
R语言:回归模型置信带的绘制

作者：朱雷，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/6140.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

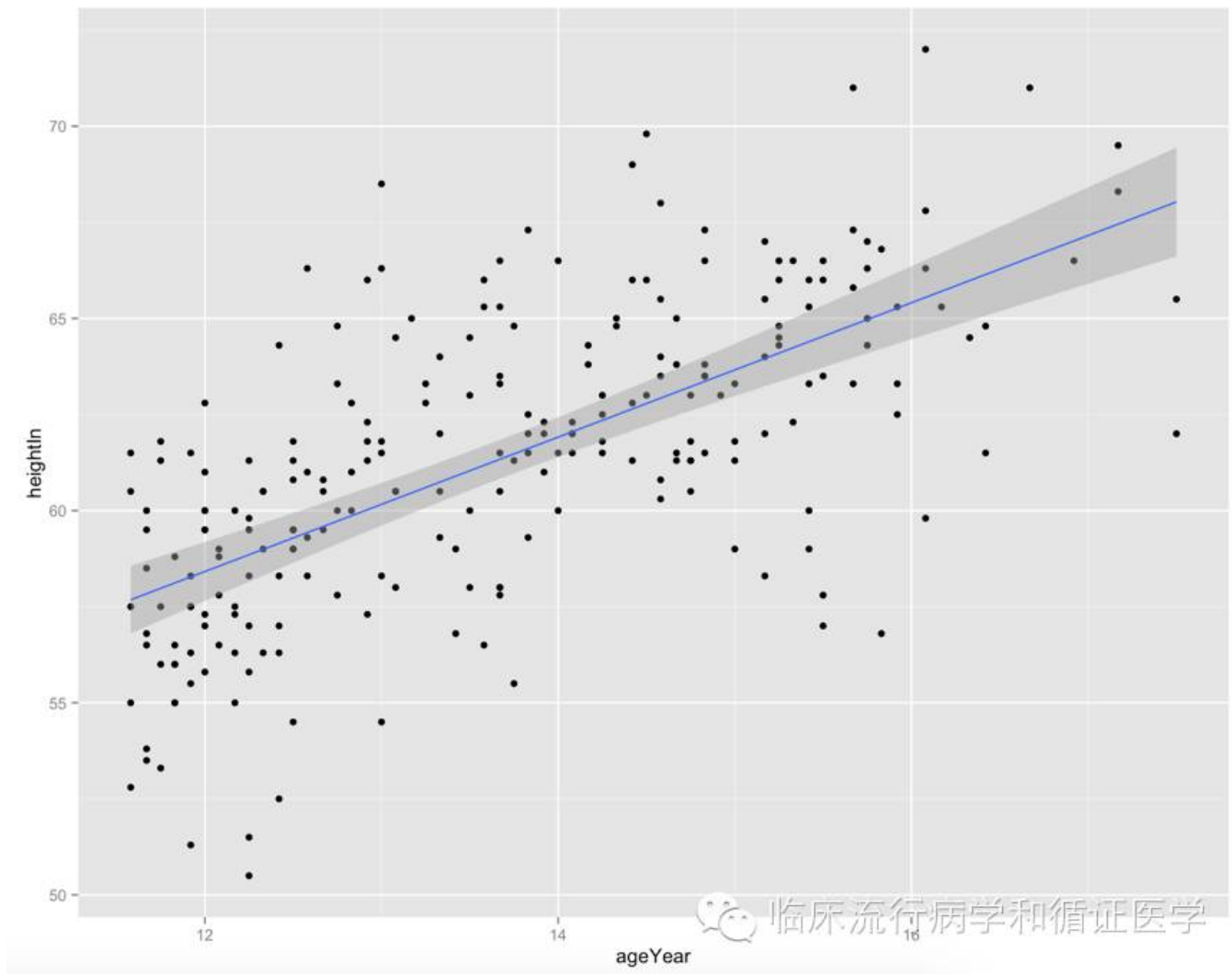
R语言:回归模型置信带的绘制

。我们常常能够在书籍或者论文中看到有置信带的回归曲线，非常直观、漂亮。那这种图如何绘制呢?下面就简单介绍下使用R语言绘制置信带，因为R语言绘制置信带十分简单、便利。置信带的意义是：在满足线性回归的假设条件下，可以认为真实的回归方程落在置信带的概率是95%或者99%(=0.05或者0.01)。下面介绍几个常见的回归模型的置信带的绘制方法，如有需要可以参考以下绘制方法。

1. 线性回归添加回归模型的置信带。

```
library(MASS) #加载演示中所需的数据集
biopsy$classn[biopsy$class=='benign'] <- 0
biopsy$classn[biopsy$class=='malignant'] <- 1

# 根据公示获取预测值
ggplot(biopsy, aes(x=V1, y=classn))
+geom_point(position=position_jitter(width=0.3, height=0.05), alpha=0.4)
+stat_smooth(method=glm, family=binomial)
```

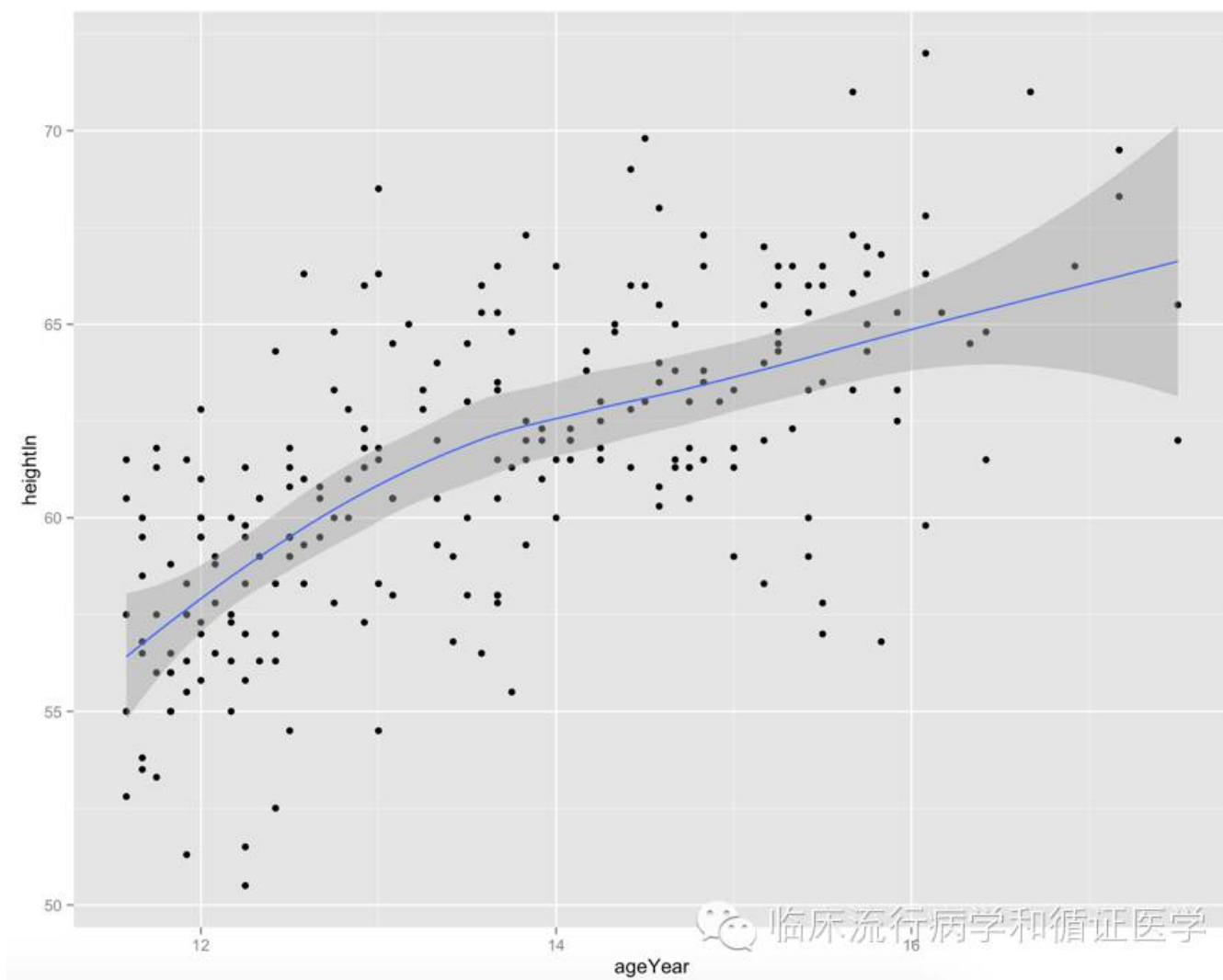


2. 局部多项式回归拟合。

很多情况下，自变量与因变量的关系不一定是线性关系，此时采用曲线回归的形式，其中一种就是局部回归的方式。如何添加置信带呢?So easy!

```
sp + geom_point()+stat_smooth(method=loess, level=0.99)
```

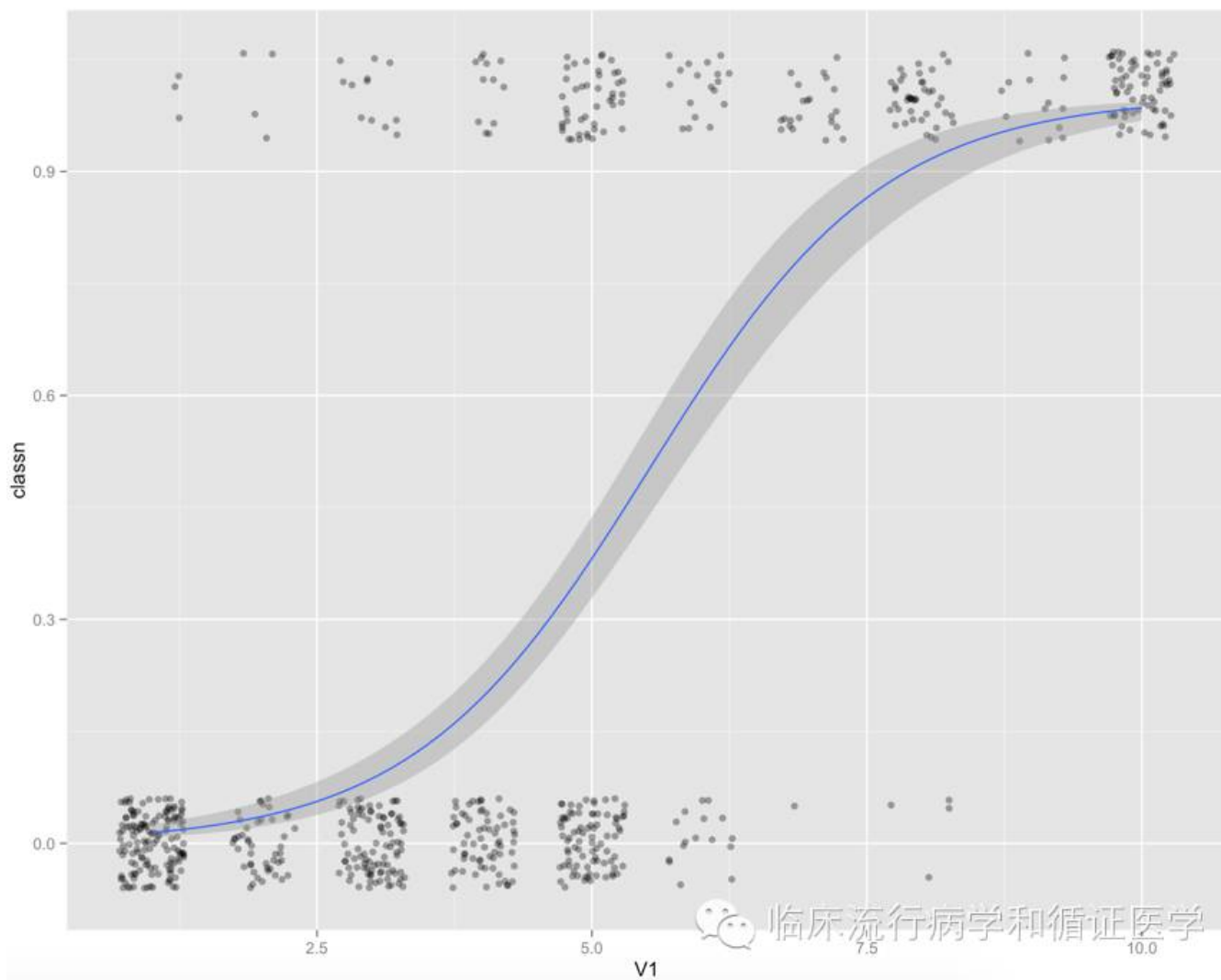
只要将method改成loess即可。



3. 逻辑回归置信带的添加

```
library(MASS) #加载演示中所需的数据集
biopsy$classn[biopsy$class=='benign'] <- 0
biopsy$classn[biopsy$class=='malignant'] <- 1

# 根据公示获取预测值
ggplot(biopsy, aes(x=V1, y=classn))
+geom_point(position=position_jitter(width=0.3, height=0.05), alpha=0.4)
+stat_smooth(method=glm, family=binomial)
```



可能对于临床医生来说，学习R语言时间成本太高，如果有需要可以咨询相关人员。

更多 统计方法 请访问 <https://www.iikx.com/news/statistics/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发