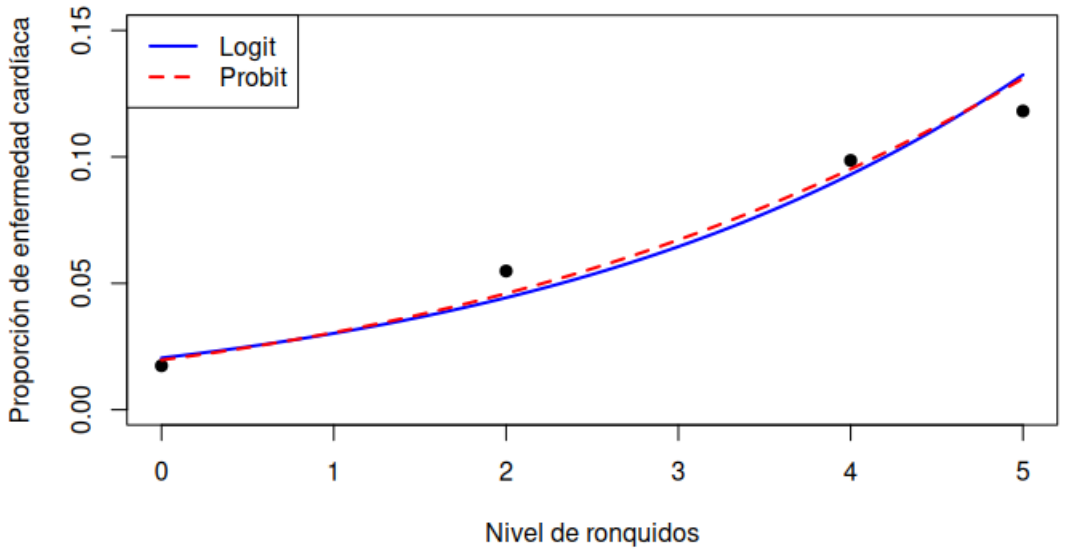
Cómputo Estadístico | Tarea #2

Aplicaciones de Modelos Lineales Generalizados

César M. Aguirre Calzadilla



Centro de Investigación en Matemáticas

Maestría en Cómputo Estadístico

Catedráticos:
ME. José Ramón Domínguez Molina
Dr. Rodrigo Macías Paéz

19 de septiembre de 2025

Tabla de contenidos

Página

Ejercicio #12| Modelado de la Probabilidad de Enfermedad Cardíaca según el Nivel de Ronquido

Se tiene la siguiente tabla donde se eligen varios niveles de ronquidos y se ponen en relación con una enfermedad cardíaca. Se toman como puntuaciones relativas de ronquidos los valores $\{0, 2, 4, 5\}$.

	Enfermedad Cardiaca		
Ronquido	**SI**	**NO**	**Proporción de SI**
Nunca	24	1355	0.017
Ocasional	35	603	0.055
Casi cada noche	21	192	0.099
Cada noche	30	224	0.118

Ajuste un modelo lineal generalizado logit y probit (investigar sobre el link probit), para analizar si existe una relación entre los roqnuidos y la posibilidad de tener enfermedad cardiaca.

Teoría

Lo que queremos hacer en este problema es modelar la probabilidad de una enfermedad cardiaca en función del nivel de ronquidos x_i, definidos de manera ordinal: $\{0, 2, 4, 5\}$. La probabilidad se modela como $p_i = Pr(Y = 1|x_i)$. Como nuestra respuesta es binaria, i.e. tenemos conteos de éxito o fracaso por categoría, usaremos un GLM binomial con un enlace que mapea de (0,1) a $\mathbb{R}$. De ese modo podremmos comparar los dos enlaces estándar: logit y probit.

Tenemos nuestros datos agrupados entre "sí" y "no". Para cada fila i, tenemos:

$$Y_i \sim \text{Binomial}(n_i, p_i) \qquad \text{con} \;\; y_i = \text{sí} \;\; \& \;\; n_i - y_i = \text{no}$$

Por lo que nuestro modelo lineal generalizado queda como:

$$g(p_i) = \eta_i = \beta_0 + \beta_1 x_i$$

Donde $g(\cdot)$ es el enlace. Por lo tanto, para la parte del logit, tenemos:

$$g(p) = \text{logit}(p) = \log(\frac{p}{1-p})$$

Entonces:

$$\log(\frac{p}{1-p}) = \beta_0 + \beta_1 x_i \qquad => \qquad p_i = \frac{\exp(\beta_0 + \beta_1 x_i)}{1 + \exp(\beta_0 + \beta_1 x_i)}$$

Esto nos está indicando que un cambio en Δx multiplica los odds por $\exp\left(\beta_1 \Delta x\right)$, y en particular el odds ratio por unidad de x es $\exp\left(\beta_1\right)$.

Ahora, en cuanto al enlace probit, tenemos:

$$g(p) = \phi^{-1}(p)$$

Donde ϕ es la CDF Normal estándar, tal que tenemos un modleo de variable latente:

$$Z_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i \qquad \epsilon_i \sim \mathcal{N}(0,1) \qquad Y_i = 1\{Z_i > 0\} \quad => \quad p_i = \phi(\beta_0 + \beta_1 + x_i)$$

Entonces, para datos agrupados, tenemos una estimación de la log-verosimilitud de la forma:

$$\ell(\beta) = \sum_i \left[y_i \log(p_i) + (n_i - y_i)\log(1 - p_i) \right]$$

Con p_i como función de η_i via el enlace. Así, se maximiza y los errores estándar provienen de l amatriz de información observada.

Además, tanto logit como probit producen curvas sigmoides muy similares. Las pendientes de ambas se relacionan aproximadamente por un factor de escala:

$$\beta_{\text{logit}} \approx 1.7 \times \beta_{\text{probit}}$$

De este modo, el modleo lineal generalizado aprende d euna sigmoide $p(x)$ que crece si $\beta_1 > 0$, i.e. con el nivel de ronquidos.

Resultados

Tras ajustar los modelos de GLM binomiales a nuestros datos agrupados, los casos negativos o positivos de enfermedad cardíaca por nivel de ronquidos, se compararon os enlaces logit y probit mediante AIC y deviance. Podemos visualizar el resultado en la figura 1, mostrada a continuación.

El cálculo propuesto encontró una asociación positiva y altamente significativa entre ronquidos y enfermedades cardíacas con un $p - value < 10^{-6}$. En el modelo logit, tenemos un coeficiente de pendiente $\hat{\beta}_1 \approx 0.397$. En cuanto al odds ratio por unidad en nuestra escala

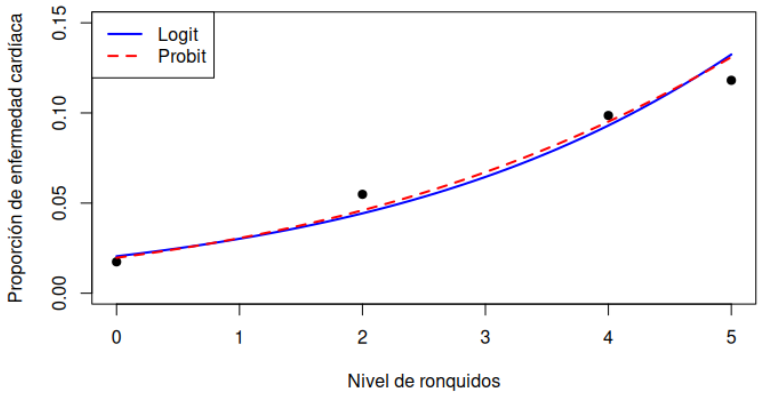


Figura 1: Modelo logit vs. probit.

de roqnuidos, tenemos un valor de 1.49 con IC95 % $\approx$ [1.35, 1.64]. Ahora, hablando del modleo probit, tenemos una pendiente de $\hat{\beta}_1 \approx 0.188$. Lo anterior confirma quye tenemos una misma tendencia, pues las magnitudes solo difieren un poco en escala.

La diferencia por comparación de ajustes es AIC(logit = 27.06) y AIC(probit = 26.12). Tenemos una discrepancia muy pequeña de apenas ΔAIC $\approx$ 0.94, por lo que ambos modelos se pueden considerar como equivalentes.

La probabilidades predichas siguen de cerca las proporciones observadas, con subestimación leve en el nivel de roqnuidos 2 y sobreestimación ligera en el nivel 5. Además, un incremento de una unidad en la escala de roqnuidos eleva la probabilidad de enfermedad cardiaca en un rango aproximado de 1.3 a 1.5 puntos porcentuales, dpeendiendo del nivel de referencia.

De todo lo anterior, podeos llegar a la conclusión de que hay evidencia robusta de que a mayor frecuencia de ronquidos, mayor es la probabilidad de presentar enfermedades cardíacas. Tanto el modleo logit como el modelo probit describen de manera adecuada el patrón de crecimiento, aunque el probit demuestra un ajuste ligeramente mejor. Sin embargo, la diferencia entre ambos es muy pequeña. Quizás para casos médicos, es relevante escoger los modelos con mejor ajuste, aunque sea minimo, debido a la naturaleza del sector salud, donde justo la salud de los pacientes está en juego.

Código

Listing 1: Modelos Logit y Probit para Enfermedad Cardiaca

```r
# Carga de datos
ronquidos <- c(0, 2, 4, 5)
si <- c(24, 35, 21, 30)
no <- c(1355, 603, 192, 224)
datos <- data.frame(ronquidos = ronquidos, si = si, no = no)

# Ajuste de modelos GLM
modelo_logit <- glm(cbind(si, no) ~ ronquidos, family = binomial(link = "logit"),
    data = datos)
modelo_probit <- glm(cbind(si, no) ~ ronquidos, family = binomial(link = "probit"
    ), data = datos)

# Resumenes y comparacion
summary(modelo_logit)
summary(modelo_probit)
AIC(modelo_logit, modelo_probit)

# Predicciones para graficar
ronq_seq <- seq(0, 5, by = 0.1)
pred_logit <- predict(modelo_logit, newdata = data.frame(ronquidos = ronq_seq),
    type = "response")
pred_probit <- predict(modelo_probit, newdata = data.frame(ronquidos = ronq_seq),
    type = "response")

# Grafico comparativo
plot(ronquidos, si / (si + no), pch = 19, ylim = c(0, 0.15),
    xlab = "Nivel de ronquidos", ylab = "Proporcion de enfermedad cardiaca")
lines(ronq_seq, pred_logit, col = "blue", lwd = 2)
lines(ronq_seq, pred_probit, col = "red", lwd = 2, lty = 2)
legend("topleft", legend = c("Logit", "Probit"), col = c("blue", "red"), lty = c(
    1,2))
```

Resumen de código

- **Datos:** Se cargan los datos en un `data.frame` que contiene los conteos de respuestas (`si`, `no`) y la variable predictora (`ronquidos`).
- **Modelos:** Se ajustan modelos lineales generalizados (`glm`) con la familia `binomial`, usando `link = "logit"` para la regresión logística y `link = "probit"` para el modelo probit. La respuesta se especifica para datos agrupados mediante `cbind(éxitos, fracasos)`.
- **Análisis:** Se utiliza `summary()` para obtener estimadores, errores estándar, estadís-

ticos z y valores p. La calidad de ajuste entre modelos se compara con el Criterio de Información de Akaike usando `AIC()`.

- **Predicciones:** Se calculan las probabilidades predichas por cada modelo sobre una malla de valores de la variable `ronquidos` para facilitar la visualización.
- **Visualización:** Se genera un gráfico que muestra las proporciones observadas de los datos junto con las curvas de probabilidad predichas por los modelos logit y probit para una comparación visual del ajuste.

Ejercicio #3 | Análisis de Conteo de Parejas de Cangrejos Cacerola Mediante un GML Poisson

Entre los cangrejos cacerola se sabe que cada hembra tiene un macho en su nido, pero puede tener más machos concubinos. Se considera que la variable respuesta es el número de concubinos y las variables explicativas son: color, estado de la espina central, peso y anchura del caparazón.

Color	Spine	Width	Satellite	Weight
3	3	28.3	8	3050
4	3	22.5	0	1550
2	1	26.0	9	2300
4	3	24.8	0	2100
4	3	26.0	4	2600
3	3	23.8	0	2100
2	1	26.5	0	2350

Realiza e interpreta los resultaados de ajustar un modelo lineal generalziado tipo Poisson.

Teoría

En lo que respecta a Modelos Lineales Generalizados, el modelo Poisson constituye la herramienta fundamental para analizar datos de conteo. En la pequeña base de datos que nos han otorgado, tenemos información sobre cangrejos cacelora, en la cual encontramos características físcias como el color, datos de la espina, anchura y peso. Estos datos fueron medidos de la hembra, es decir, se busca encontrar relación entre las características físicas de la hembra y la cantidad de concubinos que tiene.

Este problema se compone de un avariable de respuesta Y_i, que es el número de concubinos (o machos satélite) que acompañan a cada hembra. Tenemos un conteo de la siguiente forma:

$$Y_i \in \{0, 1, 2, ..., n\}$$

Por ello, nuestro modelo a construir sera uno de Poisson, pues es el que mejor se acopla cuando tenemos una variable de interés con un conteo de eventos, tipo el número de clientes

de una empresa, el número de errores en un examen, o el número de miembros en un conjunto de animales. Recordemos que la distribución Poisson con parámetro $\mu_i > 0$ tiene:

$$\mathrm{P}(Y_i = y_i) = \frac{e^{-\mu_i}\mu_i^{y_i}}{y_i!} \quad \text{con} \quad y_i = 0, 1, 2, ...$$

En este caso, μ_i representa el número de concubinos de la cangrejo hembra.

Ahora bien, en un GLM Poisson, tenemos la distribución de la familia exponencial $Y_i \sim \text{Poisson}(\mu_i)$. El enlace canico será:

$$g(\mu_i) = \log\big(\mu_i\big)$$

Lo cual garantiza que $\mu_i > 0$. Así, el predictor lineal es:

$$\log\big(\mu_i\big) = \eta_i = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + ...$$

Finalmente, para nuestro caso, tenemos:

$$\log\big(\mu_i\big) = \beta_0 + \beta_1 \cdot \text{Color}_i + \beta_2 \cdot \text{Spine}_i + \beta_3 \cdot \text{Width}_i + \beta_4 \cdot \text{Weight}_i$$

Podemos darle de inicio un poco de contexto sobre cómo se hará la interpretación. Bajo escala logarítmica, tenemos:

$$\log\big(\mu_i\big) = \beta_0 + \beta_j x_{ij}$$

Exponenciando:

$$\mu_i = e^{\beta_0} \cdot e^{\beta_j x_{ij}}$$

De ese modo, e^{β_j} se interpreta como una razón de tasas de incidencia, o *Incidence Rate Ratio* (IRR). Así:

- Si x_{ij} aumenta en una unidad, entonces μ_i se multiplica por e^{β_j}
- Si $e^{\beta_j} > 1$, entonces la variable incrementa el número esperado de concubinos.
- Si $e^{\beta_j} < 1$, entonces la variable reduce el número esperado de concubinos.

Por ejemplo, bajo este caso, suponiendo que tuvieramos un $\beta_3 = 0.25$. entonces $e^{0.25} \approx 1.28$ nos estaría diciendo que por cada aumento de una unidad en anchura, se espera un 28 % más de concubinos. Eso manteniendo las demás variables como constantes.

Resultados

Anchura de Caparazón | *Width*

Para el caso de la varibale de anchura de caparazón, encontramos un IRR de 1.716 un un IC95 % de entre 1.28 y 2.29. Es decir, por cada centímetro de anchura, se espera un incremento de concubinos del 71.6 %, o en otras palabras, por cada centimetro, se multiplica el número de concubinos por 1.716 unidades. El Intercepto tiene un valor de 2.16×10^{-6}. Entonces, podemos utilizar la media esperada para realizar predicciones, esto se puede observar en el cuadro 1.

Anchura (cm)	$\hat{\mu}$ **(concubinos esperados)**
22.5	0.41
24.0	0.92
24.8	1.42
26.0	2.71
28.0	7.98
28.3	9.38

Cuadro 1: Incremento de concubinos por cm.

Los resultados del cuadro anterior son consistentes con lo encontrado por la evidencia gráfica. La curvas predicha nos indica que para anchiras pequeñas, de entre 22 y 24 centímetros, el valor esperado de concubinos está entre 0 y 1. A partir de los 26 cm, la curva crece casi de manera exponencial,llegando a valores de 5 hasta 9 concubinos esperados. Podemos argumentar entonces que hembras más grandes pueden esperar tener una mayor cantidad de concubinos.

Esto también es consistente con la biología de los cangrejos cacerola. Esta especie de animales presenta dimorfismo sexual, es decir, hay una diferencia muy significativa entre el tamaño y la morfología de los individuos hembra y macho. En el caso de los cangrejos cacerola, las hembras son mucho más grandes que los machos, por lo que pueden ofrecer mayor protección y seguridad a una mayor cantidad de machos satélite.

Sin embargo, el crecimiento exponencial de concubinos seguramente debe tener un límite. Más datos serían necesarios para comprender mejor cuál es la tendencia real. Aunque la evidencia es clara, mayor tamaño está fuertemente correlacionado con mayor cantidad de concubinos.

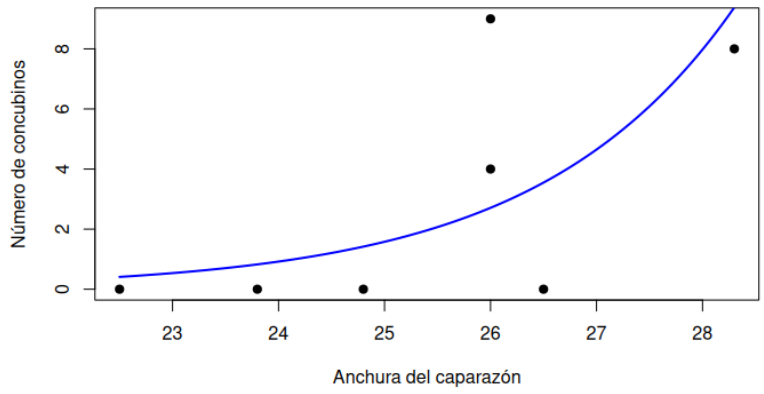


Figura 2: Predicciones por anchura.

Peso del Cangrejo | *Weight*

Para la variable peso, el modleo Poisson univariado arroja un IRR igual a 1.00194 por gramo, con IC95 % entre 1.00088 y 1.00299. Es decir, por cada gramo adicional, el número de concubinos esperado se multiplica por 1.00194. Quizás una lectura más práctica es que por cada 100 gramos, se espera un incrementro del 21.3 %.

El intercepto estimado es de 0.0253. Con este parámetro y la pendiente, podemo susar la media esperada $\hat{\mu}$ para hacer predicciones en pesos de interés, esto se resume como en el cuadro 2.

Peso (g)	$\hat{\mu}$ **(concubinos esperados)**
1550	0.51
2100	1.46
2350	2.37
2600	3.85
3050	9.19

Cuadro 2: Incremento de concubinos por peso

Nuevamente, estos resultados son coherentes con la evidencia grfica: a bajos pesos, se esperan muy pocos concubinos, y al acercarnos a los 3,000 graos, la curva aumenta de forma marcada, alcanzando valores de concubinos satélite de entre 4 y 9 miembros. Entonces, el peso también está fuertemente relacionado con la cantidad de acompañantes

de una hembra. Esto tiene mucho sentido, a mayor anchura, se puede esperar mayor peso, y a mayor peso mayor anchura.

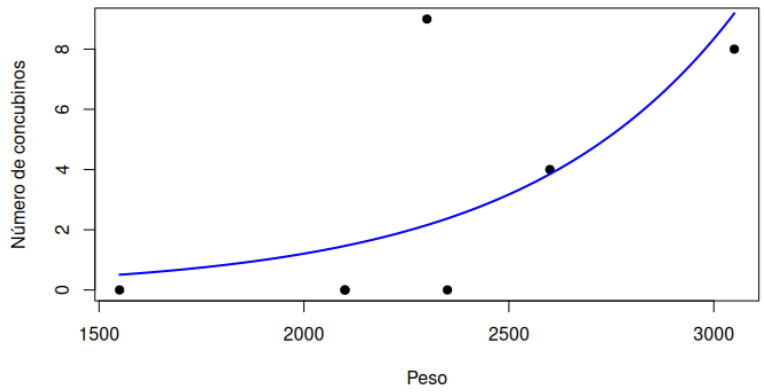


Figura 3: Predicciones por peso.

Color del Caparazón | *Color*

Para la variable de color del caparazón, el modelo Poisson univariado arroja un IRR de 0.889 para el nivel Color 3 respecto al nivel de referencia (Color 2), con un IC95 % entre 0.343 y 2.304. Esto indica que en promedio, las hembras con coloración 3 presentan un 11 % menos concubinos que aquellas con coloración 2, aunque el intervalo de confianza incluye el valor 1, por lo que no existe evidencia estadísticamente clara de una diferencia entre estos grupos.

En el caso del nivel Color 4, el IRR estimado es de 0.296 con un IC95 % entre 0.091 y 0.962. Esto implica que las hembras con coloración 4 tienen alrededor de un 70 % menos concubinos que las hembras con coloración 2. En este caso, el límite superior del intervalo se encuentra por debajo de 1, lo que sugiere una posible diferencia significativa, aunque debe tomarse con cautela debido al reducido tamaño muestral.

La media esperada $\hat{\mu}$ para cada nivel de color se resume en el cuadro 3.

Estos resultados concuerdan con la evidencia gráfica: los colores 2 y 3 muestran medianas más altas, mientras que el color 4 concentra valores bajos. Aunque los datos sugieren que la coloración puede estar asociada a diferencias en el número de concubinos, la baja cantidad de observaciones por nivel impide una conclusión firme.

Color	$\hat{\mu}$ (concubinos esperados)
2	4.50
3	4.00
4	1.33

Cuadro 3: Número esperado de concubinos por nivel de color.

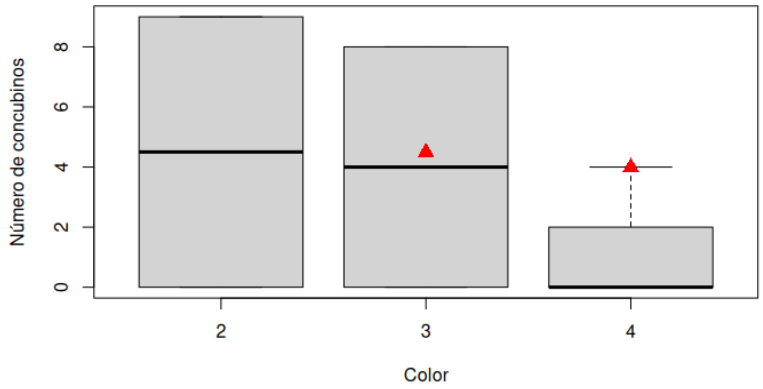


Figura 4: Predicciones por color.

Estado de la Espina Central | *Spine*

Para la variable de estado de la espina central, el modelo Poisson univariado considera al nivel Spine 1 como referencia. El IRR estimado para Spine 3 es de 0.533 con un IC95 % entre 0.225 y 1.266. Esto sugiere que las hembras con espina en estado 3 presentan aproximadamente un 47 % menos concubinos que aquellas con espina en estado 1, aunque el intervalo de confianza incluye al 1, por lo que la evidencia no es suficiente para concluir una diferencia estadísticamente significativa.

La media esperada $\hat{\mu}$ para cada nivel de espina se resume en el cuadro 4.

Espina	$\hat{\mu}$ (concubinos esperados)
1	4.50
3	2.40

Cuadro 4: Número esperado de concubinos por nivel de espina.

La gráfica comparativa muestra que el nivel 1 tiende a concentrar valores más altos y

dispersos, mientras que el nivel 3 se asocia con valores bajos a moderados. Sin embargo, nuevamente, la muestra es reducida y los resultados deben considerarse exploratorios. Con un número mayor de observaciones sería posible evaluar de manera más robusta si el estado de la espina central constituye un predictor significativo del número de concubinos.

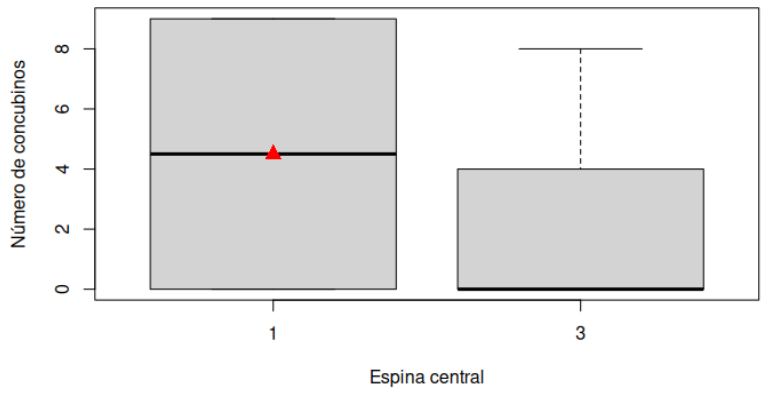


Figura 5: Predicciones por espina.

Codigo

Listing 2: Modelos de Regresion de Poisson para Cangrejos Cacerola

```
# Carga y preparacion de datos
crabs <- data.frame(
  Color = c(3,4,2,4,4,3,2),
  Spine = c(3,3,1,3,3,3,1),
  Width = c(28.3,22.5,26.0,24.8,26.0,23.8,26.5),
  Satellite = c(8,0,9,0,4,0,0),
  Weight = c(3050,1550,2300,2100,2600,2100,2350)
)
crabs$Color <- factor(crabs$Color)
crabs$Spine <- factor(crabs$Spine)

# Funcion auxiliar para calcular IRR (Incidence Rate Ratios)
get_IRR <- function(model){
  ci <- confint.default(model)
  exp(cbind(Estimate = coef(model), ci))
}
```

```
# 1) Modelo con Width
m_width <- glm(Satellite ~ Width, data = crabs, family = poisson)
get_IRR(m_width)
newd_w <- data.frame(Width = seq(min(crabs$Width), max(crabs$Width), length.out =
    100))
newd_w$mu_hat <- predict(m_width, newdata = newd_w, type="response")
plot(Satellite ~ Width, data = crabs, pch=19,
    xlab="Anchura del caparazon", ylab="Numero de concubinos")
lines(newd_w$Width, newd_w$mu_hat, col="blue", lwd=2)

# 2) Modelo con Weight
m_weight <- glm(Satellite ~ Weight, data = crabs, family = poisson)
get_IRR(m_weight)
newd_wt <- data.frame(Weight = seq(min(crabs$Weight), max(crabs$Weight), length.
    out = 100))
newd_wt$mu_hat <- predict(m_weight, newdata = newd_wt, type="response")
plot(Satellite ~ Weight, data = crabs, pch=19,
    xlab="Peso", ylab="Numero de concubinos")
lines(newd_wt$Weight, newd_wt$mu_hat, col="blue", lwd=2)
```

Resumen de codigo

- **Datos:** Se cargan los datos de los cangrejos en un `data.frame`. Las variables `Color` y `Spine` se convierten a factores para su correcto tratamiento en los modelos.
- **Modelos:** Se ajustan múltiples modelos lineales generalizados univariados con `glm`, utilizando la familia `poisson` con enlace logarítmico, que es adecuado para datos de conteo. Cada modelo evalúa la relación entre el número de concubinos (`Satellite`) y una única variable predictora (ej. `Width`, `Weight`).
- **Análisis:** Se define una función auxiliar, `get_IRR`, para calcular los *Incidence Rate Ratios* (IRR) y sus intervalos de confianza. Estos valores se utilizan para interpretar el efecto multiplicativo de cada predictor sobre el número esperado de concubinos.
- **Predicciones:** Para las variables continuas (`Width`, `Weight`), se generan predicciones del número esperado de concubinos sobre una secuencia de valores, permitiendo trazar una curva de ajuste suave.
- **Visualización:** Se crea un gráfico para cada modelo, mostrando los datos observados (puntos) y la relación predicha por el modelo (línea o puntos de predicción). Esto permite una comparación visual del ajuste del modelo a los datos.

Ejercicio #5 | Curvas ROC/AUC

Construyan la curva ROC para el problema de daño coronario y su relación con la edad visto en la clase 3 del curso.

Teoría

Especificidad y Sensibilidad

Las curvas ROC, del acrónimo en inglés "*Receiver Operating Characteristic*", es una herramienta bastante útil para la evaluación de clasificadores. Formalmente, dado un clasificador que produce scores continuos $S \in \mathbb{R}$, la curva ROC representa el conjunto de pares $(FPR(t), TPR(t))$ para todo $t \in \mathbb{R}$, donde t es un umbral de decisión.

Matemáticamente hablando, para una variable aleatoria continua X que representa los scores y una variable indicadora $Y \in \{0, 1\}$, que representa la clase verdadera, tenemos:

- $TPR(t) = P(X > t|Y = 1) = 1 - F_1(t)$
- $FPR(t) = P(X > t|Y = 0) = 1 - F_0(t)$

Donde F_1 y F_0 son las funciones de distribución acumulada condicionales de X dado $Y = 1$ y $Y = 0$, respectivamente.

Ahora bien, el AUC, o Área Bajo la Curva, posee una elegante interpretación probabilística que fundamenta su utilidad como medida de desempeño: $\text{AUC} = P(S^+ > S^-)$. En este caso, S^+ y S^- son scores independientes correspondientes a observaciones positivas y negativas, respectivamente. Esta formulación establece que el AUC equivale a la probabilidad de que el clasificador asigne un score mayor a una observación positiva elegida aleatoriamente que a una negativa aleatoriamente.

Hablando de los ejes, el Eje X se refiere a los *False Positive Rate*, o FPR:

$$\text{FPR} = \frac{\text{FP}}{\text{FP} + \text{TN}} = 1 - \text{Especificidad}$$

Este eje representa la fracción de negativos que el modelo clasifica erróneamente como positivos.

En cuanto al eje Y, se trata del *True Positive Rate* o TPR, y se define como:

$$\text{TPR} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}} = \text{Sensibilidad}$$

Representa la fracción de positivos correctamente identificados por el modelo.

Creo que es importante recordar lo que son Sensibilidad y Especificidad. La sensibilidad o *recall*, es una métrica que se encarga de medir la capacidad delk modelo para identificar correctamente los verdaderos positivos. Es fundamental en contextos donde los falsos negativos son costosos, como en aplicaciones de medicina o algo del apartado legal. En cuanto a la Especificidad, esta mide la capacida ddel modelo de identificar de manera correcta los verdaderos negativo. Es de vital importancia para cuando los falsos positivos son costosos, quizás para la aprobación de créditos.

De ese modo, cada punto de la curva representa un posible umbral de decisión. Cuando el umbrla es muy bajo, el modelo es demasiado flexible y clasifica en su mayoría como positivo, i.e. cuando TPR y FPR son altos. Cuando el umbral es muy alto, el modelo es muy rígido y clasidica casi todo como negativo, Esto es cuando TPR y FPR son bajos.

La recta que cruza por la identidad en las curvas ROC es la "línea del azar". La línea diagonal que une (0,0) con (1,1) corresponde a lo que sería un clasificador aleatorio, uno sin la capacidad de discernir. Cuando el modelo está sobr esta línea, entonces su desempeño no se puede distinguir del azar. Cuanto ms arriba de la línea se encuentre la curva, mejor será la discriminación.

Una de las desventajas de la curva ROC es que no es sensible al desbalance de clases. Para cuando hay prevalencia de desbalanceo de clases, se prefiere utilizar la curva *Precision-Recall* (PR). Para la evaluación de modelos, la ROC es bastante útil para comparar de forma global.

Estadístico de Youden

El estadístico de Youden, también conocido como índice J, fue introducido en 1950 por W.J. Youden como una medida resumen de la efectividad de una prueba diagnóstica. Se define como:

$$J = \text{Sensibilidad} + \text{Especificidad} - 1$$

El rango del índice es, naturalemnte, $-1 \leq J \leq 1$. Sin embargo, en aplicaciones prácticas, se acota a $0 \leq J \leq 1$, ya que la sensibilidad y especificidad son no negativas. En el caso de la curva ROC, tenemos que la Sensibilidad es TPR y que 1 - Especificidad es FPR. Entonces:

$$J = TPR - FPR$$

Por lo tanto, J mide la distancia vertical máxima entre la curva ROC y la diagonal de azar.

- $J = 0$ el modelo no discrimina, i.e. estaríamos hablando a un clasificador aleatorio.
- $J = 1$ el modelo clasifica de manera perfecta, i.e. la sensibilidad y especificidad son ambos 1.
- Valore sintermedios reflejan la capacidad de la prueba de mejorar sobre el azar.

Cuando un modelo produce un puntaje o probabilidad, se necesit aun umbral de decisión para clasificar. El umbral óptimo de Youden se define como aquel que maximiza J:

$$\hat{t} = \arg\max_t \left(\text{Sensibilidad}(t) + \text{Especificidad}(t) - 1 \right)$$

Este pubnto corresponde al punto de la curva ROC más alejado de la diagonal del azar.

Estadístico Kolmogorov-Smirnov (KS)

Este estadístico proviene originalmente de la prueba KS para comparar dos distribuciones acumuladas. En su forma general:

$$D = \sup_x |F_n(x) - F(x)|$$

Es la máxima diferencia entre una función de distribución empírica y una distribución teórica. En clasificación binaria, se adapta para medir la separación enter las distribuciones de puntajes (o probabilidades) de las dos clases.

La interpretación probabilística del KS mide cuán bien el modelo separa las distribuciones de scores entre positivos y negativos. Geométricamente, se demuestra que:

$$KS = \max_t |TPR(t) - FPR(t)|$$

Donde t es un umbral de decisión. Es decir, KS es la máxima diferencia vertical entre la curva ROC y la diagonal de azar. Esto es identico al de Youden solo cuando $TPR \geq FPR$.

- KS $= 0$ nos dice que no hay discriminación, las distribuciones son idénticas.
- KS $= 1$ nos dice que la separación es perfecta, sin solapamientos entre positivos y negativos.
- Los valores intermedios reflejan distintos niveles de discriminación.

Distancia al punto (0,1)

En el espacio ROC, el punto ideal para un clasificador perfecto es (0,1), pues se traduce en FPR = 0, i.e. ningún falso positivo, y TPR = 1, i.e. todos los positivos identificados correctamente. Minimizar la distancia a ese punto significa encontrar el mejor compromiso entre reducir los falsos positivos y aumentar los verdaderos positivos. A diferencia del índice Youden, este midel al distancia euclidiana absoluta ideal.

Resultados

En este caso, grafiqué dos curvas ROC. Al final me di cuenta de que fue redundante, porque este tipo de visualizaciones para problemas de clasificación binaria no necesitan mostrar la aproximación cuando se toma a 1 o a 0 como la clase positiva. Obtener los dos gráficos y obtener sus estadísticos es redundante. Sin embargo se ven bonitas las gráficas.

Estadístico de Youden & Kolmogorov-Smirnov

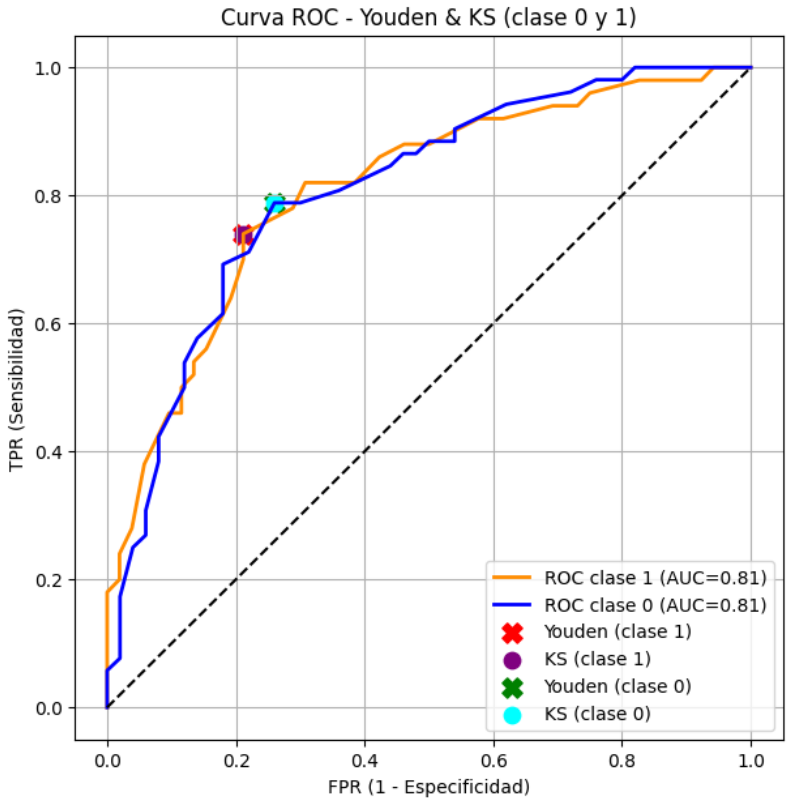


Figura 6: Curva AUC/ROC con los estadísticos de Youden & KS fijos en el mismo lugar.

Punto (0,1) geométrico.

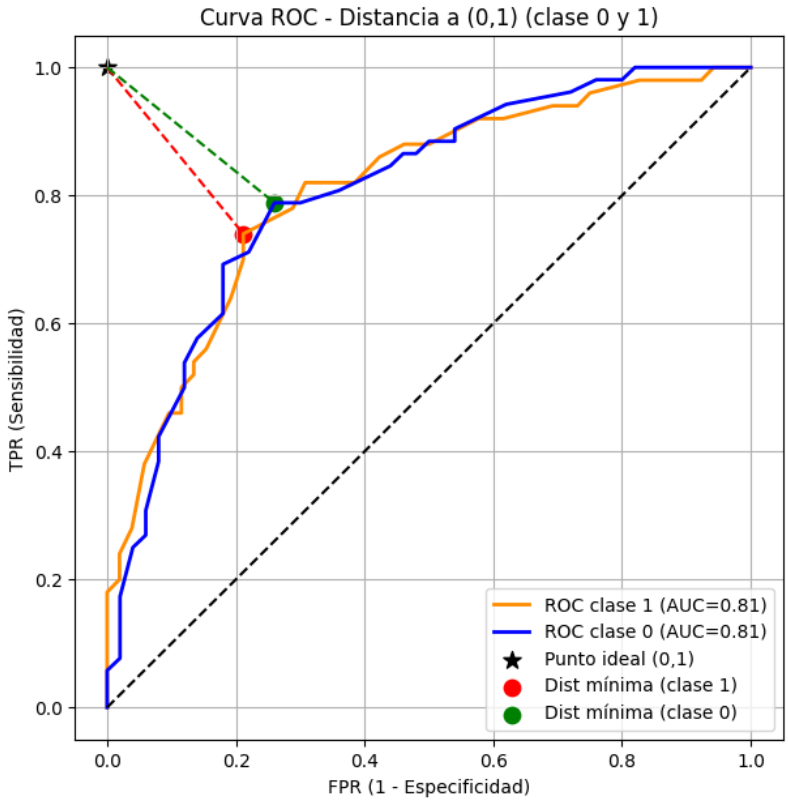


Figura 7: Curva AUC/ROC con los estadísticos geométricos en el mismo lugar que el de Youden & KS.

Discusión de resultados

Para nuestro caso, nos encontramos con que el estadístico de Youden, el de Kolmogorov-Smirnov y la distancia del máximo de la ROC hacia el punto (0,1) coinciden por completo. Es decir, existe un punto óptimo único dentro de la curva, de tal modo que se maximiza la capacidad del modelo bajo el mismo umbral.

Recordemos que el índice de Youden maximiza la suma de la sensibilidad y especificidad. Esto es, equivale a cuando encontramos el punto donde la diferencia entre la tasa de verdaderos positivos, y la de falsos positivos es máxima, i.e. el punto más alejado de la recta del azar. El estadístico de KS maximiza la separación entre las distribuciones de scores

de las clases positiva y negativa. En cuanto a la distancia al punto (0,1), este minimiza la distancia euclidiana al punto ideal donde TPR = 1 y FPR = 0, mientras más bajo el valor, más cerca de la mejor clasificación está nuestro modelo.

Que los puntos coincidan nos está diciendo que existe un punto de operación óptimo. Entonces tenemos un umbrla que ofrece un rendimiento consistente y robusto. A pesar de que graficamos dos ROC, una para cuando la clase 1 es positiva y otra para cuando la 0 es positiva (redundante por ser un clasificador biomial), concentremonos en la clase 1 como la positiva. Cuando clase 1 es positiva, el umbral óptimo está en 0.524m con un accuracy de 0.765 y un F1-score de 0.755.

Finalmente, la coincidencia de estadísticos nos facilita la elección del umbral en la práctica, ya que no hay conflicto entre los criterios. Es importante recordar que el umbral es un valor que nos permite configurar qué tan flexible será nuestro modelo. Por ejemplo, si la probabilidad < umbral, entonces se toma como clase negativa, si la probabilidad es $/geq$ umbral, entonces tomamos clase positiva.

Si hacemo suna analogía, un umbral de 0.3, dejamos que varios falsos positivos sean clasificados de manera incorrecta. Si tomamos un umbral de 0.8, dejamos que algunos verdaderos positivos sean mal clasificados.

Código

Listing 3: Analisis de Curva ROC para Clasificacion Logistica

```
# --- Ajuste del modelo y funcion auxiliar ---
# Modelo logistico
logit = LogisticRegression(solver="lbfgs")
logit.fit(edad.reshape(-1, 1), coro)
phat = logit.predict_proba(X)[:, 1] # Probabilidad de la clase 1

# Funcion que calcula metricas ROC y puntos de corte optimos
def compute_metrics(y_true, scores, positive_label=1):
    if positive_label == 0: # Invierte para analizar la clase 0
        y_true, scores = 1 - y_true, 1 - scores

    fpr, tpr, thresholds = roc_curve(y_true, scores)
    roc_auc = auc(fpr, tpr)

    # Puntos de corte optimos
    youden_idx = np.argmax(tpr - fpr)
    ks_idx = np.argmax(np.abs(tpr - fpr))
    dist_idx = np.argmin(np.sqrt(fpr**2 + (tpr - 1)**2))

    # Resultados en puntos optimos
```

```
    results = {}
    for name, thr in [("Youden", thresholds[youden_idx]),
                      ("KS", thresholds[ks_idx]),
                      ("Dist", thresholds[dist_idx])]:
        y_pred = (scores >= thr).astype(int)
        acc = accuracy_score(y_true, y_pred)
        f1 = f1_score(y_true, y_pred)
        results[name] = (thr, acc, f1)

    return fpr, tpr, roc_auc, youden_idx, ks_idx, dist_idx, results

# --- Calculo y visualizacion ---
# Metricas para ambas clases
fpr1, tpr1, auc1, y_idx1, ks_idx1, d_idx1, res1 = compute_metrics(y, phat, 1)
fpr0, tpr0, auc0, y_idx0, ks_idx0, d_idx0, res0 = compute_metrics(y, phat, 0)

# Se grafica con matplotlib

# Imprimimos metricas
```

Resumen de codigo

- **Modelo y Predicciones:** Se ajusta un modelo de regresion logistica utilizando la edad como predictor. Posteriormente, se calculan las probabilidades predichas (`phat`) para la clase positiva (1).
- **Funcion de Metricas:** Se define una funcion, `compute_metrics`, que es el nucleo del analisis. Esta funcion calcula la curva ROC y el area bajo la curva (AUC). Ademas, identifica los umbrales de decision optimos basados en tres criterios distintos:
  - El indice de Youden (maximizando la diferencia TPR - FPR).
  - La estadistica de Kolmogorov-Smirnov (KS) (maximizando la diferencia absoluta |TPR - FPR|).
  - La distancia minima al punto ideal (0,1) en el grafico ROC.

  Para cada umbral optimo, la funcion tambien calcula la exactitud (accuracy) y la puntuacion F1.
- **Analisis por Clase:** La funcion de metricas se aplica dos veces para evaluar el rendimiento del clasificador tanto para la clase 1 (positiva) como para la clase 0 (negativa). Para la clase 0, se invierten las etiquetas y las probabilidades.

- **Visualizacion:** Se generan dos graficos de la curva ROC para comparar el rendimiento de ambas clases. El primer grafico resalta los puntos optimos segun Youden y KS, mientras que el segundo resalta el punto optimo basado en la distancia minima a (0,1).
- **Reporte:** Finalmente, se imprime un resumen en la consola que muestra el valor del umbral, la exactitud y la puntuacion F1 para cada uno de los tres criterios de optimizacion, detallando los resultados para ambas clases.

Ejercicio #7 | Seguros

Los datos dentrl del cuadro 5 son números n de pólizas de seguros, y los correspondientes numeros y de reclamos (esto es, número de accidentes en los que se pidió el amparo de la poliza). La variable `CAR` es una codificación de varias clases de carros, `EDAD` es la edad del titular de la póliza y `DIST` es el distrito donde vive el titular.
(a) Calcule la tasa de reclamos $\frac{y}{n}$ para cada categoría y grafique estas tasas contra las diferentes variables para tener una idea de los efectos principales.

CAR	EDAD	DIST = 0		DIST = 1	
		y	n	y	n
1	1	65	317	2	20
1	2	65	476	5	33
1	3	52	486	4	40
1	4	310	3259	36	316
2	1	98	486	7	31
2	2	159	1004	10	81
2	3	175	1355	22	122
2	4	877	7660	102	724
3	1	41	223	5	18
3	2	117	539	7	39
3	3	137	697	16	68
3	4	477	3442	63	344
4	1	11	40	0	3
4	2	35	148	6	16
4	3	39	214	8	25
4	4	167	1019	33	114

Cuadro 5: Numero de polizas (n) y reclamos (y) por tipo de carro, edad y distrito.

Vamos a calcular la tasa de reclamos para cada celda de la tabla:

$$\text{tasa} = \frac{y}{n}$$

Donde y es el número de reclamos o accidentes reportados, y n el número de pólizas. Esto nos da una medida de la frecuencia relativa de accidentes en cada categoría. Luego,

graficaremos estas tasas contra las variables explicativas (CAR, EDAD, DIST) para visualizar los efectos principales.

La parte matemática formal quedaría como lo siguiente. Dado un dataset indexado por i (combinaciones de nuestras tres variables), definimos:

$$\hat{\pi}_i = \frac{y_i}{n_i} \quad \text{con} \;\; 0 \leq \hat{pi}_i \leq 1$$

La interpretación es que $\hat{pi}_i$ estima la probabilidad de reclamo para una póliza de la categoría i.

Básicamente, lo que haremos será construir nuestro dataframe en R, calcular la tasa creando una nueva columna dentro del dataframe, a la cual podemos llamar `rate` y que esté definida por la tasa $\frac{y}{n}$. De ese modo, graficamos cómo cambia la tasa acorde a cada variable (CAR, EDAD, DIST).

Resultados (a)

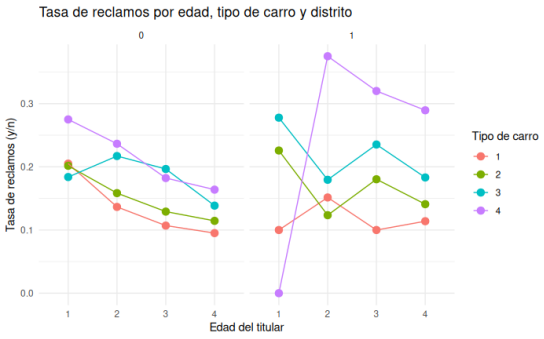
El gráfico de tasas específicas (Figura 1), muestra que en DIST=0 las tasas de reclamo disminuyen de manera consistentee a medida que aumenta la edad del titular, con diferencias clasras entre tipos de carro. En DIST = 1, el patrón es menos regular, aunque destaca un pico particularmente alto en CAR=4 y EDAD=2, dejando entrever interacción entre variables.

Ahora bien, podemos resumir los efectos promedio de cada variable, calculando las tasas agregadas ponderadas por el número de pólizas, junto con intervalos de confianza binomiales.

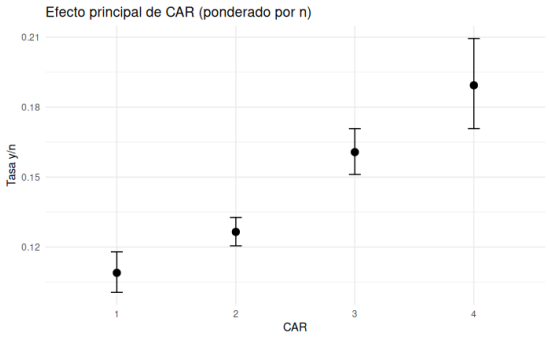
- **CAR**: la tasa promedio aumenta de manera monótona desde CAR=1 hasta CAR=4. Esto indica que ciertos tipos de automóviles están asociados a mayor frecuencia de reclamos.
- **EDAD**: podemos notar que hay un gradiente pronnunciado negativo. Los titulares más jovenes, i.e. EDAD=1 presentan tasas cercanas a 0.20, mientras que los mayores, referentes a EDAD=4 alcanzan apenas 0.12. El patrón indica una disminución del riesgo de reclamo a mayor edad del titular, o conductor.
- **DIST**: en cuanto a los dos distritos, el distrito 1 presenta mayor tasa promedio que el 2. mientras que el distrito 1 tienen 0.165 puntos, el segundo tiene 0.132. Esto puede ser un posible efecto de localización geográfica en el riesgo de los accidentes.

Estos resultados no sindican que las características del automóvil, la edad del conductor y el distrito de residencia son factores asociados de manera importante con la frecuencia

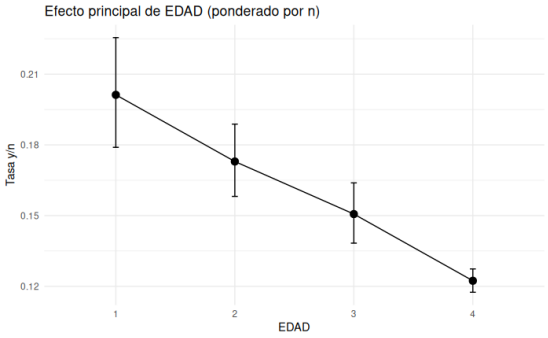
de los reclamos. Las figuras encontradas demuestran que los vehículos de categorías 3 y 4 muestran un riesgo considerablemente mayor a las otras. De igual forma, el riesgo de siniestros disminuye con la edad del conductor, esto hace un poco de sentido si tomamos en cuenta que los conductores jóvenes tienen menos experiencia al volante y pueden resultar un poco más temerarios al moemnto de tomar el carro. El efecto del distrito parece ser el de menor impacto.



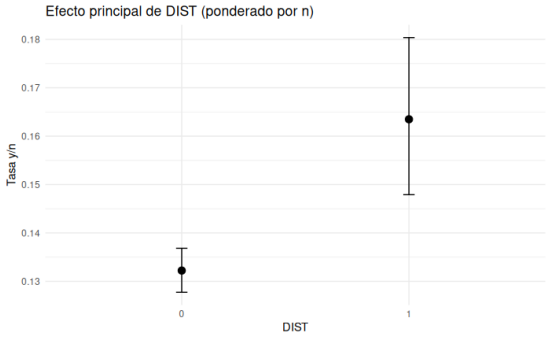
(a) Tasa de las distintas variables.



(b) Tasa vs. Carro.



(c) Tasa vs. Edad.



(d) Tasa vs. Distrito.

Figura 8: Gráfica de las tasas vs. cada variable.

(b) Ajusta un modelo de Poisson apropiado.

Modelo GLM Poisson

Ajustamos un modelo GLM Poisson para los conteos y_i con enlace log y offset $log(n_i)$:

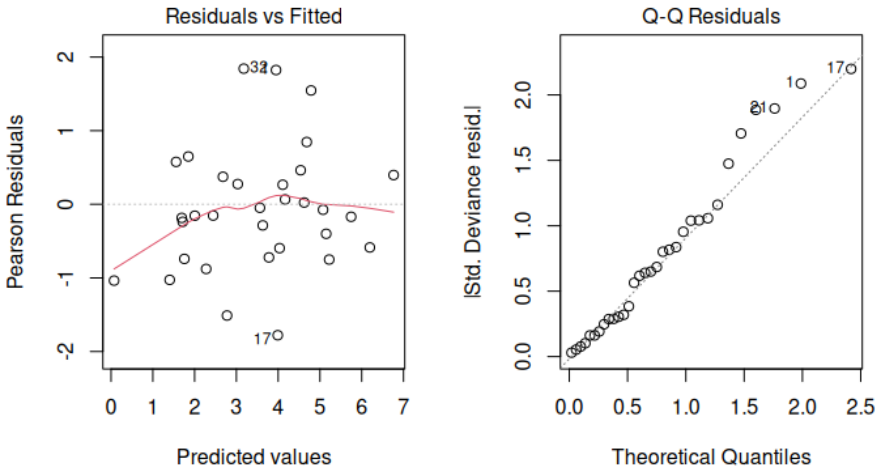
$$y_i \sim Poisson(y_i) \qquad log(y_i) = log(n_i) + \beta_0 + \beta(\text{CAR}) + \beta(\text{EDAD}) + \beta(\text{DIST})$$

De los tres modelos ($m_0 = 378.19, m_1 = 208.07, m_2 = 219.66$), el modelo m_1 es el que tiene el AIC mínimo. La Binomial Negativa no mejora, por lo que el modelo final es Poisson con una combinación de las variables.

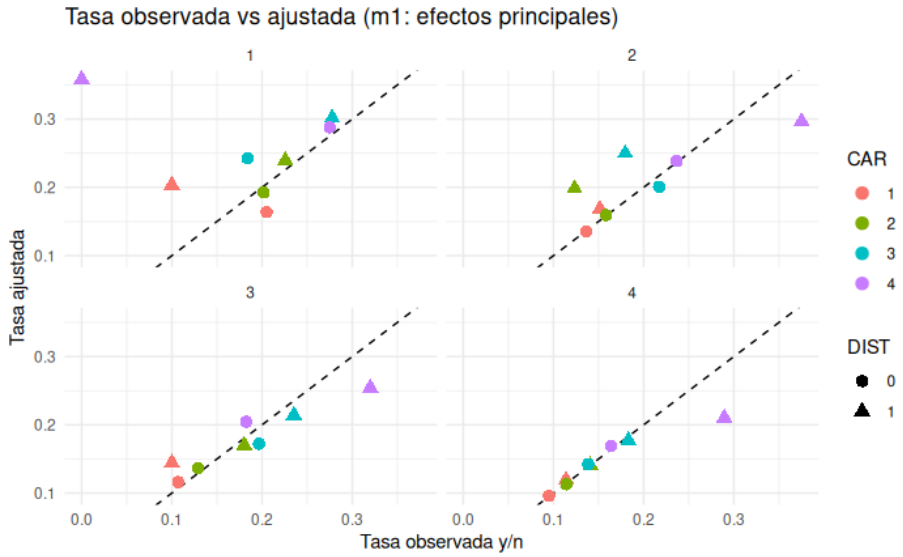
Cuadro 6: Resumen de IRR (Incidence Rate Ratios) del modelo final.

Variable	**Nivel**	**IRR**	**IC al 95 %**	**Valor p**	**Interpretación**
Tipo de carro (CAR)					
	CAR=4	1.76	$[1.53 - 2.03]$	$< 10^{-14}$	A exposición fija, presenta una tasa 76 % mayor que CAR=1. Efecto grande y muy preciso.
	CAR=3	1.48	$[1.33 - 1.65]$	$< 10^{-12}$	Tasa 48 % mayor que CAR=1; también alto y preciso.
	CAR=2	1.18	$[1.07 - 1.30]$	0.0013	Incremento moderado ($\approx$ 18 %) pero estadísticamente significativo.
Edad del titular (EDAD)					
	EDAD=4	0.587	$[0.512 - 0.673]$	$< 10^{-13}$	41 % menor tasa respecto a EDAD=1; efecto fuerte y preciso.
	EDAD=3	0.710	$[0.606 - 0.833]$	2.6×10^{-5}	29 % menor.
	EDAD=2	0.828	$[0.704 - 0.974]$	0.022	17 % menor (efecto pequeño a moderado).
Distrito (DIST)					
	DIST=1	1.244	$[1.109 - 1.395]$	1.9×10^{-4}	Tasa 24 % mayor que DIST=0; efecto moderado y bien estimado.
Intercepto					
	Tasa base	0.164	$[0.141 - 0.190]$	-	Tasa base para la categoría de referencia (CAR=1, EDAD=1, DIST=0).

(c) Usando la normalidad asintótica de los estimadores de máxima verosimlitud, da un intervalo del 90 % de confianza para la diferencia en medias. Hay evidencia de diferencias en los dos grupos en cuanto a las medias de los conteos?



(a) Diagnóstico de residuos (m1).



(b) Tasa observada vs. ajustada (m1).

Figura 9: Resultados del GLM Poisson.

Sea $y_g \sim \text{Poisson}(n_g \lambda_g)$ para $g \in \{0, 1\}$ (distritos), con n_g pólizas (exposición) y λ_g la tasa por póliza.

El EMV es $\hat{\lambda}_g = y_g/n_g$ y, asintóticamente,

$$\mathrm{Var}(\hat{\lambda}_g) \approx \frac{\lambda_g}{n_g} \quad \Rightarrow \quad \widehat{\mathrm{Var}}(\hat{\lambda}_g) \approx \frac{\hat{\lambda}_g}{n_g}.$$

Para la diferencia de medias $\Delta = \lambda_1 - \lambda_0$,

$$\hat{\Delta} = \hat{\lambda}_1 - \hat{\lambda}_0, \qquad \widehat{\mathrm{SE}}(\hat{\Delta}) = \sqrt{\frac{\hat{\lambda}_1}{n_1} + \frac{\hat{\lambda}_0}{n_0}}.$$

Un IC del 90 % (normal) es

$$\hat{\Delta} \pm z_{0.95}\, \widehat{\mathrm{SE}}(\hat{\Delta}), \qquad z_{0.95} = 1.6449.$$

Sumando por distrito (de la tabla original):

$$y_0 = 2825,\ n_0 = 21365 \quad \Rightarrow \quad \hat{\lambda}_0 = 0.13223.$$

$$y_1 = 326,\ n_1 = 1994 \quad \Rightarrow \quad \hat{\lambda}_1 = 0.16349.$$

Diferencia:

$$\hat{\Delta} = 0.16349 - 0.13223 = 0.03126.$$

Error estándar:

$$\widehat{\mathrm{SE}} = \sqrt{\frac{0.16349}{1994} + \frac{0.13223}{21365}} = 0.00939.$$

IC 90 %:

$$0.03126 \pm 1.6449 \times 0.00939 = (0.01582,\ 0.04671).$$

Por lo tanto, en promedio, `DIST=1` tiene entre 1.6 y 4.7 reclamos adicionales por cada 100 pólizas, respecto a `DIST=0`. El intervalo no incluye a 0, por lo que hay evidencia de que existe diferencia en las medias de los conteos entre distritos al 90 %. Esto, a su vez, es coherente con lo encontrado por el IRR > 1 del inciso anterior.

Ejercicio #8 | Estimación por Mínima Ji-Cuadrada

El objetivo de este problema es estimar las proporciones π_1, π_2 y π_3 correspondientes a tres categorías de objetos (A, B y C) en una población. En lugar de utilizar el método de máxima verosimilitude, se empleará el método de la **mínima ji-cuadrada**. Este consiste en encontrar los valores de los parámetros que minimizan el estadístico de Pearson (χ^2).
Los datos provienen de un diseño de muestreo particular en el que se tomaron tres muestras independientes para registrar la frecuencia de una sola categoría en cada una:

- Número de objetos 'A' en una muestra de tamaño $n_1 = 100$: $y_1 = 22$.
- Número de objetos 'B' en una muestra de tamaño $n_2 = 150$: $y_2 = 52$.
- Número de objetos 'C' en una muestra de tamaño $n_3 = 200$: $y_3 = 77$.

El estadístico de Pearson a minimizar se construye sumando los componentes de cada muestra, donde cada una se considera un ensayo binomial (ej. 'A' vs 'no A'). La función objetivo a minimizar para encontrar π_1, π_2 y π_3 es:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^{3} \left[\frac{(y_i - n_i\pi_i)^2}{n_i\pi_i} + \frac{((n_i - y_i) - n_i(1-\pi_i))^2}{n_i(1-\pi_i)} \right]$$

La estimación está sujeta a la restricción $\pi_1 + \pi_2 + \pi_3 = 1$. Se sugiere resolver este problema de optimización numérica utilizando la función `nlminb` de R.

Teoría

Queremos estimar las proporciones de una multinomial de tres categorías:

$$\pi = (\pi_1, \pi_2, \pi_3) \quad \pi_j \leq 0 \quad \pi_1 + \pi_2 + \pi_3 = 1$$

Normlaemnte, usaríamos máxima verosimilitud (MLE). pero se nos propuso una técnica diferente: utilizar mínima ji-cuadráda. Esta idea se basa en ajustar las probabilidades de maenra que se minimice el estadístico de Pearson:

$$\chi^2(\pi) = \sum_{j=1}^{K} \frac{(y_j n\pi_j(\theta))^2}{n\pi_j(\theta)}$$

En este problema en particular, no tenemos una muestra única multinomial, sino tres estudios independientes con tamañoa n_1, n_2, n_3, y cada uno reporta únicamente la frecuencia de una categoría:

- En el estudio número 1 se registró el número de A'S.
- En el estudio número 2 el número de B's.
- En el estudio número 3 el número de C's.

De ese modo, cada muestra aporta información parcial sobre las π_1, π_2, π_3.

Ahora bien, el criterio de mínima ji-cuadrada se construye sumando, para cada estudio, la discrepancia entre lo observado y lo esperado bajo π.

Para la muestra 1 con (n_1, y_1), tenemos:

$$\frac{(y_1 - n_1\pi_1)^2}{n_1\pi_1} + \frac{((n_1 - y_1) - n_1(1 - \pi_1))^2}{n_1(1 - \pi_1)}$$

Para la muestra 2 con (n_2, y_2):

$$\frac{(y_2 - n_2\pi_2)^2}{n_2\pi_2} + \frac{((n_2 - y_2) - n_2(1 - \pi_2))^2}{n_2(1 - \pi_2)}$$

Para la muestra 3 con (n_3, y_3):

$$\frac{(y_3 - n_3\pi_3)^2}{n_3\pi_3} + \frac{((n_3 - y_3) - n_3(1 - \pi_3))^2}{n_3(1 - \pi_3)}$$

Sin embargo, tenemos una restricción. Sabemos que:

$$\pi_1 + \pi_2 + \pi_3 = 1 \quad => \quad \pi_3 = 1 - \pi_1 - \pi_2$$

Esto reduce el problema de tres parámetros a dos libres (π_1, π_2).

En resumidas cuenta, lo que debemos resolver es:

$$\min_{\pi_1, \pi_2 \geq 0, \pi_1 + \pi_2 \leq 1} Q(\pi_1, \pi_2)$$

Donde:

$$
\begin{aligned}
Q(\pi_1, \pi_2) = &\frac{(y_1 - n_1\pi_1)^2}{n_1\pi_1} + \frac{((n_1 - y_1) - n_1(1 - \pi_1))^2}{n_1(1 - \pi_1)} \\
&+ \frac{(y_2 - n_2\pi_2)^2}{n_2\pi_2} + \frac{((n_2 - y_2) - n_2(1 - \pi_2))^2}{n_2(1 - \pi_2)} \\
&+ \frac{(y_3 - n_3(1 - \pi_1 - \pi_2))^2}{n_3(1 - \pi_1 - \pi_2)} + \frac{((n_3 - y_3) - n_3(\pi_1 + \pi_2))^2}{n_3(\pi_1 + \pi_2)}
\end{aligned}
$$

Lo que haremos a continuación será aplicar mínima ji-cuadrada para ajustar una función de pérdida similar a la de un modelo de regresión multinomial, pero en lugar de maximizar la log-verosimilitud, estamos minimizando una suma de discrepancias de χ^2. Es decir, mientras con MLE se aproxima el máximo ajuste estadístico, con mínima ji-cuadrada se aproxima al mínimo desajuste respecto a lo esperado.

Resultados

Cuadro 7: Resultados de la optimización numérica para las proporciones π_i mediante el método de mínima ji-cuadrada, utilizando la función `nlminb` en R.

Componente	**Valor**
Estimaciones de Parámetros	
$\hat{\pi}_1$	0.2395
$\hat{\pi}_2$	0.3629
$\hat{\pi}_3$ (calculado)	0.3976
Detalles de la Optimización	
Valor final del objetivo (χ^2)	0.5123
Código de convergencia	0 (Éxito)
Mensaje de convergencia	Relative convergence (4)
Iteraciones	13
Evaluaciones de la función	21
Evaluaciones del gradiente	38

En el cuadro 7, podemos encontrar los resultados de nuestro intento de optimización. Las proporciones observadas por muestra son:

$$\frac{y_1}{n_1} = 0.22 \quad \frac{y_2}{n_2} = 0.3467 \quad \frac{y_3}{n_3} = 0.385$$

Al sumarlas, tenemos un aproximado de $\frac{y_1}{n_1} + \frac{y_2}{n_2} + \frac{y_3}{n_3} = 0.9517 < 1$. Es decir, la restricción impuesta de $\pi_1 + \pi_2 + \pi_3 = 1$ por el modelo multivariado produce *shrinkage*, lo cual incrementa ligeramente las estiamciones $\hat{\pi}_m$ respecto a las proporciones en crudo. Este fenómeno ocurre al minimizar el estadístico de Pearson agregado:

$$Q(\pi_1, \pi_2) = \sum_{m=1}^{3} \frac{(y_m - n_m\pi_m)^2}{n_m\pi_m(1-\pi_m)}$$

En esta expresión, cada término corresponde a una distribución binomial. La solución equivale a un problema de optimización con multiplicadores de Lagrange, donde cada π_m se ajusta balanceando su residuo ponderado po rla varianza esperada bajo el modelo.

Recordemos que tenemos tres muestras binomiales, pero se estimaron dos parámetros libres, tal que tenemos un $p - value \approx 0.47$. Este resultado no sdice que los datos son compatibles con un único vector π común a las tres muestras.

Ahora, revisando los residuos de Pearson, para cada muestra *m* tenemos:

$$r_m = \frac{y_m - n_m\hat{\pi}_m}{\sqrt{n_m\hat{\pi}_m(1-\hat{\pi}_m)}} \quad r_m^2 \text{ aporta a Q}$$

$$\text{Muestra 1: } n_1\hat{\pi}_1 = 23.95,\ y_1 = 22 \rightarrow r_1^2 \approx 0.210$$
$$\text{Muestra 2: } n_2\hat{\pi}_2 = 54.43,\ y_2 = 52 \rightarrow r_2^2 \approx 0.171$$
$$\text{Muestra 3: } n_3\hat{\pi}_3 = 79.51,\ y_3 = 77 \rightarrow r_3^2 \approx 0.137$$

Suma ≈ 0.518 (coincide con $Q \approx 0.512$ por redondeo).

El estimador de mínima ji-cuadrada es asintóticamente equivalente al MLE bajo el modelo correcto. Aquí resulta muy cercano a resolver el problema de MLE con la restricción lineal $\pi_1 + \pi_2 + \pi_3 = 1$. Por tanto, es razonable usar estas $\hat{\pi}$ como estimaciones puntuales y construir IC's mediante la matriz de información observada (Hessiano) o bootstrap paramétrico.

Ejercicio #9 | Modelo log-lineal para el dataset Titanic

Este problema analiza los datos históricos del hundimiento del Titanic en 1912. El objetivo es utilizar un **modelo log-lineal** para investigar las asociaciones e interacciones entre cuatro variables categóricas que describen a los pasajeros.
Los datos, disponibles en la librería `titanic` de R, se presentan en una tabla de contingencia de cuatro dimensiones con las siguientes variables:

- **Class**: Clase del pasajero (1, 2, 3, Tripulación).
- **Sex**: Sexo (Male, Female).
- **Age**: Grupo de edad (Child, Adult).
- **Survived**: Estado de supervivencia (No, Yes).

Se debe ajustar un modelo log-lineal para evaluar la significancia de los siguientes efectos y así comprender la estructura de dependencias en los datos:

1. **Efectos Principales**: Determinar si las frecuencias de pasajeros son uniformes a través de las categorías de `Class`, `Sex`, `Age` y `Survived`.
2. **Interacciones de Dos Vías**: Evaluar la independencia entre cada par de variables (ej. `Sex` × `Survived`, `Class` × `Age`).
3. **Interacciones de Orden Superior**: Investigar las dependencias más complejas, incluyendo todas las interacciones de tres vías y la interacción de cuatro vías.

Para lograr investigar el comportamiento de independencia entre variables categóricas de estudio, implementamos un modelo log-lineal jerárquico. Este enfoque permite evaluar de manera sistemática la contribución de interacciones de creciente complejidad para explicar las frecuencias observadas en la tabla de contingencia. Se compararon cuatro modelos anidados, cada uno representando una hipótesis específica sobre la relación entre las variables.

La selección del modelo óptimo se basó en el estadístico de razón de verosimilitud que compara el ajuste de cad amoedlo propuesto con el ajuste del modelo saturado. Los modelos evaluados fueron:

- **Modelo de Independencia Total (m0):** Este modelo base postula que no existe aso-

ciación alguna entre ninguna de las variables. Matemáticamente, se expresa como:

$$\log E[n_{ijkl}] = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_k + \delta_l$$

La evaluación de este modelo arrojó un ajuste extremadamente deficiente ($G^2 = 1243.66$ con 25 grados de libertad, $p \approx 0$). Este resultado permite rechazar de forma contundente la hipótesis de que las variables son mutuamente independientes.

- **Modelo de Interacciones de Dos Vías (m2):** El segundo modelo incorpora todas las posibles asociaciones por pares entre las variables. Aunque representó una mejora sustancial respecto al modelo de independencia, su ajuste seguía siendo estadísticamente inadecuado ($G^2 = 116.59$ con 13 grados de libertad, $p \approx 0$). Esto indica que las meras asociaciones entre pares de variables no son suficientes para capturar la complejidad de la estructura subyacente en los datos.

- **Modelo de Interacciones de Tres Vías (m3):** Este modelo representa el punto de inflexión en nuestro análisis. Al incluir todos los términos de interacción de tres vías (y, por el principio de jerarquía, los términos de orden inferior), el modelo presentó un ajuste excepcional a los datos observados ($G^2 = 2.73 \times 10^{-4}$ con 3 grados de libertad, $p \approx 0.999999$). Un valor de devianza prácticamente nulo y un p-valor cercano a 1 constituyen una fuerte evidencia de que este modelo explica casi la totalidad de la estructura de dependencia presente.

- **Modelo Saturado (m4):** Este modelo, que incluye la interacción de cuatro vías, reproduce perfectamente los datos por definición ($G^2 = 0$ con 0 grados de libertad). No aporta información explicativa adicional, pero sirve como referencia para confirmar que el modelo m3 ya ha capturado toda la estructura de dependencia relevante.

De ese modo, la evidencia estadística nos está diciendo que describir adecuadamente las relaciones enter variables es indispensable incluir los términos de interacción de tres vías. El modelo $m3$ es la más precisa con la estructura de los datos. A su vez, la necesiadd de un término de interacción de tres vías implica que la relación entre dos variables cualesquiera no es constante, sin oque stá moderada o condicionada por el valor ed una tercera variable.

El efecto del Sexo sobre la Supervivencia no es el mismo en todas las Clases o para todos los grupos de Edad. De manera análoga, el impacto de la Edad en la probabilidad de Supervivencia se ve modificado por la Clase del individuo y su Sexo. En esencia, la narrativa popular de “mujeres y niños primero” no fue un protocolo aplicado de manera uniforme. Su implementación y, por tanto, la probabilidad de supervivencia, dependió de manera crucial de la clase social a la que pertenecían los individuos, revelando una interacción compleja y de orden superior.

Durante el análisis, se observó que el estadístico chi-cuadrado de Pearson arrojaba un valor no definido (`NaN`). Esto se debe a la presencia de ceros estructurales en la tabla de contingencia (por ejemplo, la combinación "Tripulación-Niño" es lógicamente imposible y su frecuencia observada es cero). En ciertos modelos, esto induce frecuencias esperadas (E) nulas para dichas celdas. Dado que el cálculo del estadístico de Pearson implica una división por E ($\sum \frac{(O-E)^2}{E}$), la presencia de un cero en el denominador provoca una indeterminación matemática.

Por esta razón, el estadístico de razón de verosimilitud (G^2) es el método preferido y más robusto para el análisis de tablas de contingencia que contienen ceros estructurales, ya que su cálculo no presenta esta limitación.

Ejercicio #10 | Descripción del corpus

Se ha realizado un análisis sobre el valor terapéutico del ácido ascórbico (Vitamina C) en relación a su efecto sobre la gripe común. Se tiene una tabla 2×2 con los recuentos correspondientes para una muestra de 279 personas.
Aplica un modelo lineal para determinar si existe ecvidencia suficiente para asgurar que el ácido ascorbico ayuda a tener menos gripe.

Cuadro 8: Tabla de contingencia del estudio sobre el Ácido Ascórbico.

	Gripe	**No Gripe**	*Totales*
Placebo	31	109	140
Acido Ascórbico	17	122	139
Totales	48	231	279

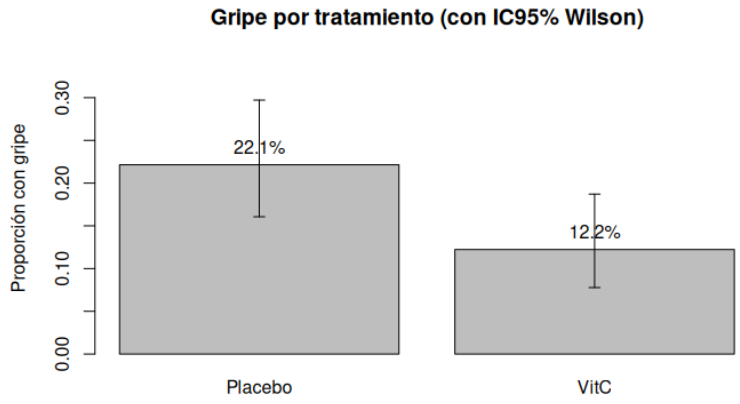


Figura 10: Gripe GLM.

Se evaluó el efecto terapéutico del ácido ascórbico (Vitamina C) sobre la incidencia de gripe en un ensayo con $n = 279$ personas, asignadas a los grupos de Placebo ($n = 140$) y Vitamina C ($n = 139$). La respuesta considerada fue binaria: presencia o ausencia de gripe. La tabla de contingencia observada fue: Placebo con 31 casos de gripe y 109 sin gripe, y

Vitamina C con 17 casos de gripe y 122 sin gripe. En total se observaron 48 casos de gripe y 231 individuos sanos.

Para el análisis se ajustó un modelo lineal generalizado binomial con enlace logit de la forma

$$\log \frac{\Pr(Y = 1 \mid T)}{1 - \Pr(Y = 1 \mid T)} = \beta_0 + \beta_1 \, \mathbb{1}\{T = \text{VitC}\},$$

donde Y indica la ocurrencia de gripe y T el tratamiento recibido. El interés radica en contrastar la hipótesis unilateral de que $\beta_1 < 0$, es decir, que la administración de Vitamina C reduce la probabilidad de presentar gripe en comparación con el placebo.

Los resultados del modelo muestran un intercepto estimado de $\hat{\beta}_0 = -1.257$ (SE=0.204), correspondiente al log-odds de gripe en el grupo Placebo, y un coeficiente de tratamiento $\hat{\beta}_1 = -0.713$ (SE=0.329). La odds ratio estimada de Vitamina C respecto a Placebo es $\widehat{\text{OR}} = \exp(\hat{\beta}_1) = 0.490$, con un intervalo de confianza del 95 % dado por [0.257, 0.934]. Esto indica que las odds de gripe con Vitamina C son aproximadamente 51 % menores que con Placebo. La prueba de Wald bilateral produce un valor-$p = 0.030$, mientras que en la dirección unilateral favorable a Vitamina C se obtiene $p = 0.015$, lo que proporciona evidencia a favor del efecto protector.

Se aplicaron pruebas adicionales de independencia para verificar la robustez del resultado. La prueba de χ^2 de Pearson entrega un estadístico $X^2 = 4.81$ con un valor-$p = 0.028$, lo cual sugiere asociación entre el tratamiento y la incidencia de gripe. Por su parte, la prueba exacta de Fisher unilateral, especificando la hipótesis de que Placebo presenta mayor odds de gripe que Vitamina C, arroja un valor-$p = 0.0205$ y un intervalo de confianza unilat. al 95 % de [1.13, ∞) para la odds ratio en la escala Placebo vs Vitamina C, equivalente a concluir que la odds ratio Vitamina C vs Placebo es menor que 1. Así, las tres pruebas son consistentes en apoyar la hipótesis de interés.

En términos de riesgos absolutos, la proporción de gripe en el grupo Placebo fue de $\hat{p}_{\text{Placebo}} = 31/140 = 0.221$, mientras que en el grupo Vitamina C fue de $\hat{p}_{\text{VitC}} = 17/139 = 0.122$. La reducción absoluta del riesgo estimada es $\hat{p}_{\text{VitC}} - \hat{p}_{\text{Placebo}} = -0.099$, es decir, una disminución de 9.9 puntos porcentuales. El riesgo relativo estimado es $\widehat{\text{RR}} = 0.552$, lo cual implica que el riesgo de gripe con Vitamina C es aproximadamente 45 % menor que con Placebo. Finalmente, el número necesario a tratar (NNT) se aproxima como $1/0.099 \approx 10$, interpretándose que, bajo condiciones similares, se deberían tratar 10 personas con Vitamina C para evitar un caso adicional de gripe.

En conclusión, la evidencia estadística proveniente del modelo logístico, la prueba de Pearson y la prueba exacta de Fisher unilateral apoya de manera consistente que el ácido ascórbico reduce la incidencia de gripe en comparación con placebo. La magnitud del efecto es clínicamente relevante, con un odds ratio estimado de 0.49, un riesgo relativo de 0.55, una reducción absoluta del riesgo cercana al 10 % y un número necesario a tratar de

alrededor de 10. Estos resultados constituyen un respaldo empírico a la hipótesis de que la Vitamina C ejerce un efecto protector frente a la gripe común.