Momento de Retroalimentación (Portafolio Implementación) Construcción de un modelo estadístico base

Inteligencia Artificial Avanzada para la Ciencia de Datos Módulo 1: Estadística para la Ciencia de Datos

Jorge Chávez Badillo A01749448 Grupo 101

2022-09-18

Contaminación por Mercurio

Resumen

En este momento de retroalimentación de implementación fue necesario implementar diferentes modelos estadísticos para tratar el problema de contaminción de mercurio en lagos, ya que este es un tema sumamente importante, pues además de afectar la vida de los peces, también puede llegar a afectar de una forma fuerte la salud de los seres humanos si se consume un pescado contaminado por mercurio, por esta razón, fue necesario hacer un entendimiento de datos riguroso para poder decidir de qué manera implementar los modelos y que así se llegara a una conclusión sobre qué factores son los que tienen mayor efeto en la contaminación de los lagos. En este trabajo se implementó la regresión lineal múltiple y se encontró que los factores con mayor efecto en la media de concentración de mercurio son la alcalinidad, el calcio y la clorofila y para el ANOVA, se encontró que la edad de los peces no tiene efecto en la media de concentración de mercurio, sin embargo, la variable que muestra si la media se pasa o no del valor permitido si tiene un mayor efecto en la media de merurio.

Introducción

Descripción del Problema

La contaminación por mercurio de peces en el agua dulce comestibles es una amenaza directa contra nuestra salud. Se llevó a cabo un estudio reciente en 53 lagos de Florida con el fin de examinar los factores que influían en el nivel de contaminación por mercurio. Las variables que se midieron se encuentran en mercurio.csv Descargar mercurio.csv y su descripción es la siguiente:

- *X1* = número de indentificación
- *X2* = nombre del lago
- *X3* = alcalinidad (mg/l de carbonato de calcio)
- *X4* = PH
- *X5* = calcio (mg/l)
- *X6* = clorofila (mg/l)
- *X7* = concentración media de mercurio (parte por millón) en el tejido muscualar del grupo de peces estudiados en cada lago
- *X8* = número de peces estudiados en el lago
- *X9* = mínimo de la concentración de mercurio en cada grupo de peces

- *X10* = máximo de la concentración de mercurio en cada grupo de peces
- *X11* = estimación (mediante regresión) de la concentración de mercurio en el pez de 3 años (o promedio de mercurio cuando la edad no está disponible)
- *X12* = indicador de la edad de los peces (0: jóvenes; 1: maduros)

Alrededor de la principal pregunta de investigación que surge en este estudio: ¿Cuáles son los principales factores que influyen en el nivel de contaminación por mercurio en los peces de los lagos de Florida? pueden surgir preguntas paralelas que desglosan esta pregunta general:

1. ¿Hay evidencia para suponer que la concentración promedio de mercurio en los lagos es dañino para la salud humana? Considera que las normativas de referencia para evaluar los niveles máximos de Hg (Reglamento 34687-MAG y los reglamentos internacionales CE 1881/2006 y Codex Standard 193-1995) establecen que la concentración promedio de mercurio en productos de la pesca no debe superar los 0.5 mg de Hg/kg.
2. ¿Habrá diferencia significativa entre la concentración de mercurio por la edad de los peces?
3. Si el muestreo se realizó lanzando una red y analizando los peces que la red encontraba ¿Habrá influencia del número de peces encontrados en la concentración de mercurio en los peces?
4. ¿Las concentraciones de alcalinidad, clorofila, calcio en el agua del lago influyen en la concentración de mercurio de los peces?

Es muy importante el poder analizar estos datos, pues de alguna manera nos permite conocer y entender el comportamiento de la contaminación de lagos por mercurio, lo que en algún futuro puede ser de ayuda para evitar o disminuir esta problemática, pues esta tiene un nivel daño bastante elevado pues es posible tener consecuencias negativas en la salud de los peces y la de los seres humanos.

Exploración de la Base de Datos

Lectura de Datos

```
db_mercurio = read.csv("mercurio.csv")
n_variables = length(db_mercurio)
n_rows = nrow(db_mercurio)

sprintf("Número de Variables: %s", n_variables)
```

```
## [1] "Número de Variables: 12"
```

```
sprintf("Número de Registros: %s", n_rows)
```

```
## [1] "Número de Registros: 53"
```

Cálculo de Medidas Estadísticas y Visualización de los Datos

Variables Cuantitativas

```r
getmode <- function(v) {
  uniqv <- unique(v)
  uniqv[which.max(tabulate(match(v, uniqv)))]
}

db_mercurio_num = db_mercurio[3:12]
n = length(db_mercurio_num) # número de variables
d = matrix(NA, ncol = 9, nrow = n)
for(i in 1:n) {
  d[i, ] <- c(as.numeric(summary(db_mercurio_num[, i])), sd(db_mercurio_num[, i]), var(db_mercurio_num[
}
m = as.data.frame(d)
row.names(m) = c("X3", "X4", "X5", "X6", "X7", "X8", "X9", "X10", "X11", "X12")
names(m) = c("Mínimo", "Q1", "Mediana", "Media", "Q3", "Máximo", "Desv Est", "Varianza", "Moda")
m
```

Medidas de Tendencia Central y de Dispersión

```
##     Mínimo    Q1 Mediana      Media    Q3 Máximo   Desv Est     Varianza  Moda
## X3    1.20  6.60   19.60 37.5301887 66.50 128.00 38.2035267 1.459509e+03 25.40
## X4    3.60  5.80    6.80  6.5905660  7.40   9.10  1.2884493 1.660102e+00  6.90
## X5    1.10  3.30   12.60 22.2018868 35.60  90.70 24.9325744 6.216333e+02  3.00
## X6    0.70  4.60   12.80 23.1169811 24.70 152.40 30.8163214 9.496457e+02  3.20
## X7    0.04  0.27    0.48  0.5271698  0.77   1.33  0.3410356 1.163053e-01  0.34
## X8    4.00 10.00   12.00 13.0566038 12.00  44.00  8.5606773 7.328520e+01 12.00
## X9    0.04  0.09    0.25  0.2798113  0.33   0.92  0.2264058 5.125958e-02  0.04
## X10   0.06  0.48    0.84  0.8745283  1.33   2.04  0.5220469 2.725329e-01  1.90
## X11   0.04  0.25    0.45  0.5132075  0.70   1.53  0.3387294 1.147376e-01  0.16
## X12   0.00  1.00    1.00  0.8113208  1.00   1.00  0.3949977 1.560232e-01  1.00
```

Al hacer el cáculo de los datos estadísticos, es posible tener un mayor entendimiento de la información para facilitar la elección de las variables que serán utilizadas, además de elegir cuáles herramientas estadísticas serán implementadas para la solución del problema.

Medidas de Posición Boxplot y Valores Atípicos

```r
x3 = db_mercurio_num$X3
x4 = db_mercurio_num$X4
x5 = db_mercurio_num$X5
x6 = db_mercurio_num$X6
x7 = db_mercurio_num$X7
x8 = db_mercurio_num$X8
x9 = db_mercurio_num$X9
x10 = db_mercurio_num$X10
x11 = db_mercurio_num$X11

# Cuartiles Para x3
q1_3 = quantile(x3, 0.25)
q3_3 = quantile(x3, 0.75)
rc_3 = q3_3 - q1_3 # Rango intercuartílico
y2_3 = q3_3 + 1.5 * rc_3
```

```r
# IQR(x3)

# Cuartiles Para x4
q1_4 = quantile(x4, 0.25)
q3_4 = quantile(x4, 0.75)
rc_4 = q3_4 - q1_4 # Rango intercuartílico
y2_4 = q3_4 + 1.5 * rc_4
# IQR(x3)

# Cuartiles Para x5
q1_5 = quantile(x5, 0.25)
q3_5 = quantile(x5, 0.75)
rc_5 = q3_5 - q1_5 # Rango intercuartílico
y2_5 = q3_5 + 1.5 * rc_5
# IQR(x5)

# Cuartiles Para x6
q1_6 = quantile(x6, 0.25)
q3_6 = quantile(x6, 0.75)
rc_6 = q3_6 - q1_6 # Rango intercuartílico
y2_6 = q3_6 + 1.5 * rc_6
# IQR(x6)

# Cuartiles Para x7
q1_7 = quantile(x7, 0.25)
q3_7 = quantile(x7, 0.75)
rc_7 = q3_7 - q1_7 # Rango intercuartílico
y2_7 = q3_7 + 1.5 * rc_7
# IQR(x7)

# Cuartiles Para x8
q1_8 = quantile(x8, 0.25)
q3_8 = quantile(x8, 0.75)
rc_8 = q3_8 - q1_8 # Rango intercuartílico
y2_8 = q3_8 + 1.5 * rc_8
# IQR(x8)

# Cuartiles Para x9
q1_9 = quantile(x9, 0.25)
q3_9 = quantile(x9, 0.75)
rc_9 = q3_9 - q1_9 # Rango intercuartílico
y2_9 = q3_9 + 1.5 * rc_9
# IQR(x9)

# Cuartiles Para x10
q1_10 = quantile(x10, 0.25)
q3_10 = quantile(x10, 0.75)
rc_10 = q3_10 - q1_10 # Rango intercuartílico
y2_10 = q3_10 + 1.5 * rc_10
# IQR(x10)

# Cuartiles Para x11
q1_11 = quantile(x11, 0.25)
```

```r
q3_11 = quantile(x11, 0.75)
rc_11 = q3_11 - q1_11 # Rango intercuartílico
y2_11 = q3_11 + 1.5 * rc_11
# IQR(x11)

par(mfrow = c(3, 3))

boxplot(x3, main = "Boxplot Alcalinidad", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_3))
abline(v = y2_3, col="red")
X_3 = db_mercurio_num[x3 < y2_3, c("X3")]
print("Summary x3")
```

```
## [1] "Summary x3"
```

```r
summary(X_3)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##    1.20    6.60   19.60   37.53   66.50  128.00
```

```r
boxplot(x4, main = "Boxplot PH", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_4))
abline(v = y2_4, col="red")
X_4 = db_mercurio_num[x4 < y2_4, c("X4")]
print("Summary x4")
```

```
## [1] "Summary x4"
```

```r
summary(X_4)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   3.600   5.800   6.800   6.591   7.400   9.100
```

```r
boxplot(x5, main = "Boxplot Calcio", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_5))
abline(v = y2_5, col="red")
X_5 = db_mercurio_num[x5 < y2_5, c("X5")]
print("Summary x5")
```

```
## [1] "Summary x5"
```

```r
summary(X_4)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   3.600   5.800   6.800   6.591   7.400   9.100
```

```r
boxplot(x6, main = "Boxplot Clorofila", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_6))
abline(v = y2_6, col="red")
X_6 = db_mercurio_num[x6 < y2_6, c("X6")]
print("Summary x6")
```

```
## [1] "Summary x6"
```

```
summary(X_6)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##    0.70    3.75    9.60   13.76   20.55   45.20
```

```
boxplot(x7, main = "Boxplot Media Mercurio", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_7))
abline(v = y2_7, col="red")
X_7 = db_mercurio_num[x7 < y2_7, c("X7")]
print("Summary x7")
```

```
## [1] "Summary x7"
```

```
summary(X_7)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##  0.0400  0.2700  0.4800  0.5272  0.7700  1.3300
```

```
boxplot(x8, main = "Boxplot # de Peces", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_8))
abline(v = y2_8, col="red")
X_8 = db_mercurio_num[x8 < y2_8, c("X8")]
print("Summary x8")
```

```
## [1] "Summary x8"
```

```
summary(X_8)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##    4.00   10.00   12.00   10.52   12.00   14.00
```

```
boxplot(x9, main = "Boxplot Mínimo Mercurio", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_9))
abline(v = y2_9, col="red")
X_9 = db_mercurio_num[x9 < y2_9, c("X9")]
print("Summary x9")
```

```
## [1] "Summary x9"
```

```
summary(X_9)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##  0.0400  0.0825  0.2400  0.2454  0.3175  0.6900
```

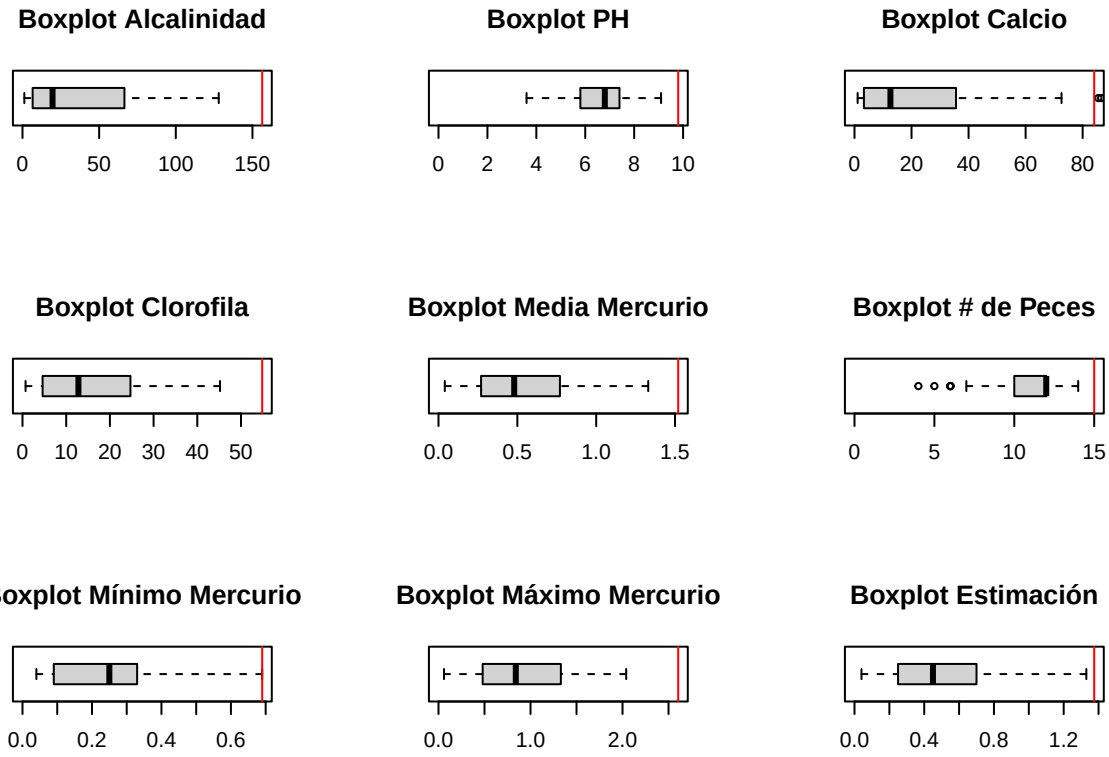
```
boxplot(x10, main = "Boxplot Máximo Mercurio", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_10))
abline(v = y2_10, col="red")
X_10 = db_mercurio_num[x10 < y2_10, c("X10")]
print("Summary x10")
```

```
## [1] "Summary x10"
```

```
summary(X_10)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##  0.0600  0.4800  0.8400  0.8745  1.3300  2.0400
```

```
boxplot(x11, main = "Boxplot Estimación", horizontal = TRUE, ylim = c(0, y2_11))
abline(v = y2_11, col="red")
```




```
X_11 = db_mercurio_num[x11 < y2_11, c("X11")]
print("Summary x11")
```

```
## [1] "Summary x11"
```

```
summary(X_11)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##  0.0400  0.2500  0.4500  0.4937  0.6775  1.3300
```

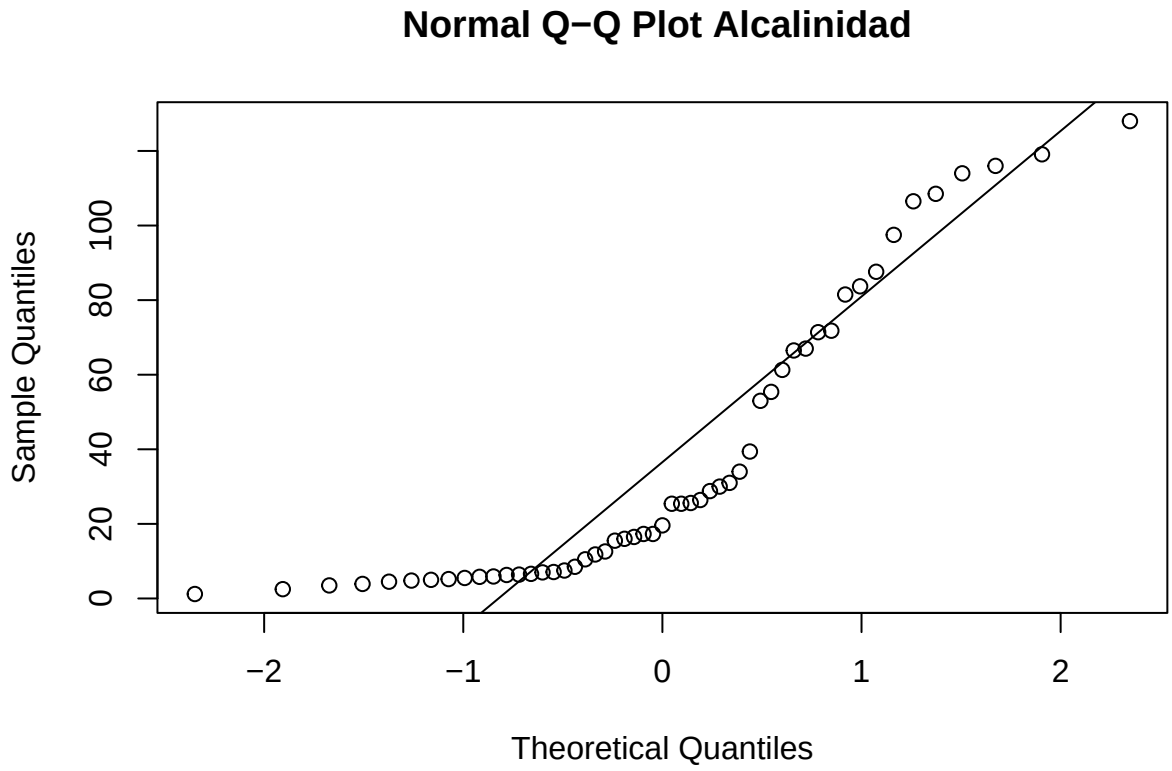
Como se puede observar en los boxblots anteriores, tenemos cada una de las variables numéricas representadas de esta forma para poder tener un mayor entendimiento de su comportamiento.

Con estos gráficos es posible obtener información sobre la forma general de la curva, es decir características como la simetría, la curtosis, la mediana, distribución de los datos hacia ambos lados de los valores centrales así como también la presencia de datos atípicos.

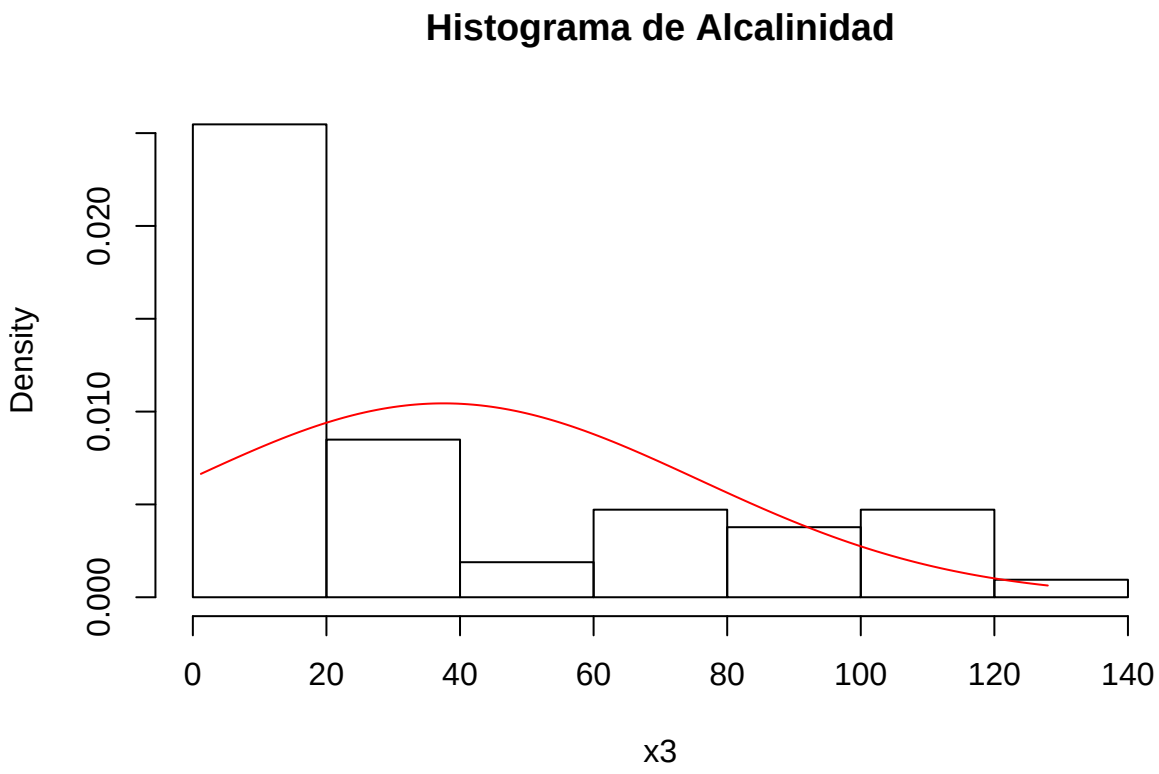
Es importante mencionar que los boxplots de las variables del número de peces y el calcio presentan algunos datos atípicos ya que los cálculos no exceden los valores del rango, al observar la gráfica se puede concluir que estos no tienen un gran efecto los cálculos posteriores pues no son una cantidad que represente un riesgo.

Distribución de los Datos Q-Q Plot e Histogramas

```
# x3
# QQplot
qqnorm(x3, main = "Normal Q-Q Plot Alcalinidad ")
qqline(x3)
```

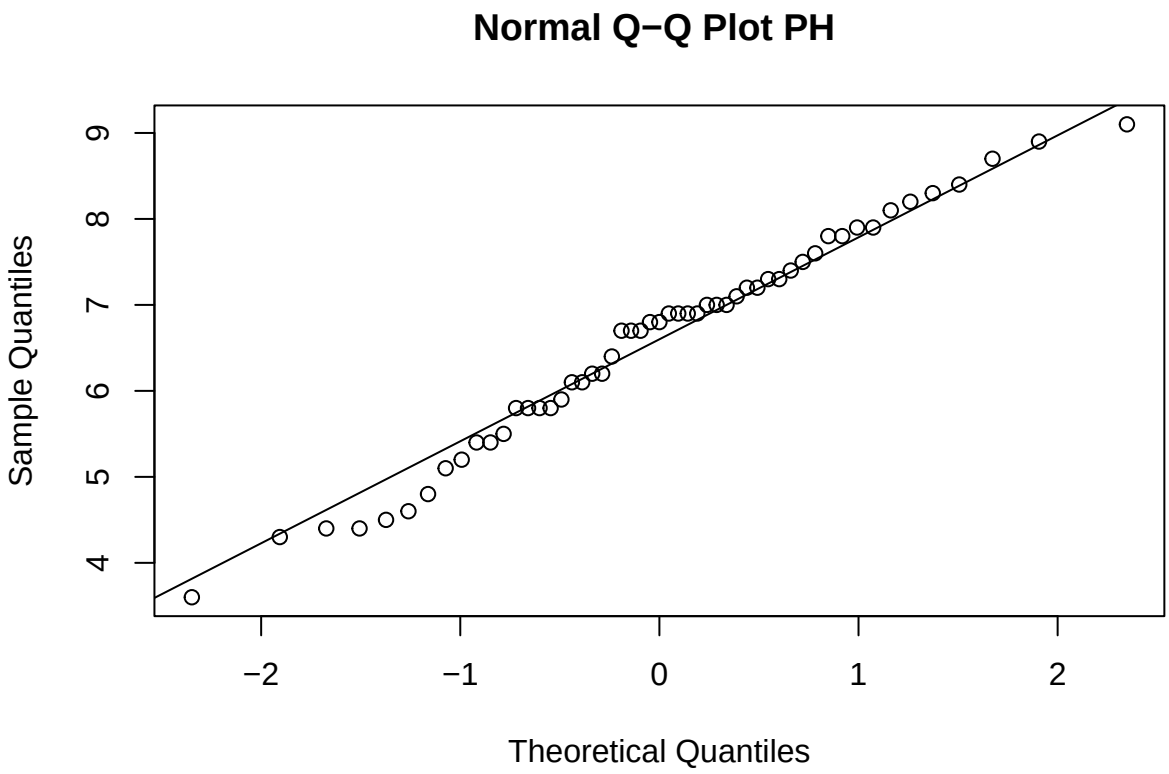



```
# Histrograma
hist(x3, main = "Histograma de Alcalinidad", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x3), max(x3), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x3), sd(x3))
lines(x, y, col = "red")
```

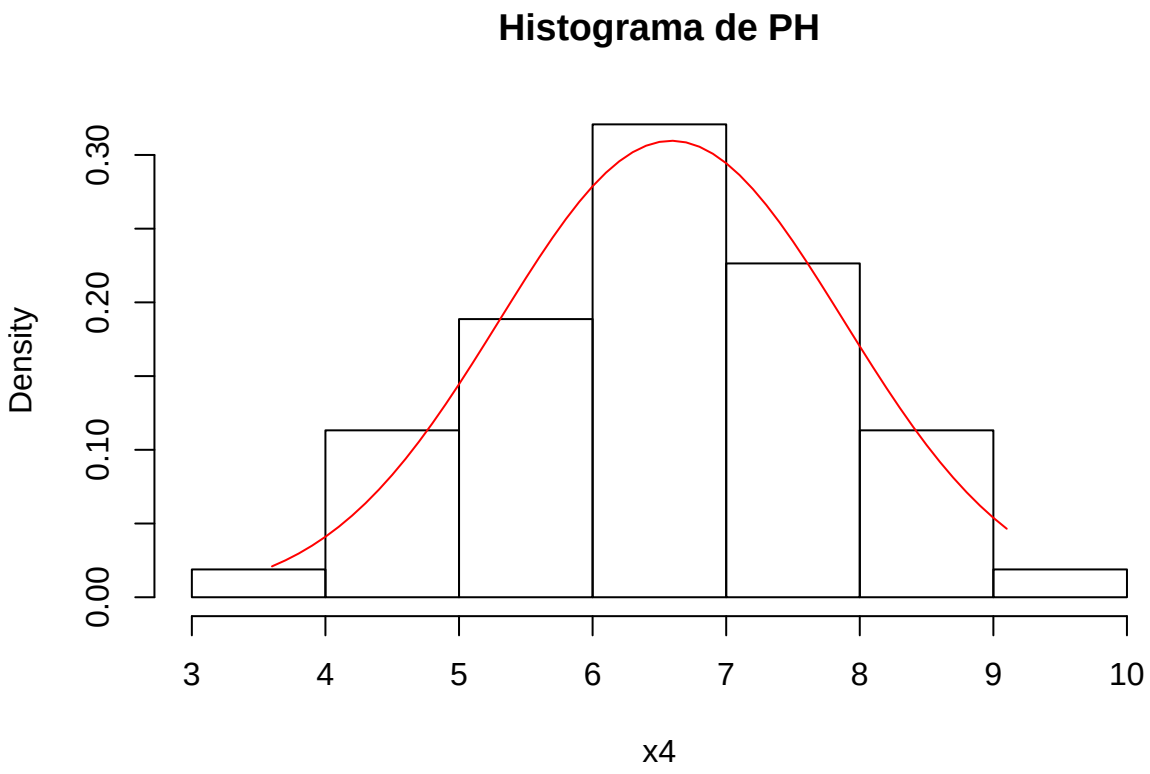


Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal tiene una distribución con colas delgadas (alta, curtosis y distribución leptocúrtica), lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, la distribución cuenta con una gran concentración de valores.

```
# x4
# QQplot
qqnorm(x4, main = "Normal Q-Q Plot PH ")
qqline(x4)
```

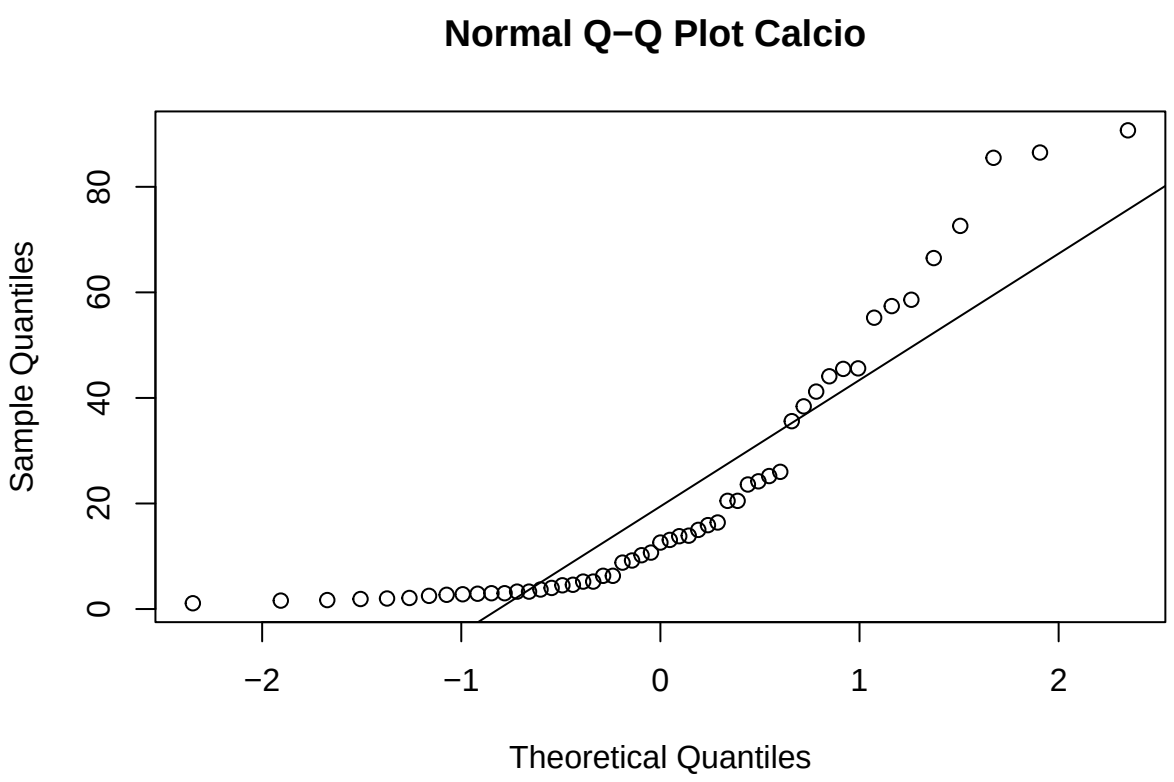



```r
# Histrograma
hist(x4, main = "Histograma de PH", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x4), max(x4), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x4), sd(x4))
lines(x, y, col = "red")
```

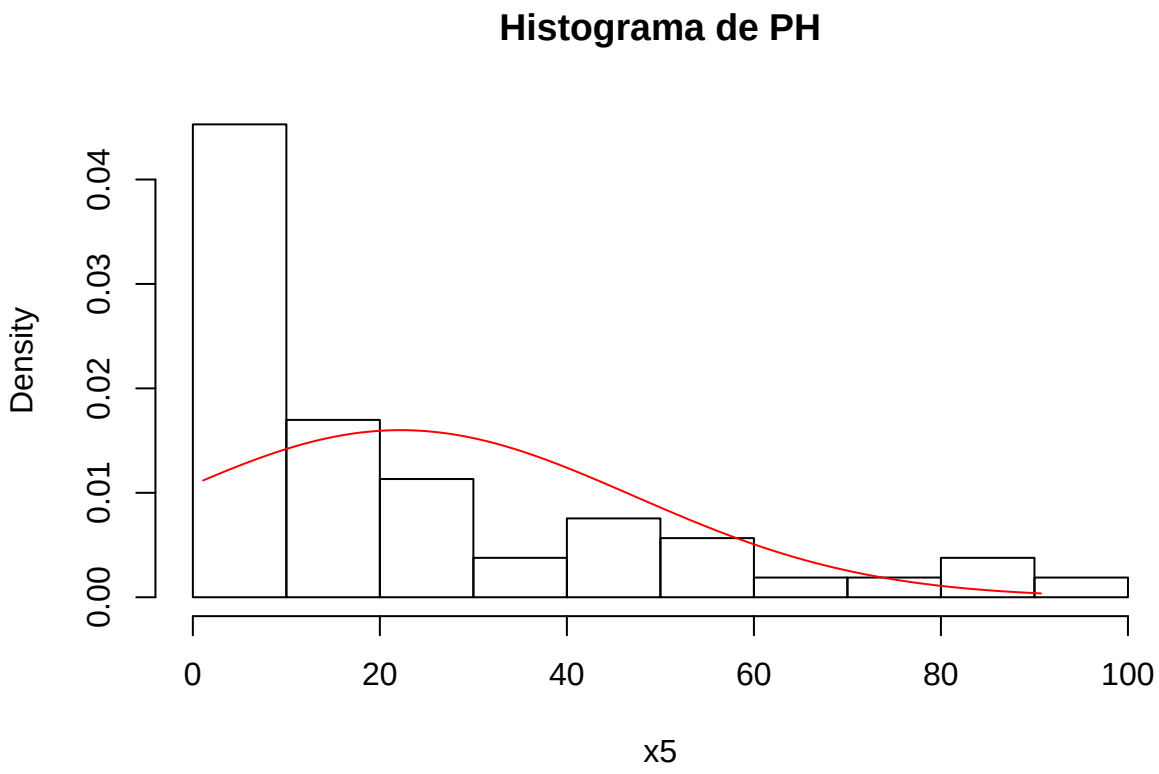


Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal es aproximádamente ideal, lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos se encuentran con una distribución simétrica.

```
# x5
# QQplot
qqnorm(x5, main = "Normal Q-Q Plot Calcio ")
qqline(x5)
```

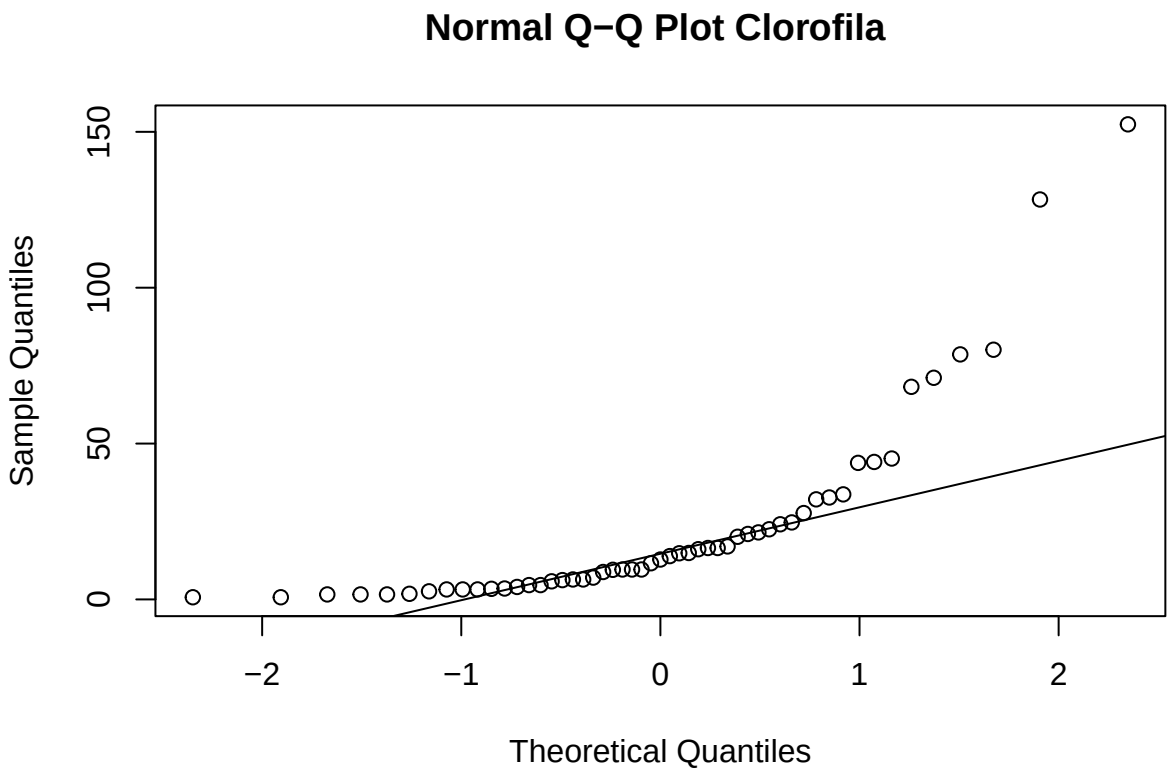



```r
# Histrograma
hist(x5, main = "Histograma de PH", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x5), max(x5), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x5), sd(x5))
lines(x, y, col = "red")
```

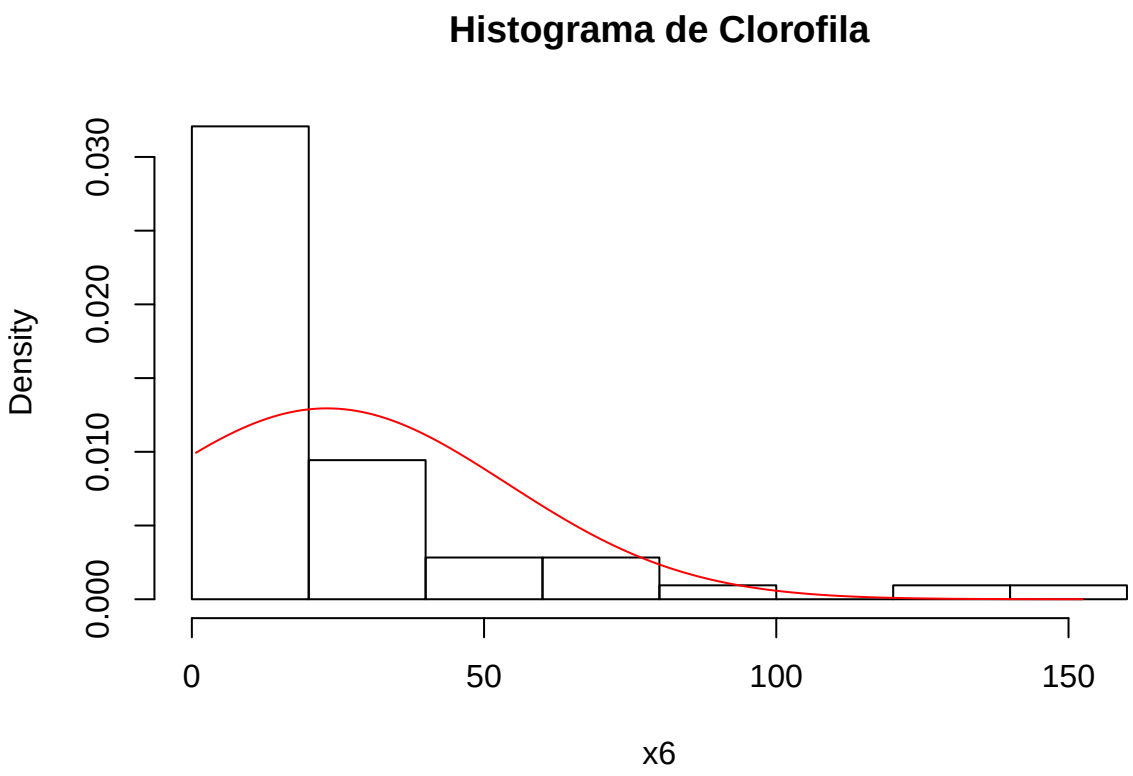


Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal tiene una asimetría positiva con un sesgo a la derecha, lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos se encuentran recargados hacia el lado izquierdo, lo que significa que la distribución se encuentra sesgada a la derecha.

```
# x6
# QQplot
qqnorm(x6, main = "Normal Q-Q Plot Clorofila ")
qqline(x6)
```

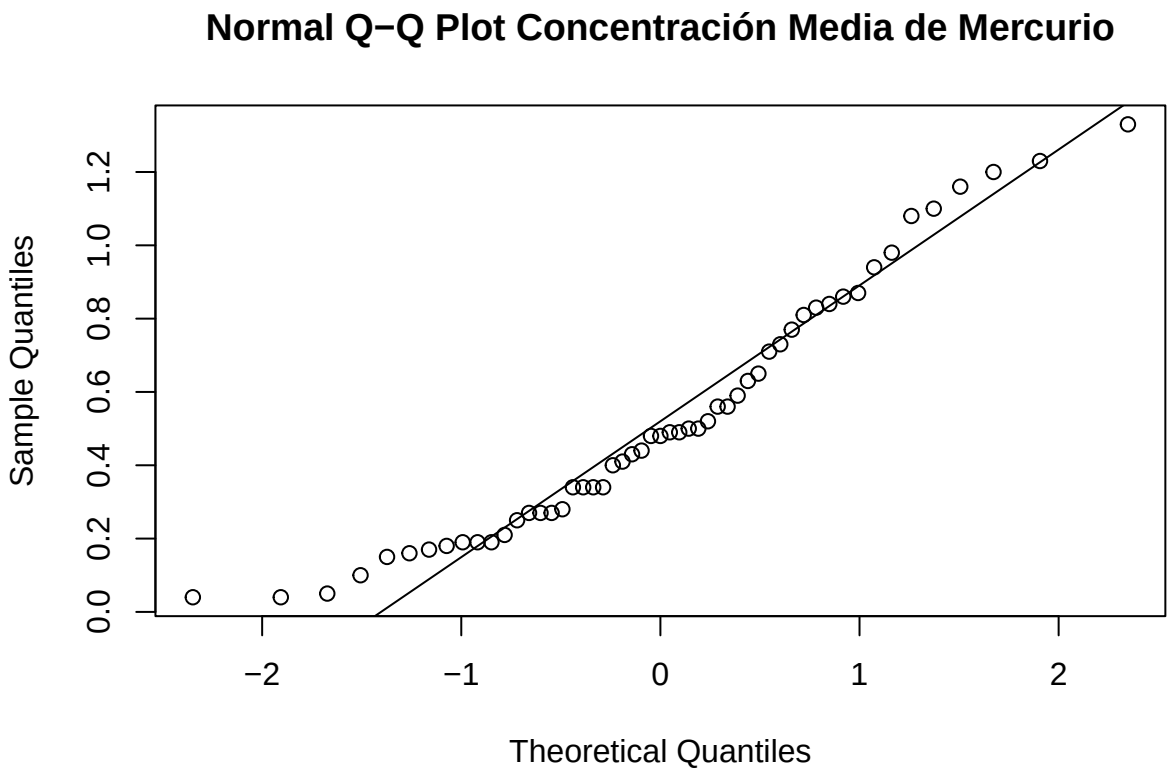



```
# Histrograma
hist(x6, main = "Histograma de Clorofila", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x6), max(x6), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x6), sd(x6))
lines(x, y, col = "red")
```

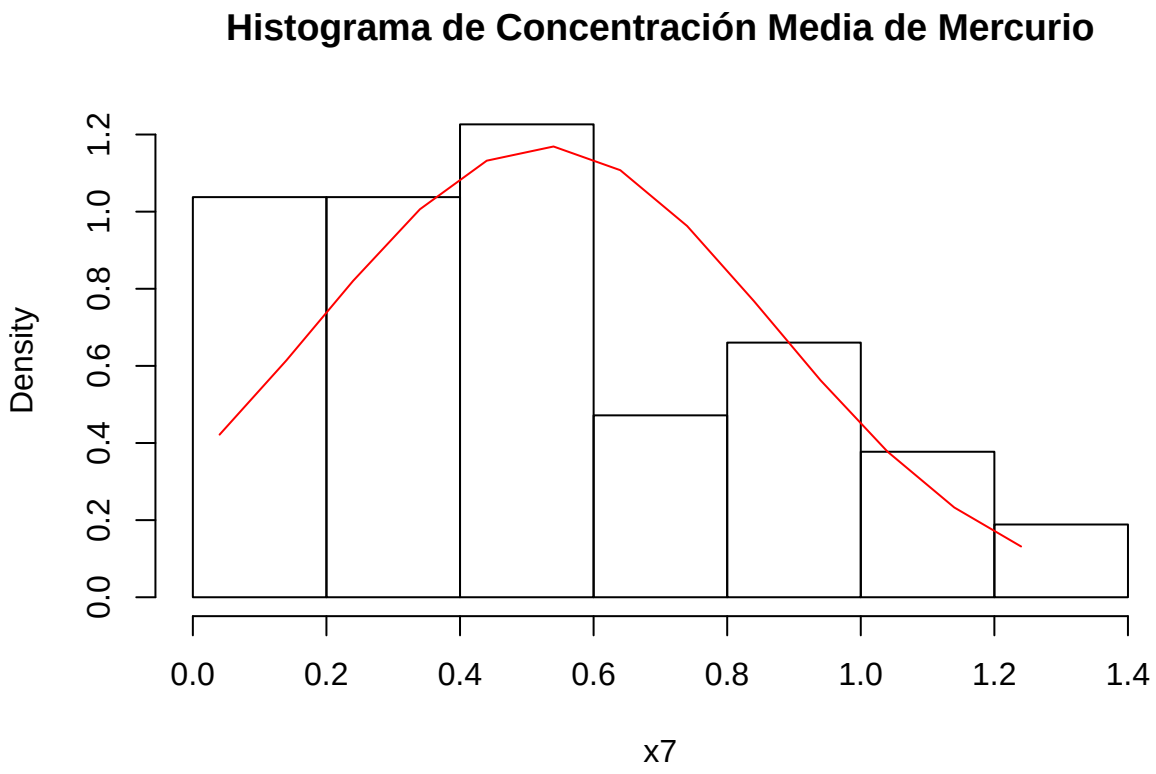


Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal tiene una asimetría positiva con un sesgo a la derecha, lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos se encuentran recargados hacia el lado izquierdo, lo que significa que la distribución se encuentra sesgada a la derecha.

```
# x7
# QQplot
qqnorm(x7, main = "Normal Q-Q Plot Concentración Media de Mercurio")
qqline(x7)
```

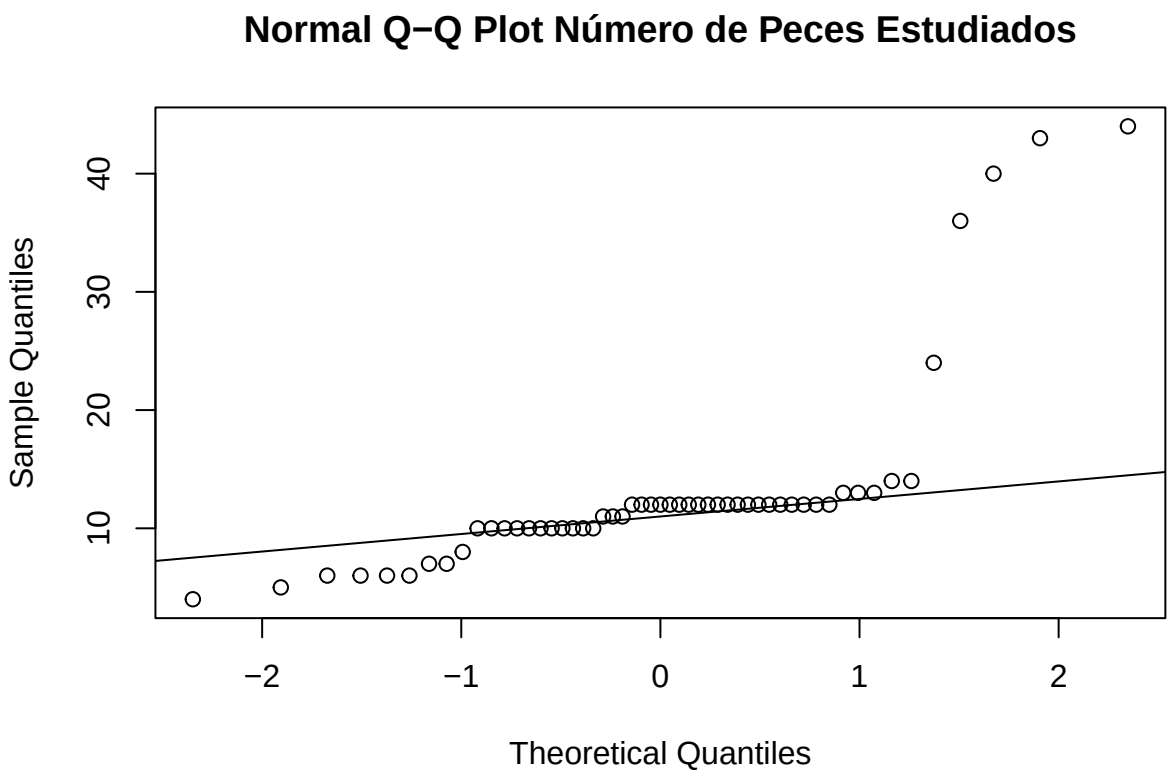



```r
# Histrograma
hist(x7, main = "Histograma de Concentración Media de Mercurio", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x7), max(x7), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x7), sd(x7))
lines(x, y, col = "red")
```



Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal tiene una asimetría positiva con un sesgo ligeramente a la derecha, lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos se encuentran mínimamente recargados hacia el lado izquierdo, lo que significa que la distribución se encuentra sesgada a la derecha.

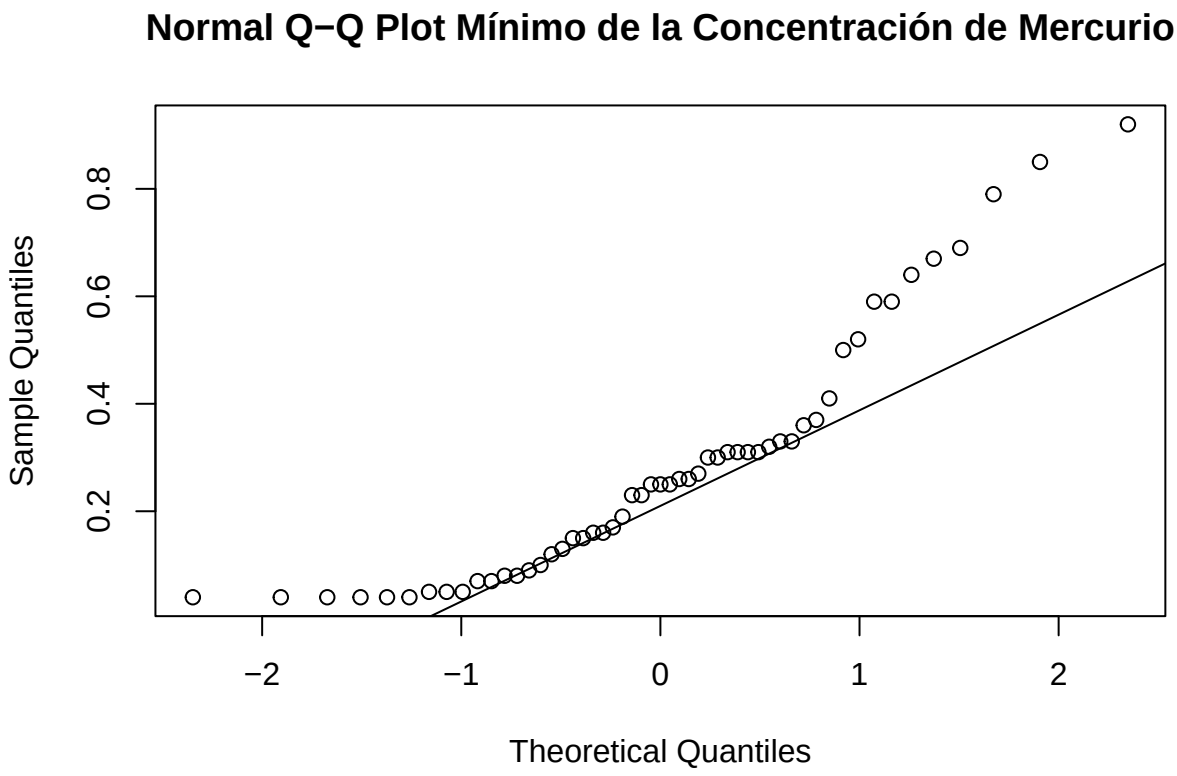
```
# x8
# QQplot
qqnorm(x8, main = "Normal Q-Q Plot Número de Peces Estudiados")
qqline(x8)
```



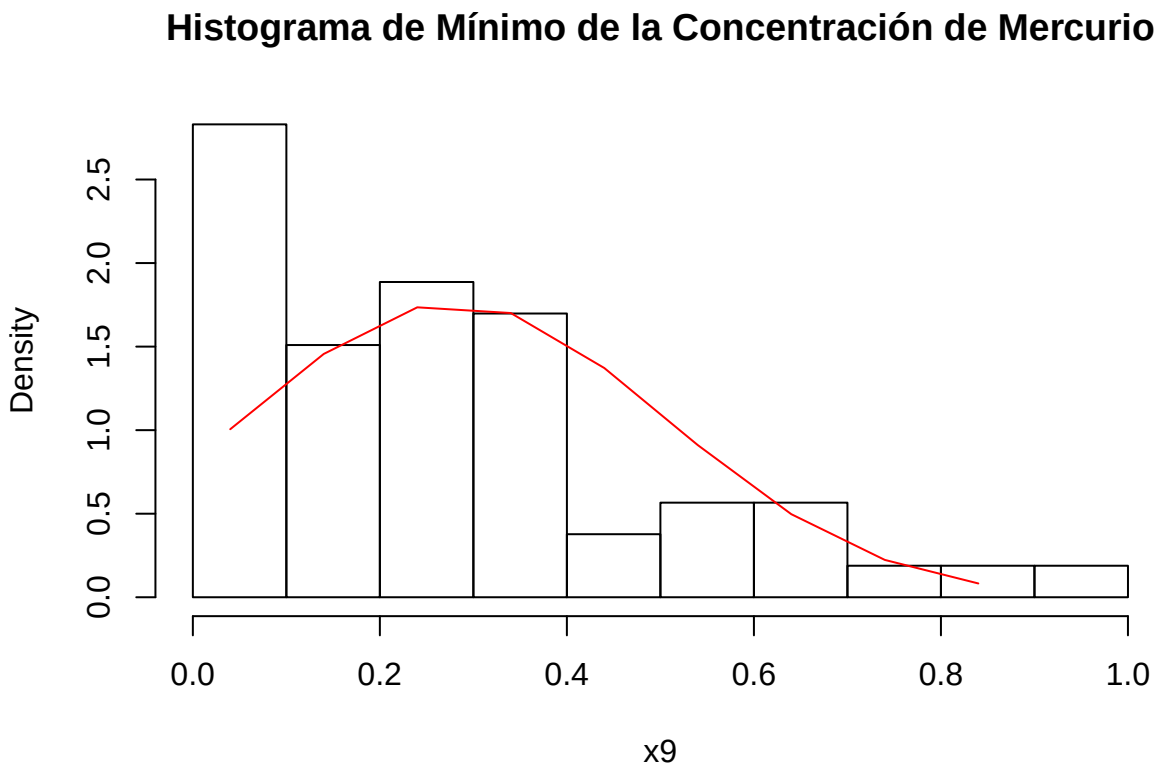

```r
# Histrograma
hist(x8, main = "Histograma de Número de Peces Estudiados", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x8), max(x8), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x8), sd(x8))
lines(x, y, col = "red")
```

Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal tiene una distribución con colas gruesas (baja curtosis, distribución platicúrtica), lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos son asímetricos con un ligero sesgo a la derecha.

```
# x9
# QQplot
qqnorm(x9, main = "Normal Q-Q Plot Mínimo de la Concentración de Mercurio")
qqline(x9)
```

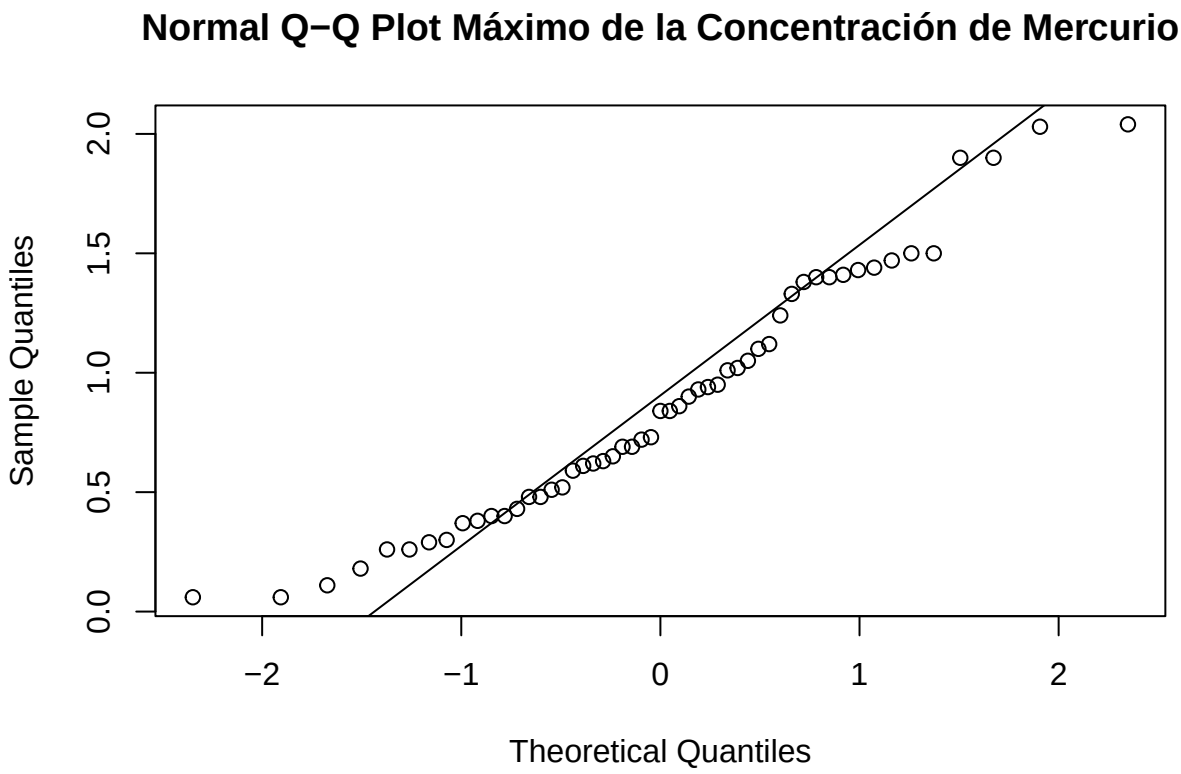



```r
# Histrograma
hist(x9, main = "Histograma de Mínimo de la Concentración de Mercurio", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x9), max(x9), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x9), sd(x9))
lines(x, y, col = "red")
```

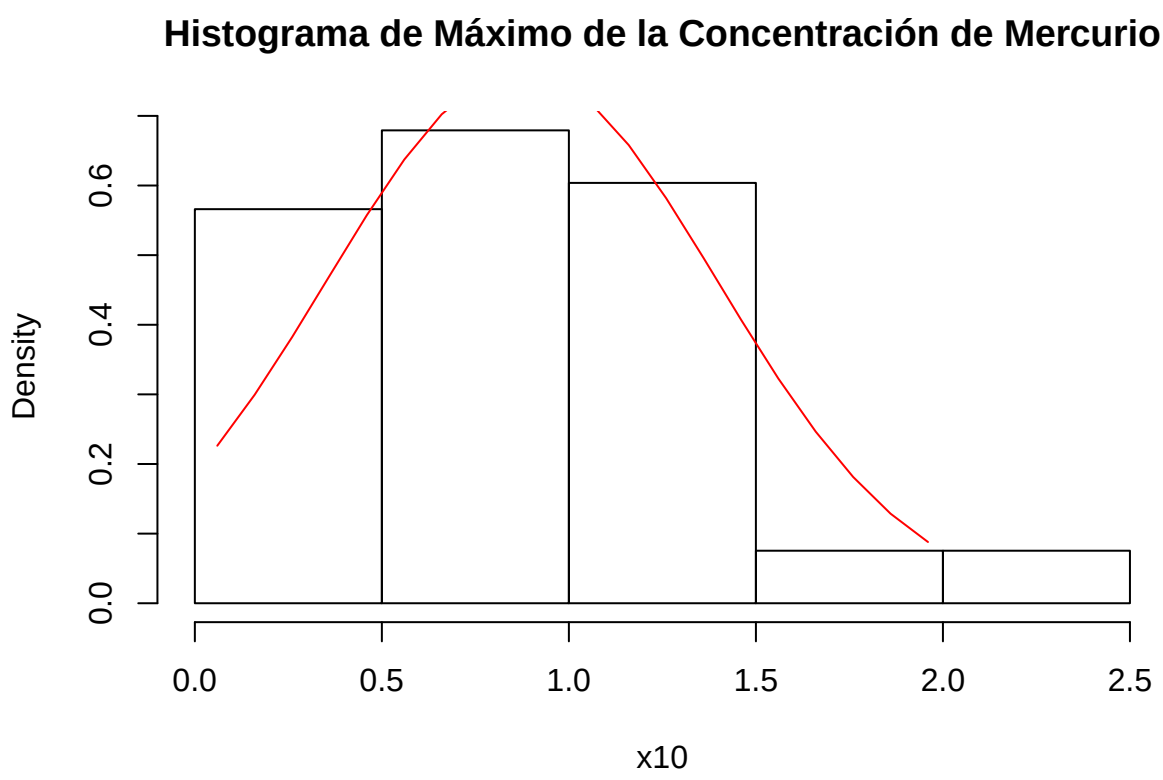


Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal tiene una asimetría positiva con un sesgo a la derecha, lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos se encuentran recargados hacia el lado izquierdo, lo que significa que la distribución se encuentra sesgada a la derecha.

```
# x10
# QQplot
qqnorm(x10, main = "Normal Q-Q Plot Máximo de la Concentración de Mercurio")
qqline(x10)
```

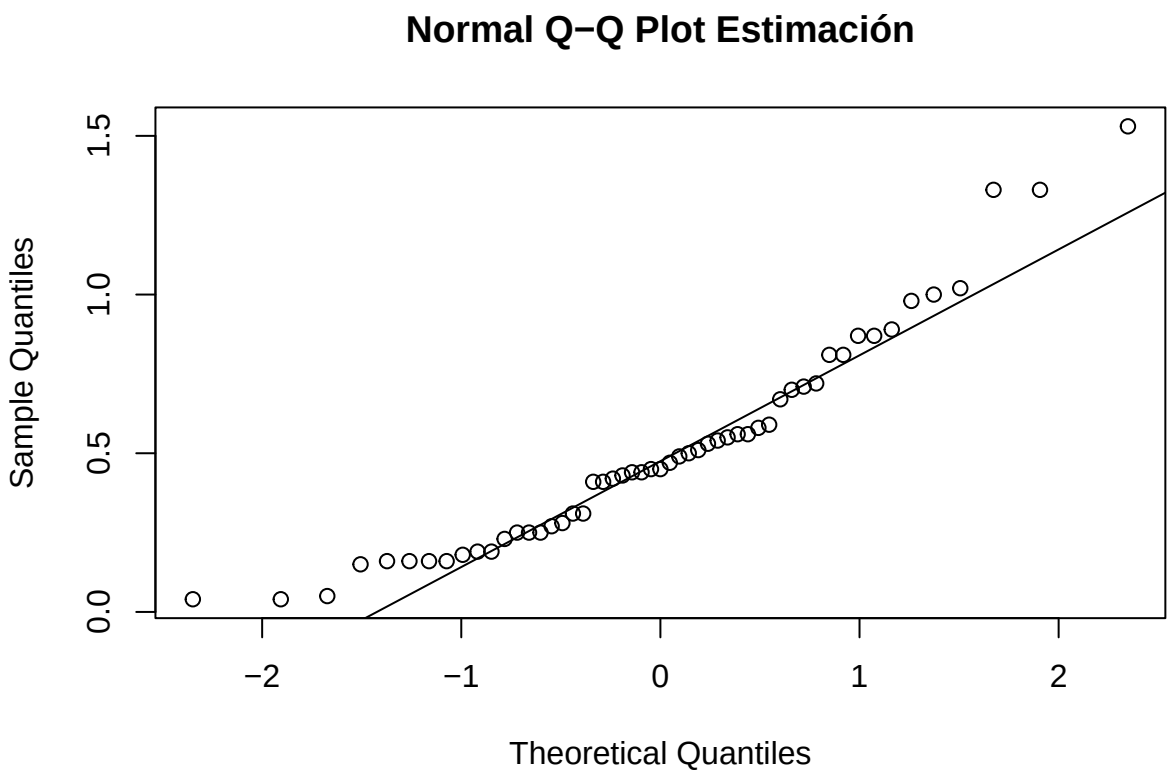



```r
# Histrograma
hist(x10, main = "Histograma de Máximo de la Concentración de Mercurio", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x10), max(x10), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x10), sd(x10))
lines(x, y, col = "red")
```

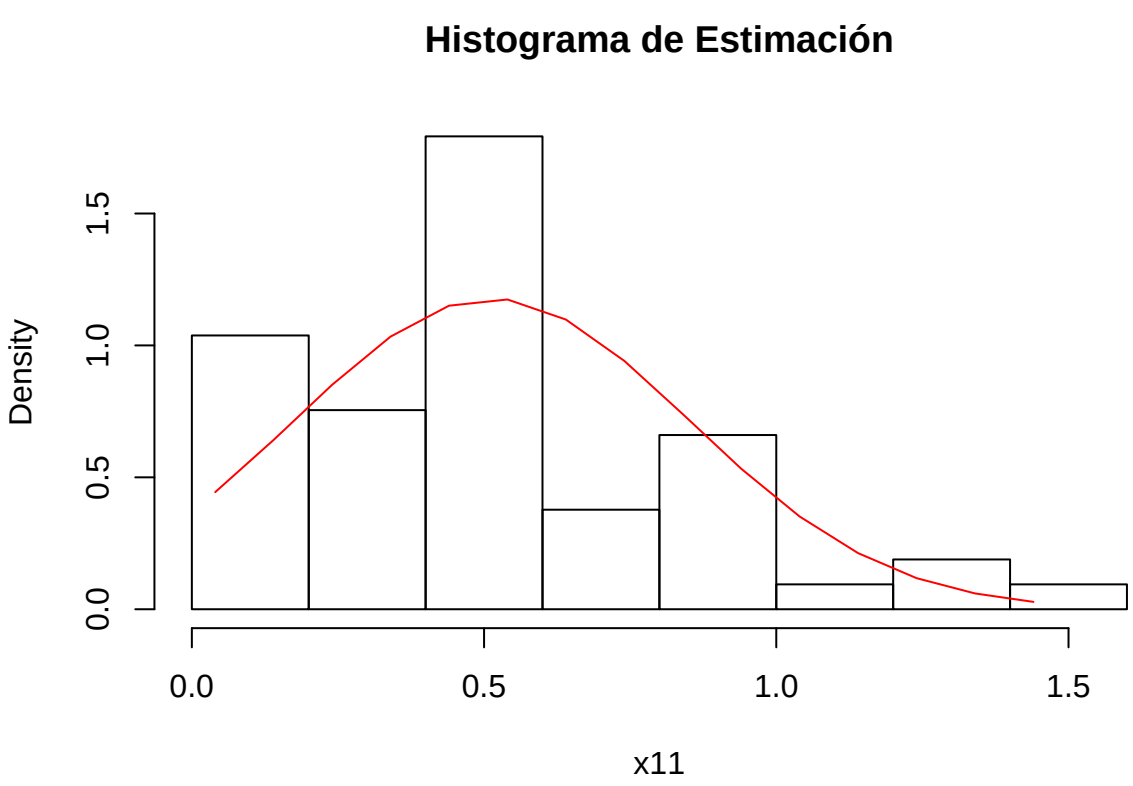


Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal es casi ideal, lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos se encuentran recargados casi simétricos.

```
# x11
# QQplot
qqnorm(x11, main = "Normal Q-Q Plot Estimación")
qqline(x11)
```




```
# Histrograma
hist(x11, main = "Histograma de Estimación", prob = TRUE, col = 0)
x = seq(min(x11), max(x11), 0.1)
y = dnorm(x, mean(x11), sd(x11))
lines(x, y, col = "red")
```



Como podemos observar en la gráfica de qqplot, tenemos que la probabilidad normal tiene una asimetría positiva con un sesgo a la derecha, lo cual se comprueba con el histograma y podemos verificar que, en efecto, los datos se encuentran recargados hacia el lado izquierdo, lo que significa que la distribución se encuentra sesgada a la derecha.

Variables Cualitativas

Tabla de Distribución de Frecuencia Frecuencia de la Edad de Los Peces

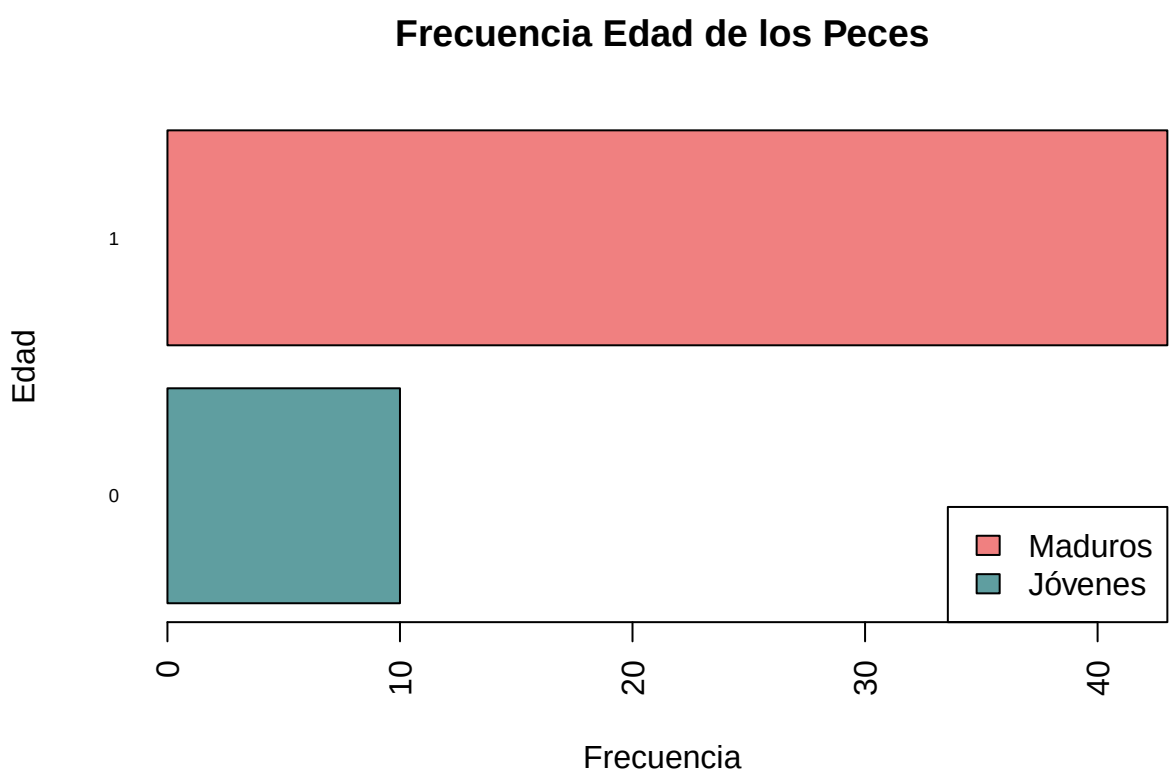
```
edad_peces_table = table(db_mercurio_num$X12)
print("Tabla de Distribución de Frecuencia Edad de los Peces: ")
```

```
## [1] "Tabla de Distribución de Frecuencia Edad de los Peces: "
```

```
edad_peces_table
```

```
##
##  0  1
## 10 43
```

```
# Gráfica de Frecuencia
barplot(edad_peces_table, width = 1, cex.names = 0.6, col = c("cadetblue", "lightcoral"), main = "Frecu
```



De acuerdo con la gráfica anterior podemos observar que en el dataset utilizado tenemos una mayor cantidad de peces de una edad madura que peces de una edad jóven, lo cual es importante a tomar en cuenta si existe la posibilidad de que la concentración de mercurio varie con respecto a la edad de los peces.

Frecuencia de Lagos que Superaron los $0.5 mg de Hg/Kg$ Establecidos por los Reglamentos

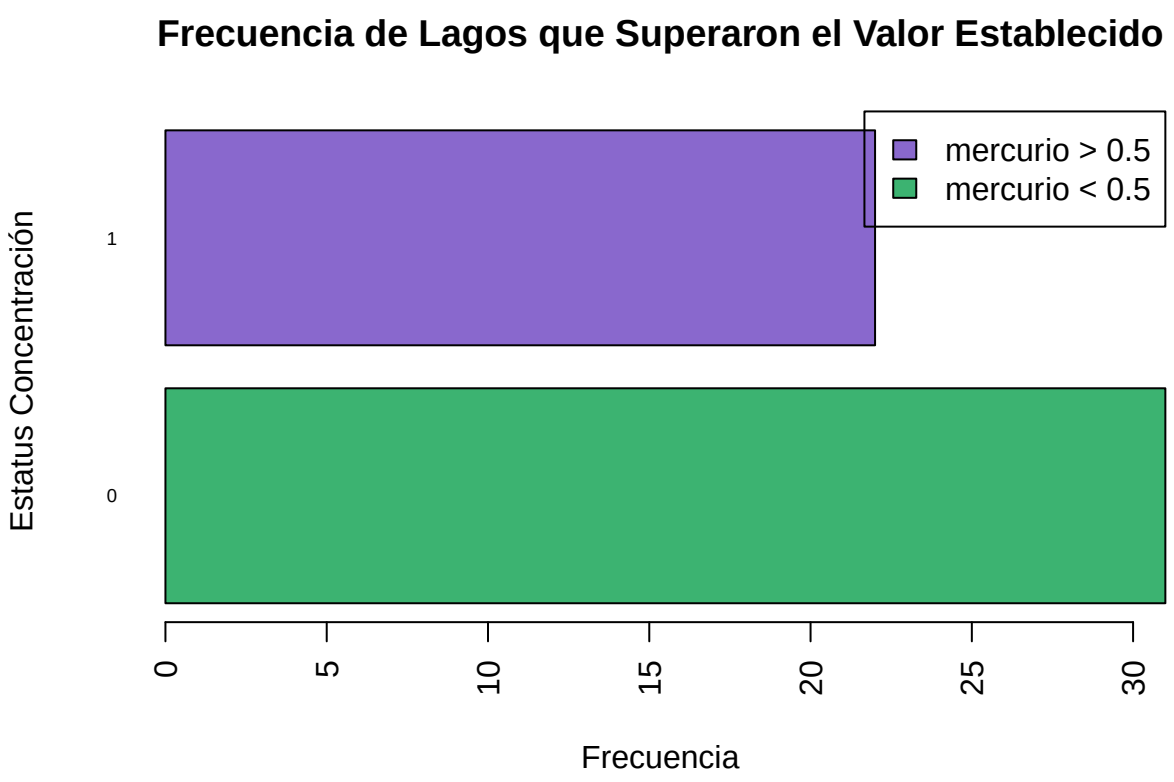
```
db_mercurio_cnt = db_mercurio_num
db_mercurio_cnt$X13 <- with(db_mercurio_cnt, ifelse(X7 > 0.5, 1, 0))
db_mercurio_cnt_table = table(db_mercurio_cnt$X13)
print("Tabla de Distribución de Lagos que Superaron los 0.5 mg de Hg/Kg: ")
```

```
## [1] "Tabla de Distribución de Lagos que Superaron los 0.5 mg de Hg/Kg: "
```

```
db_mercurio_cnt_table
```

```
##
##  0  1
## 31 22
```

```
# Gráfica de Frecuencia
barplot(db_mercurio_cnt_table, width = 1, cex.names = 0.6, col = c("mediumseagreen", "mediumpurple3"), r
```



El gráfico anterior se realizó creando una nueva columna tomando el valor permitido de concentración y mostrando así si cada río lo sobrepasaba o se mantenía debajo del mismo, obteniendo así que apróximadamente el 58% de los ríos cuenta con una concentración media de mercurio menor al 0.5 permitido por los reglamentos, lo que indica que una parte significativa se encuentra contaminada y es probable que sea dañina pra el ser humano.

Porcentajes y Distribución de PH

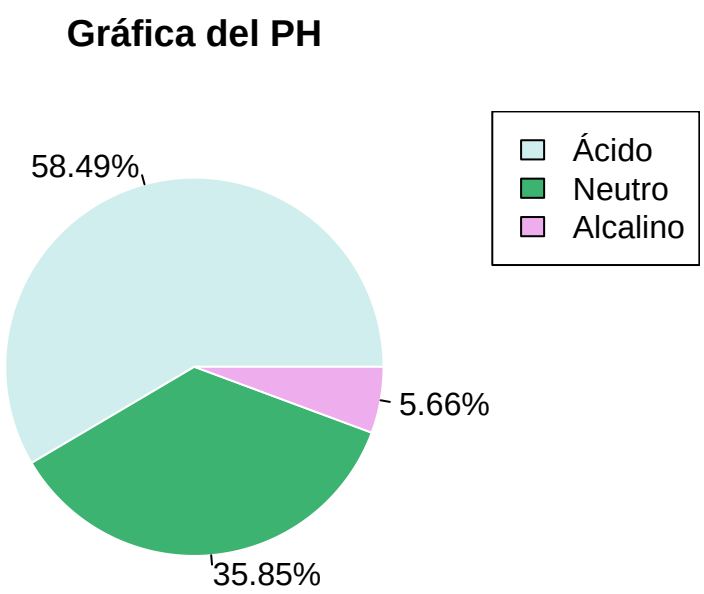
```
db_mercurio_ph = db_mercurio_num
db_mercurio_ph$X4 <- with(db_mercurio_ph, ifelse(X4 < 7.0, "Ácido", ifelse(X4 == 7.0, "Neutro", "Alcali
db_ph_cnt_table = table(db_mercurio_ph$X4)
print("Tabla de Distribución del PH: ")
```

```
## [1] "Tabla de Distribución del PH: "
```

```
db_ph_cnt_table
```

```
##
##    Ácido Alcalino   Neutro
##       31       19        3
```

```
#Gráfica de pie
colors <- c("lightcyan2", "mediumseagreen", "plum2")
pie(db_ph_cnt_table, border="white", col = colors, main = "Gráfica del PH", labels = paste0(round(100 *
legend("topright", c("Ácido", "Neutro", "Alcalino"), fill=colors)
```



En este gráfico de pastel podemos observar que existe un mayor porcentaje de ácidos de acuerdo a los registros de ph, lo cual indica que, en efecto, existe contaminación en los lagos, sin embargo también se tiene que un 35.85% el ph es neutro, un 5.66% es alcalino y lo restante es ácido.

Búsqueda de Correlaciones

```
library(psych)
Rc = corr.test(db_mercurio_num)
Rc
```

```
## Call:corr.test(x = db_mercurio_num)
## Correlation matrix
##        X3    X4    X5    X6    X7    X8    X9   X10   X11   X12
## X3   1.00  0.72  0.83  0.48 -0.59  0.01 -0.53 -0.60 -0.63 -0.09
## X4   0.72  1.00  0.58  0.61 -0.58 -0.02 -0.54 -0.55 -0.61  0.04
## X5   0.83  0.58  1.00  0.41 -0.40 -0.09 -0.33 -0.41 -0.46  0.00
## X6   0.48  0.61  0.41  1.00 -0.49 -0.01 -0.40 -0.48 -0.51 -0.28
## X7  -0.59 -0.58 -0.40 -0.49  1.00  0.08  0.93  0.92  0.96  0.11
## X8   0.01 -0.02 -0.09 -0.01  0.08  1.00 -0.08  0.16  0.03  0.21
## X9  -0.53 -0.54 -0.33 -0.40  0.93 -0.08  1.00  0.77  0.92  0.10
## X10 -0.60 -0.55 -0.41 -0.48  0.92  0.16  0.77  1.00  0.86  0.09
## X11 -0.63 -0.61 -0.46 -0.51  0.96  0.03  0.92  0.86  1.00  0.09
## X12 -0.09  0.04  0.00 -0.28  0.11  0.21  0.10  0.09  0.09  1.00
## Sample Size
```

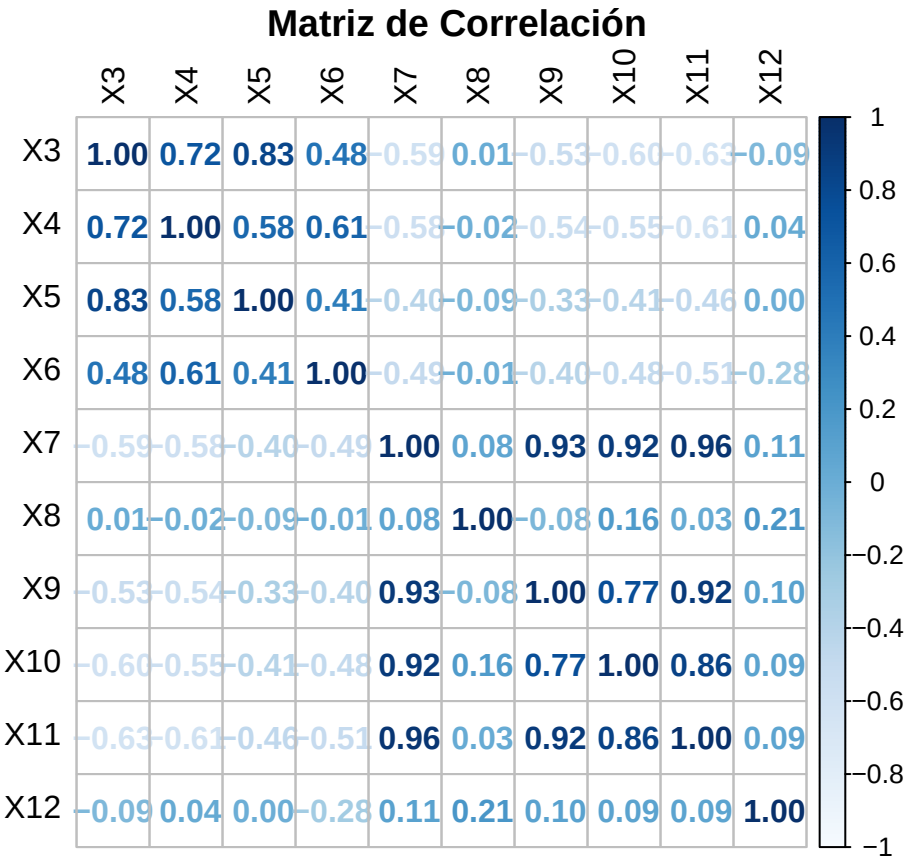
```
## [1] 53
## Probability values (Entries above the diagonal are adjusted for multiple tests.)
##       X3   X4   X5   X6   X7   X8   X9  X10  X11  X12
## X3  0.00 0.00 0.00 0.01 0.00 1.00 0.00 0.00 0.00 1.00
## X4  0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 1.00 0.00 0.00 0.00 1.00
## X5  0.00 0.00 0.00 0.05 0.06 1.00 0.27 0.05 0.01 1.00
## X6  0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 1.00 0.06 0.01 0.00 0.68
## X7  0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 1.00 0.00 0.00 0.00 1.00
## X8  0.94 0.89 0.52 0.93 0.57 0.00 1.00 1.00 1.00 1.00
## X9  0.00 0.00 0.01 0.00 0.00 0.56 0.00 0.00 0.00 1.00
## X10 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.25 0.00 0.00 0.00 1.00
## X11 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.85 0.00 0.00 0.00 1.00
## X12 0.50 0.79 0.99 0.04 0.44 0.14 0.47 0.50 0.52 0.00
##
##  To see confidence intervals of the correlations, print with the short=FALSE option
```

Visualización de la Matriz de Correlación

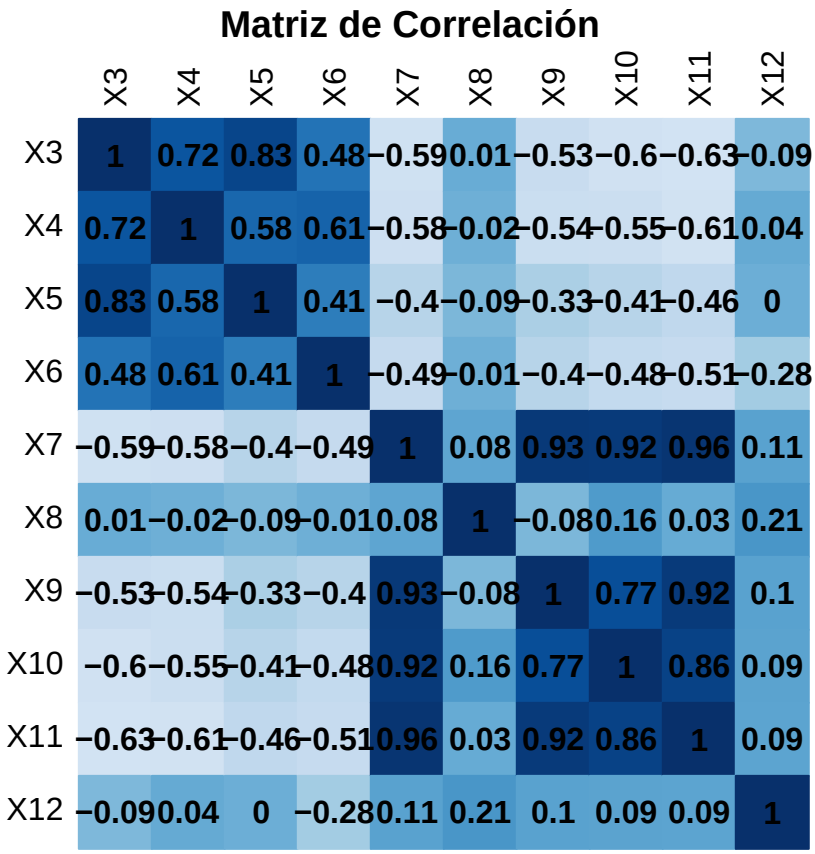
```
library(corrplot)
```

```
## corrplot 0.92 loaded
```

```
corrplot(cor(db_mercurio_num), method = "number", col = COL1("Blues"), tl.col = "black", main = "Matriz
```



```
corrplot(cor(db_mercurio_num), method = "color", col = COL1("Blues"), addCoef.col = "black", cl.pos = "
```



Las figuras anteriores muestran la matriz de correlaciones de los valores numéricos de nuestro dataset, en estas podemos observar qué variables se encuentran mayormente relacionadas entre sí para al momento de implementar el modelo estadístico, se elijan las variables correctas para tener mucho mejores resultados.

De acuerdo con la matriz, podemos observar que la variable x7 (concentración media de mercurio) está fuertemente correlacionada positivamente con las variables x9 (mínima concentración de mercurio), x10 (máxima concentración de mercurio), y x11 (estimación), sin embargo, al tener un valor tan fuerte de correlación, es posible que se presente el problema de multicolinealidad; este problema puede dificultar la interpretción de los resultados del modelo de regresión, de hecho, una de las formas más sencillas de detectar un posible problema de este tipo es observar la matriz de correlación y buscar que variables se encuentran altamente relacionadas entre sí.

Debido a este problema de multicolinealidad se decidió utilizar otras variables para el modelo de regresión, tomando en cuenta que estas tienen una correlación que va de débil a moderada con respecto a la variable x7 (concentración media de mercurio), dichas variables a utilizar en el modelo de regresión son:

- $X3$ = alcalinidad (mg/l de carbonato de calcio)
- $X4$ = PH
- $X5$ = calcio (mg/l)
- $X6$ = clorofila (mg/l)
- $X7$ = concentración media de mercurio (parte por millón) en el tejido muscualar del grupo de peces estudiados en cada lago

Implementación de Herramientas Estadísticas

Para la solución de este problema, se decidió utilizar como herramientas estadísticas el ANOVA (Análisis de Varianza) para determinar si las discrepancias entre las medias de los tratamientos son mayores de lo que podría esperarse de las variaciones dentro de los tratamientos; y como segunda herramienta, se decidió implementar la regresión múltiple donde se genera un modelo en el que el valor de la variable dependiente es determinado a partir de un conjunto de variables independientes.

ANOVA

Para el análisis de varianza (ANOVA), se busca encontrar si existe alguna diferencia significativa entre el nivel de concentración media del mercurio dependiendo si se está analizando un pez jóven o maduro, pero también existe la opción de comparar en vez de la edad del pez, la variable nueva que se creo sobre si la concentración de mercurio sobrepasa o no el valor permitido de $0.5mg\frac{Hg}{kg}$.

Es importante mencionar que se trabajará con un nivel de significancia de 0.05.

Usando la Edad de los Peces

```
# Edad
media_mercurio_j = db_mercurio_num[db_mercurio_num$X12 == 0, ]$X7
media_mercurio_m = db_mercurio_num[db_mercurio_num$X12 == 1, ]$X7

print("Jóvenes")
```

```
## [1] "Jóvenes"
```

```
media_mercurio_j
```

```
##  [1] 1.33 0.04 0.44 0.05 0.41 0.50 0.87 0.56 0.04 0.27
```

```
print("Maduros")
```

```
## [1] "Maduros"
```

```
media_mercurio_m
```

```
##  [1] 1.23 1.20 0.27 0.48 0.19 0.83 0.81 0.71 0.50 0.49 1.16 0.15 0.19 0.77 1.08
## [16] 0.98 0.63 0.56 0.73 0.34 0.59 0.34 0.84 0.34 0.28 0.34 0.17 0.18 0.19 0.49
## [31] 1.10 0.16 0.10 0.48 0.21 0.86 0.52 0.65 0.94 0.40 0.43 0.25 0.27
```

```
media_mercurio = c(media_mercurio_j, media_mercurio_m)
media_mercurio
```

```
##  [1] 1.33 0.04 0.44 0.05 0.41 0.50 0.87 0.56 0.04 0.27 1.23 1.20 0.27 0.48 0.19
## [16] 0.83 0.81 0.71 0.50 0.49 1.16 0.15 0.19 0.77 1.08 0.98 0.63 0.56 0.73 0.34
## [31] 0.59 0.34 0.84 0.34 0.28 0.34 0.17 0.18 0.19 0.49 1.10 0.16 0.10 0.48 0.21
## [46] 0.86 0.52 0.65 0.94 0.40 0.43 0.25 0.27
```

```r
len_j = length(media_mercurio_j)
len_m = length(media_mercurio_m)

edad = c(rep("J", len_j), rep("M", len_m))
edad = factor(edad)
edad
```

```
##  [1] J J J J J J J J J M M M M M M M M M M M M M M M M M M M M M M M M M M
## [39] M M M M M M M M M M M M M M
## Levels: J M
```

```r
A <- aov(media_mercurio ~ edad)
summary(A)
```

```
##             Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## edad         1  0.072 0.07151    0.61  0.438
## Residuals   51  5.976 0.11718
```

Al hacer el análisis de la varianza, podemos observar que el valor $pvalue = 0.438$ no es significativo ya que este es mayor a 0.05 (nivel de significancia), lo que significa que no se rechaza la hipótesis nula y se concluye que no se tiene la suficiente evidencia para decir que existe una diferencia estadística significativa entre las medias de concentración de mercurio y las edades de los peces, por lo tanto, no se puede seguir con el análisis pues no es posible determinar qué grupos se diferencian de cada uno.

A pesar de ello, aún podemos hacer el análisis utilizando nuestra variable que indica si la media se sobrepasa o no de los valores permitidos.

Utilizando la Variable del Nivel de Concentración (Mayor = 1, Menor = 0)

```r
# Edad
media_mercurio_menor = db_mercurio_cnt[db_mercurio_cnt$X13 == 0, ]$X7
media_mercurio_mayor = db_mercurio_cnt[db_mercurio_cnt$X13 == 1, ]$X7

print("Menores")
```

```
## [1] "Menores"
```

```r
media_mercurio_menor
```

```
##  [1] 0.04 0.44 0.27 0.48 0.19 0.50 0.49 0.05 0.15 0.19 0.41 0.34 0.34 0.50 0.34
## [16] 0.28 0.34 0.17 0.18 0.19 0.04 0.49 0.16 0.10 0.48 0.21 0.27 0.40 0.43 0.25
## [31] 0.27
```

```r
print("Mayores")
```

```
## [1] "Mayores"
```

```
media_mercurio_mayor
```

```
##  [1] 1.23 1.33 1.20 0.83 0.81 0.71 1.16 0.77 1.08 0.98 0.63 0.56 0.73 0.59 0.84
## [16] 0.87 0.56 1.10 0.86 0.52 0.65 0.94
```

```
media_mercurio = c(media_mercurio_menor, media_mercurio_mayor)
media_mercurio
```

```
##  [1] 0.04 0.44 0.27 0.48 0.19 0.50 0.49 0.05 0.15 0.19 0.41 0.34 0.34 0.50 0.34
## [16] 0.28 0.34 0.17 0.18 0.19 0.04 0.49 0.16 0.10 0.48 0.21 0.27 0.40 0.43 0.25
## [31] 0.27 1.23 1.33 1.20 0.83 0.81 0.71 1.16 0.77 1.08 0.98 0.63 0.56 0.73 0.59
## [46] 0.84 0.87 0.56 1.10 0.86 0.52 0.65 0.94
```

```
len_menor = length(media_mercurio_menor)
len_mayor = length(media_mercurio_mayor)

nivel_concentracion = c(rep("Menor", len_menor), rep("Mayor", len_mayor))
nivel_concentracion = factor(nivel_concentracion)
nivel_concentracion
```

```
##  [1] Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor
## [13] Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor
## [25] Menor Menor Menor Menor Menor Menor Menor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor
## [37] Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor
## [49] Mayor Mayor Mayor Mayor Mayor
## Levels: Mayor Menor
```

```
A <- aov(media_mercurio ~ nivel_concentracion)
summary(A)
```

```
##                     Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## nivel_concentracion  1  4.201   4.201     116 9.68e-15 ***
## Residuals           51  1.847   0.036
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Como podemos observar, con esta variable sí se rechaza la hipótesis nula, donde se dice que cada las medias de los grupos son iguales y por ende, es posible generar los análisis posteriores para determinar y entender el comportamiento de esta variación.

```
m = tapply(media_mercurio, nivel_concentracion, mean)
s = tapply(media_mercurio, nivel_concentracion, sd)
n = tapply(media_mercurio, nivel_concentracion, length)

print("Medias de los tratamientos:")
```

```
## [1] "Medias de los tratamientos:"
```

```
m
```

```
##     Mayor     Menor
## 0.8613636 0.2900000
```

```
print("Desviación estándar de los tratamientos:")
```

```
## [1] "Desviación estándar de los tratamientos:"
```

```
s
```

```
##     Mayor     Menor
## 0.2397478 0.1460593
```

```
print("Tamaño de la muestra de los tratamientos")
```

```
## [1] "Tamaño de la muestra de los tratamientos"
```

```
n
```

```
## Mayor Menor
##    22    31
```

Intervalos de Confianza

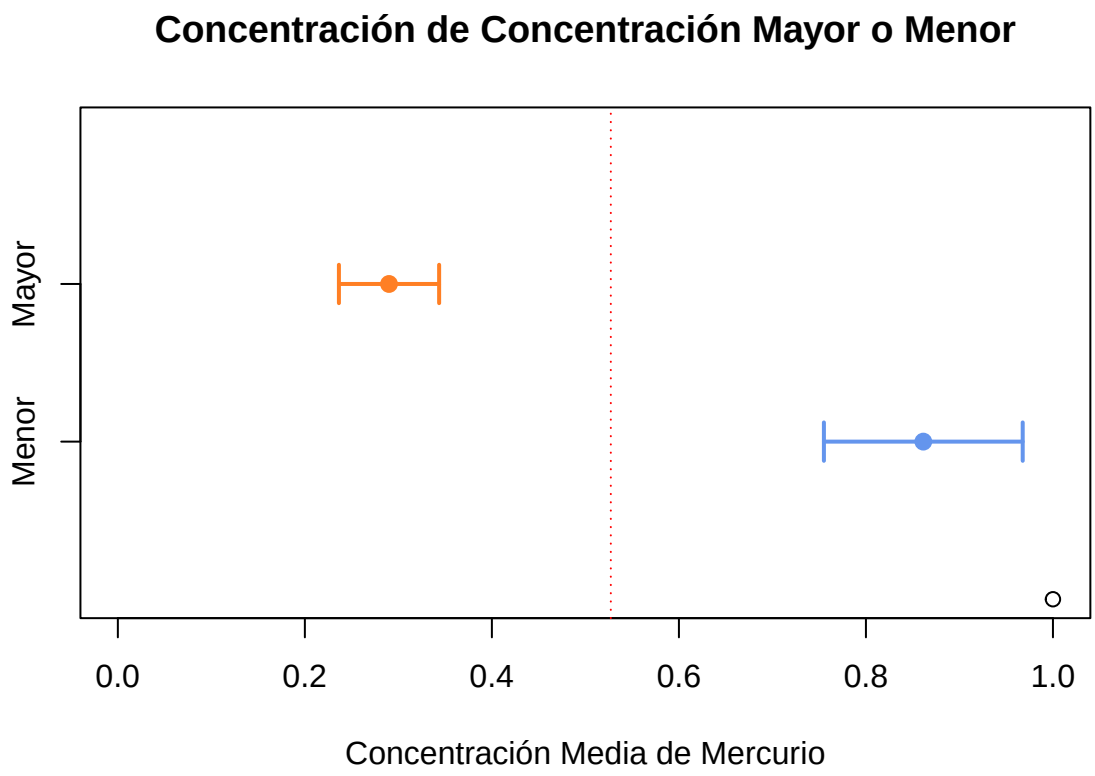
```
sm = s / sqrt(n)
E = abs(qt(0.025, n - 1)) * sm
In = m - E
Sup = m + E
In
```

```
##     Mayor     Menor
## 0.7550654 0.2364250
```

```
Sup
```

```
##     Mayor     Menor
## 0.9676619 0.3435750
```

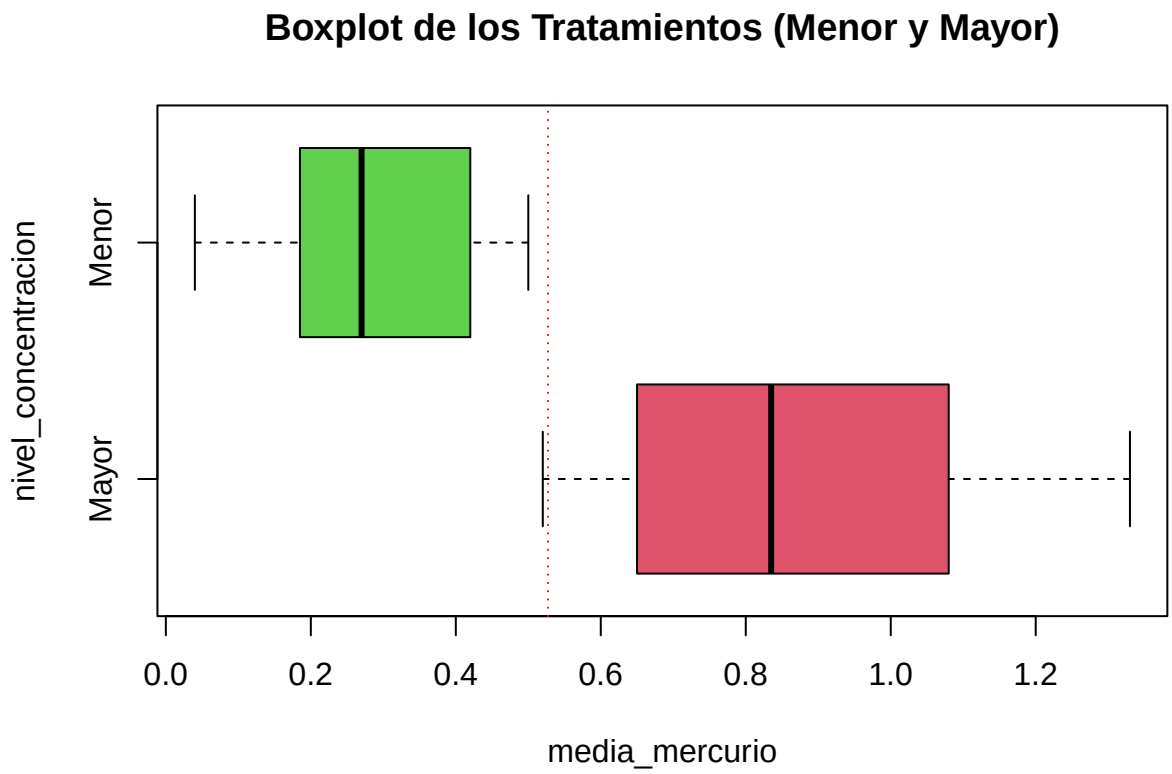
```
plot(0, ylim = c(0,3), xlim = c(0, 1), yaxt = "n", ylab = "", xlab = "Concentración Media de Mercurio",
axis(2, at = c(1:2), labels = c("Menor", "Mayor"))
colores = c("cornflowerblue", "chocolate1")
for(i in 1:2) {
  arrows(In[i], i, Sup[i], i, angle = 90, code = 3, length = 0.1, lwd = 2, col = colores[i])
  points(m[i], i, pch = 19, cex = 1.1, col = colores[i])
}
abline(v = mean(media_mercurio), lty = 3, col = "red")
```



Al calcular los intervalos de confianza, obtenemos que los valores los valores son:

- Para Menor el intervalo va de 0.2364250 a 0.3435750
- Para Mayor el intervalo va de 0.7550654 a 0.9676619

```
boxplot(media_mercurio ~ nivel_concentracion, col = 2:5, horizontal = TRUE, main = "Boxplot de los Trata
abline(v = mean(media_mercurio), lty = 3, col = "red")
```

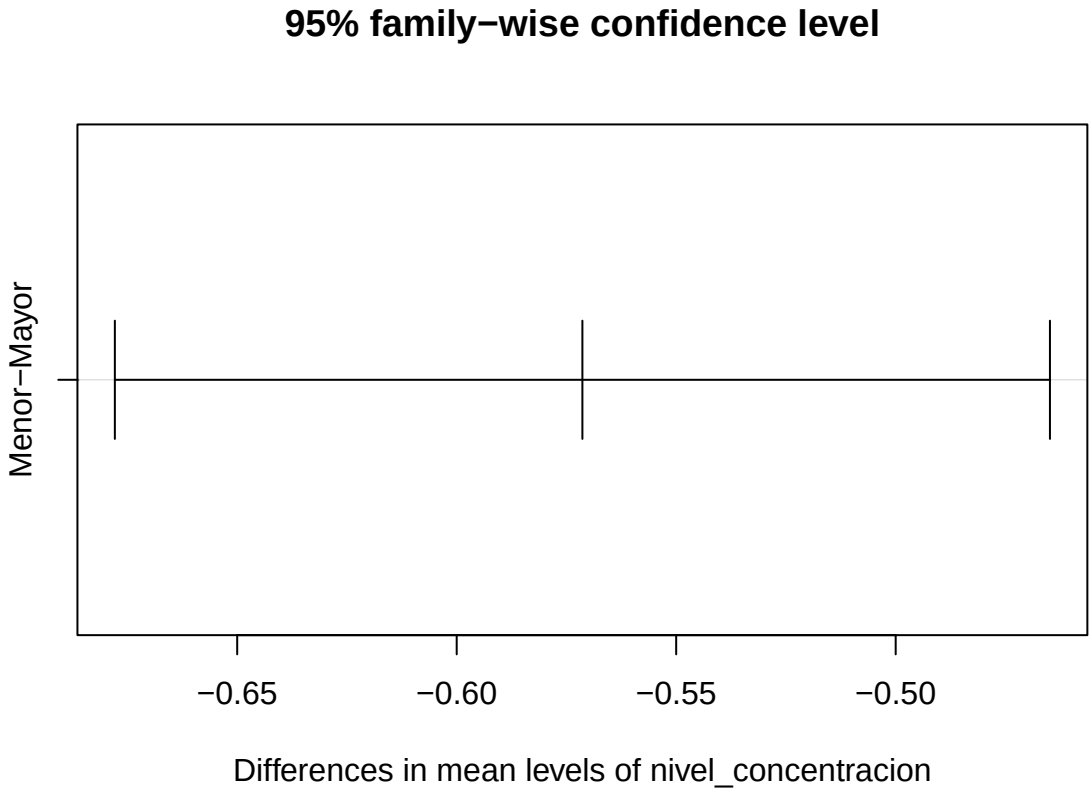


Cómo podemos observar en el boxplot, ambas muestras no coinciden y son diferentes de la concentración media de mercurio, lo que confirma que, en efecto, las medias de los tratamientos no son iguales y por lo tanto, se tiene que si existe una diferencia entre los lagos que sobrepasan el valor reglamentado de 0.5 y los que se mantienen por debajo.

```
Tu = TukeyHSD(A)
Tu
```

```
##   Tukey multiple comparisons of means
##     95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = media_mercurio ~ nivel_concentracion)
##
## $nivel_concentracion
##                    diff        lwr        upr p adj
## Menor-Mayor -0.5713636 -0.6778698 -0.4648575     0
```

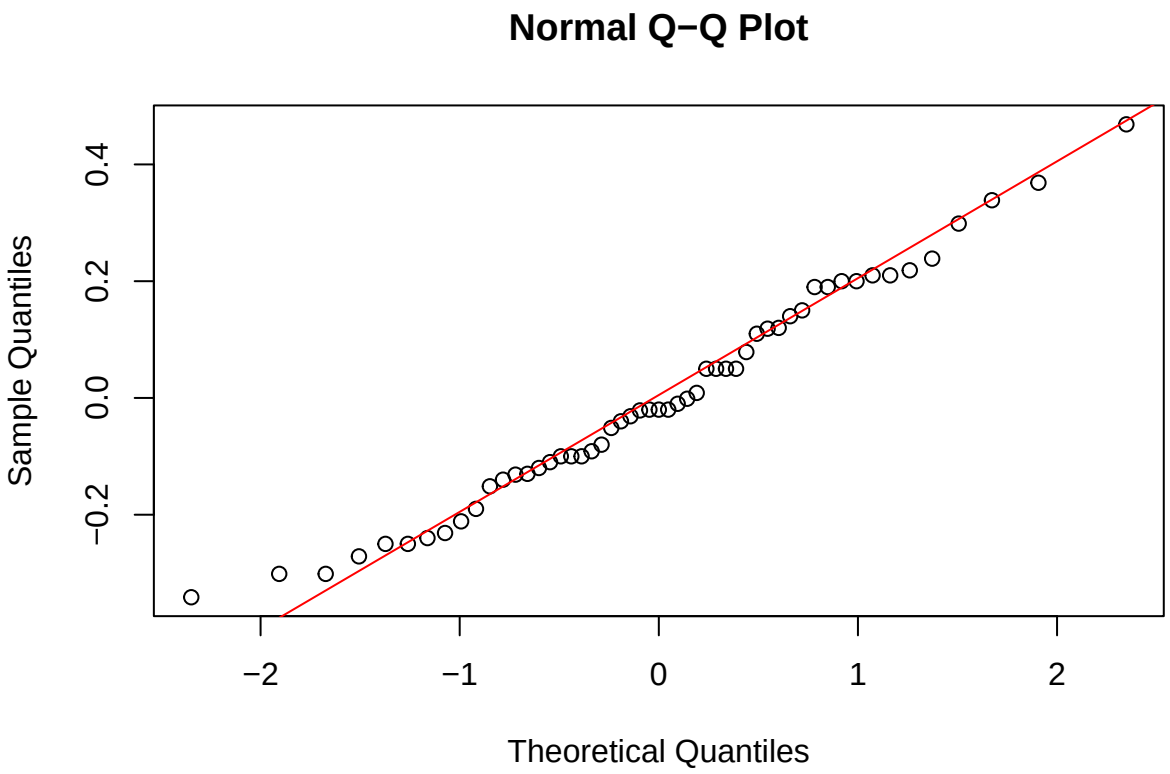
```
plot(TukeyHSD(A))
```



La prueba de Tukey nos muestra que los intervalos de confianza de las diferencias por pares no incluyen al 0, entonces se confirma que la hipótesis nula se rechaza.

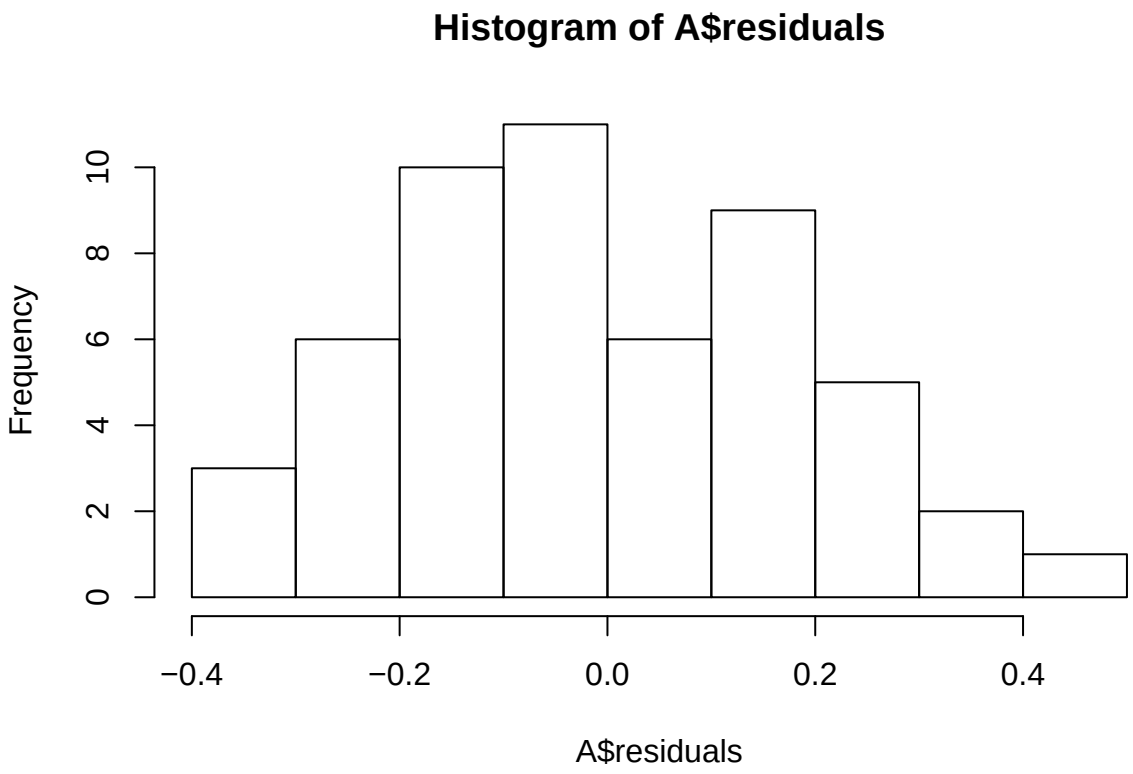
Verificación de supuestos:

```
qqnorm(A$residuals)
qqline(A$residuals, col = "red")
```



Normalidad

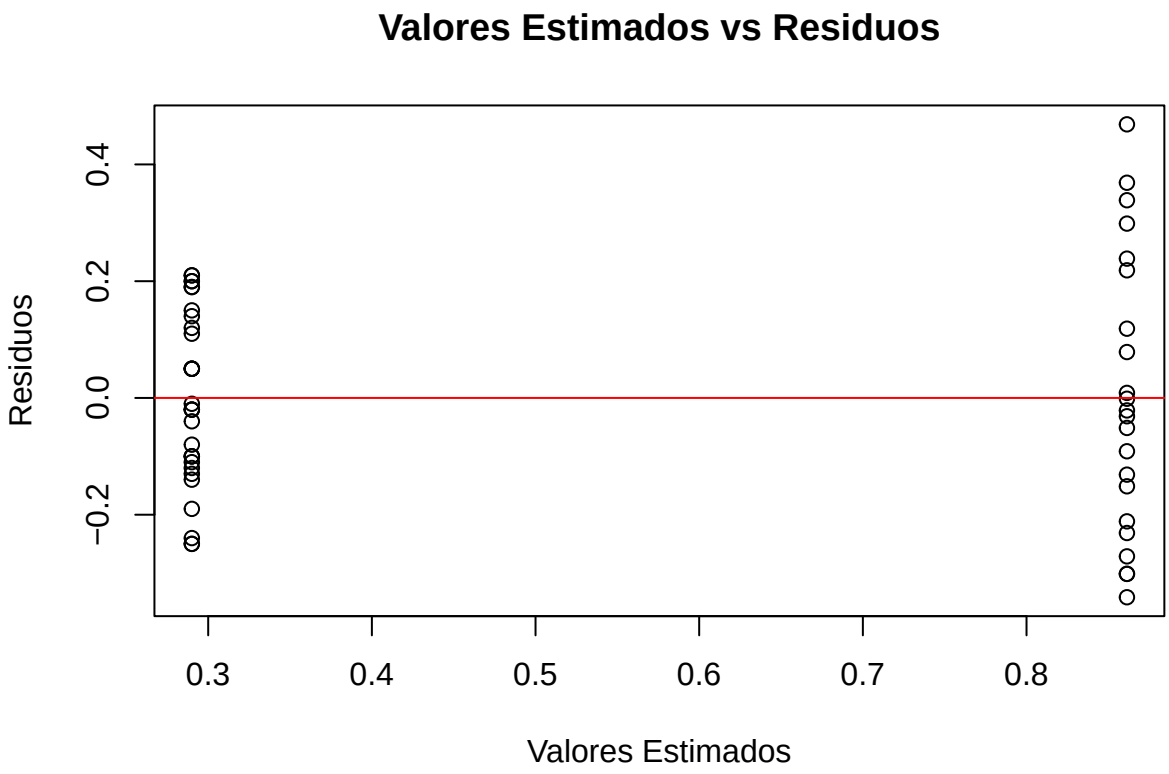
```
hist(A$residuals, col = 0)
```



De acuerdo con la gráfica de normalidad podemos observar que esta tiene un comportamiento ideal en su simetría.

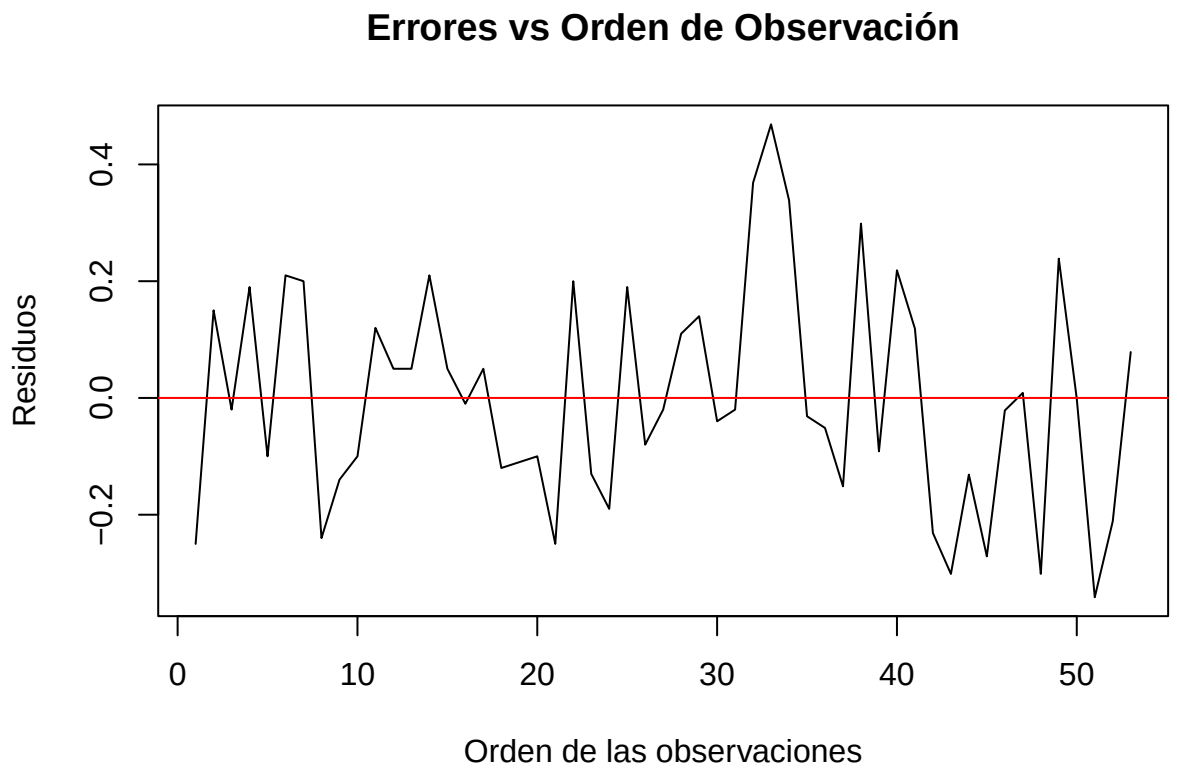
Homocedasticidad Valores estimados vs residuos.

```
plot(A$fitted.values, A$residuals, ylab = "Residuos", xlab = "Valores Estimados", main = "Valores Estima
abline(h = 0, col = "red")
```



La gráfica de estimados y residuos muestra que efectivamente cumple con los supuestos.

```
plot(c(1:53), A$residuals, type = "l", main = "Errores vs Orden de Observación", xlab = "Orden de las ob
abline(h = 0, col = "red")
```



Independencia

La gráfica de independencia muestra una autocorrelación negativa y se observa una alternancia muy marcada de residuos positivos y negativos, lo cual puede ser causado por la existencia de ciclos en los errores o relaciones no lineales.

Regresión Múltiple

Como se mencionó anteriormente, las variables a utilizar para el modelo de regresión múltiple son:

- $X3$ = alcalinidad (mg/l de carbonato de calcio)
- $X4$ = PH
- $X5$ = calcio (mg/l)
- $X6$ = clorofila (mg/l)
- $X7$ = concentración media de mercurio (parte por millón) en el tejido muscualar del grupo de peces estudiados en cada lago

Esto debido a que su valor de correlación con respecto a la variable x7 se tiene un nivel que va de débil a moderado negativamente, y además, con el contexto del problema, lo que se quiere obtener está relacionado con la variable x7, pues esta se refiere a la concentración media de mercurio en los lagos, entonces deben de aplicarse diferentes variables independientes para poder determinar los valores de la variable dependiente.

```
db_mercurio_mult = db_mercurio_num[1:5]
```

Correlación

```
library(Hmisc)
```

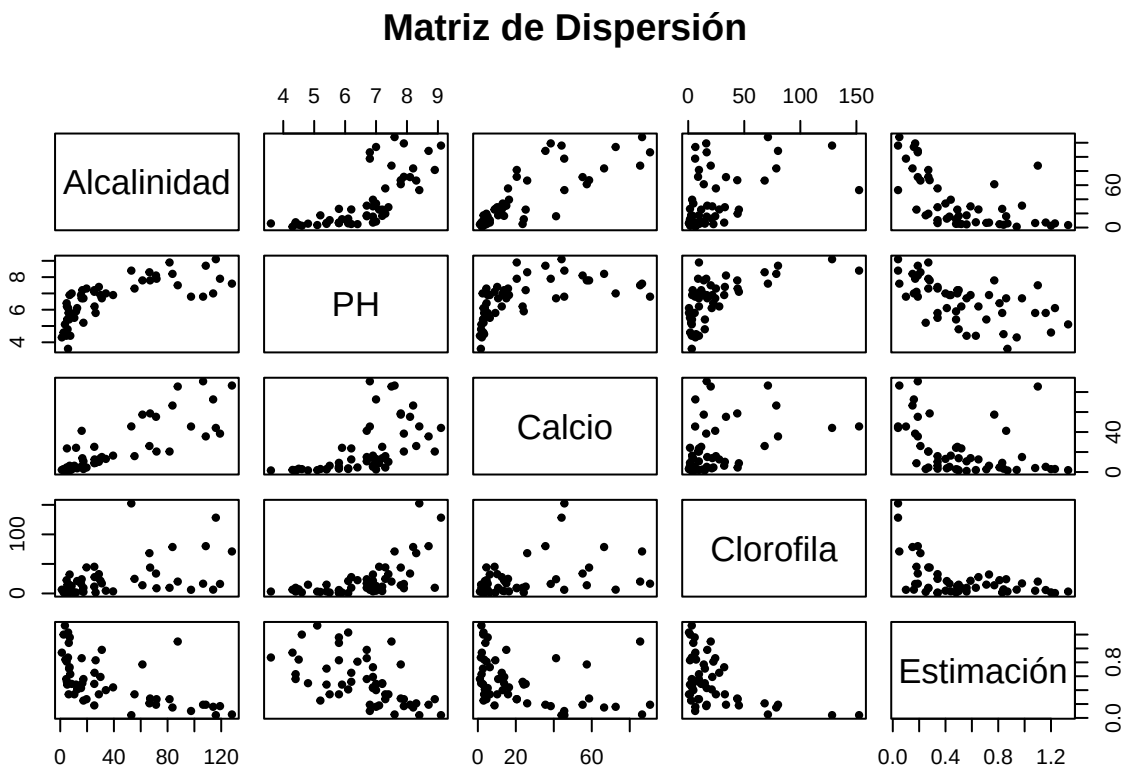
```
## Loading required package: lattice

## Loading required package: survival

## Loading required package: Formula

## Loading required package: ggplot2

##
## Attaching package: 'ggplot2'

## The following objects are masked from 'package:psych':
##
##     %+%, alpha

##
## Attaching package: 'Hmisc'

## The following object is masked from 'package:psych':
##
##     describe

## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     format.pval, units
```

```
Rc = rcorr(as.matrix(db_mercurio_mult))
Rc
```

```
##       X3    X4    X5    X6    X7
## X3  1.00  0.72  0.83  0.48 -0.59
## X4  0.72  1.00  0.58  0.61 -0.58
## X5  0.83  0.58  1.00  0.41 -0.40
## X6  0.48  0.61  0.41  1.00 -0.49
## X7 -0.59 -0.58 -0.40 -0.49  1.00
##
## n= 53
##
##
## P
##    X3     X4     X5     X6     X7
## X3        0.0000 0.0000 0.0003 0.0000
## X4 0.0000        0.0000 0.0000 0.0000
## X5 0.0000 0.0000        0.0023 0.0029
## X6 0.0003 0.0000 0.0023        0.0002
## X7 0.0000 0.0000 0.0029 0.0002
```

De igual forma, al tener los valores de la correlación, es importante observar que se sigue cumpliendo que los valores p sean menores a 0.05, lo cual nos indica que el modelo es correcto y funcionará correctamente.

```
pairs(db_mercurio_mult, labels=c("Alcalinidad", "PH", "Calcio", "Clorofila", "Estimación"), main = "Mat
```



La gráfica anterior muestra la correlación de las múltiples variables (por pares), lo cual es equivalente a pasar el dataframe nuérico a un plot; de esta manera podemos tener una visualización más clara de la dispersión de los datos.

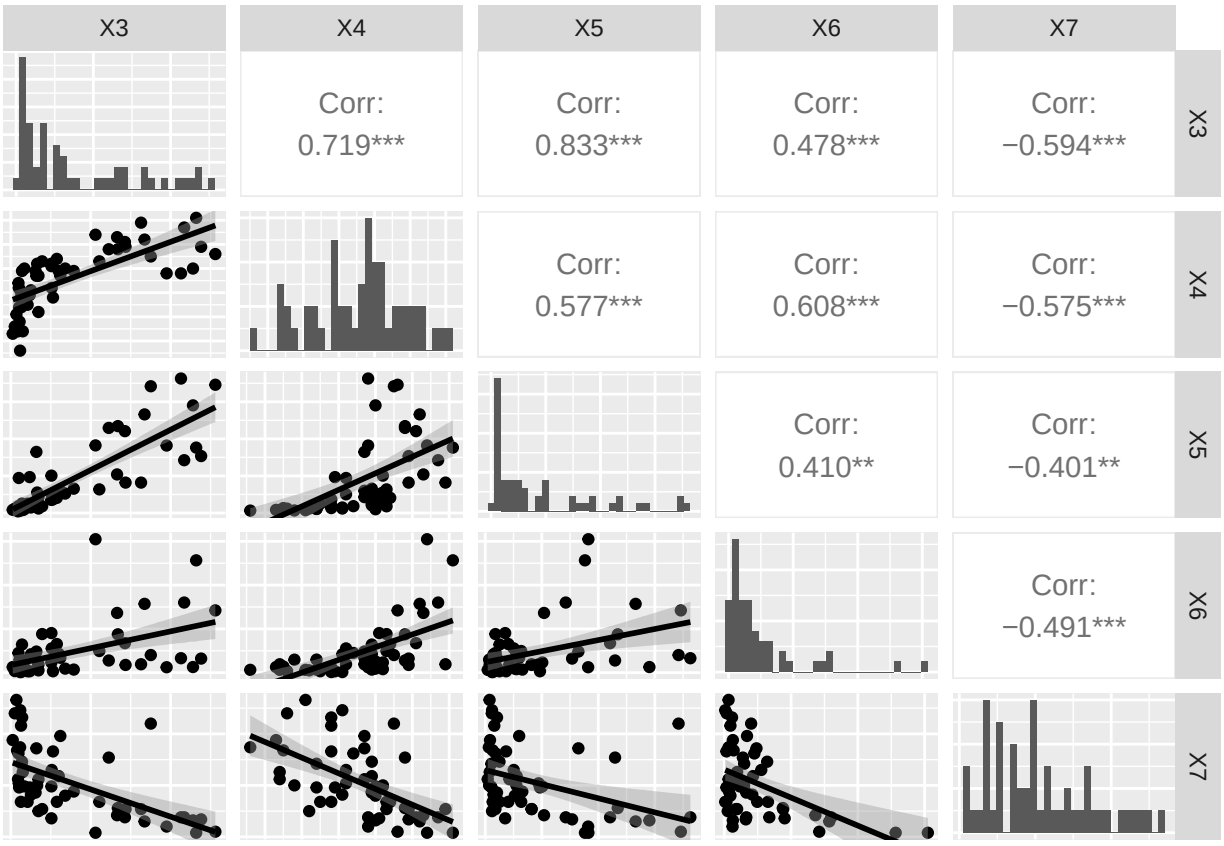
```
library(GGally)
```

```
## Registered S3 method overwritten by 'GGally':
##   method from
##   +.gg   ggplot2
```

```
ggpairs(db_mercurio_mult, lower = list(continuous = "smooth"),
        diag = list(continuous = "barDiag"), axisLabels = "none")
```

```
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```

```
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```

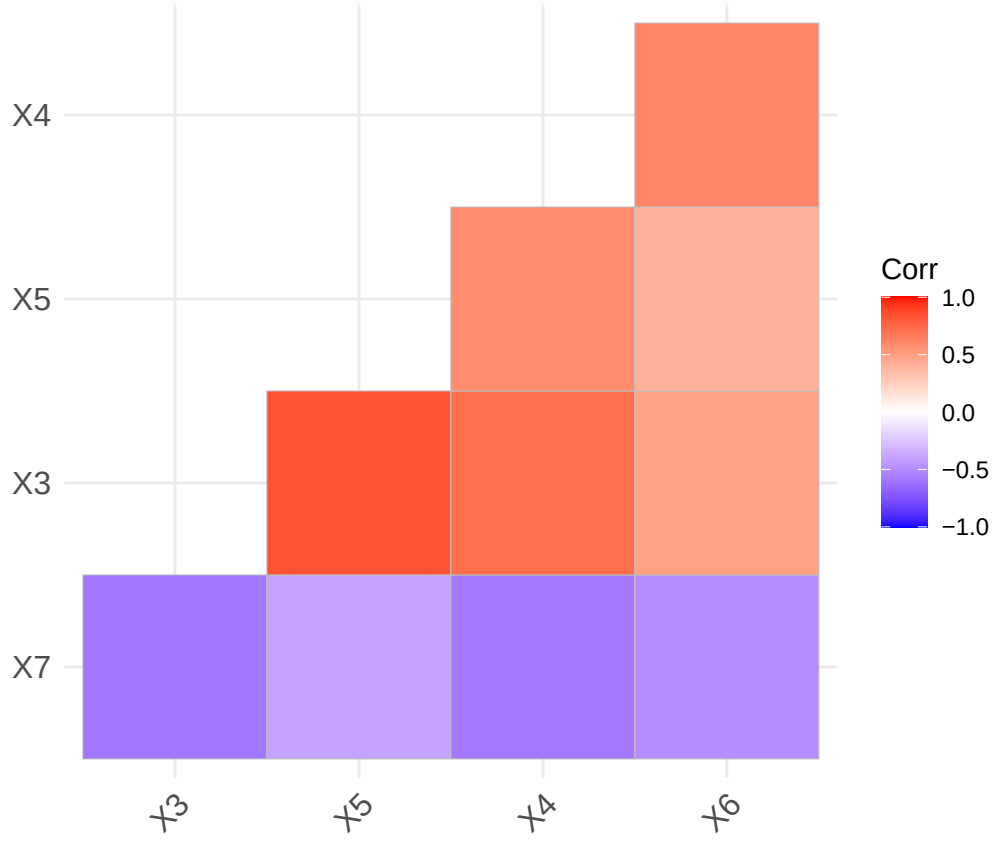



```
library(ggcorrplot)
library(polycor)
```

```
##
## Attaching package: 'polycor'
```

```
## The following object is masked from 'package:psych':
##
##     polyserial
```

```
mat_cor <- hetcor(db_mercurio_mult)$correlations
ggcorrplot(mat_cor,type="lower",hc.order = T)
```



Retomando los valores de las correlaciones, en el gráfico anterior, podemos observar como existe esta correlación negativa de las variables x3, x4, x5, y x6 con la variable x7, lo que indica que nuestras variables fueron elegidas correctamente y la regresión arrojará buenos resultados.

Ahora, como paso siguiente se debe de proponer un modelo para después por medio del análisis detectar qué variables no son significativas para el modelo y posteriormente se pueda proponer el mejor modelo considerando solo las variables que si son significativas.

El Modelo

En esta parte se genera el modelo utilizando las variables antes mencionadas para así poder obtener los valores calculados y seguir con el análisis, es importante mencionar que nuestro valor p se sigue manteniendo menor a nuestro valor de significancia lo que indica que nuestro modelo es correcto.

```
R = lm(X7 ~ X3 + X4 + X5 + X6, data = db_mercurio_mult)
summary(R)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = X7 ~ X3 + X4 + X5 + X6, data = db_mercurio_mult)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.42260 -0.19155 -0.08438  0.14334  0.62234
##
## Coefficients:
```

```
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  1.004440   0.257561   3.900 0.000299 ***
## X3          -0.005503   0.002028  -2.713 0.009224 **
## X4          -0.046709   0.045329  -1.030 0.307968
## X5           0.004129   0.002648   1.559 0.125484
## X6          -0.002361   0.001497  -1.577 0.121257
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.2629 on 48 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4515, Adjusted R-squared:  0.4058
## F-statistic: 9.879 on 4 and 48 DF,  p-value: 6.499e-06
```

Selección del mejor modelo

```
step(R, direction = "both", trace = 1)
```

```
## Start:  AIC=-136.87
## X7 ~ X3 + X4 + X5 + X6
##
##        Df Sum of Sq    RSS     AIC
## - X4    1   0.07338 3.3904 -137.72
## <none>              3.3171 -136.87
## - X5    1   0.16803 3.4851 -136.25
## - X6    1   0.17196 3.4890 -136.19
## - X3    1   0.50874 3.8258 -131.31
##
## Step:  AIC=-137.71
## X7 ~ X3 + X5 + X6
##
##        Df Sum of Sq    RSS     AIC
## <none>              3.3904 -137.72
## - X5    1   0.18606 3.5765 -136.88
## + X4    1   0.07338 3.3171 -136.87
## - X6    1   0.35080 3.7412 -134.50
## - X3    1   0.90855 4.2990 -127.13

##
## Call:
## lm(formula = X7 ~ X3 + X5 + X6, data = db_mercurio_mult)
##
## Coefficients:
## (Intercept)           X3           X5           X6
##    0.744583    -0.006487     0.004333    -0.003035
```

Para la selección del mejor modelo análizamos los resultados y tenemos que de acuerdo a los criterios de elección se toman en cuenta:

- La significancia de las variables.
- El coeficiente de determinación.
- Otros criterios de información

Y el cálculo nos muestra que nuestro mejor modelo es el que descarta la variable menos significativa, la cual es la variable x4, lo que nos lleva a la conclusión de que nuestro mejor modelo para la regresión múltiple es $lm(formula = X7\ X3 + X5 + X6, data = dbmercuriomult)$

El mejor modelo

Gracias a los resultados anteriores, ahora podemos definir el modelo final, utilizando las variables significativas para el modelo.

```
R1 = lm(X7 ~ X3 + X5 + X6, data = db_mercurio_mult)
S = summary(R1)
S
```

```
##
## Call:
## lm(formula = X7 ~ X3 + X5 + X6, data = db_mercurio_mult)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.38746 -0.18520 -0.07092  0.14490  0.61422
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  0.744583   0.052401  14.209  < 2e-16 ***
## X3          -0.006487   0.001790  -3.624 0.000689 ***
## X5           0.004333   0.002642   1.640 0.107445
## X6          -0.003035   0.001348  -2.252 0.028862 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.263 on 49 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4394, Adjusted R-squared:  0.4051
## F-statistic:  12.8 on 3 and 49 DF,  p-value: 2.676e-06
```

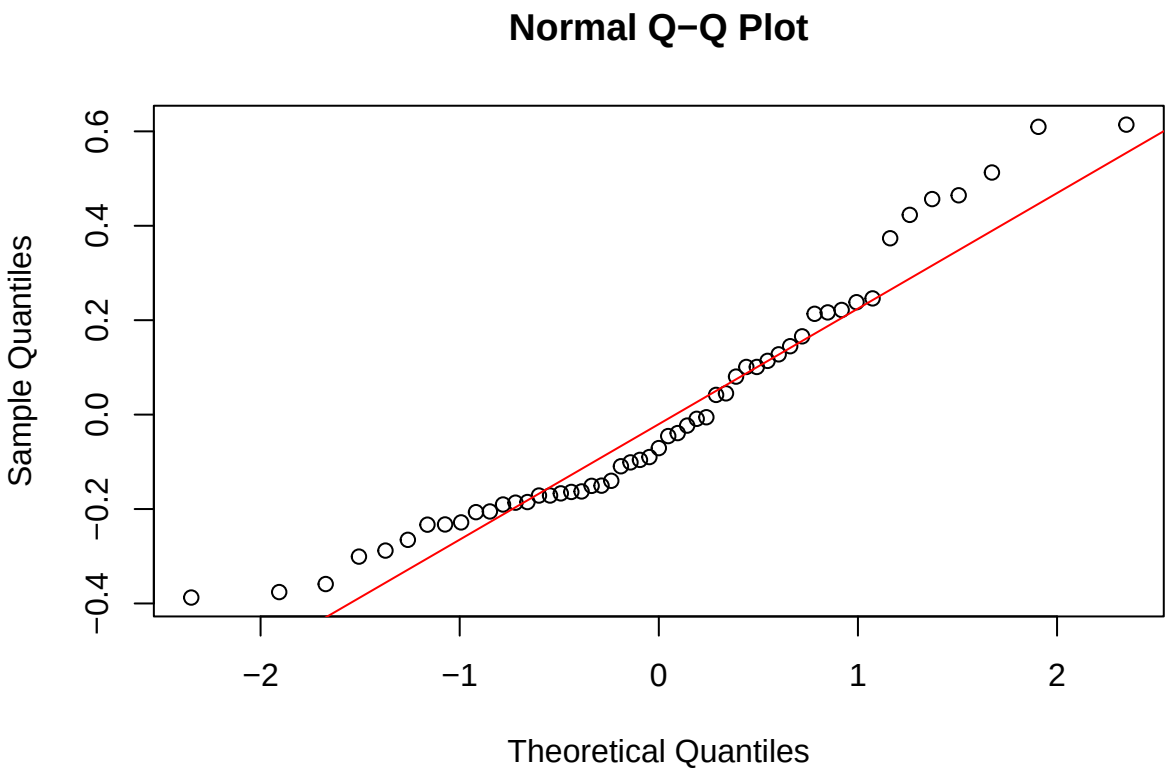
```
confint(R1)
```

Intervalos de confianza

```
##                    2.5 %       97.5 %
## (Intercept)  0.6392783659  0.849887688
## X3          -0.0100848532 -0.002889577
## X5          -0.0009770002  0.009643095
## X6          -0.0057427822 -0.000326232
```

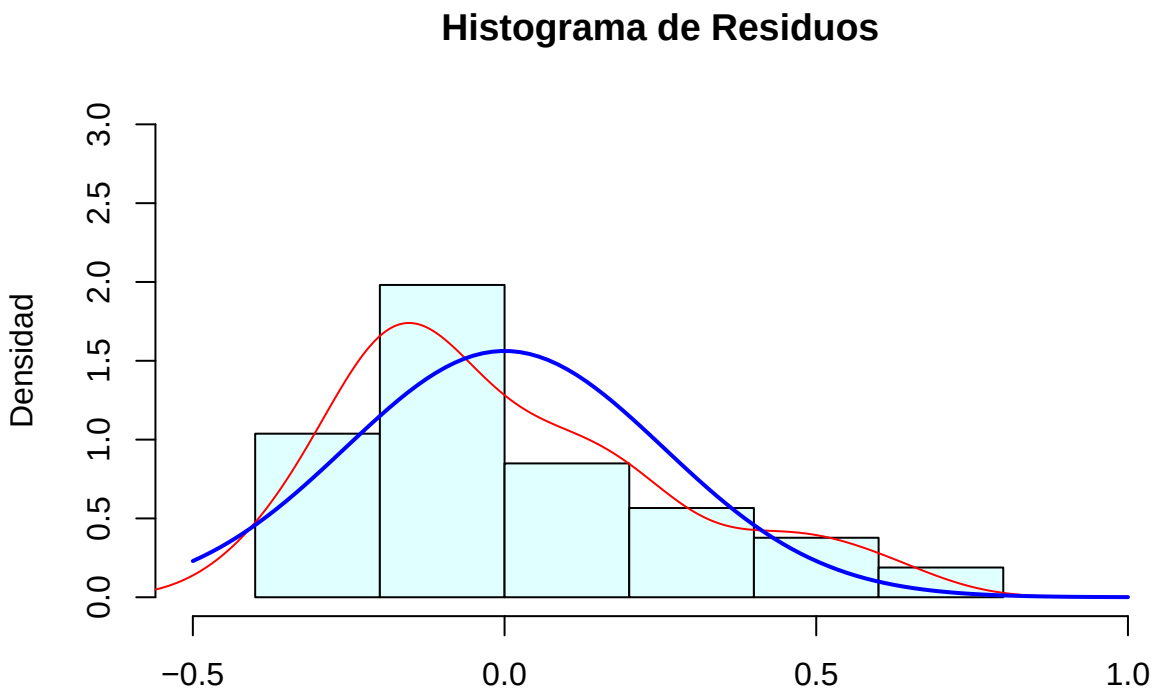
Verificación de supuestos

```r
E = R1$residuals
Y = R1$fitted.values

qqnorm(E)
qqline(E, col = "red")
```



Normalidad

```r
hist(E, col = "lightcyan", freq = FALSE, main = "Histograma de Residuos", xlim = c(-0.5, 1), ylim = c(0
lines(density(E), col = "red")
curve(dnorm(x, mean = mean(E), sd = sd(E)), add = TRUE, col = "blue", lwd = 2)
```



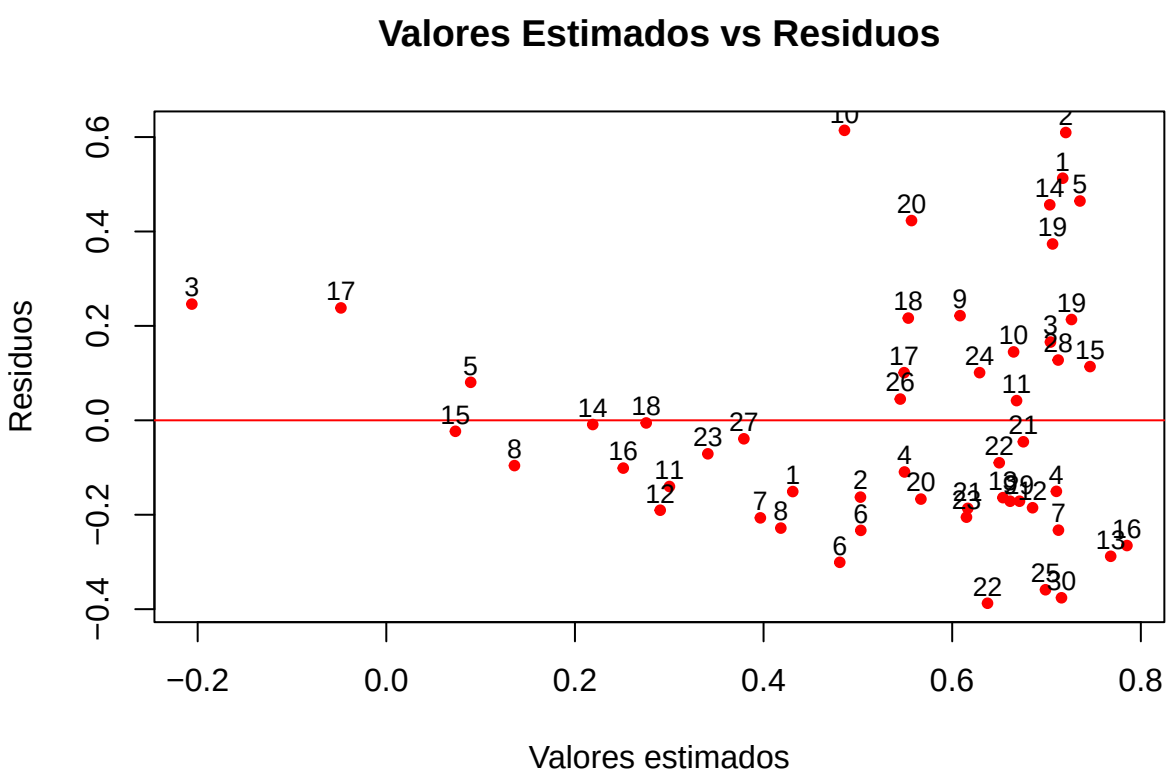

```
shapiro.test(E)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  E
## W = 0.93258, p-value = 0.005116
```

Gracias a las gráficas podemos observar que esta tiene un comportamiento ideal en su simetría.

Homocedasticidad y modelo apropiado Gráfica Valores estimados vs Residuos

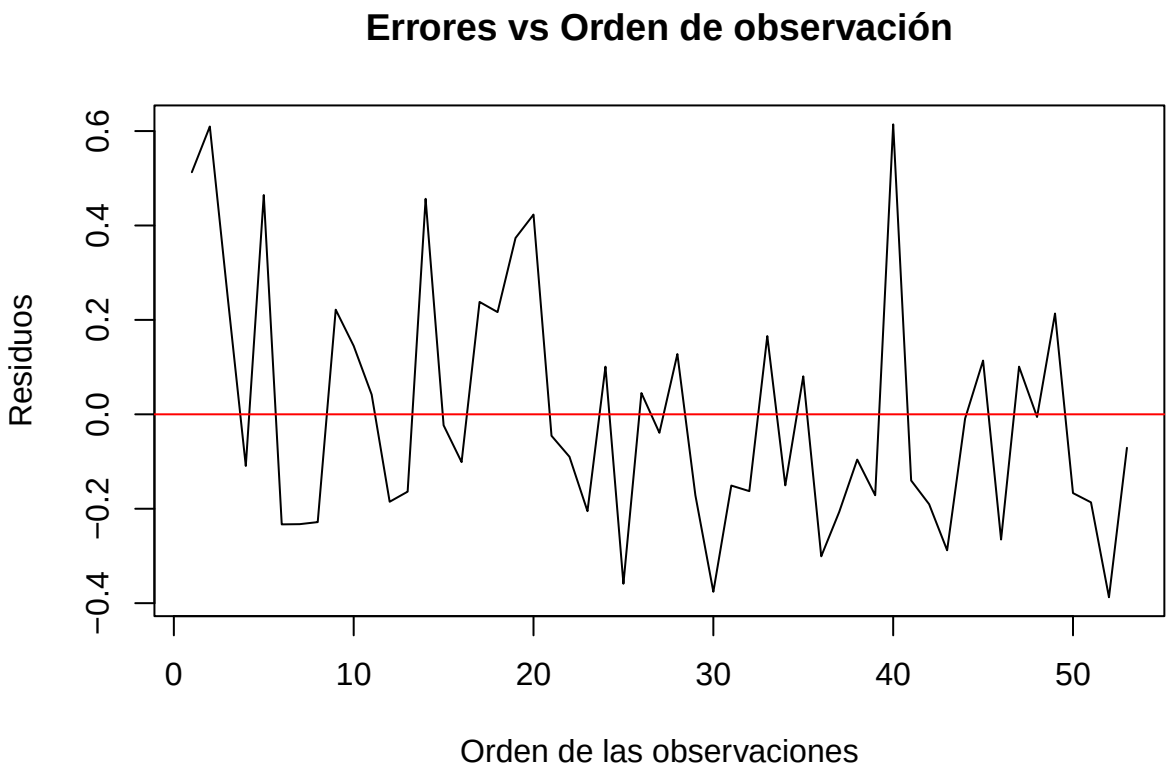
```
plot(Y, E, ylab = "Residuos", xlab = "Valores estimados", pch = 20, col = "red", main = "Valores Estima
abline(h = 0, col = "red")
text(Y[], E[], 1:30, cex = 0.8, pos = 3, offset = 0.2)
```



La gráfica de estimados y residuos muestra que efectivamente cumple con los supuestos.

Independencia Errores vs Orden de observación

```
n = length(db_mercurio_mult$X7)
plot(c(1:n), R1$residuals, type = "l", xlab = "Orden de las observaciones", ylab = "Residuos", main = "
abline(h = 0, col = "red")
```



La gráfica de independencia muestra una autocorrelación negativa y se observa una alternancia muy marcada de residuos positivos y negativos, lo cual puede ser causado por la existencia de ciclos en los errores o relaciones no lineales.

Prueba de autocorrelación para verificar independencia: H0: rho=0

```
library(car)
```

```
## Loading required package: carData
```

```
##
## Attaching package: 'car'
```

```
## The following object is masked from 'package:psych':
##
##     logit
```

```
dwt(R1, alternative = "two.sided")
```

```
##  lag Autocorrelation D-W Statistic p-value
##    1       0.1660837      1.588784   0.114
##  Alternative hypothesis: rho != 0
```

Datos atípicos o influyentes

Datos atípicos Se estandarizan los residuos y se observa si hay distancias mayores a 3.

```
library(dplyr)
```

```
##
## Attaching package: 'dplyr'
```

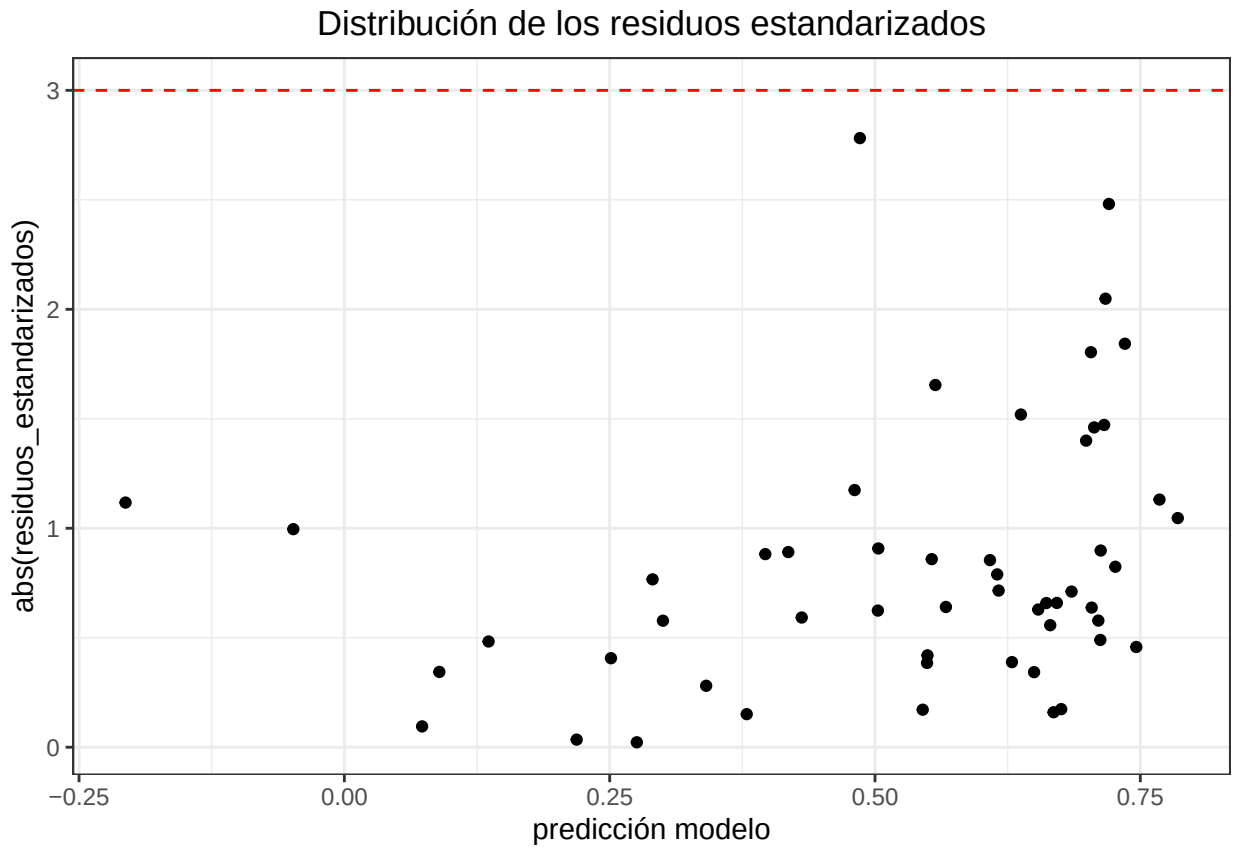
```
## The following object is masked from 'package:car':
##
##     recode
```

```
## The following objects are masked from 'package:Hmisc':
##
##     src, summarize
```

```
## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##     filter, lag
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     intersect, setdiff, setequal, union
```

```
db_mercurio_mult$residuos_estandarizados <- rstudent(R1)  #Introduce una columna en D con los residuos

ggplot(data = db_mercurio_mult, aes(x = predict(R1), y = abs(residuos_estandarizados))) +
  geom_hline(yintercept = 3, color = "red", linetype = "dashed") +
  # se identifican en rojo observaciones con residuos estandarizados absolutos > 3
  geom_point(aes(color = ifelse(abs(residuos_estandarizados) > 3, 'red', 'black'))) +
  scale_color_identity() +
  labs(title = "Distribución de los residuos estandarizados",x = "predicción modelo") +
  theme_bw() + theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```




```
which(abs(db_mercurio_mult$residuos_estandarizados)>3)
```

```
## integer(0)
```

Con la gráfica anterior se observa que no se identifican observaciones con residuos estandarizados absolutos mayores a 3, por lo tanto no hay valores atípicos.

```
summary(influence.measures(R1))
```

Datos influyentes

```
## Potentially influential observations of
##   lm(formula = X7 ~ X3 + X5 + X6, data = db_mercurio_mult) :
##
##    dfb.1_ dfb.X3 dfb.X5  dfb.X6 dffit   cov.r   cook.d hat
## 2   0.48  -0.11  -0.04   -0.09   0.48    0.70_*  0.05   0.04
## 3  -0.22   0.28  -0.29    0.52   0.72    1.39_*  0.13   0.29_*
## 15  0.02   0.00  -0.02   -0.01  -0.04    1.28_*  0.00   0.15
## 35 -0.02   0.17  -0.11   -0.07   0.18    1.38_*  0.01   0.22
## 37  0.07   0.07  -0.31    0.18  -0.46    1.29_*  0.05   0.21
## 38  0.06   0.17  -0.09   -0.40  -0.43    1.90_*  0.05   0.44_*
## 40 -0.11  -0.50   1.14_* -0.38   1.38_*  0.75_*  0.42   0.20
```

```
## 41  0.03  -0.09  -0.06    0.15  -0.25    1.26_*  0.02   0.16
## 48  0.00  -0.01   0.01    0.00  -0.01    1.25_*  0.00   0.13
```

```
influence.measures(R1)
```

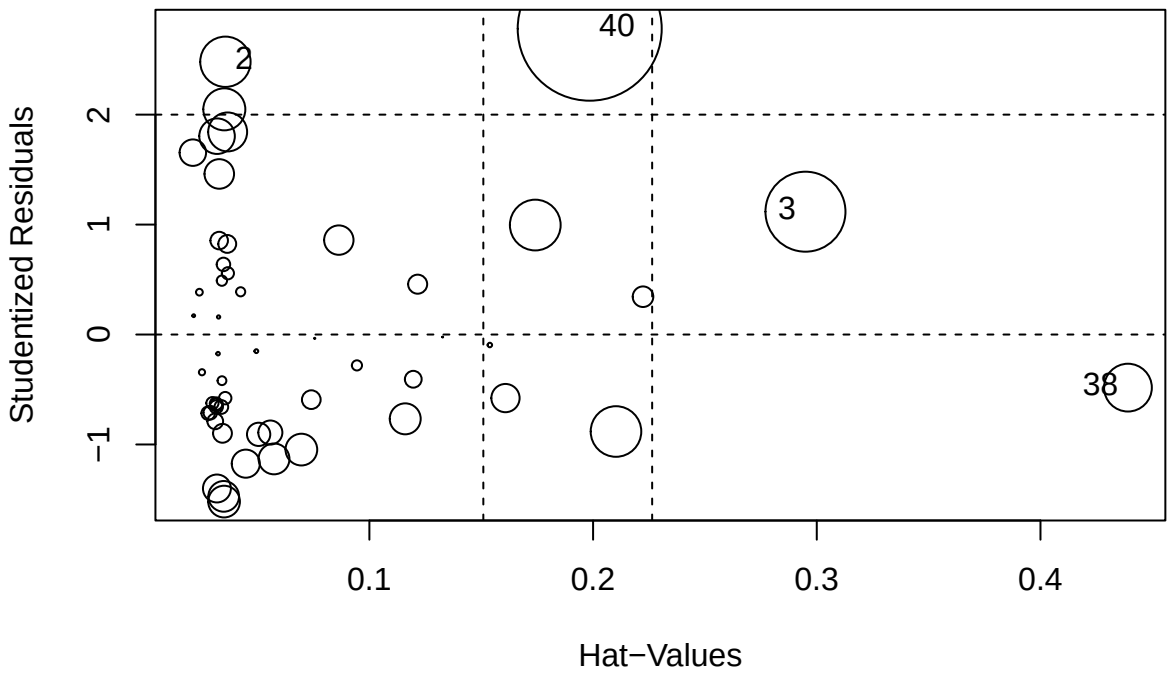
```
## Influence measures of
##   lm(formula = X7 ~ X3 + X5 + X6, data = db_mercurio_mult) :
##
##       dfb.1_   dfb.X3    dfb.X5   dfb.X6    dffit cov.r   cook.d    hat inf
## 1   0.388970 -0.06468 -0.039438 -0.10827  0.39101 0.805 3.59e-02 0.0352
## 2   0.476052 -0.10616 -0.043719 -0.08697  0.47696 0.695 5.15e-02 0.0356   *
## 3  -0.222093  0.28467 -0.290188  0.51806  0.72269 1.390 1.30e-01 0.2949   *
## 4  -0.050777 -0.03679  0.028122  0.04376 -0.07886 1.108 1.58e-03 0.0341
## 5   0.358090 -0.10303 -0.003135 -0.07513  0.35939 0.858 3.08e-02 0.0366
## 6  -0.106736  0.00905  0.077856 -0.13501 -0.20935 1.068 1.10e-02 0.0505
## 7  -0.168885  0.03466  0.015983  0.03359 -0.16938 1.052 7.20e-03 0.0343
## 8  -0.000803  0.04359 -0.134767  0.01498 -0.21654 1.077 1.18e-02 0.0557
## 9   0.128410  0.05020 -0.058758 -0.07517  0.15752 1.057 6.24e-03 0.0329
## 10  0.092138 -0.04622  0.000161  0.03486  0.10886 1.099 3.01e-03 0.0368
## 11  0.027551 -0.00706 -0.004475  0.00319  0.02932 1.120 2.19e-04 0.0326
## 12 -0.113077  0.03581 -0.022954  0.04127 -0.12261 1.072 3.80e-03 0.0289
## 13 -0.079432  0.05788 -0.062119  0.02397 -0.11338 1.085 3.25e-03 0.0315
## 14  0.324494 -0.08702 -0.007267 -0.05235  0.32752 0.863 2.56e-02 0.0319
## 15  0.016324 -0.00374 -0.015564 -0.00657 -0.04060 1.282 4.21e-04 0.1538   *
## 16  0.034233  0.05030 -0.081520 -0.08160 -0.14990 1.217 5.71e-03 0.1196
## 17 -0.102253  0.32584 -0.281250  0.17347  0.45733 1.212 5.23e-02 0.1742
## 18  0.033523 -0.09567  0.203278 -0.08968  0.26404 1.118 1.75e-02 0.0863
## 19  0.268051 -0.06087 -0.017937 -0.04918  0.26942 0.944 1.77e-02 0.0329
## 20  0.197518  0.03595 -0.060583 -0.02930  0.24278 0.889 1.42e-02 0.0211
## 21 -0.030911  0.00432  0.006855  0.00159 -0.03181 1.119 2.58e-04 0.0324
## 22 -0.052783  0.00940  0.001515  0.01032 -0.05511 1.103 7.73e-04 0.0252
## 23 -0.122204  0.01528  0.040693 -0.03176 -0.14141 1.064 5.04e-03 0.0311
## 24  0.058190 -0.03705  0.001675  0.04215  0.08185 1.120 1.70e-03 0.0425
## 25 -0.249601  0.03884  0.015308  0.08053 -0.25395 0.956 1.58e-02 0.0318
## 26  0.020025  0.00299 -0.007356  0.00132  0.02538 1.107 1.64e-04 0.0215
## 27 -0.010863 -0.02630  0.024816  0.00358 -0.03446 1.140 3.03e-04 0.0495
## 28  0.090883 -0.02778 -0.002940 -0.00800  0.09201 1.102 2.15e-03 0.0341
## 29 -0.115528  0.02872  0.021206 -0.01434 -0.12326 1.084 3.84e-03 0.0338
## 30 -0.278097  0.04597  0.027058  0.07899 -0.27978 0.943 1.91e-02 0.0349
## 31  0.004002  0.07299 -0.125312 -0.02624 -0.16750 1.139 7.11e-03 0.0740
## 32 -0.068435 -0.01467  0.047262 -0.04320 -0.10944 1.084 3.03e-03 0.0298
## 33  0.120124 -0.01556 -0.021264 -0.02504  0.12102 1.088 3.71e-03 0.0348
## 34 -0.110458  0.01698  0.018111  0.02124 -0.11104 1.095 3.13e-03 0.0355
## 35 -0.015672  0.16987 -0.108245 -0.07402  0.18390 1.383 8.61e-03 0.2223   *
## 36 -0.120720  0.00731  0.086380 -0.16680 -0.25421 1.015 1.60e-02 0.0448
## 37  0.065182  0.06774 -0.313523  0.17655 -0.45503 1.289 5.20e-02 0.2102   *
## 38  0.061805  0.16772 -0.086795 -0.40496 -0.42728 1.899 4.64e-02 0.4391   *
## 39 -0.113188  0.01743  0.026472 -0.00363 -0.11885 1.082 3.57e-03 0.0316
## 40 -0.110028 -0.49826  1.135482 -0.38357  1.38433 0.745 4.21e-01 0.1985   *
## 41  0.031899 -0.08908 -0.059832  0.15064 -0.25298 1.259 1.62e-02 0.1608   *
## 42  0.000794 -0.20023  0.071853  0.16526 -0.27777 1.170 1.95e-02 0.1160
## 43 -0.184014  0.18795 -0.188752  0.07401 -0.27905 1.037 1.94e-02 0.0574
## 44  0.000190 -0.00378  0.004500 -0.00640 -0.00995 1.175 2.53e-05 0.0756
## 45  0.054380 -0.14636  0.150082  0.01941  0.17037 1.215 7.38e-03 0.1216
```

```
## 46 -0.173793  0.23206 -0.208028  0.01075 -0.28623 1.066 2.04e-02 0.0696
## 47  0.045465 -0.00424 -0.012677  0.01864  0.06040 1.099 9.28e-04 0.0240
## 48 -0.001014 -0.00801  0.006119  0.00361 -0.00881 1.252 1.98e-05 0.1328   *
## 49  0.158099 -0.05348 -0.002747 -0.01164  0.16034 1.065 6.47e-03 0.0365
## 50 -0.083993 -0.04831  0.045527  0.05603 -0.11580 1.084 3.39e-03 0.0316
## 51 -0.110028  0.00368  0.036853 -0.00788 -0.12129 1.071 3.71e-03 0.0279
## 52 -0.257310 -0.06797  0.124997  0.09761 -0.28953 0.933 2.04e-02 0.0350
## 53 -0.017163 -0.07863  0.059160  0.04006 -0.09064 1.191 2.09e-03 0.0944
```

Se consideran influyentes aquellas observaciones:

- que tengan leverages mayores a 2.5(p+1)/n = 2.5*3/30 =2.5/10 0.25
- que tengan distancia de Cook superiores a 4/n.

```
influencePlot(R1)
```




```
##       StudRes        Hat      CookD
## 2   2.4809441 0.03564225 0.05145857
## 3   1.1173717 0.29494242 0.12991250
## 38 -0.4829154 0.43910418 0.04636791
## 40  2.7817319 0.19849694 0.42117600
```

En los cálculos y gráfico anterior podemos observar los puntos influyentes, los cuales son los puntos que tienen un impacto en las estimativas del modelo.

Conclusión

Finalmente, tras haber realizado todo este análisis es posible generar una conclusión acerca del problema sobre la contaminación por mercurio de peces en el agua dulce y gracias a los modelos estadísticos implemnetados fue posible determinar si estos niveles de contaminación son una amenaza contra la salud de los seres humanos.

Específicamente hablando, el haber empleado la herramienta estadística de ANOVA nos ayudó a determinar que la edad de los peces no tiene un efecto significativo en la contaminación por mercurio, sin embargo, al hacer la nueva columna de concentración que muestra si la media de mercurio sobrepasa o no el límite reglamentario, fue posible identificar que a diferencia de la edad, esta nueva variable si mostraba una diferencia significativa, lo que muestra que si nivel de concentración sobrepasa o no el valor permitido, sí se tiene un efecto en la concentración media de mercurio.

Por otro lado, tenemos el modelo de regresión múltiple, donde en las gráficas de correlación se encontrarón variables muy cercanas al 1, lo cual puede provocar problemas de multicolinealidad y por ende se decidió implementar en el modelo a las variables de alcalinidad, ph, calcio y clorofila como variables independientes y a la concentración media de mercurio como la variable dependiente, lo cual arrojó que el mejor modelo era solo utilizando las variables más significativas, entonces, de acuerdo a ese resultado podemos concluir que los principales factores que influyen en el nivel de contaminación por mercurio en los peces de los lagos de Florida son la alcalinidad, el calcio y la clorofila.

Anexos

Liga de Github: https://github.com/A01749448/momento-retroalimentacion-m1-implementacion.git