja**: wartość $\hat{Y}$ kiedy X przyjmuje wartość 0
- jego interpretacja zależy od tego, czy $X = 0$ ma jakąkolwiek sensowną interpretacje
- zwykle nie ma sensownej interpretacji i ma tylko tę matematyczną (ogromna i niepraktyczna ekstrapolacja z naszych danych - pomyśl o wadze 0kg!)
- zawsze można **wycentrować** nasz predyktor wokół średniej - wtedy uzyskujemy sensowną interpretację - $\hat{Y}$ dla wartości oczekiwanej X
- **wycentrowanie** nie ma żadnych skutków dla współczynnika kierunkowego oraz współczynnika korelacji

Współczynnik kierunkowy (*slope*)

- zmiana $\hat{Y}$ związana ze zmianą X o jedną jednostkę
- definicja ta mówi nam że ma on sensowną interpretację (np. jeżeli mówimy o regresji dochodu z liczby lat edukacji, to współczynnik kierunkowy powie nam jaka różnica w dochodzie jest związana z każdym dodatkowym rokiem edukacji)

Standaryzowany współczynnik regresji

- to co współczynnik kierunkowy, tylko że obie zmienne są wystandaryzowane
- możemy policzyć za pomocą `lm.beta` z pakietu `QuantPsyc`, ale równie dobrze możemy zrobić to sami mnożąc przez iloraz wariancji

Korelacja a standaryzowany współczynnik regresji

- jeżeli mamy jeden predyktor (tak jak w tych przykładach, których się zajmujemy) to jest to ta sama wartość

Testowanie hipotez dla współczynnika korelacji r Pearsona

Najczęściej będziemy sprawdzać czy zmienne X i Y są skorelowane. W takim wypadku nasze hipotezy będą przestawiać się w następujący sposób. Zaczniemy od hipotezy alternatywnej.

$$H_A : \rho \neq 0$$

To znaczy, że hipoteza alternatywna głosi, że korelacja w populacji (ρ) jest różna od zera. Hipoteza zerowa (tę będziemy obalać!) głosi więc, że korelacja w populacji wynosi 0:

$$H_0 : \rho = 0$$

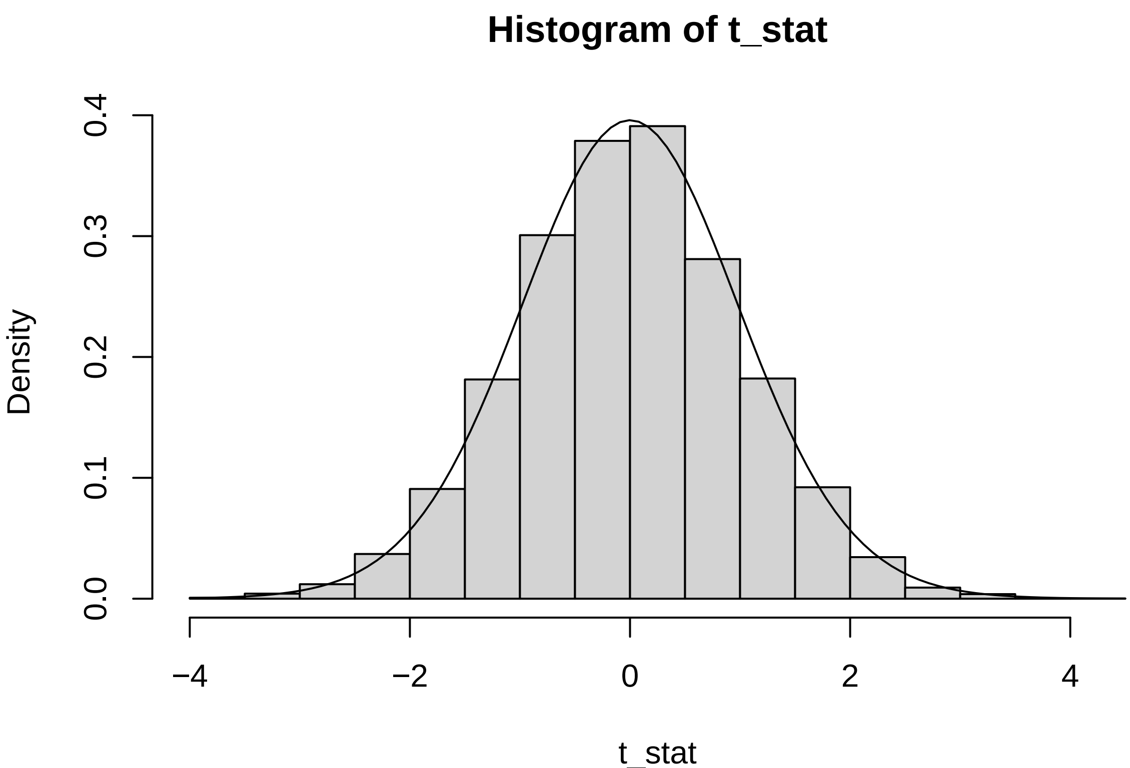
Statystyka testowa wygląda w takim przypadku tak:

$$T = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}}\sqrt{n-2}$$

która ma przy prawdziwości H_0 rozkład t o n-2 stopniach swobody.

Możemy to z łatwością sprawdzić za pomocą prostego eksperymentu symulacyjnego.

```
n <- 35
t_stat = replicate(10000, {
               r = cor(rnorm(n), rnorm(n))
               (r/sqrt(1-r^2))*sqrt(n-2)})
hist(t_stat, freq = FALSE)
curve(dt(x,n-2), add = TRUE)
```



Zróbmy proste ćwiczenie. Na początek stwórzmy macierz z losowymi liczbami pochodzącymi z rozkładu normalnego (10 kolumn po 35 liczb) a następnie obliczmy statystykę testową t dla korelacji między nimi.

```
# Generujemy zbiór danych
m <- matrix(rnorm(350), 35, 10)

# Tworzymy macierz korealcji
c_m <- cor(m)

# Tworzymy macierz statystyk t
t_m <- (c_m/sqrt(1-c_m^2)) * (sqrt(35-2))
t_m
```

```
##            [,1]        [,2]       [,3]        [,4]        [,5]        [,6]
## [1,]        Inf  0.67647925 -1.4715853  1.00292209  0.69476203  1.52148563
## [2,]  0.6764793         Inf -0.4215715  0.38677627 -0.34266682 -0.06763243
## [3,] -1.4715853 -0.42157146        Inf -0.32431922 -0.82809017 -0.91412502
## [4,]  1.0029221  0.38677627 -0.3243192         Inf -0.01183191  0.56888840
```

```
##  [5,]  0.6947620 -0.34266682 -0.8280902 -0.01183191         Inf -1.35667957
##  [6,]  1.5214856 -0.06763243 -0.9141250  0.56888840 -1.35667957         Inf
##  [7,]  0.2706297  2.10008075  1.7920937  1.29408926  1.27387204  1.03190868
##  [8,]  2.1860806  0.10445846 -0.5228717 -1.28643106  2.50428733 -0.22054080
##  [9,] -0.1637338 -1.47800434 -1.0128880 -2.15526092  0.43454763 -0.43233688
## [10,] -0.6988609 -1.11113419 -0.4628244  0.10334632  0.40751258 -0.06621206
##             [,7]       [,8]       [,9]       [,10]
##  [1,]  0.2706297  2.1860806 -0.1637338 -0.69886088
##  [2,]  2.1000807  0.1044585 -1.4780043 -1.11113419
##  [3,]  1.7920937 -0.5228717 -1.0128880 -0.46282436
##  [4,]  1.2940893 -1.2864311 -2.1552609  0.10334632
##  [5,]  1.2738720  2.5042873  0.4345476  0.40751258
##  [6,]  1.0319087 -0.2205408 -0.4323369 -0.06621206
##  [7,]        Inf  0.1069220 -1.9783762  0.67250442
##  [8,]  0.1069220        Inf  1.7019237 -0.92733860
##  [9,] -1.9783762  1.7019237        Inf -0.47131473
## [10,]  0.6725044 -0.9273386 -0.4713147         Inf
```

Mając taką macierz jesteśmy w stanie dla każdej komórki (= dla każdej kombinacji dwóch zmiennych) ocenić, czy odrzucamy hipotezę zerową czy nie. Wystarczy posłużyć się odpowiednim rozkładem t o $n-2$ stopniach swobody. Za pomocą funkcji poniżej możemy łatwo stwierdzic, które hipotezy zerowe odrzucamy.

```
t_m <= qt(0.025, 33) | t_m >= qt(0.975, 33)
```

```
##        [,1]  [,2]  [,3]  [,4]  [,5]  [,6]  [,7]  [,8]  [,9] [,10]
##  [1,]  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE
##  [2,] FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE
##  [3,] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
##  [4,] FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE
##  [5,] FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE
##  [6,] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
##  [7,] FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE
##  [8,]  TRUE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE
##  [9,] FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE
## [10,] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE
```

A nawet policzyć, ile razy odrzuciliśmy hipotezę zerową!

```
print('Liczba statystycznie istotnych korelacji między wygenerowanymi próbami')
```

```
## [1] "Liczba statystycznie istotnych korelacji między wygenerowanymi próbami"
```

```
sum(c_m <= qt(0.025, 33) | c_m >= qt(0.975, 33))
```

```
## [1] 0
```

(Uwaga! Test statystyczny dla współczynnika korelacji możemy również wykonać za pomocą wbudowanej w R funkcji `cor.test`. Funkcja ta jednak przyjmuje tylko dwa wektory!

```
cor.test(m[1,], m[2,])
```

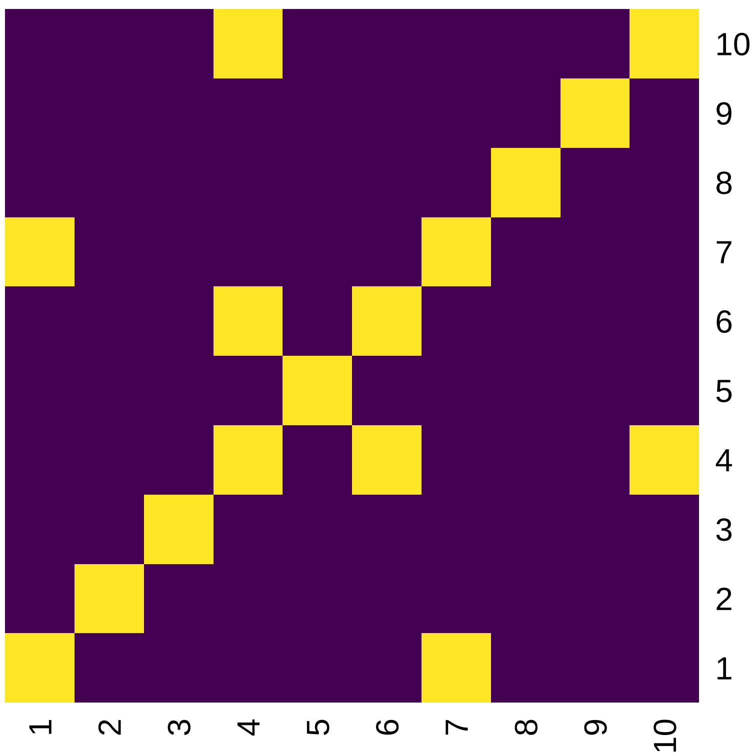
```
##
##  Pearson's product-moment correlation
##
## data:  m[1, ] and m[2, ]
## t = -0.55717, df = 8, p-value = 0.5927
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
```

```
##  -0.7336258  0.4968082
## sample estimates:
##        cor
## -0.1932753
```

)

Poniżej widzą Państwo wykres ilustrujący nasz eksperyment z losowaniem. Jak widzimy nasza procedura pokazała, że 6 współczynników korelacji, które nie leżą na przekątnej (tzn. nie jest to korelacja zmiennej z samą sobą) przekroczyło próg statystycznej istotności. Wokół jakiej liczby oscylowałaby ta wartość, gdybyśmy powtarzali nasz eksperyment? Dlaczego?

```r
m <- matrix(rnorm(350), 35, 10)
c_m <- cor(m)
t_m <- (c_m/sqrt(1-c_m^2)) * (sqrt(35-2))
reject <- (t_m <= qt(0.025, 33) | t_m >= qt(0.975, 33))
heatmap(matrix(as.numeric(reject), 10,10), Rowv = NA, Colv = NA, col = viridis(2))
```




```r
print(sum(reject) - 10) # 10 leży na przekątnej
```

```
## [1] 6
```