4,3

Trabajo 1

Estudiantes

Brayan Alberto Patiño Alzate Jenifer Tatiana Atehortua Duque Tomas Villa Machado

Equipo # 23

Docente

Julieth Veronica Guarin Escudero

Asignatura

Estadística II



Sede Medellín 30 de Marzo de 2023

${\bf \acute{I}ndice}$

1.	Pre	gunta 1	3
	1.1.	Modelo de regresión	3
	1.2.	Significancia de la regresión	3
	1.3.	Significancia de los parámetros	4
	1.4.	Interpretación de los parámetros	4
	1.5.	Coeficiente de determinación múltiple \mathbb{R}^2	4
2.	Pre	gunta 2	4
	2.1.	Planteamiento pruebas de hipótesis y modelo reducido	4
	2.2.	Estadístico de prueba y conclusión	5
3.	Pre	gunta 3	5
	3.1.	Prueba de hipótesis y prueba de hipótesis matricial	5
	3.2.	Estadístico de prueba	6
4.	Pre	gunta 4	6
	4.1.	Supuestos del modelo	6
		4.1.1. Normalidad de los residuales	6
		4.1.2. Varianza constante	8
	4.2.	Verificación de las observaciones	9
		4.2.1. Datos atípicos	9
		4.2.2. Puntos de balanceo	10
		4.2.3. Puntos influenciales	11
	4.3.	Conclusión	12

Índice de figuras

1.	Gráfico cuantil-cuantil y normalidad de residuales	7
2.	Gráfico residuales estudentizados vs valores ajustados	8
3.	Identificación de datos atípicos	9
4.	Identificación de puntos de balanceo	10
5.	Criterio distancias de Cook para puntos influenciales	11
6.	Criterio Dffits para puntos influenciales	12
Índi	ce de tablas Tabla de valores coeficientes del modelo	3
2.	Tabla ANOVA para el modelo	3
3.	Resumen de los coeficientes	4
4.	Resumen tabla de todas las regresiones	5
5.	Resumen de diagnostico	10
6.	Resumen de diagnostico	12

1. Pregunta 1 Agt

Teniendo en cuenta la base de datos asignada, se realiza el ajuste del modelo de regresión lineal múltiple (RLM), explicando la eficacia sobre el control de infecciones hospitalarias en la cual hay 5 variables regresoras dadas por:

Zación es cada variable?
$$Y_i = \beta_o + \beta_1 X_{1i} + \beta_2 X_{2i} + \beta_3 X_{3i} + \beta_4 X_{4i} + \beta_5 X_{5i} + \varepsilon_i, \ \varepsilon_i \stackrel{\text{iid}}{\sim} N(0, \sigma^2); \ 1 \leqslant i \leqslant 50$$

1.1. Modelo de regresión

Al ajustar el modelo, se obtienen los siguientes coeficientes:

Tabla 1: Tabla de valores coeficientes del modelo

	Valor del parámetro	•
β_0	-1.3940	
β_1	0.1174	/
β_2	0.0298	\ /
β_3	0.0768	\vee
β_4	0.0158	
β_5	0.0022	

Por lo tanto, el modelo de regresión ajustado es:

$$\hat{Y}_i = -1.394 + 0.1174X_{1i}0.0298X_{2i} + 0.0768X_{3i} + 0.0158X_{4i} + 0.0022X_{5i}$$



1.2. Significancia de la regresión 5 p +

Para analizar la significancia de la regresión, se plantea la siguiente prueba de hipótesis:

$$\begin{cases} H_0: \beta_1=\beta_2=\beta_3=\beta_4=\beta_5=0\\ H_a: \text{Algún } \beta_j \text{ distinto de 0 para j=1, 2,..., 5} \end{cases}$$

Cuyo estadístico de prueba es:

$$F_0 = \frac{MSR}{MSE} \stackrel{H_0}{\sim} f_{5,44} \tag{1}$$

$$F_0 = \frac{13.471360}{0.975073} = 13.8157 \tag{2}$$

Ahora, se presenta la tabla Anova:

Tabla 2: Tabla ANOVA para el modelo

	Sumas de cuadrados	g.l.	Cuadrado medio	F_0	P-valor
Regresión Error	67.3568 42.9032	5 44	13.471360 0.975073	13.8157	4.02125e-08
Error	42.9032	44	0.975073		



De la tabla Anova, se observa un valor P aproximadamente igual a 0, por lo que se rechaza la hipótesis nula en la que $\beta_j=0$ con $1\leqslant j\leqslant 5$, aceptando la hipótesis alternativa en la que algún $\beta_j\neq 0$, en este caso el P-valor nos permite concluir que sí, el modelo de regresión es significativo, rechazando la hipótesis nula planteada anteriormente, esto quiere decir que alguna de las variables predicctorias es significativa en el riesgo de adquirir infección en hospitales.

1.3. Significancia de los parámetros (6p +

En el siguiente cuadro respecto a los parametros individuales se presenta información de los los mismos, lo cual permitirá determinar cuáles de ellos son significativos.

 $\hat{\beta_i}$ $SE(\hat{\beta_i})$ $T_{0,i}$ P-valor -1.39401.6333 -0.85350.39800.11740.0828 1.4184 0.16310.0298 0.03210.92880.35800.07680.01694.53990.00000.01580.00782.01500.05000.0022 0.00072.91780.0055 β_5

Tabla 3: Resumen de los coeficientes

Los P-valores presentes en la tabla permiten concluir que con un nivel de significancia $\alpha=0.05$, los parámetros β_3 y β_5 son significativos, Los P-valores mostrados en la tabla me indican cuales de los parámetros está aportando significativamente al modelo de regresión, ya que sus P-valores 0.0000 y 0.0055 respectivamente son menores al valor alfa.

1.4. Interpretación de los parámetros 20 +

Con lo anterior se puede determinar que $\hat{\beta}_3$: 0.0768, indica que por cada unidad que aumente el promedio de camas en el hospital X_3 , el riesgo de infección aumenta 0.0768 unidades, cuando las demás variables predictoras se mantienen fijas.

Asi mismo $\hat{\beta_5}$: 0.0022 indica que por cada unidad que aumente el promedio de enfermeras en el hospital X_5 , el riesgo de infección aumenta 0.0022 unidades, cuando las demás variables predictoras se mantienen fijas.

1.5. Coeficiente de determinación múltiple R^2

El modelo tiene un coeficiente de determinación múltiple $R^2 = 0.6108906$, lo que significa que aproximadamente el 61.08% de la variabilidad total observada en los respitados de la prueba de riesgo es explicada por el modelo de regresión propuesto en el presente informe.

2.1. Planteamiento pruebas de hipótesis y modelo reducido

Las covariable con el P-valor más alto en el modelo fueron, la duracion de la estadia X_1 (Valor P= 0.1631), rutina de cultivos X_2 (Valor P= 0.3580) y censo promedio diario X_4 (Valor P= 0.0500), ahora se

lpt

procede a plantear la prueba de hipótesis para verificar la significancia en simultaneo del subconjunto con valores p más altos del modelo de regresión.

$$\begin{cases} \mathbf{H}_0: \beta_1 = \beta_2 = \beta_4 = 0 \\ \mathbf{H}_1: \mathbf{Algún} \ \beta_j \ \text{distinto de 0 para} \ j = 1, 2, 4 \end{cases}$$

Tabla 4: Resumen tabla de todas las regresiones

	SSE	Covariables en el modelo	
Modelo completo	42.903	X1 X2 X3 X4 X5	
Modelo reducido	55.477	X3 X5	\sim

Luego un modelo reducido para la prueba de significancia del subconjunto es:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_3 X_{3i} + \beta_5 X_{5i} + \varepsilon; \ \varepsilon_i \stackrel{\text{iid}}{\sim} N(0, \sigma^2); \ 1 \leqslant i \leqslant 50$$

2.2. Estadístico de prueba y conclusión

Se construye el estadístico de prueba como:

$$F_{0} = \frac{(SSE(\beta_{0}, \beta_{3}, \beta_{5}) - SSE(\beta_{0}, \dots, \beta_{5}))/3}{MSE(\beta_{0}, \dots, \beta_{5})} \stackrel{H_{0}}{\sim} f_{3,44}$$

$$= \frac{(55.477 - 42.9032)/3}{0.975073}$$

$$= 4.298413$$
(3)

Ahora, comparando el F_0 con $f_{0.95,3,44} = 2.8165$, se puede ver que $F_0 > f_{0.95,3,44}$

Por consiguiente, con un nivel de significancia de 0.05 comparando F_0 con $f_{0.95,3.44=4.0085}$, se puede ver que $F_0 > f_{0.95,3,44}$, como F_0 esta dentro de la region de rechazo, se rechaza H_0 y se concluye que las variables X_1 , X_2 y X_4 afectan de forma conjunta a la probabilidad de riesgo de infección.

3.1. Prueba de hipótesis y prueba de hipótesis matricial

¿Será que las variables predictoras X1 y X3; X2 y X4 presentan colinealidad en el modelo establecido? Je X establecido?

$$\begin{cases} H_0: \beta_1 = 3\beta_3; \ \beta_2 = \beta_4 \\ H_1: Alguna de las igualdades no se cumple \end{cases}$$

reescribiendo matricialmente:

3.

$$\begin{cases} H_0 : \mathbf{L}\underline{\beta} = \underline{\mathbf{0}} \\ H_1 : \mathbf{L}\beta \neq \underline{\mathbf{0}} \end{cases}$$

Con $\mathbf L$ dada por

$$L = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & -3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & -1 & 0 \end{bmatrix}$$

El modelo reducido está dado por:

$$Y_i = \beta_o + \beta_2 X_{2i}^* + \beta_3 X_{3i}^* + \beta_5 X_{5i} + \varepsilon_i, \ \varepsilon_i \stackrel{\text{iid}}{\sim} N(0, \sigma^2); \ 1 \leqslant i \leqslant 50$$
 Donde $X_{2i}^* = X_{2i} + X_{4i} \ y \ X_{3i}^* = 3X_{1i} + X_{3i}$

3.2. Estadístico de prueba

El estadístico de prueba F_0 está dado por:

$$F_{0} = \frac{(SSE(MR) - SSE(MF))/2}{MSE(MF)} \stackrel{H_{0}}{\sim} f_{2,44}$$

$$F_{0} = \frac{(SSE(MR) - 42.9032/2}{0.975073}$$

$$(4)$$

4. Pregunta 4 15,5 ρτ

4.1. Supuestos del modelo

4.1.1. Normalidad de los residuales 4.1.1.

Para la validación de este supuesto, se planteará la siguiente prueba de hipótesis shapina wilk, acompañada de un gráfico cuantil-cuantil:

$$\begin{cases} \mathbf{H}_0 : \varepsilon_i \sim \text{Normal} \\ \mathbf{H}_1 : \varepsilon_i \nsim \text{Normal} \end{cases}$$

Normal Q-Q Plot of Residuals

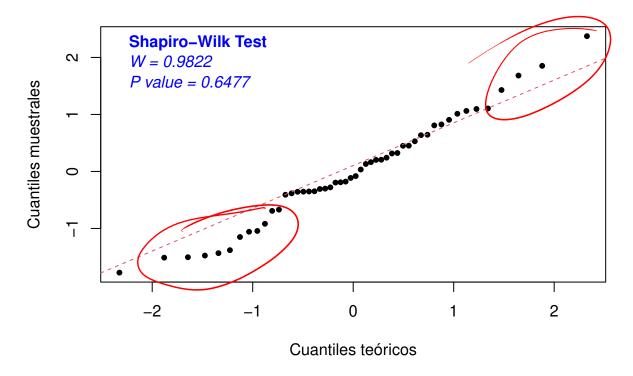


Figura 1: Gráfico cuantil-cuantil y normalidad de residuales

Normalidad

Tomando en cuenta el valor p
 no se rechaza H_0 , se podría decir que hay normalidad, sin embargo la
 gráfica nos muestra patrones irregulares, además las colas están alejadas de la línea de tendencia marcada
 en la gráfica lo que supone que el supuesto de normalidad no se este cumpliendo como lo indica el valor p,
 por consiguiente al tener mas peso el método grafico frente al valor se rechaza el supuesto de normalidad
 por medio del gráfico de cuanti – cuantil. Ahora se validará si la varianza cumple con el supuesto de ser
 constante.

4.1.2. Varianza constante

Residuales Estudentizados vs Valores Ajustados

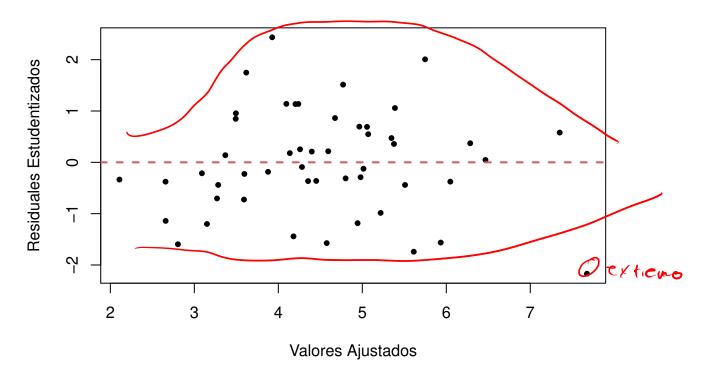


Figura 2: Gráfico residuales estudentizados vs valores ajustados

Varianza En la gráfica observamos que la varianza no tiene una tendencia marcada hacia la linealidad, o hacia valores constantes, ya que los datos se muestran dispersos a lo largo de la gráfica, se puede decir que no se cumple el supuesto de varianza constante.

La varianta efectivamente no se comple pero el análisis hecho no explica este hecho lo sufficientemente claro

4.2. Verificación de las observaciones

4.2.1. Datos atípicos



Residuales estudentizados

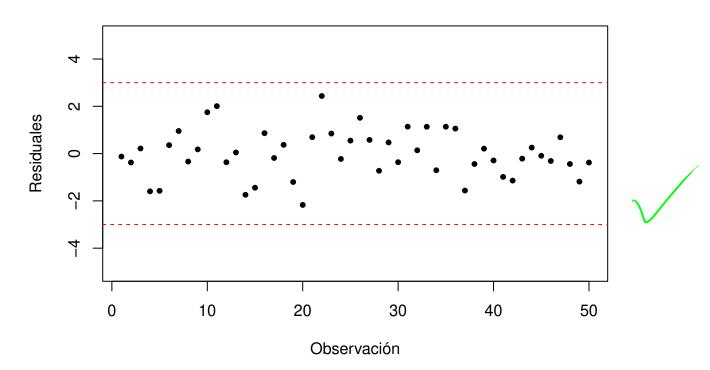


Figura 3: Identificación de datos atípicos

Como se puede observar en la gráfica anterior, no hay datos atípicos en el conjunto de datos pues ningún residual estudentizado sobrepasa el criterio de $|r_{estud}| > 3$.

4.2.2. Puntos de balanceo

2 p+

Gráfica de hii para las observaciones

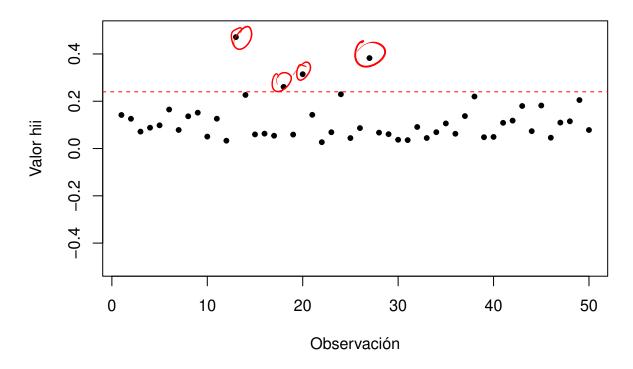


Figura 4: Identificación de puntos de balanceo

Tabla 5: Resumen de diagnostico

	Res.stud	$Cook.D_i$	$h_{ii}value$	Dffits
13	0.0469	0.0003	0.4713	0.0438
18	0.3716	0.0081	0.2608	0.2186
20	-2.1709	0.3600	0.3143	-1.5375
27	0.5793	0.0346	0.3825	0.4525

Al observar la gráfica de observaciones v
s valores h_{ii} , donde la línea punteada roja representa el valor $h_{ii}=2\frac{p}{n}=0.24$, se puede apreciar que existen 4 datos del conjunto que son puntos de balanceo según el criterio bajo el cual $h_{ii}>2\frac{p}{n}$, son puntos de balanceo los cuales son las observaciones 13, 18, 20, 27 como se muestra tabla.

¿ Qué cousan estos pontos?

4.2.3. Puntos influenciales

Gráfica de distancias de Cook

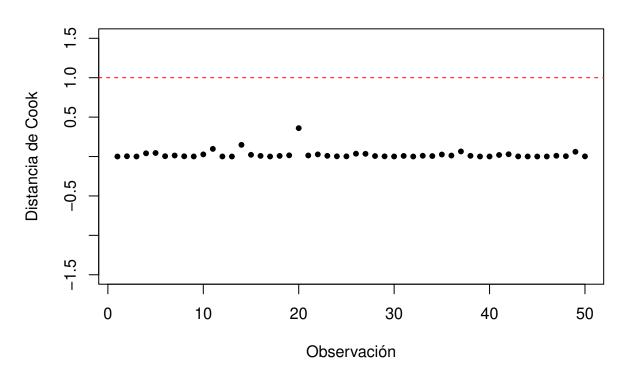


Figura 5: Criterio distancias de Cook para puntos influenciales

494

Gráfica de observaciones vs Dffits

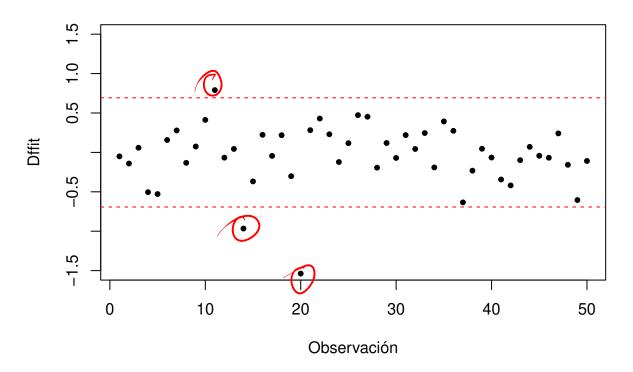


Figura 6: Criterio Dffits para puntos influenciales

Tabla 6: Resumen de diagnostico

	Res.stud	$Cook.D_i$	$h_{ii}value$	Dffits
11	2.0069	0.0969	0.1261	0.7906
14	-1.7421	0.1482	0.2266	-0.9661
20	-2.1709	0.3600	0.3143	-1.5375

Como se puede ver,
las observaciones 11, 14, 20 son puntos influenciales según el criterio de D
ffits, el cual dice que para cualquier punto cuyo $|D_{ffit}|>2\sqrt{\frac{p}{n}}=0.6928203$, es un punto influencial. Cabe destacar también que con el criterio de distancias de Cook, en el cual para cualquier punto cuya $D_i>1$, es un punto influencial, ninguno de los datos cumple con serlo.

Para la validez del modelo se puede decir que se hallaron varios puntos de balanceo (4 en total) lo que hace variar el coeficiente R^2 ocasionando un aumento de su valor por parte de las variables predictoras al riesgo de infección. Sin embargo, los puntos influénciales me afectan el modelo haciendo un efecto mayor sobre la recta de regresión jalando el modelo en su dirección, lo que puede conllevar a generar errores en las variables de predicción sobre el riego de infección. El modelo podría generar inconsistencias por las razones mencionadas anteriormente.

La valide? la da cinicamente el complimiento de su prestos, los puntos extrenos se analitar es porque preden afectar en cierta medida a los mismos.