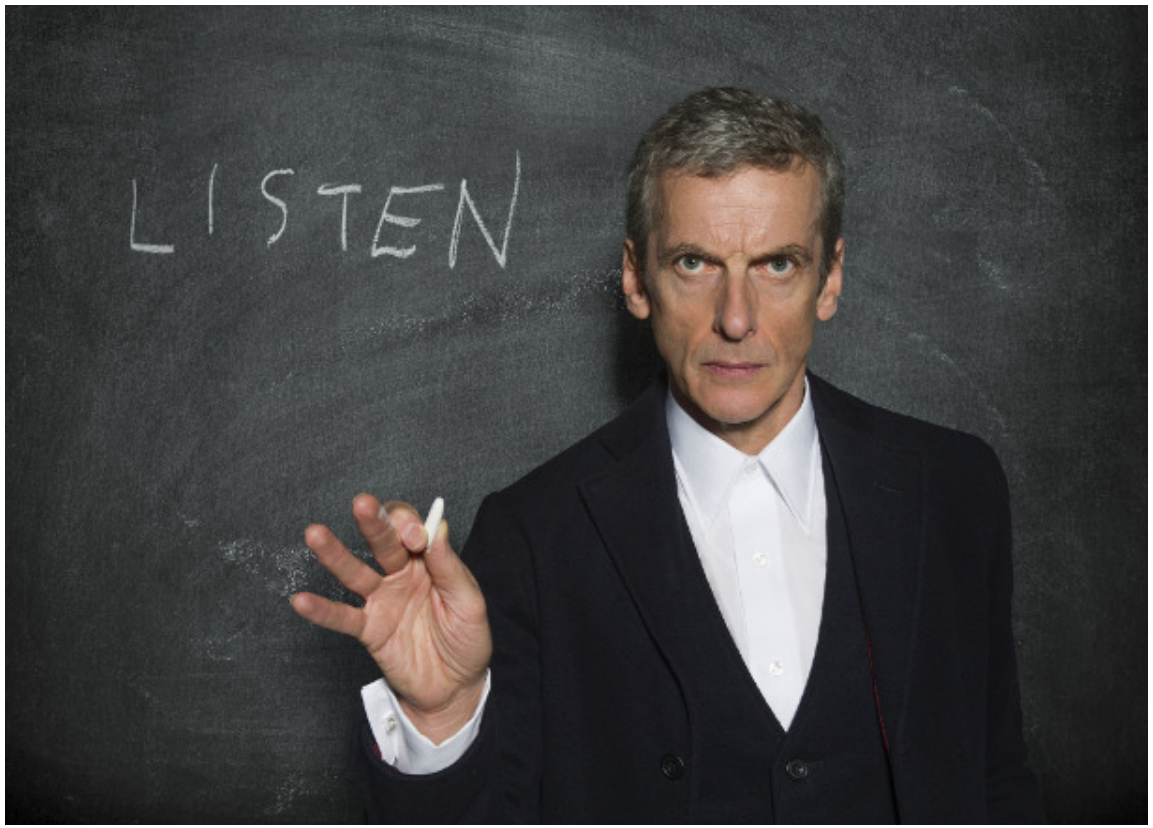
Logiciel R et programmation

Régression linéaire

Ewen Gallic
Université de Rennes 1, 2014 - 2015

Brefs rappels



Rappels

- Étude de la liaison entre une variable y et une ou plusieurs autres $x_1, x_2, \ldots, x_m$;
- y : variable à expliquer ;
- $x_j, j = 1, 2, \ldots, m$: variables explicatives ;
- Supposition d'une relation de type : $y = f(x_1, x_2, \ldots, x_m)$;
- m : nombre de variables explicatives ;
- Hypothèse : la réponse est linéairement indépendante des variables explicatives ;
- Objectif : estimer les coefficients β_j de l'équation à m variables explicatives x_j, avec $j = 1, \ldots, m$:

$$\boldsymbol{y} = \beta_0 + \beta_1 \boldsymbol{x}_1 + \beta_2 \boldsymbol{x}_2 + \cdots + \beta_j \boldsymbol{x}_j + \cdots + \beta_m \boldsymbol{x}_m + \boldsymbol{\varepsilon},$$

- β_0 : constante ;
- ε un terme d'erreur supposé normal.

Rappels

- Soit, en termes matriciels :

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X}\boldsymbol{\beta} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{où } \boldsymbol{y} = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix}, \boldsymbol{X} = \begin{bmatrix} 1 & x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1m} \\ 1 & x_{21} & x_{22} & \cdots & x_{2m} \\ 1 & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{nm} \end{bmatrix}, \boldsymbol{\beta} = \begin{bmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_m \end{bmatrix} \text{ et } \boldsymbol{\varepsilon} = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \vdots \\ \varepsilon_m \end{bmatrix}.$$

- Les coefficients β_j sont inconnus et estimés par $\hat{\beta}_j$ tels que :

$$\begin{cases} \hat{y_1} & = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_{11} + \hat{\beta}_2 x_{12} + \cdots + \hat{\beta}_j x_{1j} + \hat{\beta}_m x_{1m} \\ \hat{y_2} & = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_{21} + \hat{\beta}_2 x_{22} + \cdots + \hat{\beta}_j x_{2j} + \hat{\beta}_m x_{2m} \\ \vdots & = \vdots \\ \hat{y_n} & = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_{n1} + \hat{\beta}_2 x_{n2} + \cdots + \hat{\beta}_j x_{nj} + \hat{\beta}_m x_{nm} \end{cases}.$$

Rappels

- Soit, en termes matriciels :

$$\hat{\boldsymbol{y}} = \boldsymbol{X}\hat{\boldsymbol{\beta}},$$

$$\text{où } \hat{\boldsymbol{y}} = \begin{bmatrix} \hat{y}_1 \\ \hat{y}_2 \\ \vdots \\ \hat{y}_n \end{bmatrix}, \boldsymbol{X} = \begin{bmatrix} 1 & x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1m} \\ 1 & x_{21} & x_{22} & \cdots & x_{2m} \\ 1 & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{nm} \end{bmatrix}, \text{ et } \hat{\boldsymbol{\beta}} = \begin{bmatrix} \hat{\beta}_0 \\ \hat{\beta}_1 \\ \hat{\beta}_2 \\ \vdots \\ \hat{\beta}_m \end{bmatrix}.$$

Rappels

- Avec les MCO, on cherche $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ tels que la somme des carr\'es des r\'esidus soit minimale ;
- La somme des carrés des résidus est définie par :

$$|| \boldsymbol{y} - \boldsymbol{X\beta} ||^2 = \sum_{i=1}^{n} (y_i - x_i\beta)^2 .$$

- La condition du premier ordre donne :

$$\begin{aligned} & \boldsymbol{X}^t\boldsymbol{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} - 2\boldsymbol{X}^t\boldsymbol{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} - 2\boldsymbol{X}^t\boldsymbol{y} = 0 \\ \Leftrightarrow \quad & \boldsymbol{X}^t\boldsymbol{X}\hat{\boldsymbol{\beta}} = \boldsymbol{X}^t\boldsymbol{y} \\ \Leftrightarrow \quad & \hat{\boldsymbol{\beta}} = (\boldsymbol{X}^t\boldsymbol{X})^{-1}\boldsymbol{X}^t\boldsymbol{y}. \end{aligned}$$

Données de l'exemple

Données de l'exemple

- Données de naissances à Philadelphie, en 1990 ;
- Elo, I., Rodgriguez, G., & Lee, H. (2001). Racial and neighborhood disparities in birth weight in philadelphia. In Annual meeting of the populations association of america, washington dc. paper presented, under revision for publication ;
- 5% des naissances ayant eu lieu dans cette ville en 1990 : 1115 observations ;
- Données sur :
  - `grams` : masse à la naissance (grammes),
  - `gestate` : temps de gestation (semaines),
  - `educ` : nombre d'années d'éducation de la mère (0–17),
  - `black` : variable indicatrice de la couleur de peau de la mère (1 si oui, 0 sinon),
  - `smoke` : indique si la mère a fumé pendant la grossesse (1 si oui, 0 sinon).

Données de l'exemple

```
url <- "http://data.princeton.edu/wws509/datasets/phbirths.dat"
births <- read.table(url, header = TRUE)
```

```
head(births)
```

```
##   black educ smoke gestate grams
## 1 FALSE    0  TRUE      40  2898
## 2  TRUE    0  TRUE      26   994
## 3 FALSE    2 FALSE      38  3977
## 4 FALSE    2  TRUE      37  3040
## 5 FALSE    2 FALSE      38  3523
## 6 FALSE    5  TRUE      40  3100
```

Données de l'exemple

```
summary(births)
```

```
##    black              educ          smoke             gestate          grams
##  Mode :logical   Min.   : 0.00   Mode :logical   Min.   :20.00   Min.   : 284
##  FALSE:453       1st Qu.:11.00   FALSE:846       1st Qu.:38.00   1st Qu.:2900
##  TRUE :662       Median :12.00   TRUE :269       Median :39.00   Median :3267
##  NA's :0         Mean   :12.27   NA's :0         Mean   :38.84   Mean   :3220
##                  3rd Qu.:13.00                   3rd Qu.:40.00   3rd Qu.:3630
##                  Max.   :17.00                   Max.   :43.00   Max.   :4830
```

Données de l'exemple

- Les corrélations :

```
round(cor(births), 2)
```

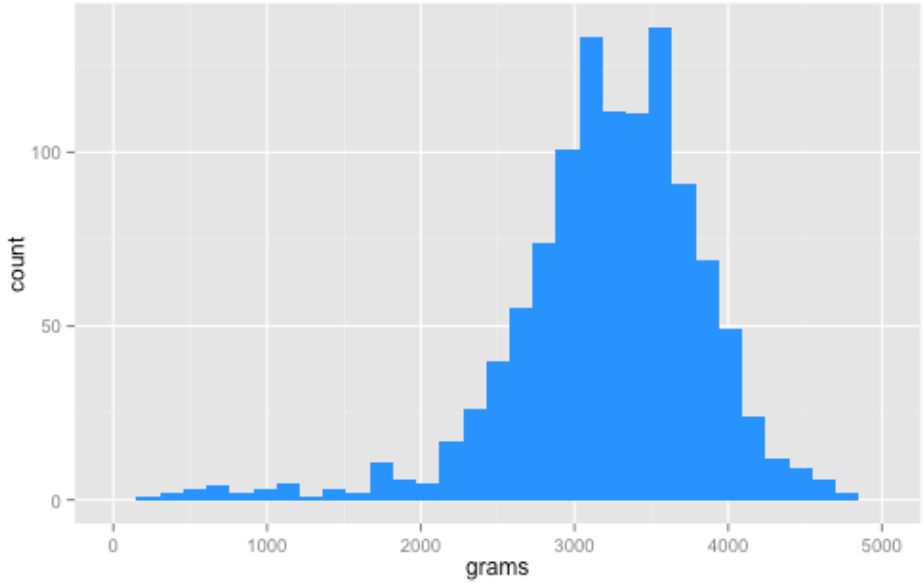
```
##          black  educ smoke gestate grams
## black     1.00 -0.15  0.05   -0.17 -0.26
## educ     -0.15  1.00 -0.23    0.06  0.12
## smoke     0.05 -0.23  1.00   -0.15 -0.23
## gestate -0.17  0.06 -0.15    1.00  0.70
## grams   -0.26  0.12 -0.23    0.70  1.00
```

Données de l'exemple

- Quelques graphiques

```
library(ggplot2)
ggplot() + geom_bar(data = births, aes(x = grams), fill = "dodger blue")
```

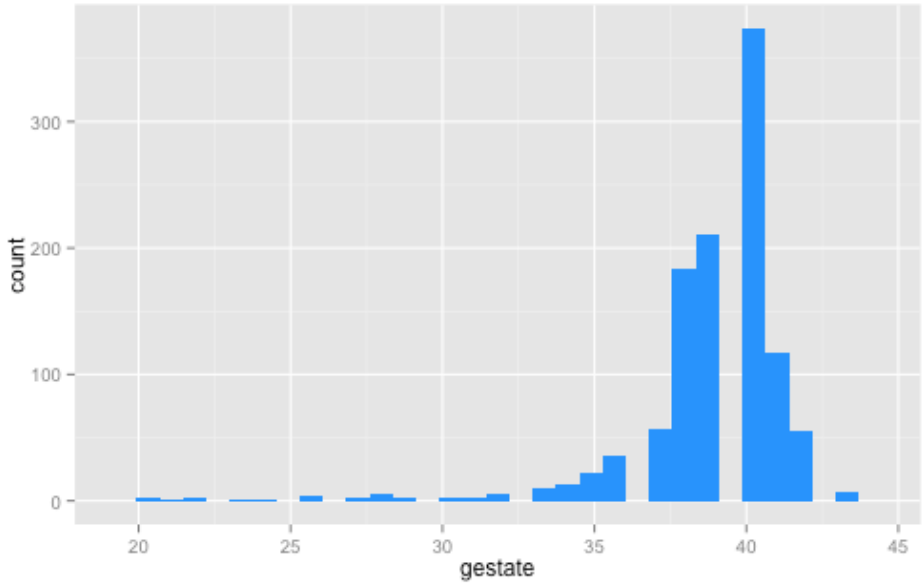
```
## stat_bin: binwidth defaulted to range/30. Use 'binwidth = x' to adjust this.
```



Données de l'exemple

```
ggplot() + geom_bar(data = births, aes(x = gestate), fill = "dodger blue")
```

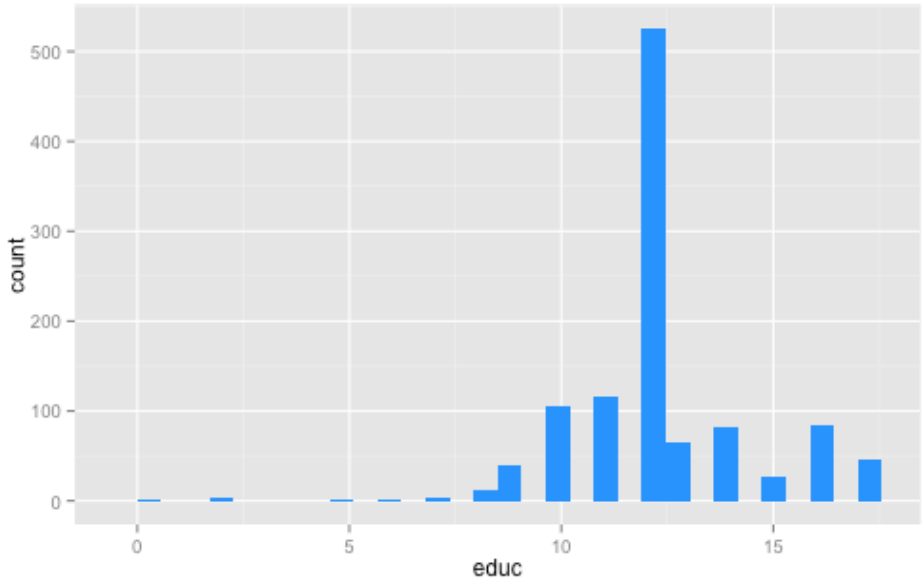
```
## stat_bin: binwidth defaulted to range/30. Use 'binwidth = x' to adjust this.
```



Données de l'exemple

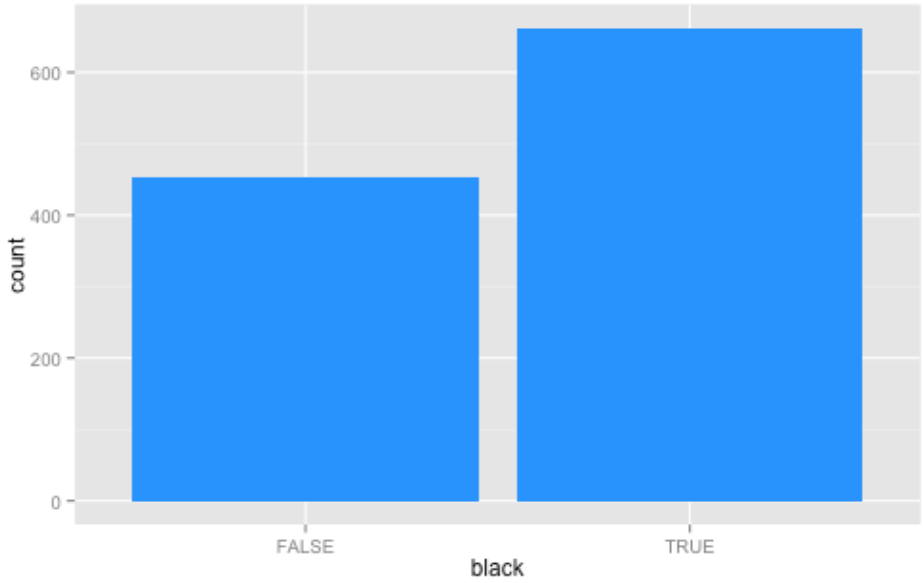
```
ggplot() + geom_bar(data = births, aes(x = educ), fill = "dodger blue")
```

```
## stat_bin: binwidth defaulted to range/30. Use 'binwidth = x' to adjust this.
```



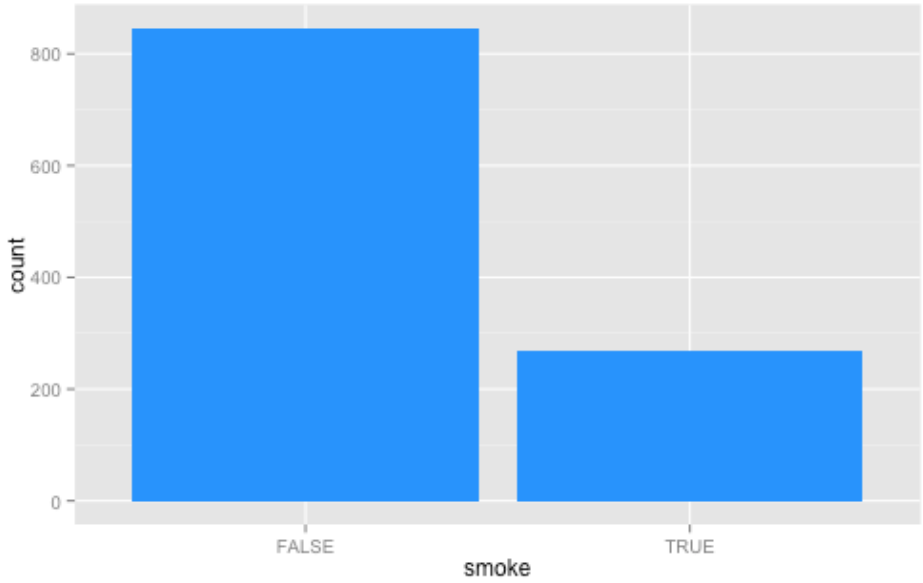
Données de l'exemple

```
ggplot() + geom_bar(data = births, aes(x = black), fill = "dodger blue")
```



Données de l'exemple

```
ggplot() + geom_bar(data = births, aes(x = smoke), fill = "dodger blue")
```



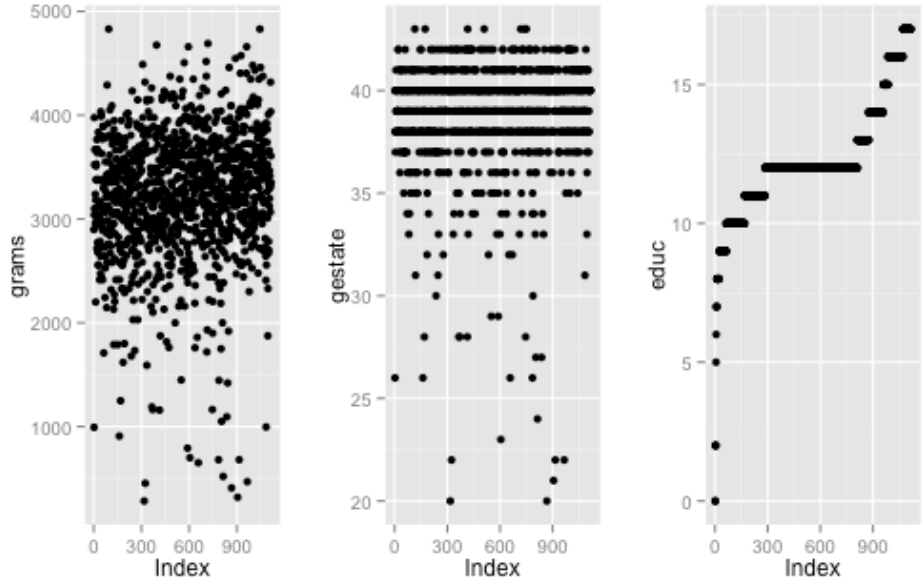
Données de l'exemple

- Visualisation de toutes les observations, par variable, sous forme de nuage de points :

```
p_1 <- ggplot() + geom_point(data = births, aes(x = seq_along(grams), y = grams)) +
  xlab("Index")
p_2 <- ggplot() + geom_point(data = births, aes(x = seq_along(gestate), y = gestate)) +
  xlab("Index")
p_3 <- ggplot() + geom_point(data = births, aes(x = seq_along(educ), y = educ)) +
  xlab("Index")
```

Données de l'exemple

```
library(gridExtra)
grid.arrange(p_1, p_2, p_3, ncol=3)
```



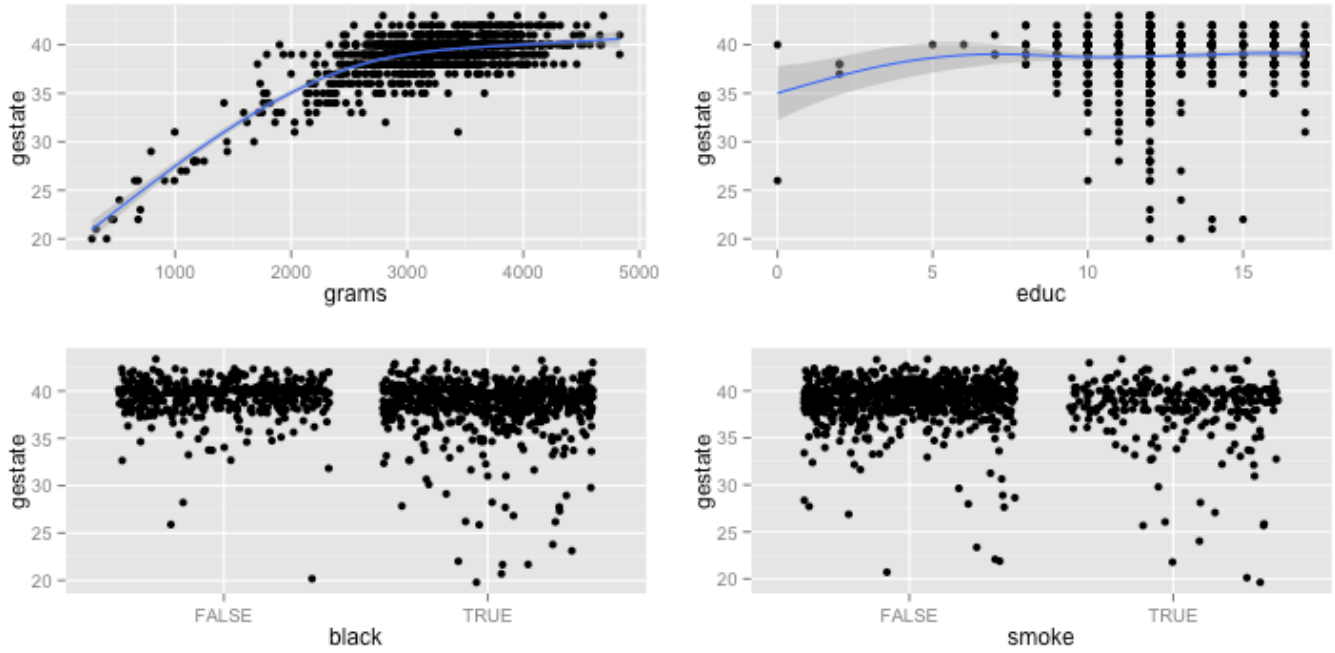
Données de l'exemple

- Relation entre la réponse et les variables explicatives

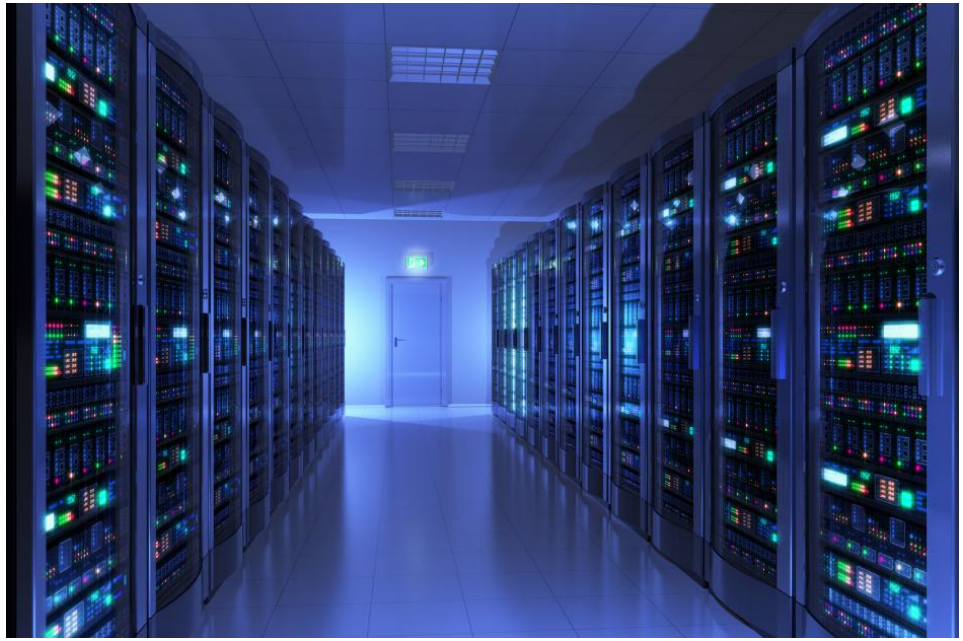
```
p_1 <- ggplot(data = births, aes(x = grams, y = gestate)) +
  geom_point() + geom_smooth()
p_2 <- ggplot(data = births, aes(x = educ, y = gestate)) +
  geom_point() + geom_smooth()
p_3 <- ggplot(data = births, aes(x = black, y = gestate)) +
  geom_jitter()
p_4 <- ggplot(data = births, aes(x = smoke, y = gestate)) +
  geom_jitter()
```

Données de l'exemple

```
grid.arrange(p_1, p_2, p_3, p_4, ncol=2)
```



Estimation des paramètres



La fonction `lm()`

- Modèle linéaire avec `R` : `lm()` ;
- Fournir une formule ;
- Indiquer (si nécessaire) le `data.frame` au paramètre `data`.

```
reg <- lm(grams ~ gestate, data = births)
reg
```

```
##
## Call:
## lm(formula = grams ~ gestate, data = births)
##
## Coefficients:
## (Intercept)      gestate
##     -3245.4        166.4
```

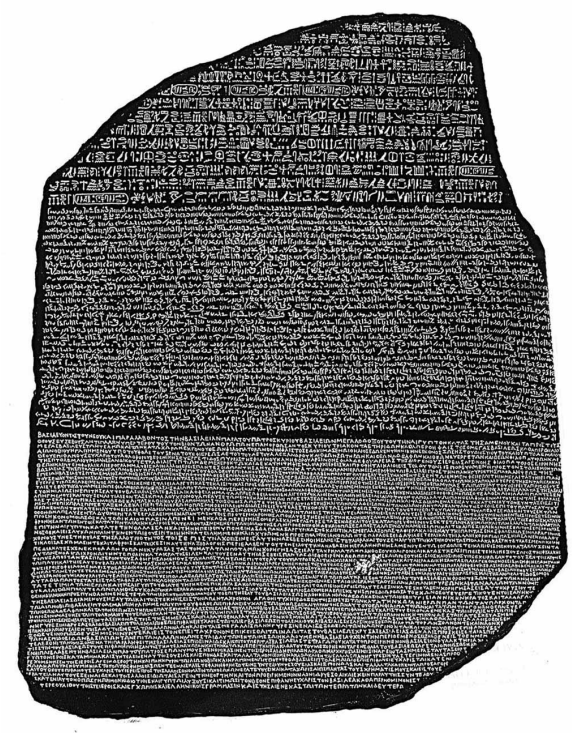
La fonction `lm()`

- Introduction d'un terme au carré : avec la fonction `I()` :

```
reg_2 <- lm(grams ~ gestate + I(gestate^2), data = births)
reg_2
```

```
##
## Call:
## lm(formula = grams ~ gestate + I(gestate^2), data = births)
##
## Coefficients:
##  (Intercept)       gestate  I(gestate^2)
##    -4545.933       243.159        -1.108
```

Lecture des sorties



Lecture des sorties

- Appliquer la fonction `summary()` à cet objet donne de nombreuses informations :
  - `Call` : la fomule du moèle,
  - `Residuals` : des statistiques descriptives des résidus,
  - `Coefficients` : un tableau à deux entrées où les lignes correspondent aux coeffcients associés aux variables explicatives, et les colonnes, dans l'ordre, à l'estimation du coefficient, l'écart-type estimé, la valeur du test de Student de nullité statistique du coeffcient et enfin la p-value associé à ce test, suivie d'un symbole pour lire rapidement la signifi- cativité,
  - `Signif. codes` : les significations des symboles de niveau de significativité,
  - `Residual standard error` : estimation de l'écart-type de l'aléa et degré de liberté,
  - `Multiple R-squared` : coeffcient de détermination,
  - `Adjusted R-squared` :coeffcient de détermination ajusté,
  - `F-statistic` : valeur de la statistique de Fisher du test de significativité globale, ainsi que les degrés de liberté et la p-value associée au test.

```
summary(reg)
```

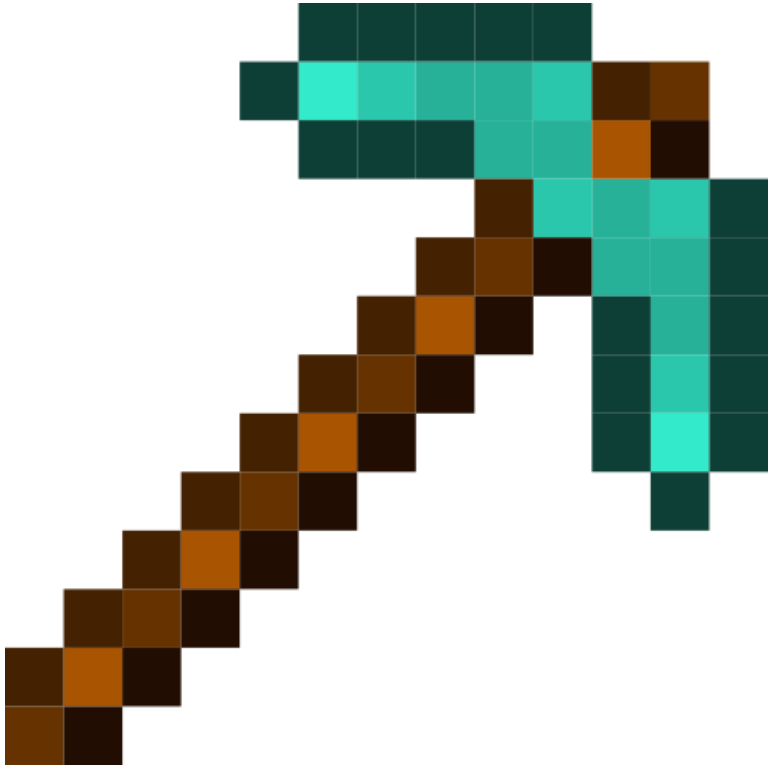
```
##
## Call:
## lm(formula = grams ~ gestate, data = births)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1512.41  -302.17   -12.41   285.15  1584.04
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -3245.45     197.01  -16.47   <2e-16 ***
## gestate       166.45       5.06   32.89   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 451.3 on 1113 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4929, Adjusted R-squared:  0.4925
## F-statistic:  1082 on 1 and 1113 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
X <- matrix(c(rep(1, nrow(births)), births$gestate), ncol = 2)
```

Lecture des sorties

- On peut aisément retrouver à la main tous ces résultats ;
- Voir le billet http://editerna.free.fr/wp/?p=233.

Extractions



Extractions

- Lire et interpéter les sorties est une chose ;
- Pouvoir les réutiliser en est une autre ;
- Il est important de savoir comment accéder aux éléments issus de la régression, dont les principaux sont :
  - `coefficients` : un vecteur de coeffcients (nommé),
  - `resiuals` : les résidus,
  - `fitted.values` : les valeurs estimées,
  - `df.residual` : nombre de degrés de liberté.

Extractions

- La liste totale est accessibles via la fonction `names()` :

```
names(reg)
```

```
##  [1] "coefficients"  "residuals"     "effects"       "rank"
##  [5] "fitted.values" "assign"        "qr"            "df.residual"
##  [9] "xlevels"       "call"          "terms"         "model"
```

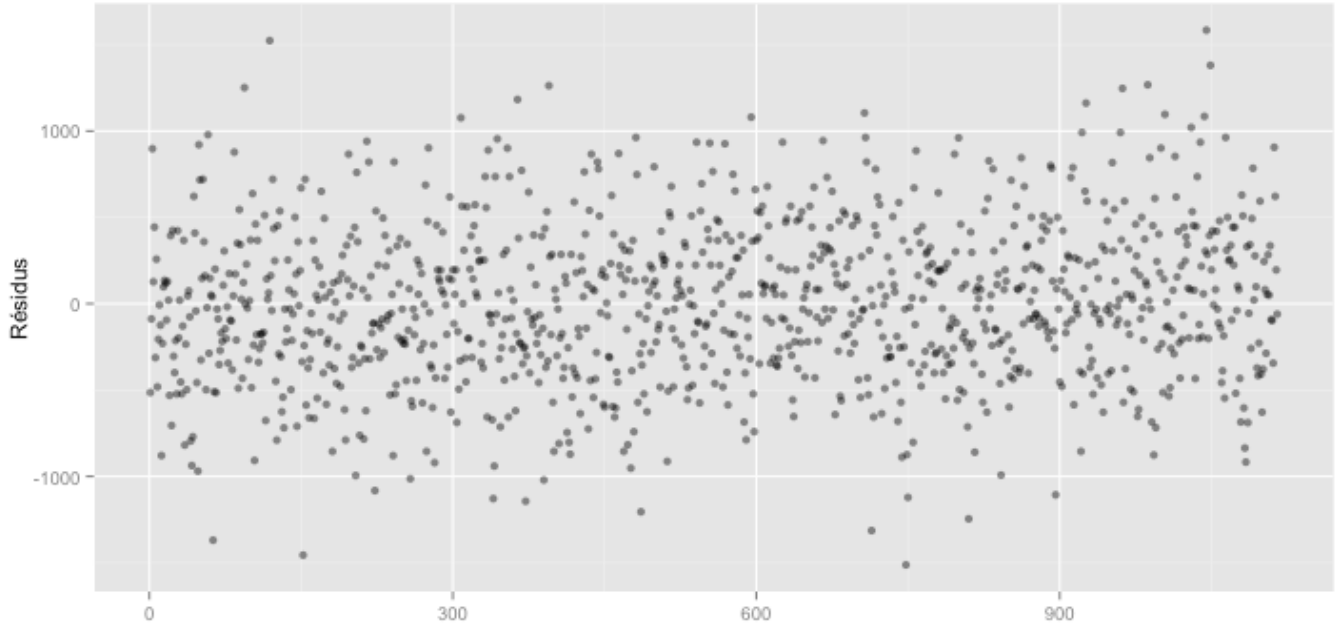
- Il suffit alors d'extraire l'élément souhaité, en l'appelant par son nom :

```
reg$coefficients
```

```
## (Intercept)     gestate
##  -3245.4464    166.4463
```

Extractions : résidus

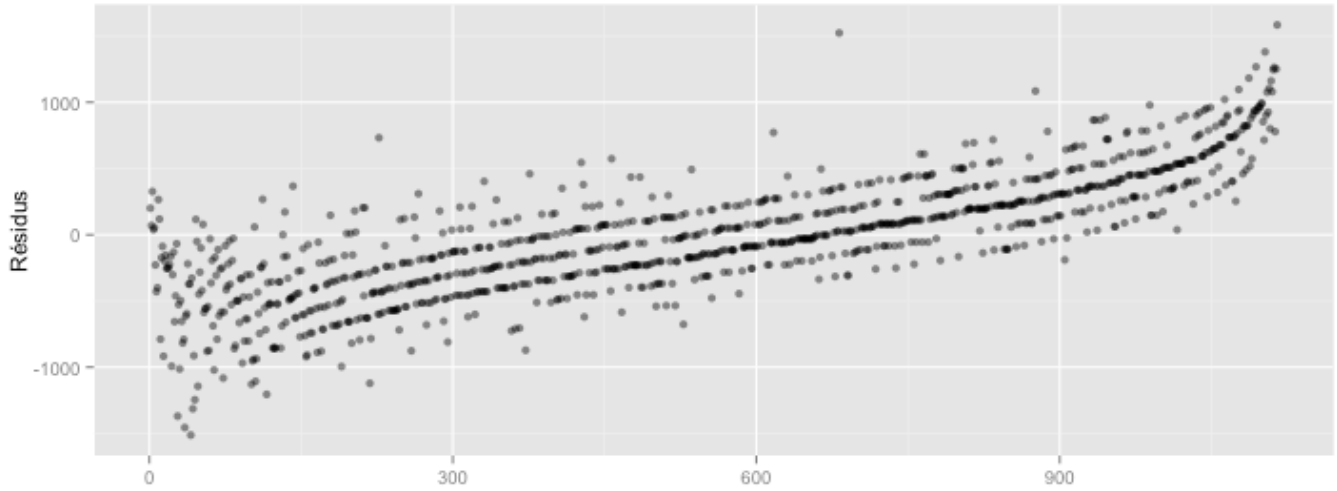
```
ggplot() + geom_point(data = data.frame(residuals = reg$residuals),
                      aes(x = seq_along(residuals), y = residuals), alpha = .5) +
  xlab("") + ylab("Résidus")
```



Extractions : résidus

- En ordonnant en fonction de la masse des nouveaux nés :

```
library(plyr)
ggplot() + geom_point(data = arrange(data.frame(residuals = reg$residuals,
                                                grams = births$grams), grams),
                      aes(x = seq_along(residuals), y = residuals), alpha = .5) +
  xlab("") + ylab("Résidus")
```



Extractions : résidus

- Accès aux résidus :
  - `residuals(reg)`,
  - `resid(reg)`,
  - `reg$residuals` ;
- Accès aux valeurs estimées :
  - `fitted(reg)` ;
- Accès aux coefficients :
  - `coefficients(reg)`,
  - `coef(reg)`,
  - `reg$coefficients`

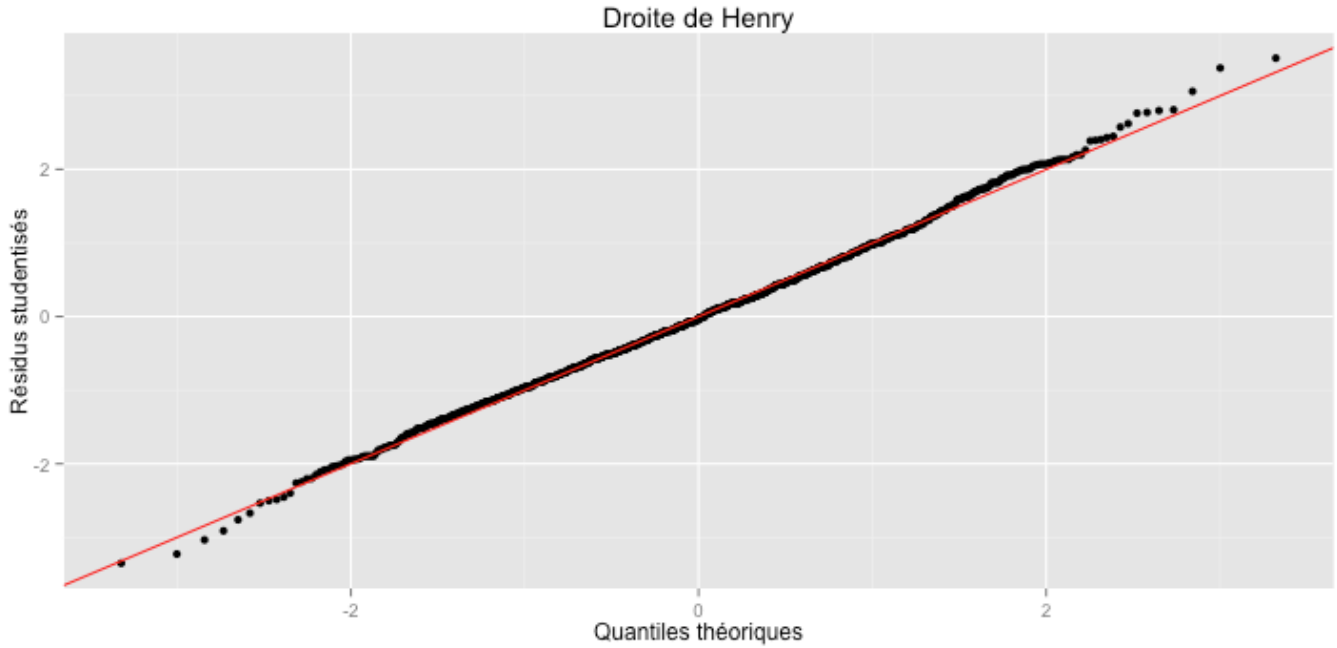
Extractions : application

- Mise en pratique : tracer la droite de Henry :

```
qqplot <- function(y, distribution=qnorm, title = "Droite de Henry",
                   xlab = "Quantiles théoriques",
                   ylab = "Résidus studentisés") {
  if(class(y) == "lm"){
    # Résidus
    r <- residuals(y)
    # Résidus studentisés
    y <- r / sqrt(deviance(y) / df.residual(y))
  }
  x <- distribution(ppoints(y))
  df <- data.frame(x = x, y = sort(y))
  ggplot(df, aes(x = x, y = y)) +
    geom_point() +
    geom_abline(intercept = 0, slope = 1, col = "red") +
    ggtitle(title) +
    xlab(xlab) + ylab(ylab)
}
```

Extractions : application

```
qqplot(reg)
```



Exercice

1. À l'aide des données du `data.frame diamonds`, régresser le prix (`price`) sur la masse (`carat`) et de la profondeur (`depth`) ;
2. Estimer le même modèle sur les variables en logarithme ;
3. Afficher les résidus sur un graphique.

Variables catégorielles

Source : stux

Variables catégorielles

- Les variables catégorielles sont de mode `factor` ;
- Deux méthodes pour les intégrer à un modèle de régression dans `R` :
  - définir a priori la variable en facteur dans le `data.frame`,
  - appliquer la fonction `factor()` dans la formule, lors de l'appel de la régression ;
- Si la variable est de type `character` ou `logical`, `R` la transforme en `factor` durant le temps de l'estimation ;
- Attention, la modalité de référence est définie en fonction de l'ordre alphanumérique en `R` ;
- Cette modalité de référence peut-être bien évidemment changée, à l'aide de la fonction `relevel()`, ou directement avec `factor()`.

```
class(births$smoke)
```

```
## [1] "logical"
```

```
summary(reg_3 <- lm(grams ~ gestate + smoke + black, data = births))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = grams ~ gestate + smoke + black, data = births)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1464.13  -295.56     1.86   287.70  1611.83
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -2713.653    199.723 -13.587  < 2e-16 ***
## gestate       156.570      5.016  31.213  < 2e-16 ***
## smokeTRUE    -185.015     30.883  -5.991 2.82e-09 ***
## blackTRUE    -174.402     27.027  -6.453 1.64e-10 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 436.3 on 1111 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5269, Adjusted R-squared:  0.5256
## F-statistic: 412.4 on 3 and 1111 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Variables catégorielles : modalité de référence

- En laissant `R` faire en fonction de l'ordre alphanumérique :

```
births$smoke <- factor(births$smoke)
levels(births$smoke)
```

```
## [1] "FALSE" "TRUE"
```

- En imposant la modalité `TRUE` comme référence :

```
births$smoke <- relevel(births$smoke, ref = "TRUE")
```

- En utilisant la fonction `factor()` pour définir la référence et d'éventuelles étiquettes :

```
births$black <- factor(births$black, levels = c("TRUE", "FALSE"),
                       labels = c("Black", "Not Black"))
```

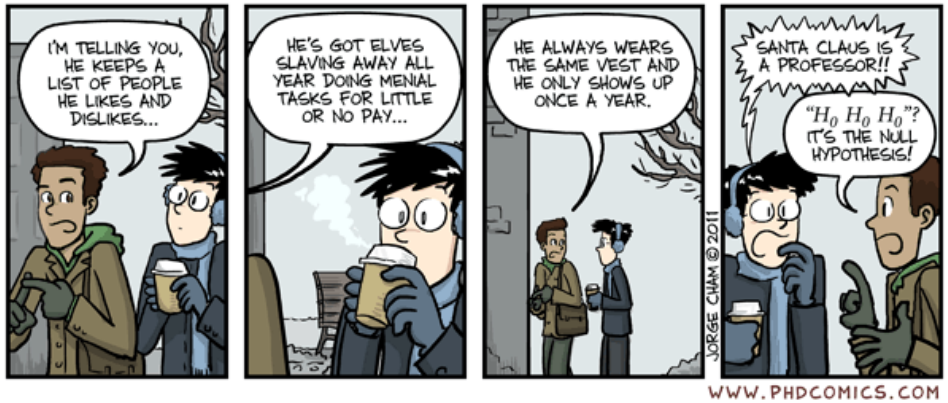
```
summary(reg_3 <- lm(grams ~ gestate + smoke + black, data = births))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = grams ~ gestate + smoke + black, data = births)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1464.13  -295.56     1.86   287.70  1611.83
##
## Coefficients:
##                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    -3073.071    191.836 -16.019  < 2e-16 ***
## gestate          156.570      5.016  31.213  < 2e-16 ***
## smokeFALSE       185.015     30.883   5.991 2.82e-09 ***
## blackNot Black   174.402     27.027   6.453 1.64e-10 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 436.3 on 1111 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5269, Adjusted R-squared:  0.5256
## F-statistic: 412.4 on 3 and 1111 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Exercice

1. À partir des données du `data.frame` `mtcars`, effectuer la régression de la consommation (`mpg`) en fonction de la masse (`wt`) et du nombre de cylindres (`cyl`, à prendre en variable catégorielle) ;
2. Estimer à nouveau le modèle en choisissant une autre modalité de référence pour la variable `cyl`.

Tests de nullité des coefficients



Source : PhD Comics : http://www.phdcomics.com/comics.php?f=1457

Rappels

- Le problème de test est le suivant :

$$\begin{cases} H_0 : \beta_i = 0 \\ H_1 : \beta_i \neq 0 \end{cases}, i = 1, 2, \dots, m.$$

- La statistique de test est la suivante :

$$T = \frac{\hat{\beta}_i - \beta_{i,H_0}}{\hat{\sigma}_{\hat{\beta}_i}} \sim \mathcal{S}t(n - m - 1,)$$

- avec β_{i,H_0} la valeur de β_j sous l'hypothèse nulle ;
- $\hat{\sigma}_{\hat{\beta}_i}$ l'estimation de l'écart-type de l'estimation du paramètre β_i.

Rappels

- Pour effectuer ce test bilatéeral, on peut lire dans la table de la loi de Student deux fractiles tels que :

$$\mathbb{P}\left(-t_{1-\alpha/2} < \frac{\hat{\beta}_i - \alpha_{i,H_0}}{\hat{\sigma}_{\hat{\beta}_i}} < t_{1-\alpha/2} \right) = 1 - \alpha.$$

- avec α le risque de première espèce ;
- À partir des observations, il est possible de calculer :

$$t_{i,\text{obs.}} = \frac{\hat{\beta}_i}{\hat{\sigma}_{\hat{\beta}_i}}.$$

Tests de nullité de chaque coefficient

- Les tests de nullité des coefficients sont effectués lors de l'appel de `summary()` sur l'objet retourné par la fonction `lm()` ;
- Pour décider du rejet ou non de l'hypothèse de nullité d'un coefficient, on peut :
  - se baser sur la valeur de la statistique en la comparant à la valeur tabulée,
  - se baser sur la p-value,
  - regarder si 0 appartient à l'intervalle de confiance ;
- Pour obtenir les intervalles de confiance des coefficients de la régression, on peut utiliser la fonction `confint()` :

Tests de nullité de chaque coefficient

- Avec un niveau à 95% par défaut :

```
confint(reg_3)
```

```
##                     2.5 %     97.5 %
## (Intercept)    -3449.4726 -2696.6686
## gestate          146.7278   166.4120
## smokeFALSE       124.4204   245.6101
## blackNot Black   121.3724   227.4324
```

Tests de nullité de chaque coefficient

- En précisant le niveau :

```
confint(reg_3, level = 0.95)
```

```
##                    2.5 %     97.5 %
## (Intercept)    -3449.4726 -2696.6686
## gestate          146.7278   166.4120
## smokeFALSE       124.4204   245.6101
## blackNot Black   121.3724   227.4324
```

Prévisions

Source : Minority Report

Rappels

- Il arrive de vouloir appliquer le modèle estimé à de nouvelles observations, afin d'effectuer des prévisions ;
- On considère un nouvel enregistrement, $\boldsymbol{x}_{n+1}^\top = \begin{bmatrix} x_{n+1,1} & x_{n+1,2} & \dots & x_{n+1,m} \end{bmatrix}$;
- L'objectif est de prévoir la valeur de y_{n+1}, en utilisant la relation initiale :

$$y_{n+1} = \beta_0 + \beta_1 \boldsymbol{x}_{n+1,1} + \beta_2 \boldsymbol{x}_{n+1,2} + \cdots + \beta_m \boldsymbol{x}_{n+1,m} + \boldsymbol{\varepsilon}_{n+1}.,$$

- où $\mathbb{E}[\varepsilon_{n+1}] = 0$;
- $\mathbb{V}(\varepsilon_{n+1}) = \sigma^2$;
- $\mathbb{C}ov(\varepsilon_{n+1}, \varepsilon_i) = 0, i = 1, 2, \dots, n.$

Rappels

- La valeur prévue, $\hat{y}^p_{n+1}$ s'appuie sur les coefficients estim\'es par le modèle :
- $$\hat{y}^p_{n+1} = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 \boldsymbol{x}_{n+1,1} + \hat{\beta}_2 \boldsymbol{x}_{n+1,2} + \cdots + \hat{\beta}_m \boldsymbol{x}_{n+1,m}\,.$$
- On note $z_{n+1} = y_{n+1} - \hat{y}^p_{n+1}$ l'erreur de prévision. On a :

$$\begin{cases} \mathbb{E}[z_{n+1}] = 0 \\ \mathbb{V}(z_{n+1}) = \sigma^2 \times \left(1 + \boldsymbol{x}^\top_{n+1} (\boldsymbol{X}^\top \boldsymbol{X})^{-1} \boldsymbol{x}_{n+1}\right) \end{cases}$$

- Comme on émet l'hypothèse que la distribution des ε_i est normale, la distribution des y_i et $\hat{y}^p_i$ l'est aussi ;
- De fait, on a :

$$z^p_i \sim \mathcal{N}\left(0, \sqrt{\mathbb{V}(z^p_i)}\right).$$

Rappels

- On peut estimer la variance inconnue σ_ε^2 par son estimation $\hat{\sigma}_\varepsilon^2$.
- Dès lors, on a :

$$\frac{z_i^p - \mathbb{E}(z_i^p)}{\hat{\sigma}_\varepsilon} \sim \mathcal{S}t(n-2).$$

- Il est alors possible de construire un intervalle de confiance au seuil de α pour y_i^p, soit :

$$\text{I.C.}_{\widehat{y_{n+1}}(1-\alpha)} = \left[\hat{y}_{n+1}^p \pm t_{1-\alpha/2} \cdot \hat{\sigma}_{z_{n+1}^p}\right],$$

- où $t_{1-\alpha/2}$ est la valeur du fractile lue dans la table pour α et $\gamma = n-2$ degrés de liberté.

La fonction `predict()`

- `R` propose la fonction `predict()` pour calculer cet intervalle de prévision ;
- Il faut passer l'objet retourné par `lm()` en paramètre ;
- Et préciser un `data.frame` contenant les nouvelles valeurs (sinon, `predict()` retourne les valeurs estimées) ;
- Il faut toutefois faire attention à conserver les mêmes noms de variable dans le nouveau `data.frame` que ceux passés dans la formule.

La fonction `predict()`

```
donnees_supl <- data.frame(black = factor(c(TRUE, FALSE),
                                          levels = c(TRUE, FALSE),
                                          labels = c("Black", "Not Black")),
                           educ = c(10,5),
                           smoke = factor(c(FALSE, FALSE)),
                           gestate = c(39, 43))
predict(reg_3, newdata = donnees_supl)
```

```
##        1        2
## 3218.171 4018.853
```

La fonction `predict()`

- Les intervalles de confiance peuvent être donnés ;
- Il faut pour ce faire donner la valeur `"prediction"` au paramètre `interval` ;
- Par défaut, l'intervalle est donné pour un niveau de 95% ;
- Le paramètre `level` permet de spécifier un niveau différent.

```
predict(reg_3, newdata = donnees_supl, interval = "prediction")
```

```
##        fit      lwr      upr
## 1 3218.171 2361.229 4075.113
## 2 4018.853 3161.006 4876.700
```

La fonction `predict()`

- Avec l'I.C. à 90% :

```
predict(reg_3, newdata = donnees_supl, interval = "prediction", level = 0.9)
```

```
##        fit      lwr      upr
## 1 3218.171 2499.187 3937.155
## 2 4018.853 3299.109 4738.597
```

La fonction `predict()`

- Les écarts-types peuvent être retournés, en donnant la valeur `TRUE` au paramètre `se.fit` :

```
predict(reg_3, newdata = donnees_supl, interval = "prediction", se.fit = TRUE)
```

```
## $fit
##        fit      lwr      upr
## 1 3218.171 2361.229 4075.113
## 2 4018.853 3161.006 4876.700
##
## $se.fit
##        1        2
## 18.79725 27.50835
##
## $df
## [1] 1111
##
## $residual.scale
## [1] 436.3423
```

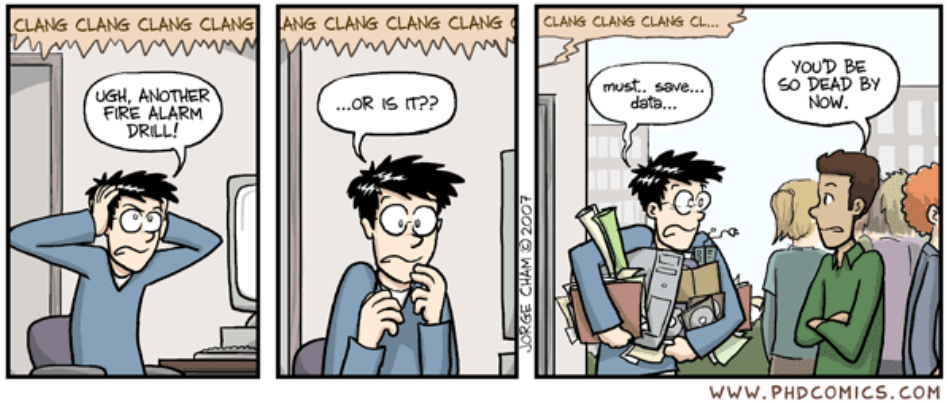
Exercice

Reprendre la régression de la consommation (`mgp`) sur la masse (`wt`) et le nombre de cylinres (`cyl`), les données étant dans le `data.frame` `mtcars`, en excluant la première observations :

```
reg <- lm(mpg ~ wt + factor(cyl), data = mtcars[-1,])
```

1. Prévoir la consommation pour un véhicule dont la mase est 2.62 lb/1000 et le nombre de cylindres 6 ;
2. Comparer la valeur prévue à la première observation du `data.frame` `mtcars`.

Exportation des résultats



Source : PhD Comics : http://www.phdcomics.com/comics/archive.php?comicid=814

Exportation des résultats

- Les sorties dans la console sont pratiques pour réaliser l'analyse ;
- Il est peu esthétique de copier/coller ces résultats dans un document, tels quels ;
- Le package `texreg` propose des fonctions pour exporter les résultat de régression :
  - en `HTML` : `htmlreg()`,
  - en `LaTeX` : `texreg` ;
- À partir d'un document `HTML`, il est aisé de copier/coller un tableau dans Word...

Exportation des résultats

- Les paramètres principaux de ces fonctions sont :
  - `l` : un modèle statistique, ou une liste de modèles,
  - `file` : le résultat est exporté dans un fichier dont le chemin et le nom sont donnés à ce paramètre,
  - `single.row` : par défaut, deux lignes sont réservées par coeffcient de la régression, avec le coeffcient sur la première ligne, et l'écart-type sur la seconde. Si la valeur vaut `TRUE`, le coeffcient et son écart-type sont placés dans une celle cellule, sur la même ligne,
  - `custom.model.names` : un vecteur de caractères avec les étiquettes pour chaque modèle (au lieu de "Model 1", "Model 2", etc.),
  - `custom.coef.names` : un vecteur de caractères avec les étiquettes pour chaque variable du modèle,
  - `digits` : nombre de décimales,
  - `caption` : titre pour le tableau.

Exportation des résultats

- En affichant dans la console :

```
library(texreg)
htmlreg(reg_3, digits = 2, caption = "Résultats de la régression")
texreg(reg_3, digits = 2, caption = "Résultats de la régression")
```

- En exportant les résultats dans un fichier :

```
htmlreg(reg_3, file = "reg_3.html") texreg(reg_3, file = "reg_3.tex")
```

Exportation des résultats

- La fonction `screenreg` propose d'afficher dans la console un aperçu de ce à quoi ressemblera la sortie :

```
screenreg(list(reg, reg_3), digits = 2,
          custom.model.names = c("Rég. Lin. Simple", "Reg. Lin. Mult."))
```