都说K折交叉验证最常见，你会做吗？

作者：王晓晓，赵一鸣 来源：临床流行病学和循证医学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/statistics/1782.html

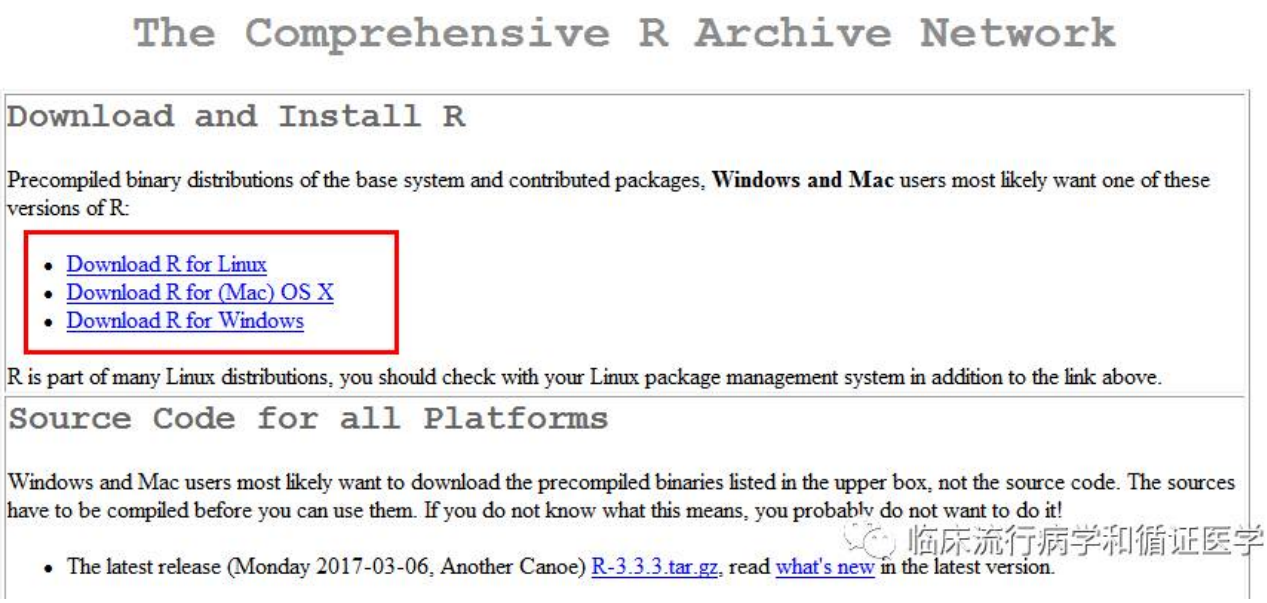
在临床研究领域，大家特别希望能够未仆先知，于是临床研究者尝试去建立各种预测模型。比如，凭借孕妇的信息预测低出生体重儿的结局。怎么建立预测模型呢?常见的做法是这样的：以低出生体重儿为因变量，以相关的孕妇信息作为自变量，建立logistic回归模型。

有了模型，一般还需要验证模型的可靠性稳定性。小编比较推荐外部验证，也就是说“ 用现有的数据建立模型，再收集一部分病例进行模型的验证 ”。其中，K折交叉验证比较常见。K折交叉验证，就是将数据随机、平均分为K份，其中(K-1)份用来建立模型，在剩下的一份数据中进行验证。比如，常见的10折交叉验证，“ 将数据随机、平均分为10份，其中9份用来建模，另外1份用来验证，这样依次做10次模型和验证，可得到相对稳定的模型。

说的这么热闹，怎么实现呢?SPSS可以吗?SPSS目前只是在某些模块(如决策树、判别分析)设置了交叉验证的选项，而在我们常用的线性回归、logistic回归却是没有的。小编觉得大家可以利用R软件完成交叉验证。

即使大家之前从未接触过R软件，也不难。下载、安装、运行R软件后，将小编接下来要说的程序粘贴到R控制台，改动几个参数即可。

首先，咱们需要有R软件。选择下列任意一个网站，即可链接到R下载页面。选择合适的版本，默认安装即可。



https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/CRAN/

http://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/CRAN/

https://mirrors.ustc.edu.cn/CRAN/

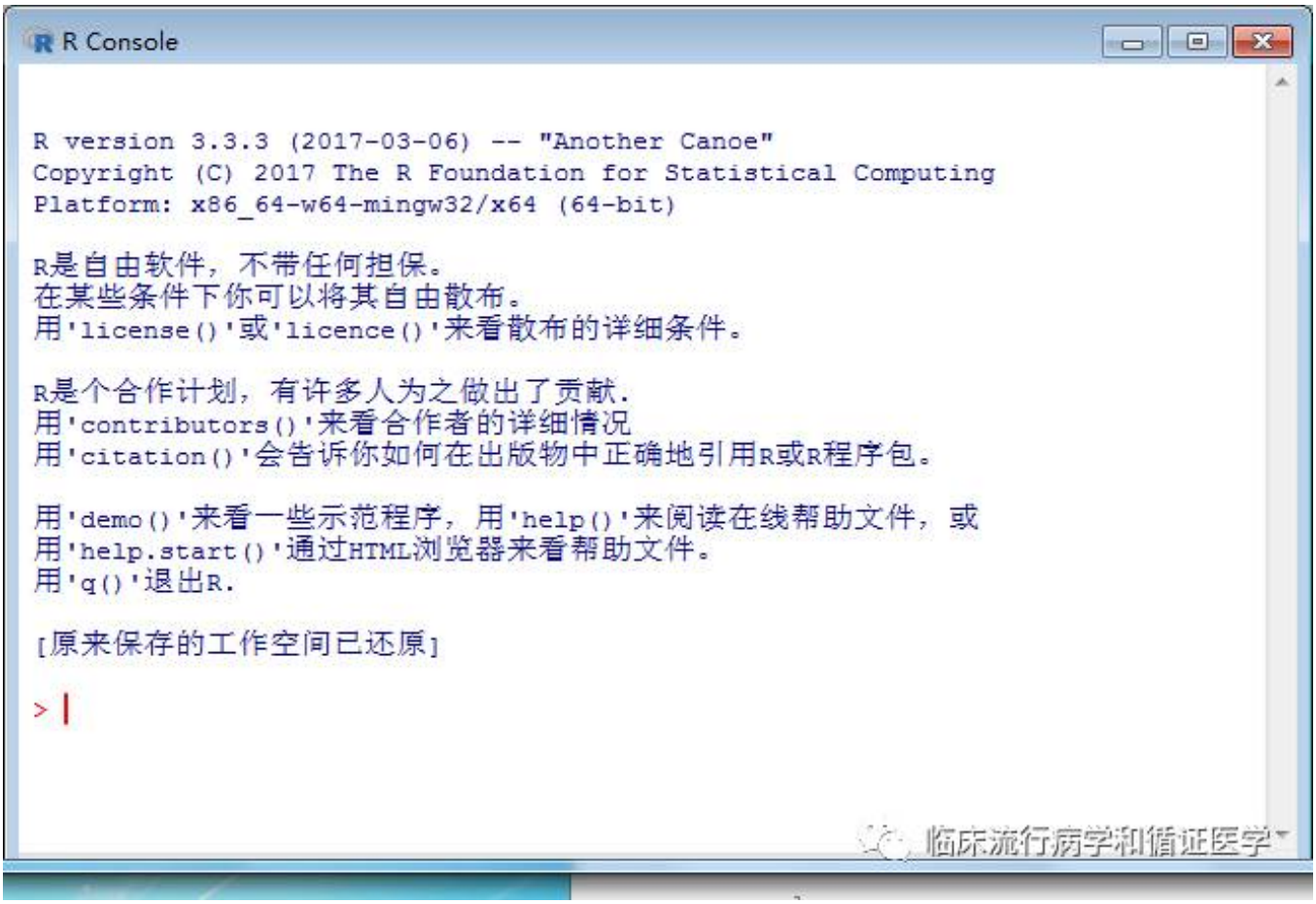
http://mirrors.ustc.edu.cn/CRAN/

https://mirror.lzu.edu.cn/CRAN/

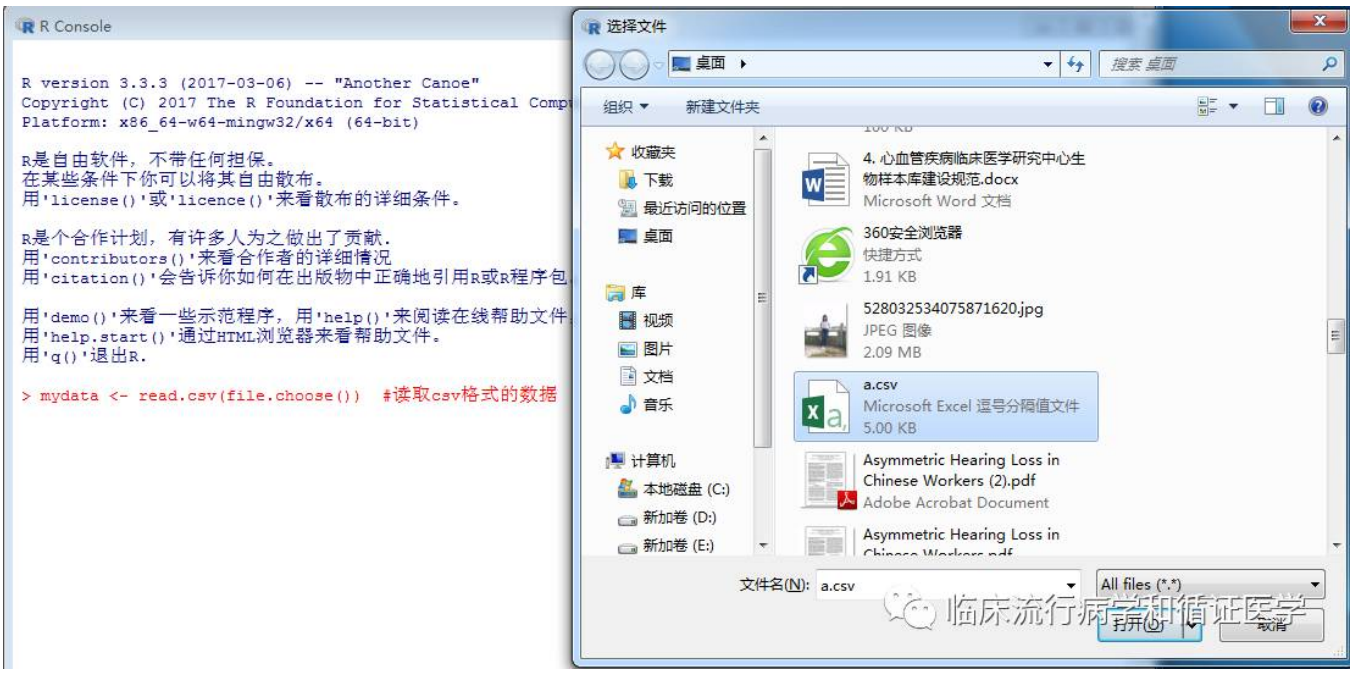
http://mirror.lzu.edu.cn/CRAN/

http://mirrors.xmu.edu.cn/CRAN/

打开R是这个样子的，接下来，就是小编的程序了。



一、首先，将原始数据另存为csv格式，通过mydata<- read.csv(file.choose())
读取数据，按下enter键，弹出选择数据的对话框，找到数据所在的位置，选择要分析的数据。



读入数据后，可通过head(mydata)查看数据前六行。

二、为了分析方便，可以将数据锁定，attach(mydata)，锁定数据后可通过变量名直接引用变量。

三、因交叉验证所用的函数cv.glm在boot包里，需要下载boot包，可通过install.packages("boot"),

选择国内的镜像网进行下载。

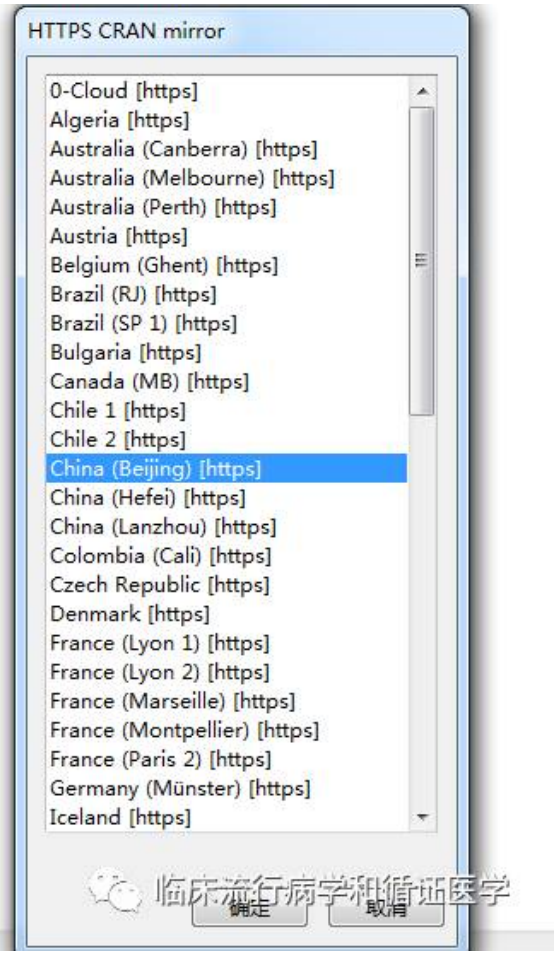
```
> mydata <- read.csv(file.choose())
> head(mydata)
  low age lwt race smoke ptl ht ui ftv  bwt
1   0  19 182    2     0   0  0  1   0 2523
2   0  33 155    3     0   0  0  0   3 2551
3   0  20 105    1     1   0  0  0   1 2557
4   0  21 108    1     1   0  0  1   2 2594
5   0  18 107    1     1   0  0  1   0 2600
6   0  21 124    3     0   0  0  0   0 2622
> attach(mydata)
The following objects are masked from mydata (pos = 3):

    age, bwt, ftv, ht, low, lwt, ptl, race, smoke, ui

The following objects are masked from mydata (pos = 4):

    age, bwt, ftv, ht, low, lwt, ptl, race, smoke, ui

> install.packages(boot)
Error in install.packages(boot) : 找不到对象'boot'
> install.packages("boot")
--- 在此連線階段时请选用CRAN的鏡子 ---
```



四、下载后，每次均需要加载boot包，library(boot)。

五、通过glm函数拟合logistic回归，log.fit<-glm(low~lwt+ptl+ht,family=binomial)。因变量为low，自变量为lwt、ptl、ht，通过family=binomia限定为logistic回归，直接键入log.fit可查看logistic回归的结果。(如果是线性回归，直接采用lm.fit <-glm(y~x1+x2+x3))

六、交叉验证时，cost默认为均方差，即(y-y预测)的平方和。所以在logistic回归模型的验证时，需要重新定义cost，意义为错判率。cost <-function(r, pi = 0)mean(abs(r-pi) > 0.5)

然后利用(cv.err<- cv.glm(mydata, log.fit, cost, K =10)$delta)求得平均错判率，这里会给出两个数值，后一个是经过校正后的错判率，因为研究者认为K者交叉验证和最初的留一验证是有偏的，结果提示平均错判率30%左右。

但是，为什么每次结果都不一样呢?因为，咱们是随机分成K份，cv.glm不允许用户自定义种子数，故导致每次结果略有不同。另一个安装包cvTools是可以允许用户自定义种子数，感兴趣的可以看看。文末的程序大家只需要改一改蓝色标注的，即可复制到R控制台，如运行中遇到问题，欢迎大家留言讨论。

logistic回归的交叉验证

```
mydata<- read.csv(file.choose())#弹出对话框，选择要分析的数据

attach(mydata)#锁定数据

install.packages("boot")#安装boot包

library(boot)#加载boot包

log.fit<-glm(low~lwt+ptl+ht,family=binomial)#拟合logistic回归模型

cost<- function(r, pi = 0) mean(abs(r-pi) > 0.5)#定义cost函数，计算错判率
```

(cv.err <- cv.glm(mydata, log.fit, cost, K =10)$delta)#交叉验证，计算平均错判率

线性回归的交叉验证

mydata<- read.csv(file.choose())#弹出对话框，选择要分析的数据

attach(mydata)#锁定数据

install.packages("boot")#安装boot包

library(boot)#加载boot包

lm.fit<-glm(low~lwt+ptl+ht)#拟合线性回归模型

(cv.err <- cv.glm(mydata, lm.fit, cost, K =10)$delta)#交叉验证，计算均方差