

# Clase 17 Introducción a Modelos Lineales Generales

Curso Introducción al Análisis de datos con R para la acuicultura.

Dr. José A. Gallardo y Dra. María Angélica Rueda.  
jose.gallardo@pucv.cl | Pontificia Universidad Católica de  
Valparaíso

13 November 2021

# PLAN DE LA CLASE

## 1.- Introducción

- ▶ Modelos lineales generales ¿Qué son y para que sirven?
- ▶ Ejemplos de modelos lineales generales.
- ▶ Interpretación de MLG con R.

## 2.- Práctica con R y Rstudio cloud

- ▶ Ajustar modelos lineales generales.
- ▶ Realizar gráficas avanzadas con ggplot2.
- ▶ Elaborar un reporte dinámico en formato pdf.

# INTRODUCCIÓN

Durante años, los modelos lineales clásicos (normales) han sido usados como la metodología de análisis a la hora de intentar describir la mayoría de los fenómenos que ocurren en el entorno.

**¿Qué podemos hacer cuando los datos no se ajustan a un modelo lineal?**

- ▶ Muchas veces se recurre a transformar la variable respuesta.
- ▶ Pero al aplicar la transformación a la variable respuesta, **NO** necesariamente se cumplirían todos los supuestos.
- ▶ Las interpretaciones deben hacerse en términos de la **variable transformada**.

# ¿QUÉ SON LOS MODELOS LINEALES GENERALES?

Los modelos lineales generales extienden a los modelos lineales clásicos admitiendo distribuciones no normales para la variable respuesta y modelando funciones de la media.

Los MLG incluyen como casos particulares a los siguientes modelos:

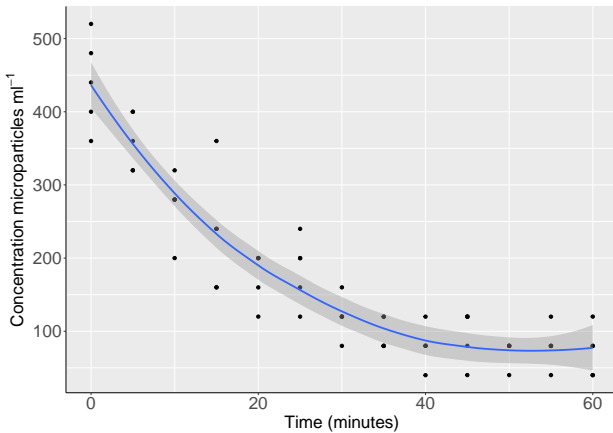
- ▶ Modelos Lineales Clásicos: **Modelo de regresión lineal simple, modelo de regresión lineal múltiple, ANOVA , ANCOVA.**
- ▶ Modelos no lineales (con variables predictoras elevadas a alguna potencia (cuadráticas, cúbicas, etc)).
- ▶ Modelo de regresión logística.

# ¿POR QUÉ USAR MODELOS LINEALES GENERALES?

- ▶ Modelos que reflejan mejor la naturaleza de los datos.
- ▶ Hay variables respuestas que son **resistentes** a ser transformadas (**por ej.** Variables discretas, o variables con gran cantidad de ceros).
- ▶ Las relaciones lineales generalmente fuerzan las predicciones del espacio de la variable respuesta (**por ej.** Predicción de valores negativos cuando la variable respuesta es un conteo).

# REGRESIÓN NO LINEAL CUADRÁTICA

En este ejemplo vamos a comparar el modelo lineal vs. el modelo no lineal con término cuadrático.



# MODELO LINEAL

## Modelo 1:

$$\text{log\_microparticle\_concentration} = \beta_0 + \beta_1 \text{time} + \epsilon$$

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	2.567087	0.0333508	76.97221	0
time	-0.014116	0.0009433	-14.96447	0

$$R^2 = 0.78, p\text{-val} = 2.0490325 \times 10^{-22}$$

# MODELO NO LINEAL (INCLUYE TÉRMINO CUADRÁTICO)

## Modelo 2:

$$\text{log\_microparticle\_concentration} = \beta_0 + \beta_1 \text{time} + \beta_2 \text{time}^2 + \epsilon$$

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	2.1436057	0.0163730	130.923107	0.0000000
poly(time, 2)1	-2.1291367	0.1320034	-16.129403	0.0000000
poly(time, 2)2	0.4415801	0.1320034	3.345217	0.0013997

$$R^2 = 0.81, p\text{-val} = 2.2610223 \times 10^{-23}$$



# COMPARACIÓN DE MODELOS

- Modelo 1:

$$\text{log\_microparticle\_concentration} = \beta_0 + \beta_1 \text{time} + \epsilon$$

- Modelo 2:

$$\text{log\_microparticle\_concentration} = \beta_0 + \beta_1 \text{time} + \beta_2 \text{time}^2 + \epsilon$$

Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
63	1.275337	NA	NA	NA	NA
62	1.080344	1	0.194993	11.19047	0.0013997

# REGRESIÓN LOGÍSTICA

La regresión logística no requiere de ciertas condiciones como linealidad, normalidad y homocedasticidad de los residuos que sí lo son para la regresión lineal. Las principales condiciones que este modelo requiere son:

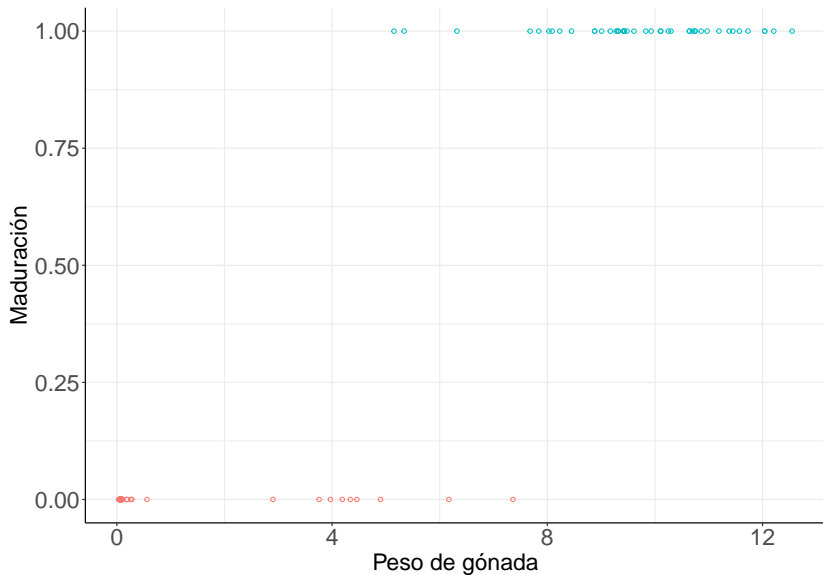
- ▶ Respuesta binaria: La variable respuesta debe ser binaria.
- ▶ Independencia: las observaciones deben ser independientes.
- ▶ Multicolinealidad: se requiere de muy poca a ninguna multicolinealidad entre los predictores (para regresión logística múltiple).
- ▶ Linealidad: entre la variable independiente y el logaritmo natural de odds (**Cociente de chances**).

# ESTUDIO DE CASO 2: MADURACIÓN EN SALMÓN DEL ATLÁNTICO

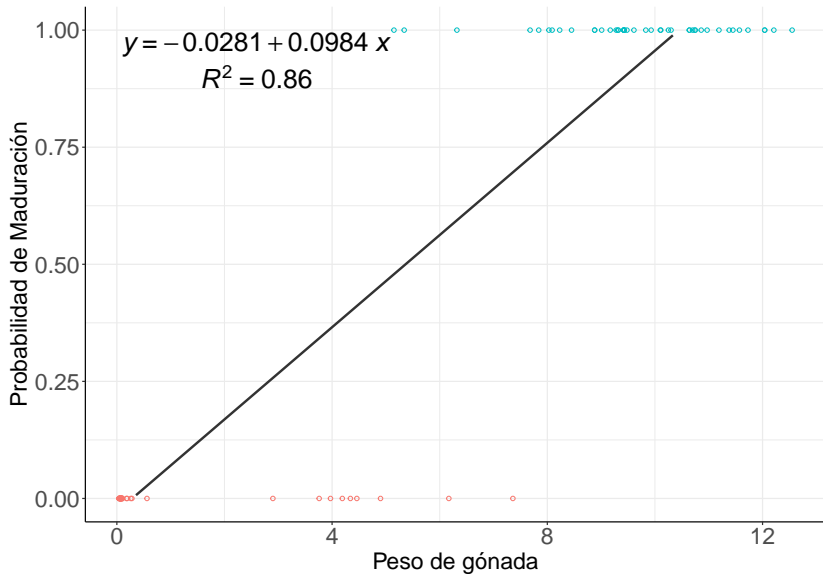
En este estudio de caso trabajaremos con un subconjunto de la base de datos relacionada a la maduración en salmones machos ( $n=90$ ).

variable	Descripción
<b>Fish</b>	Identificador del salmón
<b>Genotype</b>	Genotipo
<b>Gonad</b>	Peso de gónada
<b>Maturation</b>	estado de maduración (1: maduro) o (0: inmaduro)

# RELACIÓN ENTRE MADURACIÓN VS PESO DE GÓNADA



# RELACIÓN LINEAL ENTRE MADURACIÓN VS PESO DE GÓNADA



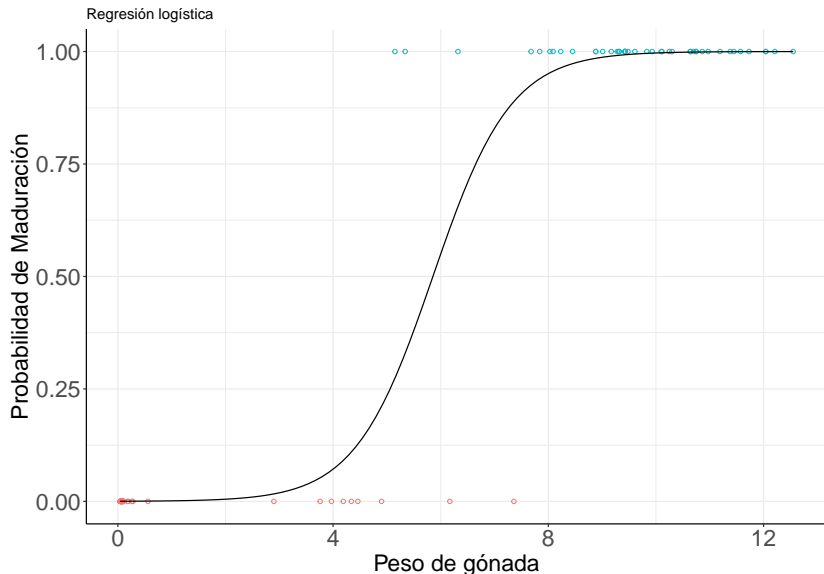
# MODELO LINEAL

$$\text{Maduración} = \beta_0 + \beta_1 \text{ Peso de gónada} + \epsilon$$

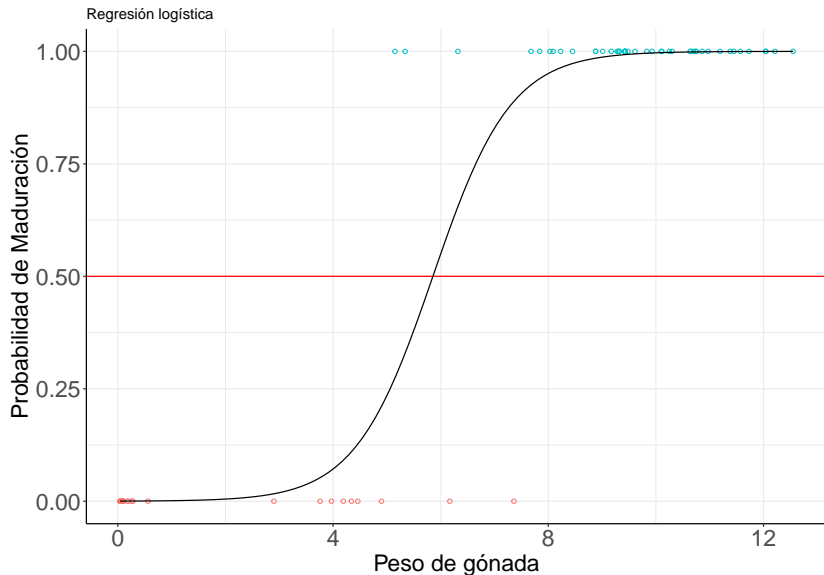
	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-0.0280808	0.0306710	-0.9155493	0.3624054
Gonad	0.0984246	0.0042997	22.8908036	0.0000000

$$R^2 = 0.86, p\text{-val} = 7.977942 \times 10^{-39}$$

# RELACIÓN SIGMOIDEA ENTRE MADURACIÓN VS PESO DE GÓNADA



# PREDICCIÓN MODELO LINEAL VS MODELO NO LINEAL





# PREDECIR SI UN SALMÓN MADURA O NO PARA UN PESO DE GÓNADA DE 4

## CONSIDERANDO LA REGRESIÓN LINEAL

```
##
```

```
##      0  1
```

```
##    0 43  2
```

```
##    1  2 43
```

---

Probabilidad de maduración

---

0.3656176

---

```
## [1] "No madura"
```

# PREDECIR SI UN SALMÓN MADURA O NO PARA UN PESO DE GÓNADA DE 4

## CONSIDERANDO LA REGRESIÓN LOGÍSTICA

```
##
```

```
##          0  1
```

```
##    0 43  2
```

```
##    1  2 43
```

---

Probabilidad de maduración

---

0.0715492

---

```
## [1] "No madura"
```

# REGRESIÓN LOGÍSTICA (MODELO NULO)

```
mod_nulo <- glm(Maturation ~ 1,  
                family= binomial, data = maduracion)  
summary(mod_nulo)$coef %>% kable()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	0	0.2108185	0	1

# REGRESIÓN LOGÍSTICA SIMPLE

```
mod_logit <- glm(Maturation ~ Gonad,  
                 family= binomial, data = maduracion)  
summary(mod_logit)$coef %>% kable()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	-8.089844	2.6425566	-3.06137	0.0022033
Gonad	1.381678	0.4255612	3.24672	0.0011674

# REGRESIÓN LOGÍSTICA MÚLTIPLE

```
mod_logit_mult <- glm(Maturation ~ Gonad +  
                      Genotype,family= binomial,  
                      data = maduracion)  
summary(mod_logit_mult)$coef %>% kable()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	-5.951859	3.1608767	-1.8829772	0.0597035
Gonad	1.135307	0.4546516	2.4970928	0.0125216
GenotypeEL	-1.296134	1.6538041	-0.7837292	0.4331990
GenotypeLL	-16.852220	3447.6185502	-0.0048881	0.9960999

# COMPARACIÓN DE MODELOS AIC

```
AIC(mod_nulo,mod_logit,mod_logit_mult)%>% kable()
```

	df	AIC
mod_nulo	1	126.76649
mod_logit	2	18.30228
mod_logit_mult	4	21.25087

## ANOVA PARA CADA MODELO

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL	NA	NA	89	124.7665	NA

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL	NA	NA	89	124.76649	NA
Gonad	1	110.4642	88	14.30228	0

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL	NA	NA	89	124.76649	NA
Gonad	1	110.464210	88	14.30228	0.0000000
Genotype	2	1.051411	86	13.25087	0.5911383

## COMPARACIÓN DE MODELOS (ANOVA)

Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	Pr(>Chi)
89	124.76649	NA	NA	NA
88	14.30228	1	110.464210	0.0000000
86	13.25087	2	1.051411	0.5911383



# RESUMEN DE LA CLASE

- 1). Revisión de conceptos: modelos lineales generales.
- 2). Construir y ajustar modelos lineales generales.