

Goodness of Fit

Wie gut passt das Modell? Deviance = Lack of fit.

$\hat{L}_c = L_c(\hat{\beta}) =$ maximale Likelihood des betrachteten Modells (c= current)

$\hat{L}_f =$ maximale Likelihood des vollen Modells (perfekter Fit: $y_i/n_i = \hat{p}_i$)

(skalierte) Devianz:

$$D^* = -2 \log\left(\frac{\hat{L}_c}{\hat{L}_f}\right) = -2[\log \hat{L}_c - \log \hat{L}_f]$$

ETH – p. 1/1

Devianz für Binomialdaten

Likelihood-Funktion:

$$L(\beta) = \prod_{i=1}^n \binom{n_i}{y_i} p_i^{y_i} (1 - p_i)^{n_i - y_i}$$

Devianz:

$$D^* = 2 \sum_{i=1}^n \left\{ y_i \log \left(\frac{y_i}{\hat{y}_i} \right) + (n_i - y_i) \log \left(\frac{y_i}{\hat{y}_i} \right) \right\}$$

Bei p unbekanntem Parametern ist $D^* \stackrel{as}{\sim} \chi_{n-p}^2$, falls n_i genügend gross. D. h. wenn D^* ca. $n - p$, dann ist das Modell gut. Für $D^* > \chi_{n-p,0.95}^2$ sign. Lack of Fit.

ETH – p. 2/1

Devianz für Binärdaten

Devianz:

$$D^* = -2 \sum_{i=1}^n \{ \hat{p}_i \log \hat{p}_i + (1 - \hat{p}_i) \log(1 - \hat{p}_i) \}$$

Die Devianz D^* ist für binäre Daten kein sinnvolles Mass für die Diskrepanz zwischen Beobachtungen (Daten) und angepassten Werten (Modell), da sie nicht abhängt von den Beobachtungen.

ETH – p. 3/1

Vergleich von Modellen

Modell (1): q Parameter D_1^* mit $df = n - q$

Modell (2): p Parameter D_2^* mit $df = n - p$

$q < p$, Modell (1) ist im Model (2) enthalten.

Modellvergleich heisst $H_0 : \beta_{q+1} = \dots = \beta_p = 0$

$$D_1^* - D_2^* = -2 \left[\log \hat{L}_{c_1} - \log \hat{L}_{c_2} \right] \sim \chi_{p-q}^2$$

Falls $D_1^* - D_2^* > \chi_{p-q,0.95}^2$ ist, genügt das kleinere Modell (1) nicht.

AIC Kriterium: $AIC = D^* + 2p$.

ETH – p. 4/1

Prognose bei Prostatakrebs

Haben das Alter, Phosphatasesäure, Röntgenbefund (0=negativ, 1=positiv), Tumorgrösse (0= klein, 1=gross) und Tumorgrad (0= weniger ernst, 1= ernst) einen Zusammenhang mit der Ausbreitung des Krebses in die Lymphknoten?

Pat	Age	Acid	X-ray	Size	Grade	Nodal Involv.
1	66	0.48	0	0	0	0
2	68	0.56	0	0	0	0
...	

ETH - p. 5/1

R-Output für Prostata

```
glm(formula= y ~age + log(acid) + xray + size + grade,
     family = binomial,data = prostata)
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	2.45977	3.52218	0.698	0.4849
age	-0.06370	0.05874	-1.085	0.2781
log(acid)	2.57250	1.19700	2.149	0.0316 *
xray1	2.04009	0.82885	2.461	0.0138 *
size1	1.54664	0.78113	1.980	0.0477 *
grade1	0.83447	0.78895	1.058	0.2902

```
Null deviance: 70.252 on 52 degrees of freedom
Residual deviance: 46.560 on 47 degrees of freedom
```

AIC: 58.56

ETH - p. 6/1

R-Output für Prostata (Fort. I)

```
> add1(glm3,~.^2, test="Chisq")
Single term additions
Model:
y ~ age + log(acid) + xray + size + grade
      Df Deviance    AIC    LRT Pr(Chi)
<none>          46.560 58.560
age:log(acid)   1   46.035 60.035 0.525 0.468550
age:xray        1   45.518 59.518 1.042 0.307274
age:size        1   46.485 60.485 0.075 0.783925
age:grade       1   45.915 59.915 0.645 0.421786
log(acid):xray  1   45.593 59.593 0.967 0.325529
log(acid):size  1   46.540 60.540 0.020 0.887510
log(acid):grade 1   42.518 56.518 4.042 0.044385 *
xray:size       1   46.303 60.303 0.257 0.612271
xray:grade      1   46.514 60.514 0.046 0.829807
size:grade      1   38.431 52.431 8.129 0.004356 **
```

ETH - p. 7/1

R-Output für Prostata (Fort. II)

```
> stepAIC(glm5) #library(MASS)
Start: AIC= 51.34
y~age + log(acid) + xray + size + grade + grade:size + log(acid):grade
      Df Deviance    AIC
- age          1   36.287 50.287
<none>          35.338 51.338
- log(acid):grade 1   38.431 52.431
- xray          1   41.104 55.104
- size:grade     1   42.518 56.518

Step: AIC= 50.29
y ~ log(acid) + xray + size + grade + size:grade + log(acid):grade
      Df Deviance    AIC
<none>          36.287 50.287
- log(acid):grade 1   40.454 52.454
- xray            1   41.982 53.982
- size:grade      1   43.157 55.157
```

ETH - p. 8/1

R-Output für Prostata (Fort.III)

```
Call: glm(formula = y ~ log(acid) + xray + size + grade +  
size:grade + log(acid):grade, family = binomial, data = pros)
```

Coefficients:

(Intercept)	log(acid)	xray1	size1	grade1	size1:grade1
-2.553	1.709	2.340	3.138	9.961	-5.648

log(acid):grade1
10.426

Degrees of Freedom: 52 Total (i.e. Null); 46 Residual

Null Deviance: 70.25

Residual Deviance: 36.29 AIC: 50.29

ETH - p. 9/1

Definition von Residuen

Sei $\hat{y}_i = n_i \hat{p}_i$.

Pearson Residuen:

$$\frac{y_i - \hat{y}_i}{\sqrt{n_i \hat{p}_i (1 - \hat{p}_i)}}$$

Devianz Residuen:

$$\text{sign}(y_i - \hat{y}_i) \sqrt{d_i}$$

wobe d_i die i-te Komponente der Devianz ist.

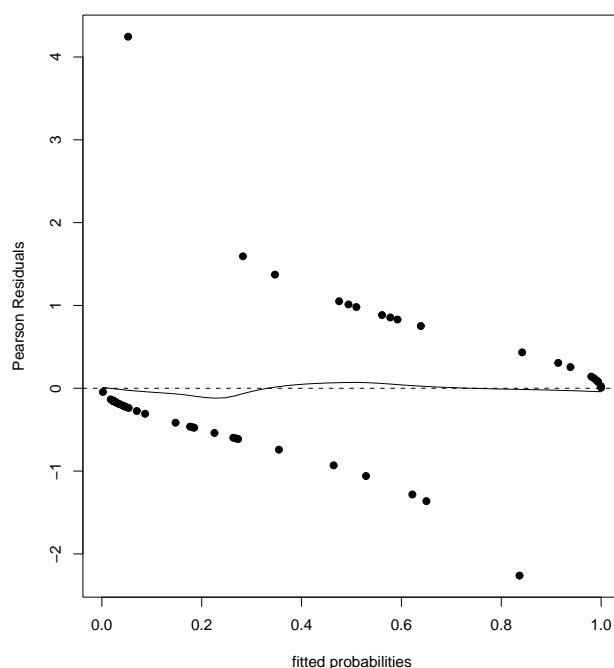
ETH - p. 10/1

Residuenanalyse

- Für Binärdaten nehmen die Residuen für gegebenes i nur 2 Werte an. Der Plot Res vs. \hat{p}_i ist deshalb schwer interpretierbar. Glättung hilft.
- Normalplot macht keinen Sinn, ausser wenn die n_i gross sind.
- Indexplot der Residuen zur Identifikation von Ausreissern (Fehlklassifikationen)
- Leverages und Cook's Distances

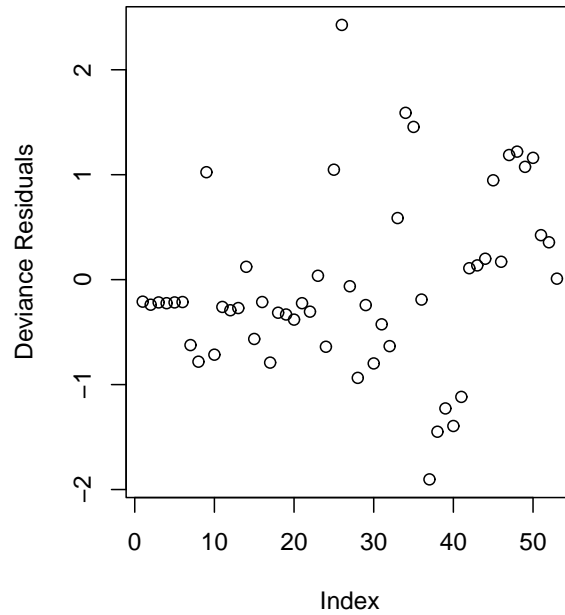
ETH – p. 11/1

Pearson Residuen vs. \hat{p}_i

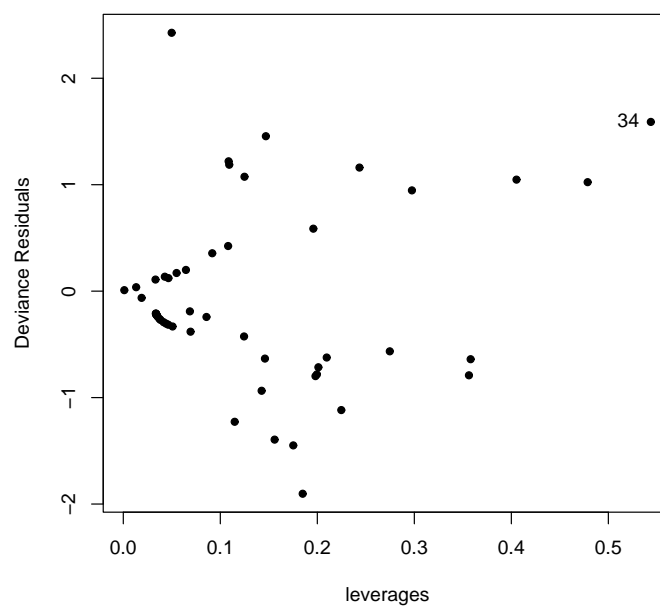


ETH – p. 12/1

Indexplot Devianz-Residuen



Devianz-Residuen vs. Leverages



Cook's Distances

