

Wahrscheinlichkeitsrechnung und  
Statistik für Biologen  
**Lineare Regression**

Dirk Metzler & Noémie Becker

12. Juni 2013

## Inhaltsverzeichnis

<b>1 Lineare Regression: wozu und wie?</b>	<b>1</b>
<b>2 t-Test fuer lineare Zusammenhänge</b>	<b>6</b>
<b>3 Skalierung der Daten</b>	<b>9</b>
3.1 Beispiel: Körper- und Gehirngewicht . . . . .	9
3.2 Beispiel: Mortalität und Einwohnerzahl . . . . .	15

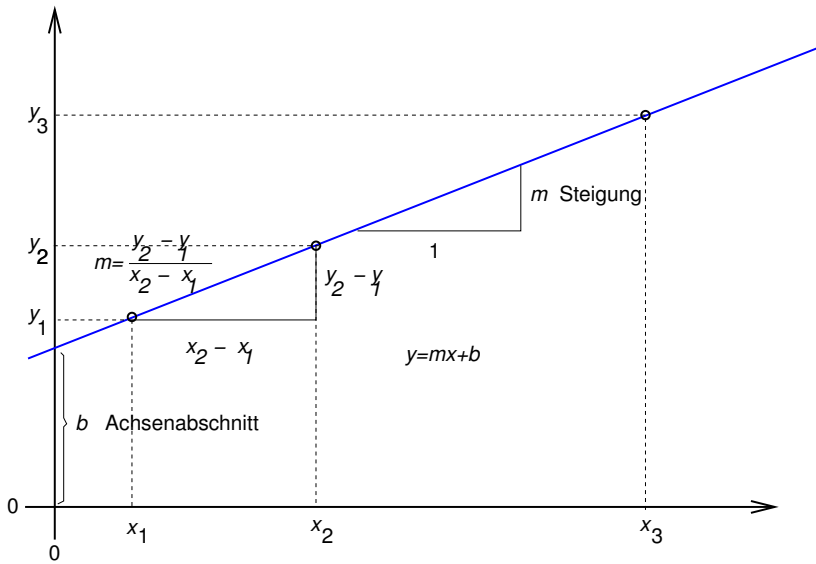
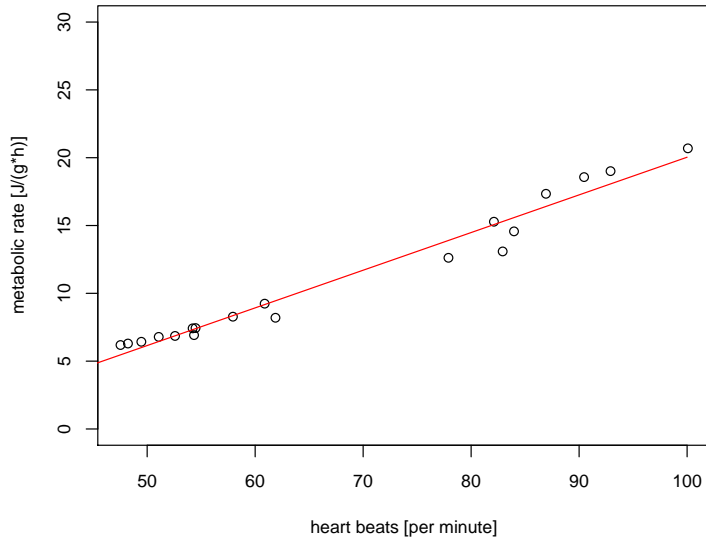
## 1 Lineare Regression: wozu und wie?

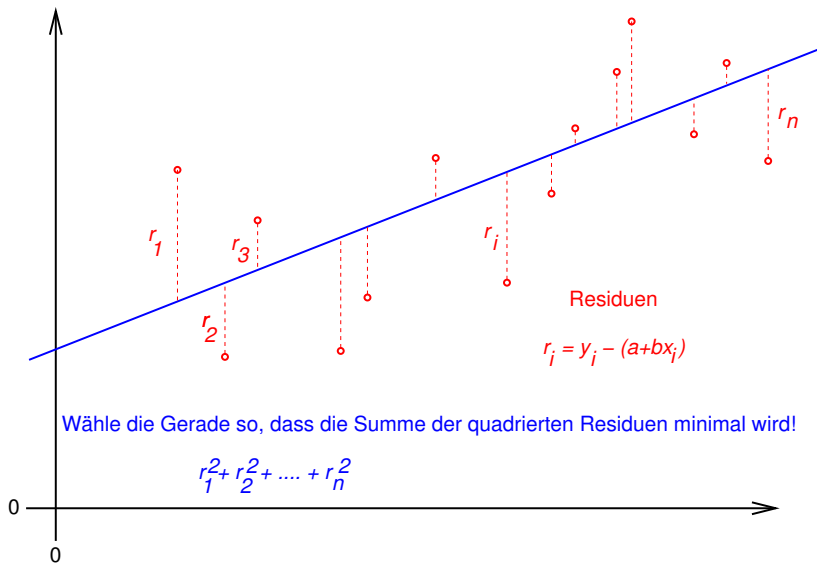
### Literatur

[1] Prinzinger, R., E. Karl, R. Bögel, Ch. Walzer (1999): Energy metabolism, body temperature, and cardiac work in the Griffon vulture *Gyps vulvus* - telemetric investigations in the laboratory and in the field. *Zoology* **102**, Suppl. II: 15

- Daten aus der Arbeitsgruppe Stoffwechselphysiologie (Prof. Prinzinger) der Frankfurter Goethe-Universität.
- Telemetrisches System zur Messung der Herzfrequenz bei Vögeln auch während des Fluges.
- Wichtig für ökologische Fragen: die Stoffwechselrate
- Messung der Stoffwechselrate aufwändig und nur im Labor möglich.
- Können wir von der Herzfrequenz auf die Stoffwechselrate schließen?

griffon vulture, 17.05.99, 16 degrees C





Definiere die Regressionsgerade

$$y = \hat{a} + \hat{b} \cdot x$$

durch die Minimierung der Summe der quadrierten Residuen:

$$(\hat{a}, \hat{b}) = \arg \min_{(a,b)} \sum_i (y_i - (a + b \cdot x_i))^2$$

Dahinter steckt die Modellvorstellung, dass Werte  $a, b$  existieren, so dass für alle Datenpaare  $(x_i, y_i)$  gilt

$$y_i = a + b \cdot x_i + \varepsilon_i,$$

wobei alle  $\varepsilon_i$  unabhängig und normalverteilt sind und alle dieselbe Varianz  $\sigma^2$  haben.

gegebene Daten:		Modell: es gibt Zahlen $a, b, \sigma^2$ , so dass	
<b>Y</b>	<b>X</b>	$y_1 = a + b \cdot x_1 + \varepsilon_1$	
$y_1$	$x_1$	$y_2 = a + b \cdot x_2 + \varepsilon_2$	
$y_2$	$x_2$	$y_3 = a + b \cdot x_3 + \varepsilon_3$	
$y_3$	$x_3$	$\vdots$	$\vdots$
$\vdots$	$\vdots$		
$y_n$	$x_n$	$y_n = a + b \cdot x_n + \varepsilon_n$	

Dabei sind  $\varepsilon_1, \varepsilon_2, \dots, \varepsilon_n$  unabhängig  $\sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$ . [1.5ex]  $\Rightarrow y_1, y_2, \dots, y_n$  sind unabhängig  $y_i \sim \mathcal{N}(a + b \cdot x_i, \sigma^2)$ . [1.5ex]  $a, b, \sigma^2$  sind unbekannt, aber **nicht zufällig**.

Wir schätzen  $a$  und  $b$ , indem wir

$$(\hat{a}, \hat{b}) := \arg \min_{(a,b)} \sum_i (y_i - (a + b \cdot x_i))^2 \quad \text{berechnen.}$$

**Theorem 1.** Man kann  $\hat{a}$  und  $\hat{b}$  berechnen durch

$$\hat{b} = \frac{\sum_i (y_i - \bar{y}) \cdot (x_i - \bar{x})}{\sum_i (x_i - \bar{x})^2} = \frac{\sum_i y_i \cdot (x_i - \bar{x})}{\sum_i (x_i - \bar{x})^2}$$

und

$$\hat{a} = \bar{y} - \hat{b} \cdot \bar{x}.$$

**Bitte merken:** Die Gerade  $y = \hat{a} + \hat{b} \cdot x$  geht genau durch den Schwerpunkt der Punktwolke  $(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_n, y_n)$ .

### Beweisskizze zum Theorem

Sei  $g(a, b) = \sum_i (y_i - (a + b \cdot x_i))^2$ . Wir optimieren  $g$ , indem wir die Ableitungen von  $g$

$$\frac{\partial g(a, b)}{\partial a} = \sum_i 2 \cdot (y_i - (a + b x_i)) \cdot (-1)$$

$$\frac{\partial g(a, b)}{\partial b} = \sum_i 2 \cdot (y_i - (a + b x_i)) \cdot (-x_i)$$

nach beiden Variablen auf 0 setzen, und erhalten:

$$0 = \sum_i (y_i - (\hat{a} + \hat{b} x_i)) \cdot (-1)$$

$$0 = \sum_i (y_i - (\hat{a} + \hat{b} x_i)) \cdot (-x_i)$$

$$0 = \sum_i (y_i - (\hat{a} + \hat{b} x_i))$$

$$0 = \sum_i (y_i - (\hat{a} + \hat{b} x_i)) \cdot x_i$$

kann man ausmultiplizieren zu

$$0 = \left( \sum_i y_i \right) - n \cdot \hat{a} - \hat{b} \cdot \left( \sum_i x_i \right)$$

$$0 = \left( \sum_i y_i x_i \right) - \hat{a} \cdot \left( \sum_i x_i \right) - \hat{b} \cdot \left( \sum_i x_i^2 \right)$$

und das Theorem folgt durch Auflösen nach  $\hat{a}$  und  $\hat{b}$ . □

vulture

	day	heartbpm	metabol	minTemp	maxTemp	medtemp
1	01.04./02.04.	70.28	11.51	-6	2	-2.0
2	01.04./02.04.	66.13	11.07	-6	2	-2.0
3	01.04./02.04.	58.32	10.56	-6	2	-2.0
4	01.04./02.04.	58.63	10.62	-6	2	-2.0
5	01.04./02.04.	58.05	9.52	-6	2	-2.0
6	01.04./02.04.	66.37	7.19	-6	2	-2.0
7	01.04./02.04.	62.43	8.78	-6	2	-2.0
8	01.04./02.04.	65.83	8.24	-6	2	-2.0
9	01.04./02.04.	47.90	7.47	-6	2	-2.0
10	01.04./02.04.	51.29	7.83	-6	2	-2.0
11	01.04./02.04.	57.20	9.18	-6	2	-2.0
.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.

(14 different days)

```
> model <- lm(metabol~heartbpm,data=vulture,
              subset=day=="17.05.")
> summary(model)
Call:
lm(formula = metabol ~ heartbpm, data = vulture,
    subset = day == "17.05.")
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.2026 -0.2555  0.1005  0.6393  1.1834
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -7.73522    0.84543  -9.149 5.60e-08 ***
heartbpm     0.27771    0.01207  23.016 2.98e-14 ***
---
Signif. codes:  0 *** 0.001 ** 0.01 * 0.05 . 0.1 1
Residual standard error: 0.912 on 17 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9689, Adjusted R-squared:  0.9671
F-statistic: 529.7 on 1 and 17 DF,  p-value: 2.979e-14
```

## Optimierung der Gelegegröße

Beispiel:

Der Erbsensamenkäfer

*Callosobruchus maculatus*

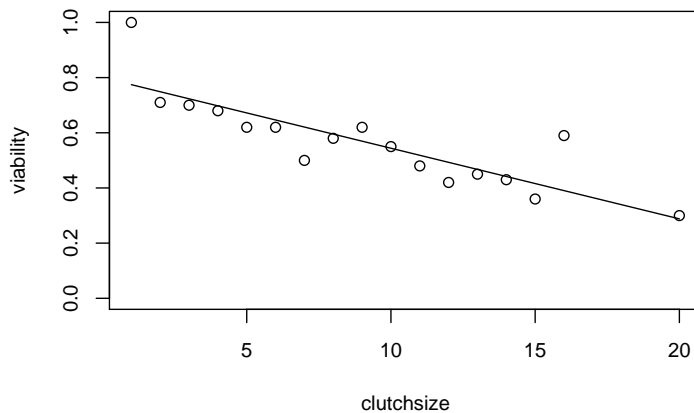
englisch: *Cowpea weevil* oder auch *bruchid beetle*

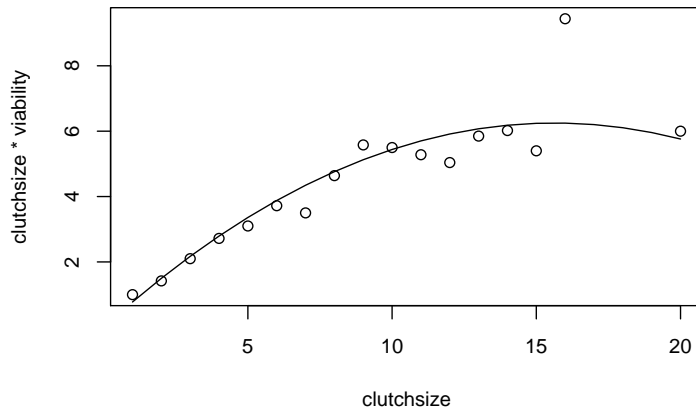
## Literatur

[Wil94] Wilson, K. (1994) Evolution of clutch size in insects. II. A test of static optimality models using the beetle *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: Bruchidae). *Journal of Evolutionary Biology* **7**: 365–386.

Wie hängt die Überlebenswahrscheinlichkeit von der Gelegegröße ab?

Mit welcher Gelegegröße wird die erwartete Anzahl Nachkommen optimiert?





## 2 t-Test fuer lineare Zusammenhänge

### Beispiel: Rothirsch (*Cervus elaphus*)

Theorie: Hirschkühe können das Geschlecht ihrer Nachkommen beeinflussen.

Unter dem Gesichtspunkt evolutionär stabiler Strategien ist zu erwarten, dass schwache Tiere eher zu weiblichem und starke Tiere eher zu männlichem Nachwuchs tendieren.

## Literatur

- [CAG86] Clutton-Brock, T. H. , Albon, S. D., Guinness, F. E. (1986) Great expectations: dominance, breeding success and offspring sex ratios in red deer. *Anim. Behav.* **34**, 460-471.

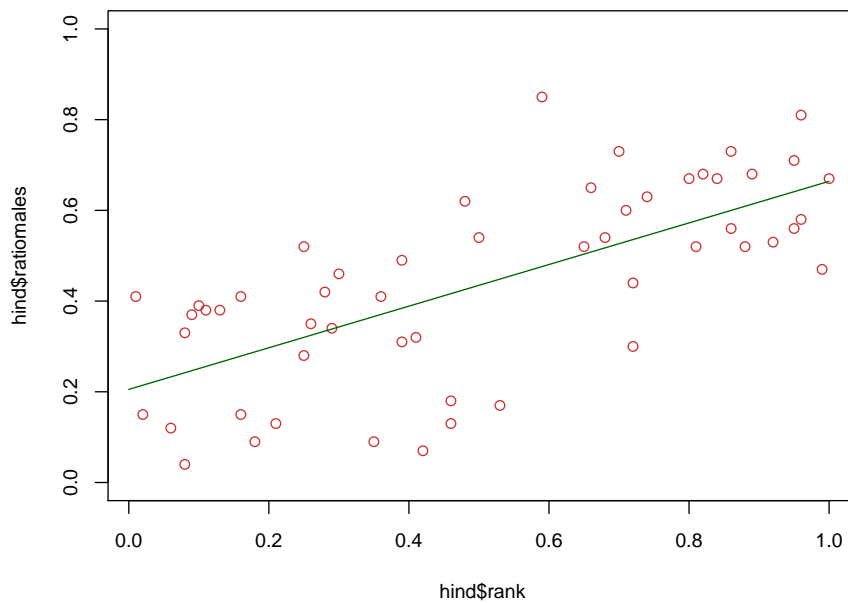
```

> hind
  rank ratiomales
1 0.01      0.41
2 0.02      0.15
3 0.06      0.12
4 0.08      0.04
5 0.08      0.33
6 0.09      0.37
. .         .
. .         .
. .         .

52 0.96      0.81
53 0.99      0.47
54 1.00      0.67

```

ACHTUNG: Simulierte Daten,  
die sich an den Daten aus der  
Originalpublikation lediglich ori-  
entieren.



```

> mod <- lm(ratiomales~rank,data=hind)
> summary(mod)
Call:
lm(formula = ratiomales ~ rank, data = hind)
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.32798 -0.09396  0.02408  0.11275  0.37403

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.20529    0.04011   5.119 4.54e-06 ***
rank         0.45877    0.06732   6.814 9.78e-09 ***
---

```

Signif. codes: 0 \*\*\* 0.001 \*\* 0.01 \* 0.05 . 0.1 1

Residual standard error: 0.154 on 52 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.4717, Adjusted R-squared: 0.4616

F-statistic: 46.44 on 1 and 52 DF, p-value: 9.78e-09

Modell:

$$Y = a + b \cdot X + \varepsilon \quad \text{mit } \varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$$

[1.5ex] Wie berechnet man die Signifikanz eines Zusammenhangs zwischen dem erklärenden Merkmal  $X$  und der Zielgröße  $Y$ ? [1.5ex] Anders formuliert: Mit welchem Test können wir der Nullhypothese  $b = 0$  zu Leibe rücken? [1.5ex] Wir haben  $b$  durch  $\hat{b}$  geschätzt (und gehen jetzt mal von  $\hat{b} \neq 0$  aus). Könnte das wahre  $b$  auch 0 sein? [1.5ex] Wie groß ist der Standardfehler unserer Schätzung  $\hat{b}$ ?

$$y_i = a + b \cdot x_i + \varepsilon \quad \text{mit } \varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$$

nicht zufällig:  $a, b, x_i, \sigma^2$       zufällig:  $\varepsilon, y_i$

$$\text{var}(y_i) = \text{var}(a + b \cdot x_i + \varepsilon) = \text{var}(\varepsilon) = \sigma^2$$

und  $y_1, y_2, \dots, y_n$  sind stochastisch unabhängig.

$$\hat{b} = \frac{\sum_i y_i (x_i - \bar{x})}{\sum_i (x_i - \bar{x})^2}$$

$$\begin{aligned} \text{var}(\hat{b}) &= \text{var}\left(\frac{\sum_i y_i (x_i - \bar{x})}{\sum_i (x_i - \bar{x})^2}\right) = \frac{\text{var}(\sum_i y_i (x_i - \bar{x}))}{(\sum_i (x_i - \bar{x})^2)^2} \\ &= \frac{\sum_i \text{var}(y_i) (x_i - \bar{x})^2}{(\sum_i (x_i - \bar{x})^2)^2} = \sigma^2 \cdot \frac{\sum_i (x_i - \bar{x})^2}{(\sum_i (x_i - \bar{x})^2)^2} \\ &= \sigma^2 \Big/ \sum_i (x_i - \bar{x})^2 \end{aligned}$$

Tatsächlich ist  $\hat{b}$  Normalverteilt mit Mittelwert  $b$  und

$$\text{var}(\hat{b}) = \sigma^2 \Big/ \sum_i (x_i - \bar{x})^2$$

**Problem:** Wir kennen  $\sigma^2$  nicht. Wir schätzen  $\sigma^2$  mit Hilfe der beobachteten Residuenvarianz durch

$$s^2 := \frac{\sum_i (y_i - \hat{a} - \hat{b} \cdot x_i)^2}{n - 2}$$

Zu beachten ist, dass durch  $n - 2$  geteilt wird. Das hat damit zu tun, dass zwei Modellparameter  $a$  und  $b$  bereit geschätzt wurden, und somit 2 Freiheitsgrade verloren gegangen sind.

$$\text{var}(\hat{b}) = \sigma^2 \Big/ \sum_i (x_i - \bar{x})^2$$

Schätze  $\sigma^2$  durch

$$s^2 = \frac{\sum_i (y_i - \hat{a} - \hat{b} \cdot x_i)^2}{n - 2}$$



Dann ist

$$\frac{\hat{b} - b}{s / \sqrt{\sum_i (x_i - \bar{x})^2}}$$

Student- $t$ -verteilt mit  $n - 2$  Freiheitsgraden und wir können den  $t$ -Test anwenden, um die Nullhypothese  $b = 0$  zu testen.

### 3 Skalierung der Daten

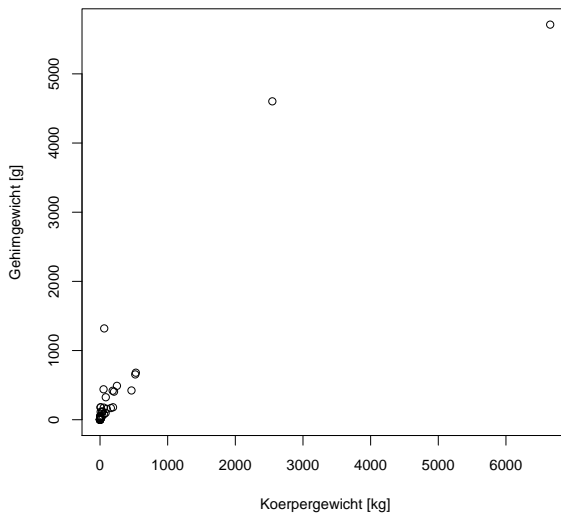
#### 3.1 Beispiel: Körper- und Gehirngewicht

Daten: Typisches Körpergewicht [kg] und Gehirngewicht [g] von 62 Säugetierarten (und 3 Dinosaurierarten)

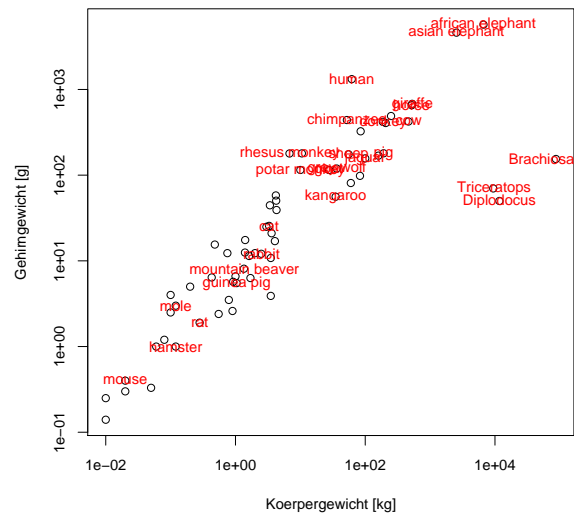
```
> data
  weight.kg. brain.weight.g      species extinct
1    6654.00    5712.00 african elephant   no
2     1.00      6.60
3     3.39     44.50
4     0.92     5.70
5    2547.00    4603.00  asian elephant   no
6    10.55    179.50
7     0.02     0.30
8    160.00    169.00
9     3.30     25.60          cat         no
10   52.16    440.00  chimpanzee   no
11   0.43     6.40
.     .       .
.     .       .
.     .       .

64   9400.00     70.00   Triceratops  yes
65  87000.00    154.50  Brachiosaurus yes
```

typische Werte bei 62 Saeugeierarten



typische Werte bei 65 Saeugeierarten



```
> modell <- lm(brain.weight.g~weight.kg.,subset=extinct=="no")
```

```

> summary(modell)
Call:
lm(formula = brain.weight.g ~ weight.kg., subset = extinct ==
    "no")
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-809.95 -87.43 -78.55 -31.17 2051.05
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  89.91213   43.58134   2.063  0.0434 *
weight.kg.    0.96664    0.04769  20.269 <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 *** 0.001 ** 0.01 * 0.05 . 0.1 1
Residual standard error: 334.8 on 60 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8726, Adjusted R-squared:  0.8704
F-statistic: 410.8 on 1 and 60 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

Wie gut passt das Modell  $Y_i = a + b \cdot X_i + \varepsilon_i$ ?

Sind die Residuen  $r_i = Y_i - (\hat{a} + \hat{b} \cdot X_i)$  einigermaßen normalverteilt?

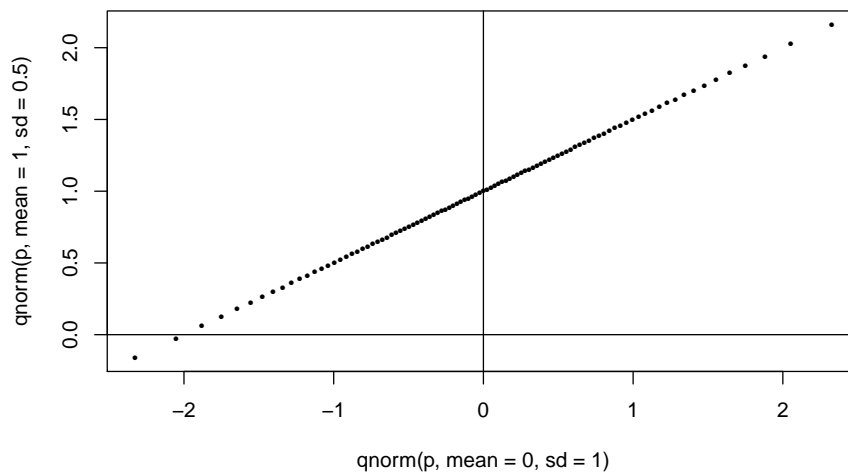
Graphische Methode: vergleiche die theoretischen Quantile der Standardnormalverteilung  $\mathcal{N}(0, 1)$  mit denen der Residuen.

Hintergrund: trägt man die Quantile von  $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$  gegen die von  $\mathcal{N}(0, 1)$  auf, so erhält man die Gerade  $y(x) = \mu + \sigma \cdot x$ . (Grund: Ist  $X$  standardnormalverteilt und  $Y = a + b \cdot X$ , so ist  $Y$  normalverteilt mit Mittelwert  $a$  and Varianz  $b^2$ .)

```

p <- seq(from=0,to=1,by=0.01)
plot(qnorm(p,mean=0,sd=1),qnorm(p,mean=1,sd=0.5),
     pch=16,cex=0.5)
abline(v=0,h=0)

```

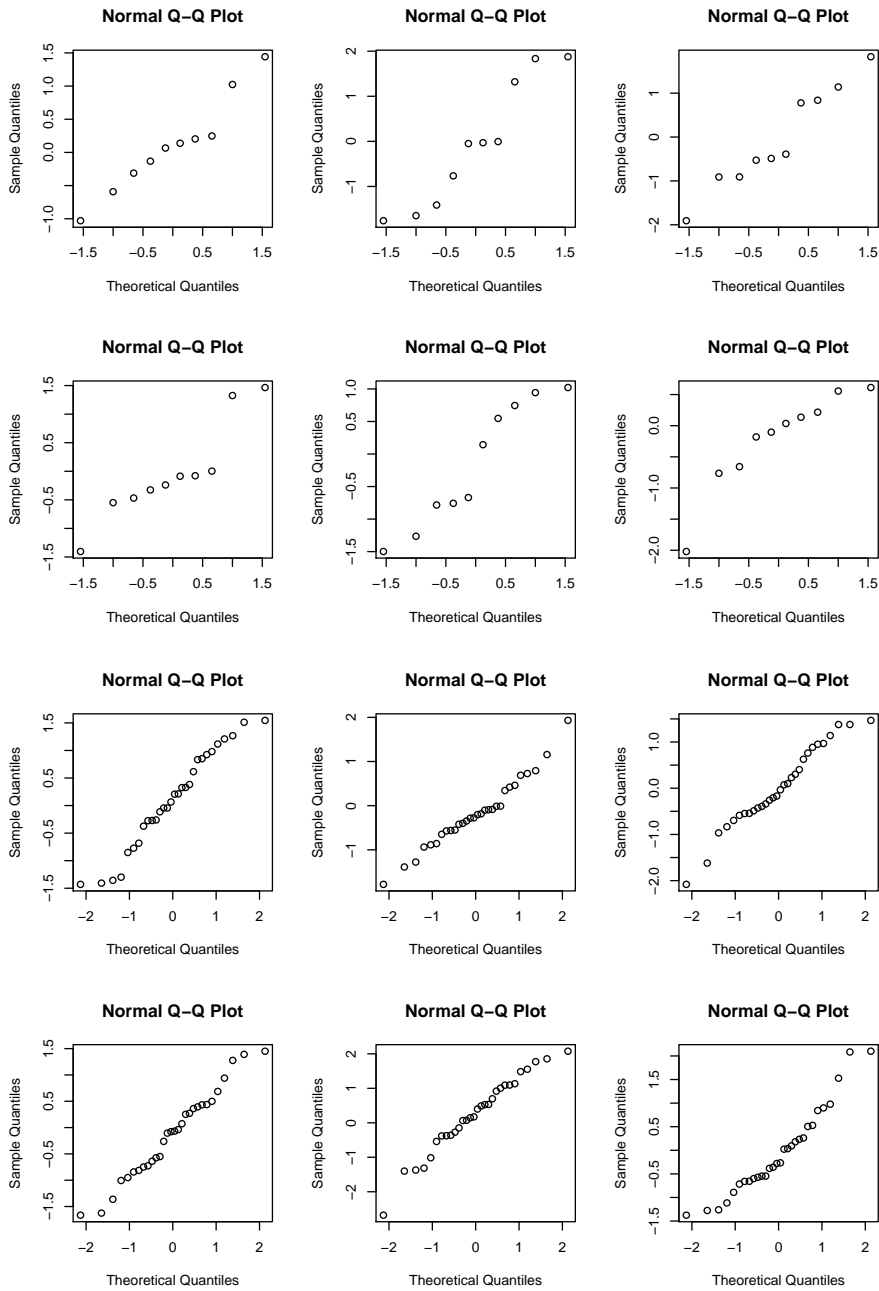


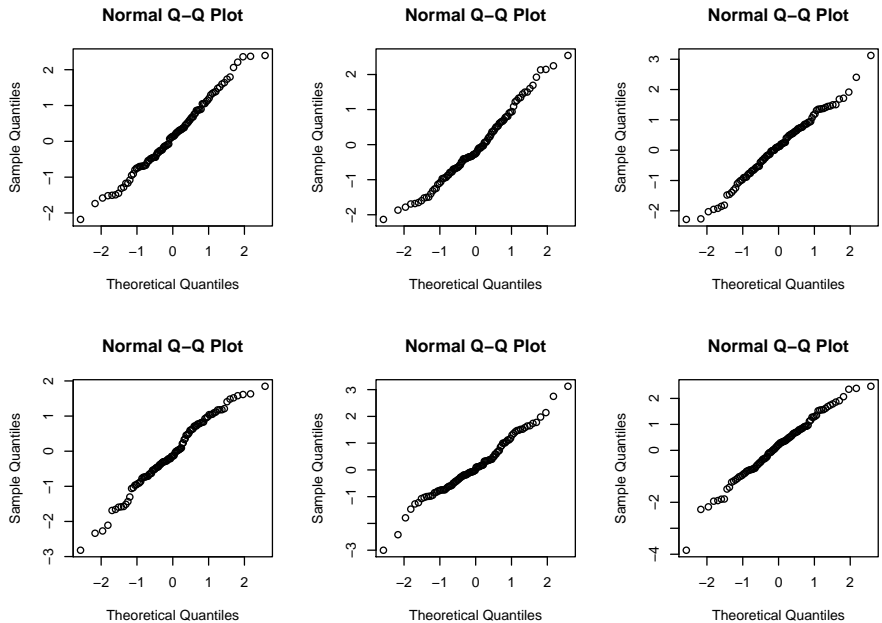
Seien  $R_1, R_2, \dots, R_n$  unabhängig gemäß einer Normalverteilung erzeugt.

Trägt man statt der theoretischen Quantile die empirischen Quantile von  $R_1, \dots, R_n$  gegen die Quantile einer Normalverteilung auf, so liegen die Werte nicht genau auf einer Geraden, aber in der Nähe einer Geraden.

Es sollten keine *systematischen* Abweichungen von einer imaginären Geraden erkennbar sein.

Die nächsten Seiten zeigen qqnorm-Plots von simulierten, unabhängig standardnormalverteilten Daten mit  $n=10$ ,  $n=30$  und  $n=100$ .





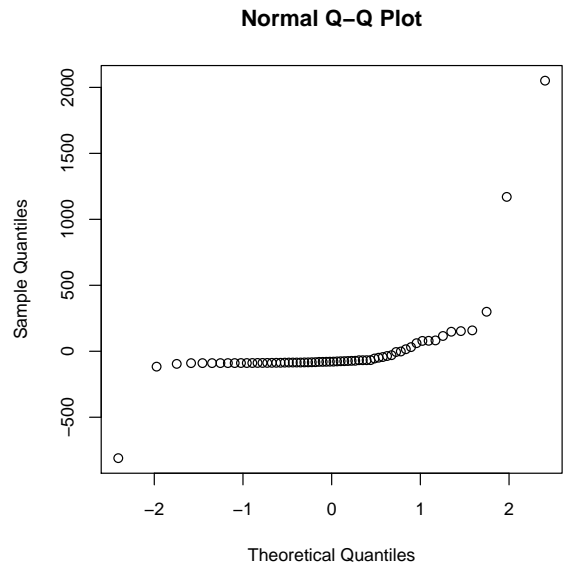
Nun zurück zur Frage ob das Modell

$$[\text{brain.weight.g}]_i = a + b \cdot [\text{weight.kg}]_i + \varepsilon_i$$

passt.

Sind die Residuen einigermaßen normalverteilt?

```
qqnorm(modell$residuals)
```

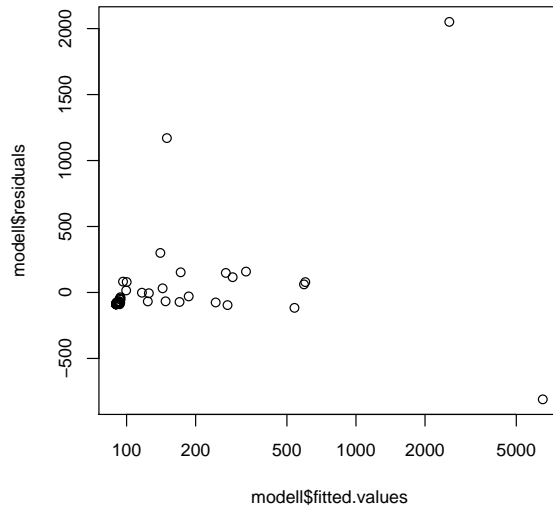
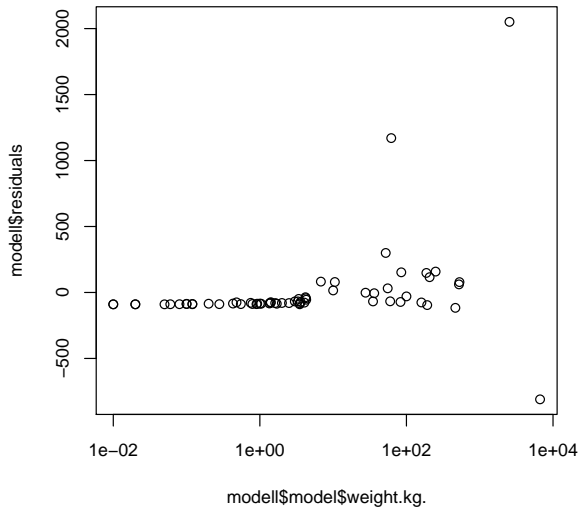


Die Residuen sind offensichtlich nicht normalverteilt. Zumindest gibt es extreme Ausreißer.

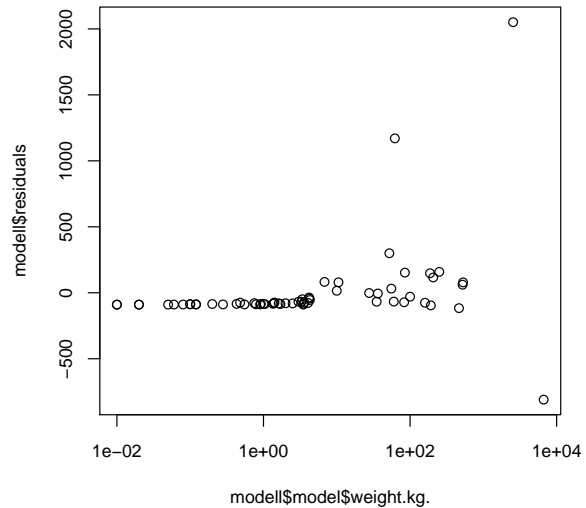
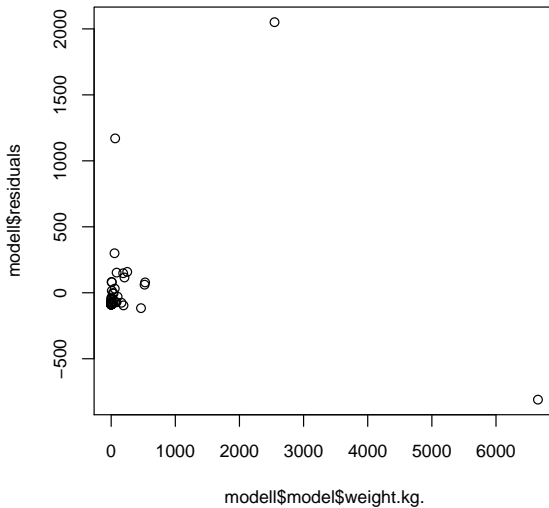
Ein weiteres Kriterium ist, dass die Residuen und ihre Varianz von anderen Anderen Größen, einschließlich der vorhergesagten Werte  $\hat{a} + \hat{b} \cdot X_i$  unabhängig sind.

Auch das überprüfen wir graphisch.

```
plot(modell$fitted.values,modell$residuals) plot(modell$fitted.values,modell$residuals,log='x')
```



```
plot(modell$model$weight.kg.,modell$residuals) plot(modell$model$weight.kg.,modell$residuals,log='x')
```



)

Wir sehen, dass die Varianz der Residuen von den angepassten Werten bzw. dem Körpergewicht abhängt. Man sagt, es liegt *Heteroskedastizität* vor.

Das Modell geht aber von *Homoskedastizität* aus, d.h. die Residuenvarianz soll von den erklärenden Merkmalen (dem Körpergewicht) und den angepassten Werten (annähernd) unabhängig sein.

**Varianzstabilisierende Transformation:** Wie können wir die Körper- und Hirnmasse umskalieren, um Homoskedastizität zu erreichen?

Eigentlich ist es ja offensichtlich: Bei Elefanten kann das typischerweise 5 kg schwere Hirn je nach Individuum auch mal 500 g schwerer oder leichter sein. Wenn bei einer Tierart das Hirn typischerweise 5 g schwer ist, wird es nicht um 500 g variieren können, sondern vielleicht ebenfalls um 10%, also  $\pm 0.5$  g. Die Varianz

ist hier also nicht additiv, sondern multiplikativ:

$$\text{Hirnmasse} = (\text{erwartete Hirnmasse}) \cdot \text{Zufall}$$

Das können wir aber in etwas mit additivem Zufallterm umwandeln, indem wir auf beiden Seiten den (natürlichen) Logarithmus ziehen:

$$\log(\text{Hirnmasse}) = \log(\text{erwartete Hirnmasse}) + \log(\text{Zufall})$$

```
> logmodell <- lm(log(brain.weight.g)~log(weight.kg.),subset=extinct=="no")
> summary(logmodell)
```

Call:

```
lm(formula = log(brain.weight.g) ~ log(weight.kg.), subset = extinct ==
    "no")
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.68908	-0.51262	-0.05016	0.46023	1.97997

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	2.11067	0.09794	21.55	<2e-16 ***
log(weight.kg.)	0.74985	0.02888	25.97	<2e-16 ***

---

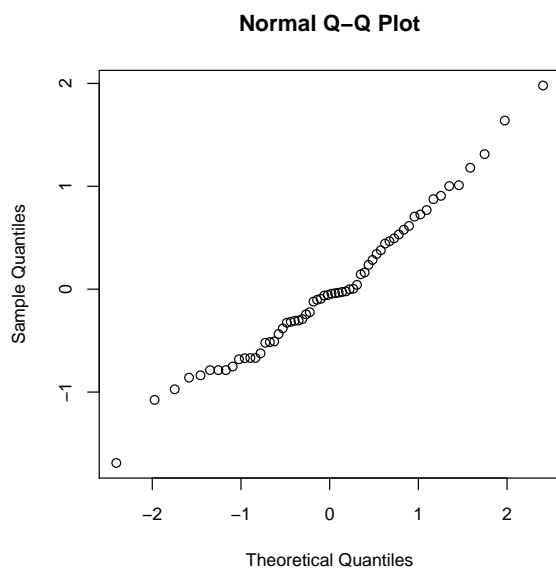
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.7052 on 60 degrees of freedom

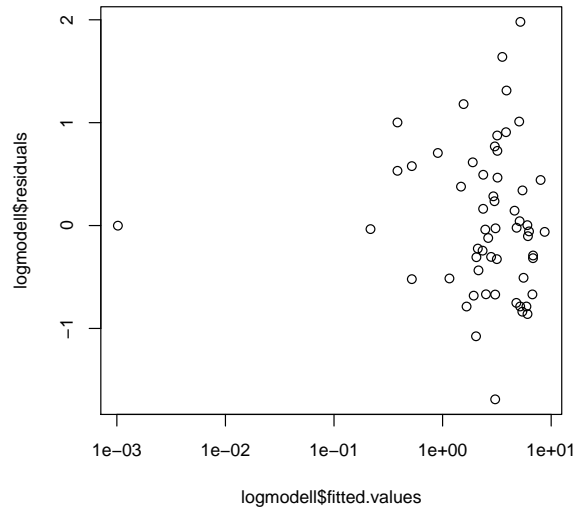
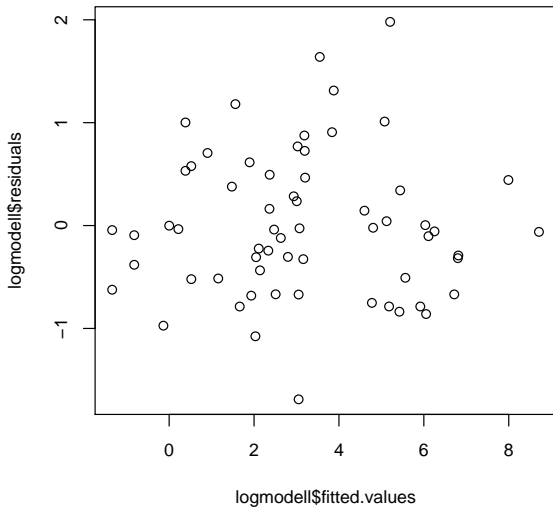
Multiple R-squared: 0.9183, Adjusted R-squared: 0.9169

F-statistic: 674.3 on 1 and 60 DF, p-value: < 2.2e-16

```
qqnorm(modell$residuals)
```

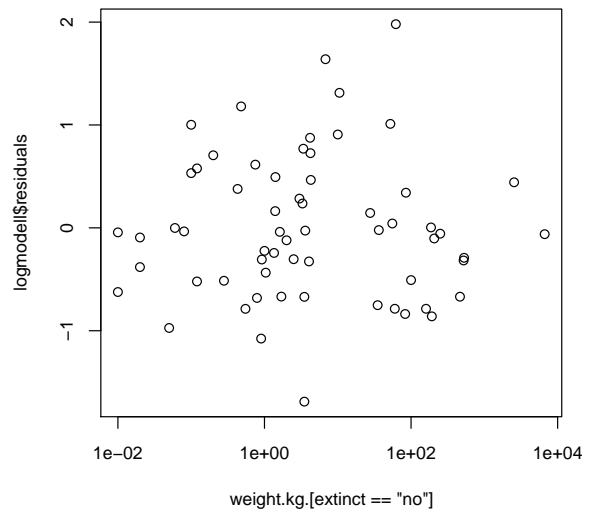
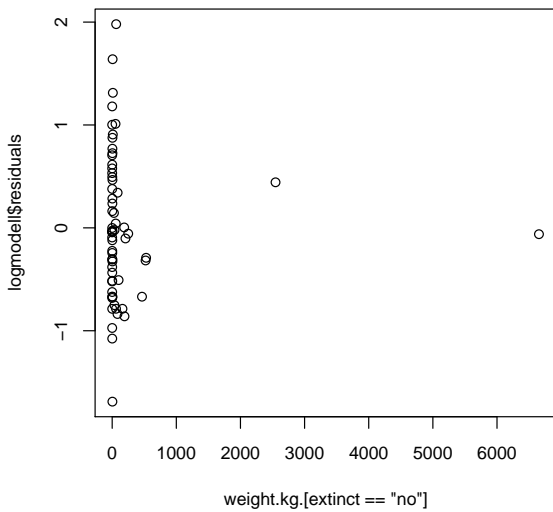


```
plot(logmodell$fitted.values,logmodell$residuals) plot(logmodell$fitted.values,logmodell$residuals,1
```



)

```
plot(weight.kg.[extinct=='no'],logmodell$residuals) plot(weight.kg.[extinct=='no'],logmodell$residuals)
```



)

### 3.2 Beispiel: Mortalität und Einwohnerzahl

Daten: Für 301 US-amerikanische Landkreise (Counties) die Anzahl weißer Einwohnerinnen von 1960 und die Anzahl der Brustkrebstoten aus dieser Gruppe zwischen 1950 und 1960. (Aus Rice (2007) Mathematical Statistics and Data Analysis.)

```
> canc
  deaths inhabitants
1      1         445
2      0         559
3      3         677
```

4	4	681
5	3	746
6	4	869
.	.	.
.	.	.
.	.	.
300	248	74005
301	360	88456

Fragestellung: Ist die durchschnittliche Anzahl an Todesopfer proportional zur Einwohnerzahl, d.h.

$$\mathbb{E}deaths = b \cdot inhabitants$$

oder hängt das Krebsrisiko von der Größe des Bezirks ab (evtl. wegen Urbanität), so dass ein anderes Modell besser passt? z.B.

$$\mathbb{E}deaths = a + b \cdot inhabitants$$

mit  $a \neq 0$ .

```
> modell <- lm(deaths~inhabitants,data=canc)
> summary(modell)
Call:
lm(formula = deaths ~ inhabitants, data = canc)
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-66.0215  -4.1279   0.6769   5.2357  87.2989
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -5.261e-01  9.692e-01  -0.543   0.588
inhabitants  3.578e-03  5.446e-05  65.686  <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 *** 0.001 ** 0.01 * 0.05 . 0.1 1
Residual standard error: 13 on 299 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9352, Adjusted R-squared:  0.935
F-statistic: 4315 on 1 and 299 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

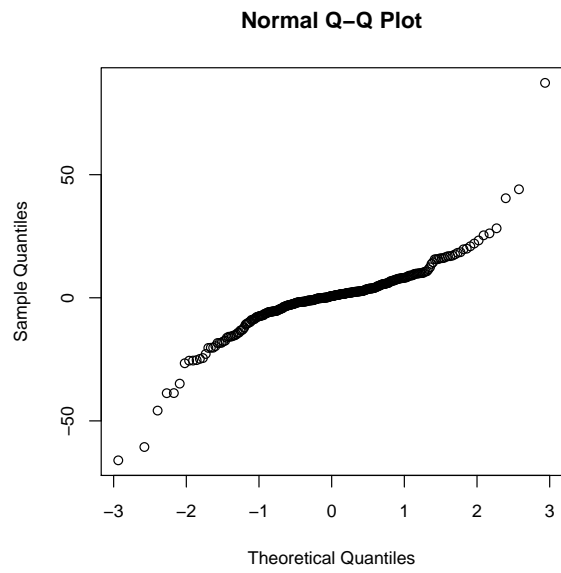
Die additive Konstante (“Achsenabschnitt”) wird auf -0.526 geschätzt, ist aber nicht signifikant von 0 verschieden.

Man kann also nicht die Nullhypothese verwerfen, dass das Krebsrisiko von der Größe des Bezirks unabhängig ist.

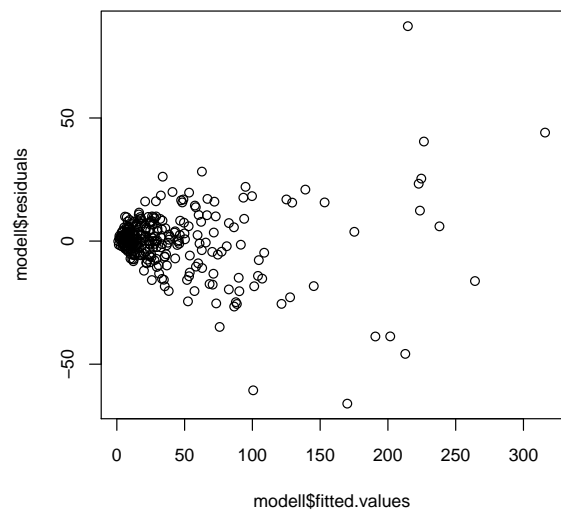
Aber passt das Modell eigentlich?

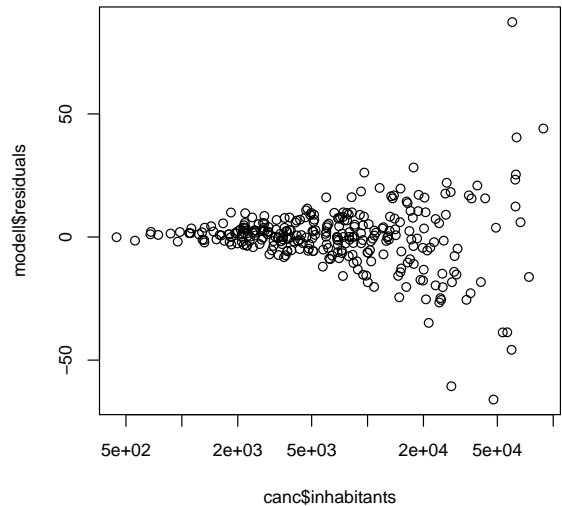
```
qqnorm(modell$residuals)
```





```
plot(modell$fitted.values,modell$residuals) plot(modell$fitted.values,modell$residuals,log='x')
```





```
plot(canc$inhabitants,modell$residuals,log='x')
```

Wir sehen, dass die Varianz der Residuen von den angepassten Werten bzw. der Einwohnerzahl abhängt. Man sagt, es liegt *Heteroskedastizität* vor.

Das Modell geht aber von *Homoskedastizität* aus, d.h. die Residuenvarianz soll von den erklärenden Merkmalen (der Einwohnerzahl) und den angepassten Werten (annähernd) unabhängig sein.

**Varianzstabilisierende Transformation:** Wie können wir die Einwohnerzahl und die Anzahl der Todesfälle umskalieren, um Homoskedastizität zu erreichen?

Woher kommt die Abhängigkeit der Varianz von der Einwohnerzahl?

Ist  $n$  die Anzahl der (weißen) Einwohnerinnen und  $p$  die Wahrscheinlichkeit, innerhalb von 10 Jahren an Brustkrebs zu sterben, so ist  $np$  die erwartete Anzahl solcher Todesfälle, und die Varianz ist

$$n \cdot p \cdot (1 - p) \approx n \cdot p$$

(Approximation der Binomial- durch die Poissonverteilung bietet sich an). Die Standardabweichung ist also  $\sqrt{n \cdot p}$ .

In einem solchen Fall kann man die Varianz annähernd stabilisieren, indem man sowohl das erklärende Merkmal als auch die Zielgröße durch Wurzelziehen stabilisiert.

Für alle, die es etwas genauer wissen wollen:

$$\begin{aligned} \sqrt{y} &= b \cdot \sqrt{x} + \varepsilon \\ \Rightarrow y &= (b \cdot \sqrt{x} + \varepsilon)^2 \\ &= b^2 \cdot x + 2 \cdot b \cdot \sqrt{x} \cdot \varepsilon + \varepsilon^2 \end{aligned}$$

Die Standardabweichung ist hier nicht genau proportional zu  $\sqrt{x}$ , aber zumindest hat der Teil  $2 \cdot b \cdot \sqrt{x} \cdot \varepsilon$  hat eine zu  $\sqrt{x}$  proportionale Standardabweichung, nämlich  $2 \cdot b \cdot \sqrt{x} \cdot \sigma$ . Der Term  $\varepsilon^2$  ist hingegen das  $\sigma^2$ -fache einer  $\chi_1^2$ -verteilten Zufallsvariablen und hat Standardabweichung  $\sigma^2 \cdot \sqrt{2}$ . Zumindest wenn  $\sigma$  sehr klein ist im Vergleich zu  $b \cdot \sqrt{x}$ , gilt also die Approximation

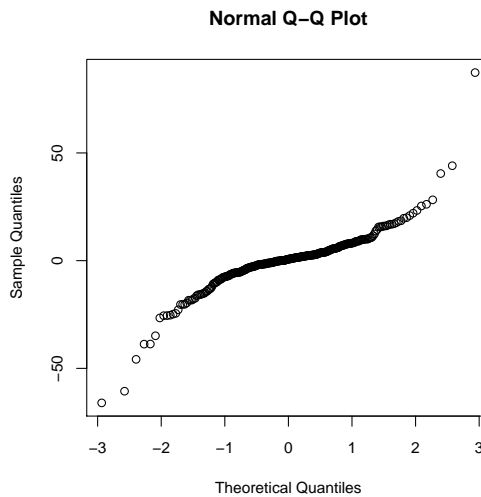
$$y \approx b^2 \cdot x + 2 \cdot b \cdot \sqrt{x} \cdot \varepsilon$$

und die Standardabweichung von  $y$  ist ungefähr proportional zu  $\sqrt{x}$ .

```

> modellsq <- lm(sqrt(deaths)~sqrt(inhabitants),data=canc)
> summary(modellsq)
Call:
lm(formula = sqrt(deaths) ~ sqrt(inhabitants), data = canc)
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.55639 -0.51900  0.06204  0.54277  2.99434
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.0664320  0.0974338   0.682   0.496
sqrt(inhabitants) 0.0583722  0.0009171  63.651 <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 0.8217 on 299 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9313, Adjusted R-squared:  0.931
F-statistic: 4051 on 1 and 299 DF,  p-value: < 2.2e-16

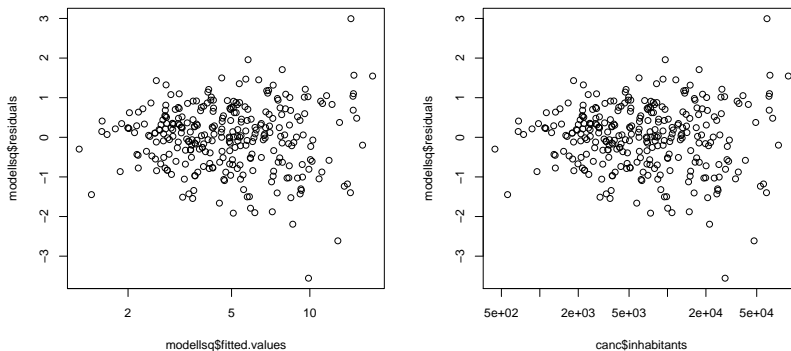
```



```

qqnorm(modell$residuals)
plot(modellsq$fitted.values,modellsq$residuals,log='x') plot(canc$inhabitants,modellsq$residuals,log

```



Der QQ-Plot mit der Normalverteilung sieht nicht perfekt aus, aber immerhin ist die Varianz stabilisiert. Das Ergebnis bleibt aber dasselbe: Der “Intercept” ist nicht signifikant von 0 verschieden. Also kann der erwartete Wert von  $\sqrt{y}$  proportional zu  $\sqrt{x}$  sein, was bedeutet, dass auch der erwartete Wert von  $y$  ungefähr (!) proportional zu  $x$  ist. Also gibt es nach wie vor keinen deutlichen Hinweis auf eine Abhängigkeit zwischen

der Einwohnerzahl und der Todesrate.

**Schlusswort**

Manchmal ist die Suche nach einer geeigneten varianzstabilisierenden Transformation mit viel Herumprobieren verbunden. In vielen Fällen passt die log-Transformation einigermaßen gut.