Ajuste, interpretación y presentación de modelos lineales: el valor *p* no es suficiente

Carlos Lara-Romero1

1. Dpto. de Investigación del Cambio Global. Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados (IMEDEA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Carrer de Miquel Marquès, 21, 07190 Esporles, Illes Balears, España.

Autor para correspondencia: Carlos Lara-Romero [[carlos.lara.romero@gmail.com](file:///C:\Users\carlos\Downloads\carlos.lara.romero@gmail.com)]

Las opiniones contrarias a la aplicación del contraste de hipótesis como herramientas de inferencia estadística se están incrementando en los últimos años (Nuzzo, 2014; Reinhart, 2015). La principal fuente de críticas proviene del mal uso (y abuso) del valor *p.* Este valor nos indica la probabilidad, bajo la asunción de que no hay ningún efecto o diferencia real entre los tratamientos experimentales, de obtener un resultado igual o más extremo que el observado (Dytham, 2011). El valor *p* no puede ser usado, por tanto, para cuantificar la fuerza de la evidencia en favor o en contra en un experimento en particular ni tampoco para estimar el tamaño del efecto de las variables explicativas sobre la variable respuesta. En definitiva, no nos permite sacar ninguna conclusión más allá de si la hipótesis nula puede ser o no rechazada, en base a un valor *p* crítico previamente fijado (a menudo notado como α). El objetivo de esta nota es mostrar un ejemplo sencillo que ilustre la problemática entorno al valor *p* y aportar herramientas que permitan una interpretación y presentación de resultados basados en contrastes de hipótesis lo más objetiva y transparente posible.

Supongamos que queremos evaluar el efecto de un fertilizante sobre el crecimiento de un cultivo. Para ello, cuento con una muestra de 200 semillas que divido en dos grupos de 100. A un grupo le aplico el fertilizante (tratamiento) y a otro no (control). Al cabo de dos años mido el tamaño de todas las plantas (estimado mediante el diámetro máximo de la copa expresado en metros). El siguiente código de R nos permite crear ambos grupos y observar su distribución:

*set.seed(40)*

*control=rnorm(100,3,1) #Tamaño medio 3, desviación típica 1*

*tratamiento=rnorm(100,3.2,1) #Tamaño medio 3.2, desviación típica 1*

*grupo <- gl(2, 100, 200, labels = c("control", "tratamiento"))*

*tamaño <- c(control, tratamiento)*

*boxplot(tamaño~grupo)*

Podemos ajustar un modelo lineal para evaluar si existen diferencias “estadísticamente significativas” entre el grupo tratamiento y control fijando el valor crítico para *p* en 0.05 (Dytham, 2011). La hipótesis nula de nuestro experimento es que las plantas del grupo control y del grupo tratado con fertilizante no difieren en tamaño. Sólo necesitamos conocer tres funciones del lenguaje de programación R: *i*) la función *lm* ajusta el modelo lineal mediante el método de los mínimos cuadrados, *ii*) la función *summary* muestra en forma de tabla los parámetros ajustado del modelo (intercepto, pendientes y residuos) y *iii*) la función *anova* realiza un análisis de varianza para probar la hipótesis de que las medias de dos o más grupos son iguales (i.e., obtener el valor *p*):

*lm1 <- lm(tamaño ~ grupo)*

*summary(lm1)*

*anova(lm1)*

Si nos fijamos en los coeficientes del modelo vemos que el intercepto, en el que se encuentra alojado el grupo control tiene un valor de 3.06 ± 0.1. Esto quiere decir que el modelo “ajusta” un valor medio de 3.06 m para las plantas procedentes del control con un error típico de 0.1 m. ¿Qué sucede con el grupo tratamiento? Pues bien, el coeficiente del modelo para el tratamiento con fertilizante es 0.09 ± 0.15, lo que implica que el modelo predice que las plantas tratadas con el fertilizante tendrán un tamaño medio de 3.15 ± 0.15 m. A tenor del valor relativamente pequeño del coeficiente para el tratamiento con fertilizante, de su error típico (relativamente grande), y de la similitud de las distribuciones del grupo control y el grupo tratado con fertilizante, parece razonable concluir que el fertilizante no ha tenido un efecto “significativo” sobre el crecimiento de las plantas. El valor *p* obtenido para el estimador así lo sugiere (*F*1,198 = 0.36, *p* = 0.547). Por lo tanto, no parece que exista ningún inconveniente en utilizar únicamente los coeficientes del modelo ajustado y el valor *p* para interpretar los resultados de nuestro experimento.

Pero, ¿Qué sucede si doblo el tamaño muestral?

*set.seed(40)*

*control=rnorm(200,3,1)*

*tratamiento=rnorm(200,3.2,1)*

*grupo <- gl(2, 200, 400, labels = c("control", "tratamiento"))*

*tamaño <- c(control, tratamiento)*

*boxplot(tamaño~grupo)*

El diagrama de cajas muestra que la distribución del tamaño de planta para ambos grupos no parece haber cambiado mucho (como era de esperar ya que hemos mantenido la media y desviación típica para ambos grupos). Pero veamos que sucede con los coeficientes del modelo y el valor *p*:

*lm2 <- lm(tamaño ~ grupo)*

*summary(lm2)*

*anova(lm2)*

El modelo que hemos obtenido ajusta un tamaño de 3.01 ± 0.08 m para el grupo control y 3.31 ± 0.1 m para el grupo de plantas tratadas con fertilizante. El valor *p* ha cambiado a 0.003 (F1,398 = 8.74) siendo menor del valor crítico fijado en 0.05. Por lo tanto, a tenor del análisis de la varianza podríamos concluir que rechazamos la hipótesis nula y aceptamos la alternativa. Pero ¿por qué obtenemos ahora un resultado estadísticamente significativo si las distribuciones son similares que en el ejemplo anterior? Principalmente por que el valor *p* nos indica la probabilidad de que la diferencia observada entre grupos sea producto del azar, pero no aporta información sobre la magnitud del cambio en el tamaño que la adición de fertilizante provoca (el tamaño del efecto, o *size effect* en inglés).

El coeficiente de determinación (R²) puede ayudarnos a resolver la paradoja frente a la que aparentemente nos encontramos. El principal propósito de R² es determinar la proporción de variación de los resultados que puede explicarse por el modelo. Cuanto mayor sea el efecto del fertilizante sobre el tamaño de la planta, mayor será el porcentaje de varianza del tamaño de las plantas que estará determinada por la adición del fertilizante y, por lo tanto, mayor será el valor de R2. Sólo necesitamos tres líneas de código para estimar R2:

*var<-anova(lm2)*

*varss <- var$"Sum Sq"*

*print(cbind(var,PctExp=varss/sum(varss)\*100))*

El porcentaje de varianza explicada es bajo: 2.15% (R2 = 0.0215). ¿Qué implica este resultado? Pues que, aunque en base al valor *p* podemos rechazar la hipótesis nula, el efecto del fertilizante en términos de incremento en el tamaño es prácticamente despreciable. ¿Son ambos resultados contradictorios? No hasta cierto punto. Al aumentar el tamaño muestral hemos incrementado nuestro poder estadístico y reducido la probabilidad de que por azar encontremos la diferencia observada entre grupos. Sin embargo, esto nos óbice para que la diferencia entre grupos experimentales sea pequeña, lo que indica que la aplicación del fertilizante no mejora el crecimiento de las plantas de manera relevante (sólo un 2.1% de la varianza en el tamaño de las plantas está determinada por la adición del fertilizante).

Veamos brevemente cómo se comportan los parámetros del modelo y R2 cuando tenemos un tamaño del efecto grande (grupo control y tratamiento con tamaños muy diferenciados):

*set.seed(40)*

*control=rnorm(200,3,1) #Tamaño medio 3, desviación típica 1*

*tratamiento=rnorm(200,5,1) #Tamaño medio 5, desviación típica 1*

*grupo <- gl(2, 200, 400, labels = c("control", "tratamiento"))*

*tamaño <- c(control, tratamiento)*

*boxplot(tamaño~grupo)*

*lm3 <- lm(tamaño ~ grupo)*

*summary(lm3)*

*var<-anova(lm3)*

*varss <- var$"Sum Sq"*

*print(cbind(var,PctExp=varss/sum(varss)\*100))*

Los estimadores del modelo muestran que el tratamiento con fertilizante produce plantas más grandes (5.11 ± 0.0.1 m) que las plantas control (3.01 ± 0.07 m). El análisis de la varianza muestra resultados significativos (F1,198 = 438.30, p < 0.0001) y el valor de R2 ha aumento drásticamente (R2 = 0.524).

Con este breve ejemplo, hemos querido mostrar que la representación gráfica de las distribuciones de los datos y la estimación de la calidad de los modelos (por ejemplo, a través del cálculo de R2), nos permite obtener interpretaciones más precisas y objetivas. Su incorporación rutinaria en los análisis estadísticos permitiría abandonar prácticas basadas en *piratear* el valor *p* hasta que alcance el deseado 0.05, un juego muy adictivo pero que poco tiene que aportar a la calidad y robustez de nuestras investigaciones. Así mismo, invitamos al lector a descubrir aproximaciones alternativas a la inferencia estadística basada en contraste de hipótesis. El libro *Statistics done wrong,* deAlex Reinhart, puede ser un buen punto de partida.

# Referencias

Dytham, C. 2011. Choosing and using statistics. Wiley-blackwell, West sussex, UK.

Nuzzo, R. 2014. Statistical errors: P values, the “gold standard” of statistical validity, are not as reliable as many scientists assume. *Nature* 2014;506:150–2

Reinhart, A. 2015. Statistics done wrong: the woefully complete guide. *No starch press*, San Francisco, USA.