

Masa para Pizza

Miguel Equihua

Xalapa, Ver., 20 de junio, 2024

Tabla de contenidos

Exploración tabular de los datos	2
Exploración gráfica	3
Prueba de hipótesis	5
Opciones avanzadas de análisis	12
Modelo ponderado	12
Offset: Modelo “redondeado”	19
Tarea	22

Lista de Cuadros

1	Variables indicadoras derivadas del factor <i>receta</i>	3
3	Comparación del desempeño de estimadores	22

En esta libreta *RMarkdown* les comparto mis notas de lo que hice en relación con los datos de masa para pizza.

El Estudio de Marcelo es un experimento *completamente aleatorizado*, no hubo restricciones a la aleatorización como para producir **bloques** o división en parcelas (**parcela dividida**). Los tratamientos los ideó Marcelo como tratamientos factoriales, resultado de la combinación de cantidades variables de azúcar y leche, pero finalmente optó por tratarlas como una serie de recetas (sin decirnos que cantidad de leche o azúcar empleo, típico de los cocineros, guardar secretos), así que no nos queda otra que tratar al arreglo de tratamientos como una clasificación simple en *recetas* (ANOVA de una sola vía dirían otros). El modelo que describe esto es algo así (Ecuación 1):

$$y_{ij} = \mu + R_i + \varepsilon_{j(i)} \quad (1)$$

En donde i tiene 4 niveles, uno por cada receta, j tiene 4 niveles, por el número de repeticiones de cada receta. Por lo tanto, los grados de libertad en el cuadro de análisis de la varianza deben ser 3 para las recetas y 12 para el error.

Exploración tabular de los datos

Una vez leídos los datos del archivo plano *texto separado por comas*, con acrónimo csv), definí la columna *recetas* como *factor*, lo hice con la función `mutate` para interactuar con la tabla completa. Me asomé a los datos calculando los promedios por tratamiento. Seguí la metáfora de *tubos* con ayuda de la biblioteca `tidyverse` o `dplyr`.

```
#pizzas <- list.files(".", pattern = "^masa-para", recursive = T, full.names = T)
#masa_2 <- read_csv(pizzas, col_names = TRUE)

url_datos <- "https://drive.google.com/file/d/1uVU0qwobv67E5xTsSSxjg9f9qypW-aIS/view"
dat_datos_id <- str_extract(url_datos, "(?<=d/)(.)*(?=/view)")

url_drive <- "https://docs.google.com/uc?id=%s&export=download"
masa <- read_csv(sprintf(url_drive, dat_datos_id))

masa %>%
  mutate(receta = factor(receta)) %>%
  arrange(receta) -> masa # también puedo guardar resultados así

masa %>%
  group_by(receta) %>%
  summarise(media = mean(tiempo, na.rm = TRUE),
            mediana = median(tiempo, na.rm = TRUE),
            var = var(tiempo))
```

```
# A tibble: 4 x 4
  receta media mediana   var
  <fct>   <dbl>   <dbl> <dbl>
1 " A"    486.    488. 6340.
2 " B"    196.    192. 4490.
3 " C"    656     675 5491.
4 " D"    184.    175 2723.
```

Recetas es ahora un factor, esto implica que es un tipo especial de variable que al incorporarla en un modelo estadístico se suele desagregar en una colección de variables indicadoras o **dummy** que tienen el papel *en conjunto* de modelar el efecto de condiciones que se reconocen

Cuadro 1: Variables indicadoras derivadas del factor *receta*.

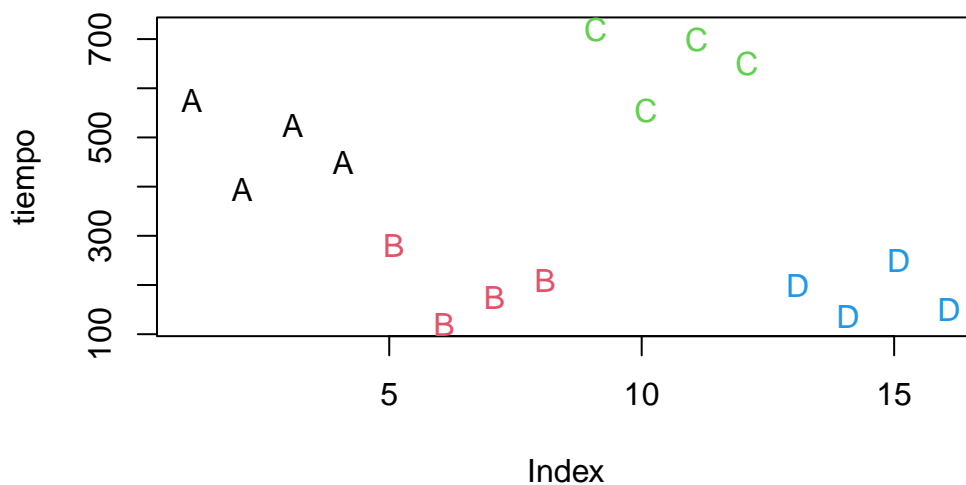
A	B	C	D
1	0	0	0
0	1	0	0
0	0	1	0
0	0	0	1

en forma cualitativa. Así, lo que hace el modelo es responder a la indicación de **presencia** del tratamiento indicado. La estructura que en *R* se define como **factor** es entonces una forma compacta de recoger esa indicación de cuándo está presente cada tratamiento en la estructura de datos. Una idea general de cómo funcionan las variables indicadoras se ilustra en el Cuadro 1 ([opciones de formateo de tablas aquí](#)).

Exploración gráfica

Use una gráfica simple con letras para las recetas para tener una idea de los datos. Usé la función `unclass` para obtener un índice numérico asociado con las recetas, así le doy fácilmente un color distinto a cada receta, aunque son los colores que sean, podría hacer algo semejante para escoger los colores de mi gusto o incluso hacer un vector de colores por nombre, pero para el caso exploratorio esto que hice es muy fácil y rápido.

```
plot(masa$tiempo, type = "n", ylab = "tiempo")
text(masa$tiempo, labels = masa$receta,
     col = as.integer(unclass(masa$receta)))
```



Si quisiéramos hacer una gráfica más profesional podemos usar `ggplot2` en la forma siguiente:
 1) datos, los de masa, 2) arreglo (*estética*) `x=recetas`, `y=tiempo` y colorear según recetas,
 finalmente 3) la geometría de la gráfica: representa los datos como puntos.

```
ggplot(masa, aes(x = receta, y = tiempo, colour = receta)) +  
  geom_point(size = 3, show.legend = FALSE)
```

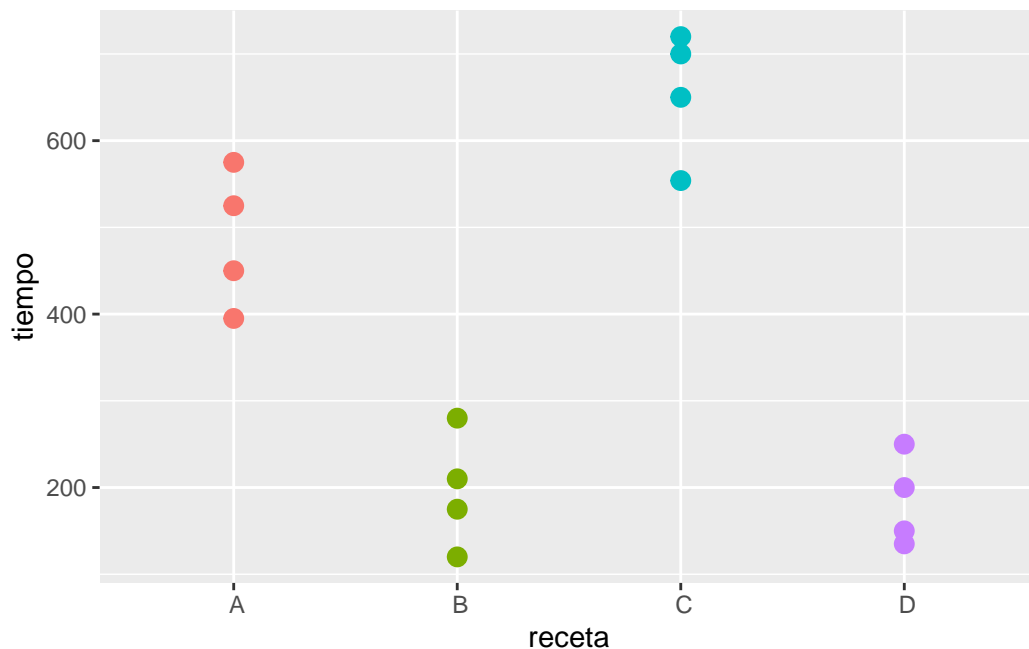


Figura 1: Velocidad de leudado de masa de pizza

Prueba de hipótesis

Me parece que hay buenas razones para pensar que puede detectarse un efecto importante de alguna de las recetas. No encuentro a simple vista mayores razones para pensar que haya heterogeneidad de varianzas o falta de normalidad, aunque los tratamientos de menor tiempo se ven algo más compactos que los más lentos (típico patrón que conduce a la *heterocedasticidad*, asociación de la varianza y la media). Pero empezaré con lo más simple.

```
masa_lm <- lm(tiempo ~ receta, data = masa)
anova(masa_lm)
```

Analysis of Variance Table

Response: tiempo

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
receta	3	638968	212989	44.739	8.64e-07 ***
Residuals	12	57128	4761		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
summary(masa_lm)
```

Call:

```
lm(formula = tiempo ~ receta, data = masa)
```

Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-102.000	-39.375	3.875	49.000	88.750

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	486.25	34.50	14.095	7.90e-09 ***
receta B	-290.00	48.79	-5.944	6.78e-05 ***
receta C	169.75	48.79	3.479	0.00455 **
receta D	-302.50	48.79	-6.200	4.59e-05 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 69 on 12 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.9179, Adjusted R-squared: 0.8974

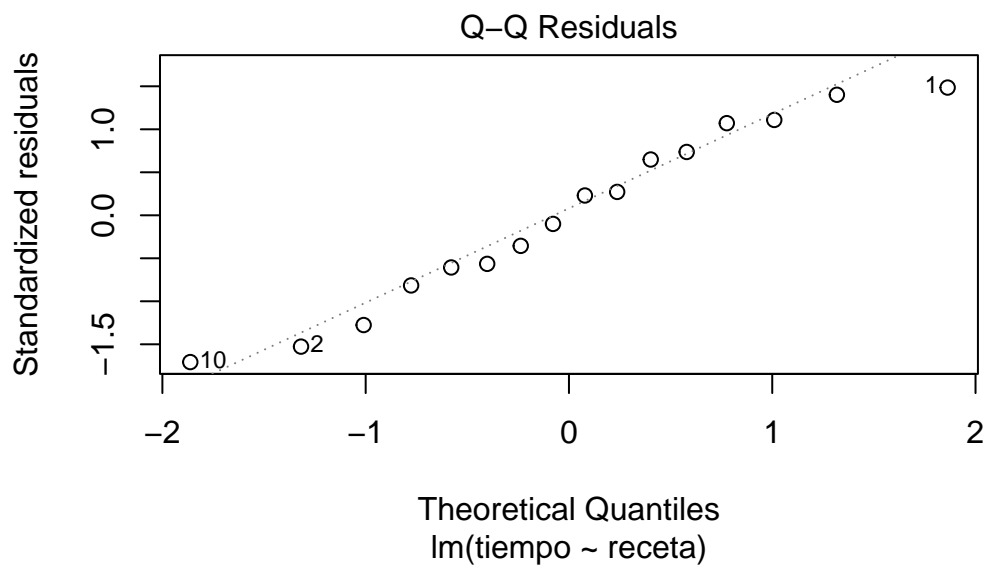
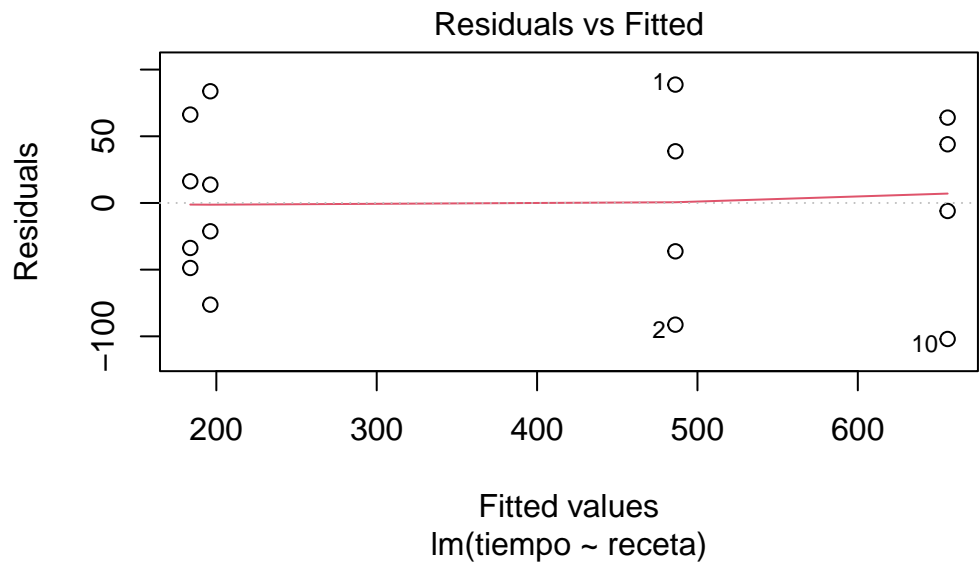
F-statistic: 44.74 on 3 and 12 DF, p-value: 8.64e-07

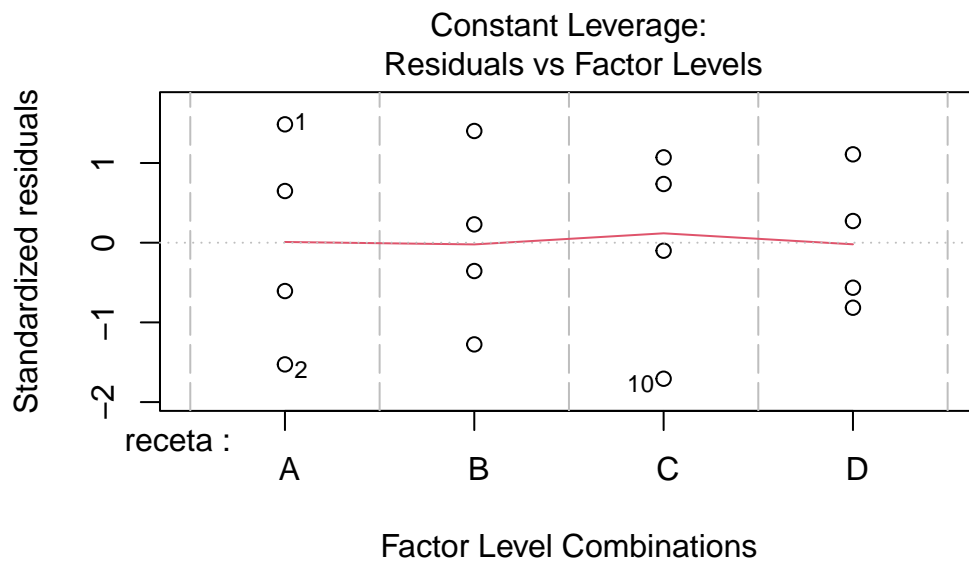
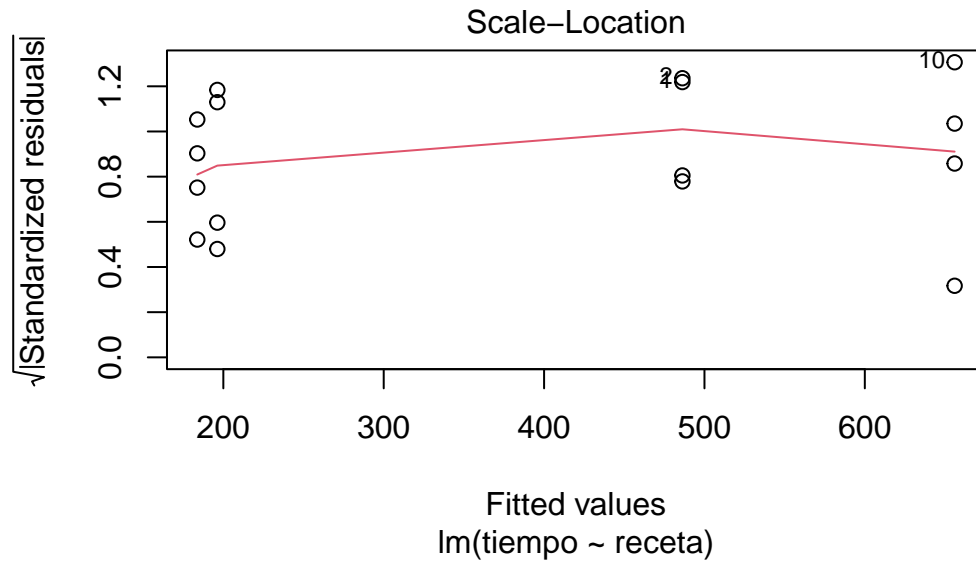
Hipótesis *omnibus* que pone a prueba este ANOVA

$$\mu_A = \mu_B = \mu_C = \mu_D$$

El cuadro de ANOVA obtenido sugiere que es razonable rechazar la H_0 ómnibus, de manera que estamos justificados si optamos por considerar que todas o algunas recetas están produciendo tiempos *significativamente* distintos entre sí. El resumen sugiere, dada la reparametrización, que todas las recetas podrían ser distintas de la *A* y que la *D* está produciendo los tiempos más cortos de *leudado*, aunque en tal caso la receta *B* no está nada lejos. Claro, aquí ya me estoy dejando llevar por lo que ocurrió en este caso, así que estoy arriesgando la generalidad de mis conclusiones. De todos modos correré el riesgo. Una propuesta razonable para considerar esto sería la de proponer que las recetas *B* y *D* se comportan de manera equivalente y dejar *A* y *C* como dos variantes con mal desempeño. Pero, antes de pasar a eso veamos como se comporta el ajuste del modelo en relación con los supuestos estadísticos. Para eso, veamos gráficas de los residuos.

```
plot(masa_lm)
```





Me parece que se ve un comportamiento bastante razonable en los residuos. Si nos ponemos estrictos a lo mejor el supuesto de normalidad en los residuos se ve un poco dudoso y quizás también un poco de heterogeneidad de varianzas. Pero nada muy marcado como para invalidar el ajuste del modelo.

Con los resultados anteriores puedo avanzar con bastante confianza para atender la cuestión de *cuál será la receta con la que la masa sube más rápido*. La forma que elegí para hacer esto es seguir con un enfoque de modelación, reformular el modelo original y valorar si cambia en forma importante al redefinir el factor de recetas. Otras formas de hacerlo serían el recurrir a pruebas t pareadas, que es lo que Fisher llamó *pruebas protegidas* por que ya rechazamos la omnibus H_0 . Otra posibilidad es usar TukeyHSD de la biblioteca **stats** (se carga al abrir **R** sin preguntarnos), o podríamos recurrir a la [corrección de Boferroni](#). Lo importante es no olvidar que cuando llegamos a este punto, estas comparaciones las hacemos en un ámbito en gran parte exploratorio. Por eso a mi me gusta mantenerme en el plan de que **el modelo es la historia** y buscar producir un modelo que incluya también esas comparaciones. Así lo hice. Por lo que vi en los coeficientes estimados las recetas parecen diferir casi todas en rendimiento, salvo la pareja *B-D* que son las que dan tiempos más cortos, por lo tanto, la pregunta que para mi sigue es si un modelo en donde no distingo entre estas dos recetas, mantiene un buen ajuste a los datos observados.

```
masa$receta_BD <- masa$receta
levels(masa$receta_BD) <- c("A", "BD", "C", "BD")

masa_lm_BD <- lm(tiempo ~ receta_BD, data = masa)
anova(masa_lm_BD, masa_lm)
```

Analysis of Variance Table

```
Model 1: tiempo ~ receta_BD
Model 2: tiempo ~ receta
```

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	13	57441				
2	12	57128	1	312.5	0.0656	0.8021

```
summary(masa_lm_BD)
```

Call:

```
lm(formula = tiempo ~ receta_BD, data = masa)
```

Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-102.00	-43.75	2.00	48.00	90.00

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	486.25	33.24	14.630	1.88e-09 ***

```
receta_BDBD -296.25      40.71  -7.278 6.20e-06 ***
receta_BDC   169.75      47.00   3.611 0.00316 **
---
```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

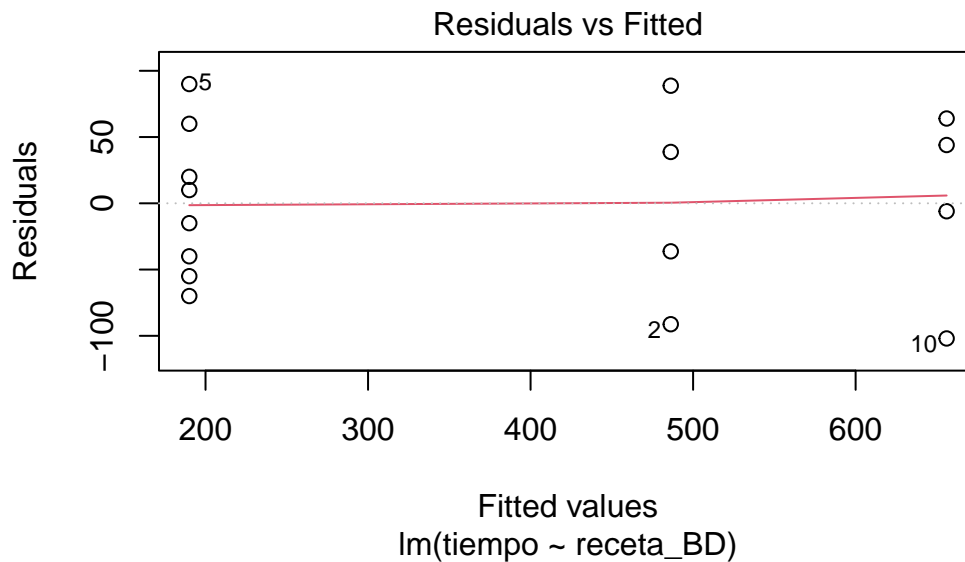
Residual standard error: 66.47 on 13 degrees of freedom

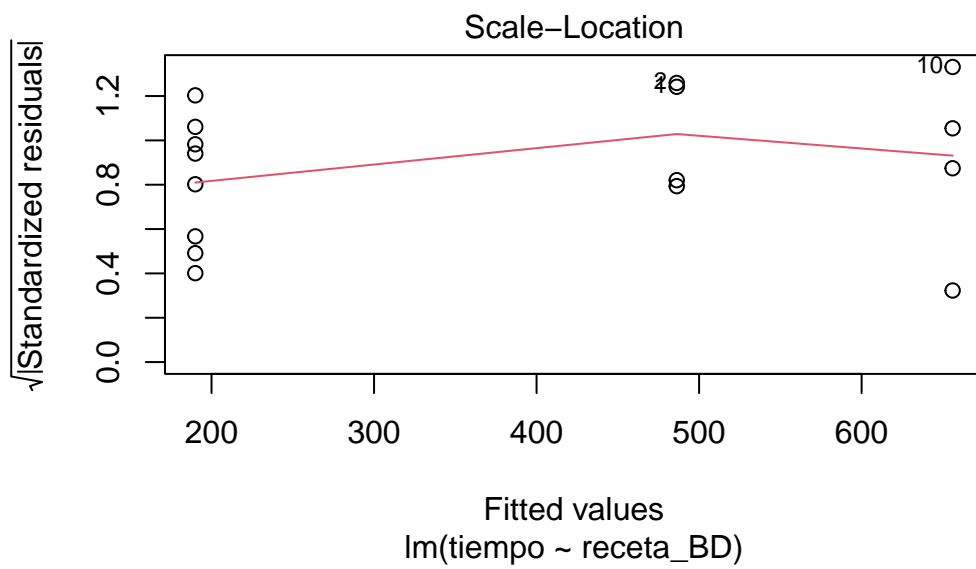
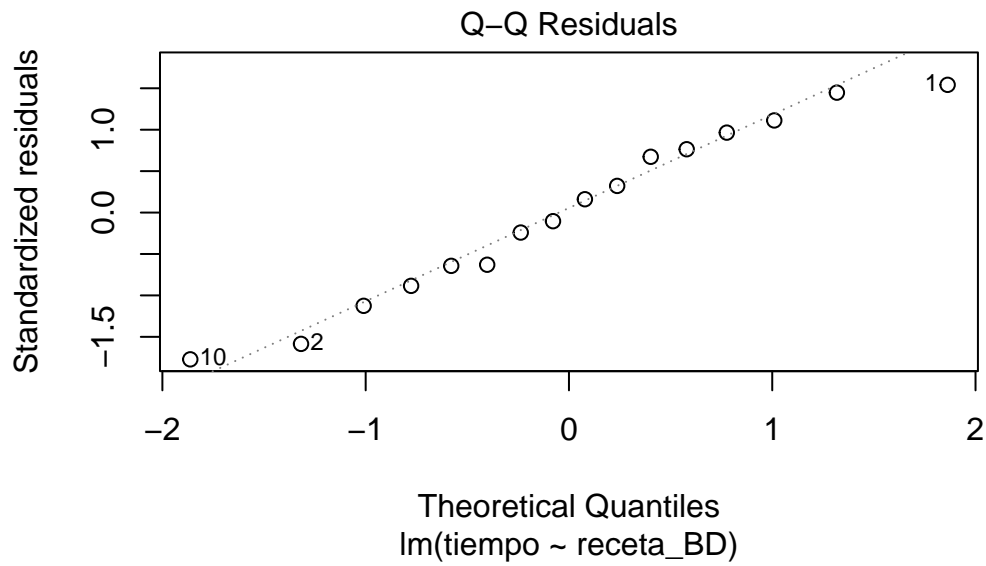
Multiple R-squared: 0.9175, Adjusted R-squared: 0.9048

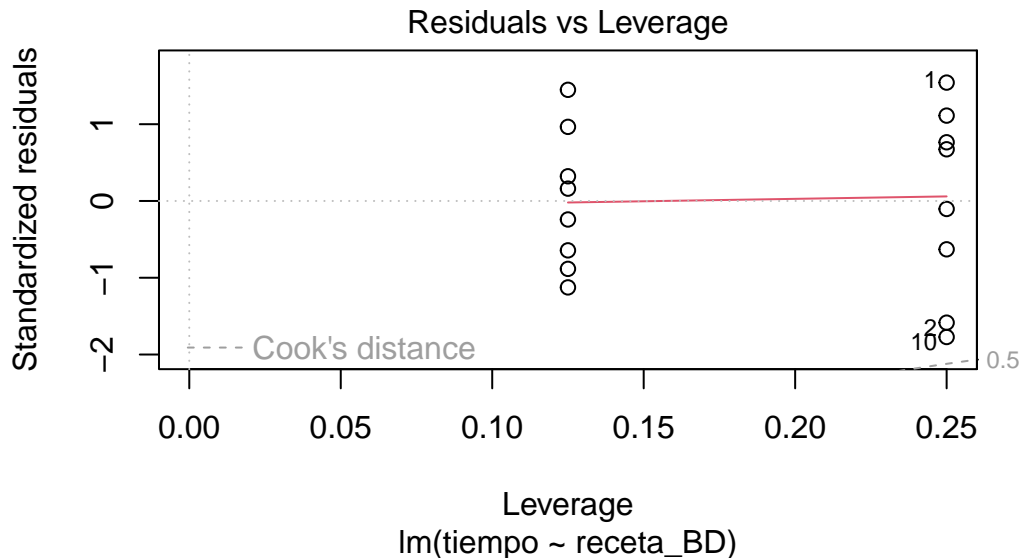
F-statistic: 72.27 on 2 and 13 DF, p-value: 9.069e-08

Este resultado me sugiere que hay una mínima pérdida de ajuste a los datos y que el nuevo modelo podría considerarse prácticamente equivalente a la versión más compleja que distingue cada receta. Así que la proposición de que es razonable considerar a las recetas *B* y *D* como equivalentes se puede defender. Al hacerlo no pierdo mucho de correspondencia entre los valores que produce el nuevo modelo y los datos. En realidad ya no me interesa averiguar que pasa con las otras recetas, pues ambas tienen un desempeño más lento que las que he indentificado, así que este modelo es el **mínimo adecuado para esta historia**. ¿Se habrá producido alguna distorsión en otros aspectos estadísticos del modelo?

```
plot(masa_lm_BD)
```







El comportamiento de los residuos se ve muy semejante al comportamiento del modelo completo. Sigo sin ver mayores problemas en el ajuste. Es cierto que se ven detallitos que hacen tener ligeras dudas, quizás relacionados con heterocedasticidad. Así que hagamos algo al respecto, aunque no sea más que con **finés didácticos**.

Opciones avanzadas de análisis

Modelo ponderado

Lo que haremos es utilizar la opción `weight` de la función `lm`, esto nos permite hacer lo que se llama *modelos de regresión ponderados*. Hay muchas posibles razones para utilizar *esquemas de ponderación*, todos relacionados con la idea de que podemos proponer argumentos sobre qué datos deberían influir más sobre el ajuste del modelo. En este caso utilizaremos la idea que anoté al principio y que es relativamente común encontrarla en la práctica. Muchas veces pasa que cuando el tamaño de la respuesta aumenta también lo hace la variación con la que la observamos. Es decir a mayor media, mayor varianza. En el modelo ponderado lo podemos expresar pensando que deberíamos darle menos credibilidad (peso) a las observaciones asociadas con tratamientos que producen medias más grandes.

A continuación les muestro como pondríamos estas ideas en práctica con `lm`. Lo que haré es construir una expresión que relacione el tamaño de los residuos con las medias de los tratamientos, lo que me permitirá estimar algo parecido a las varianzas asociadas con cada

tratamiento en el modelo. A partir de ahí construyo la variable de ponderación que será un expresión relacionada con:

$$ponderador \propto \frac{1}{\sigma^2}$$

```
# Modelo ponderado para enfrentarnos a la heterocedasticidad
# Defino los ponderadores a usar
pond <- 1 / lm(abs(masa_lm$residuals) ~ masa_lm$fitted.values)$fitted.values^2

# Ajusto un modelo ponderando dando mayor peso a los tratamientos con menor varianza
masa_lm_pond <- lm(tiempo ~ receta, data = masa, weights = pond)
anova(masa_lm_pond)
```

Analysis of Variance Table

Response: tiempo

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
receta	3	223.626	74.542	42.822	1.097e-06 ***
Residuals	12	20.889	1.741		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
summary(masa_lm_pond)
```

Call:

```
lm(formula = tiempo ~ receta, data = masa, weights = pond)
```

Weighted Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-1.70827	-0.80847	0.09686	0.82064	1.79195

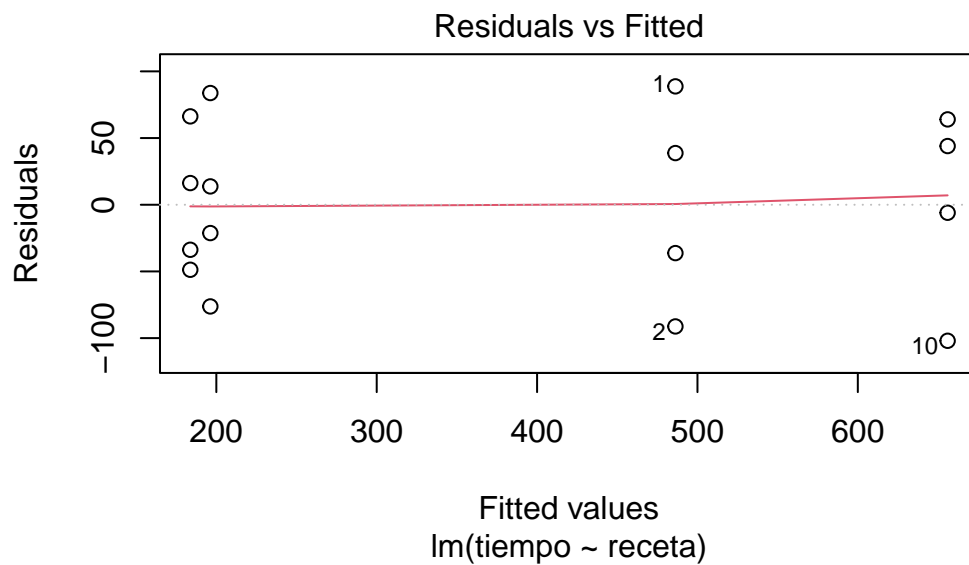
Coefficients:

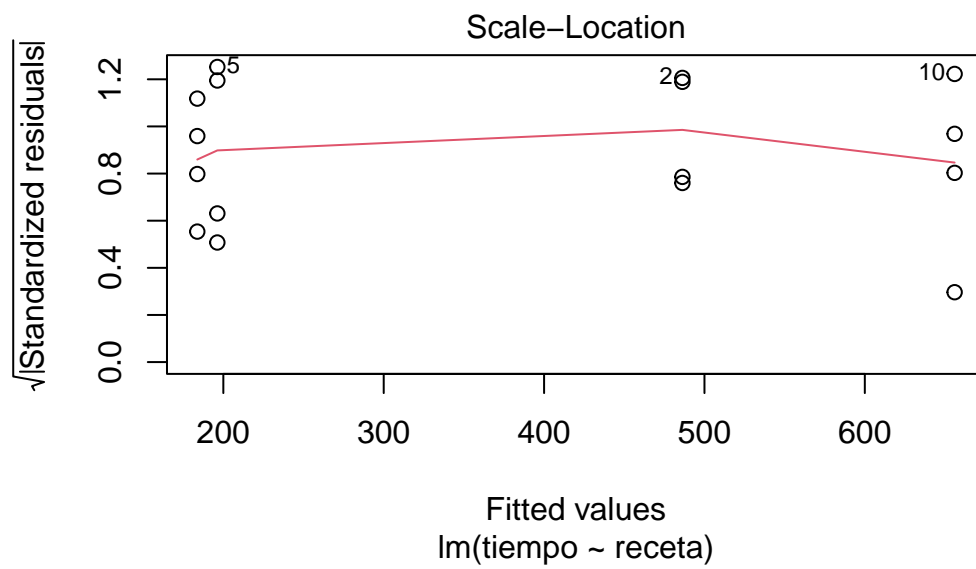
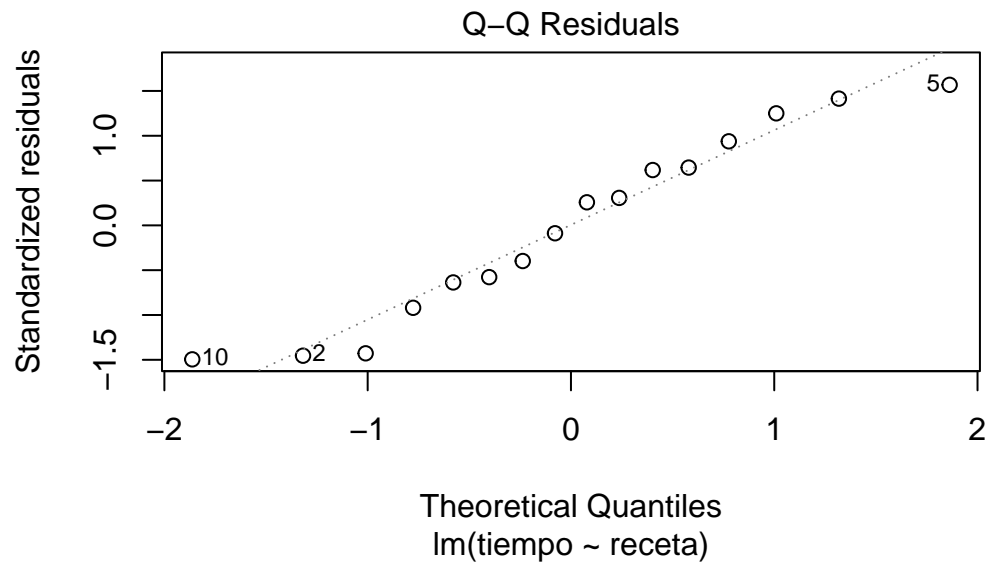
	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	486.25	36.23	13.421	1.38e-08 ***
receta B	-290.00	47.57	-6.096	5.37e-05 ***
receta C	169.75	53.52	3.172	0.00804 **
receta D	-302.50	47.42	-6.379	3.51e-05 ***

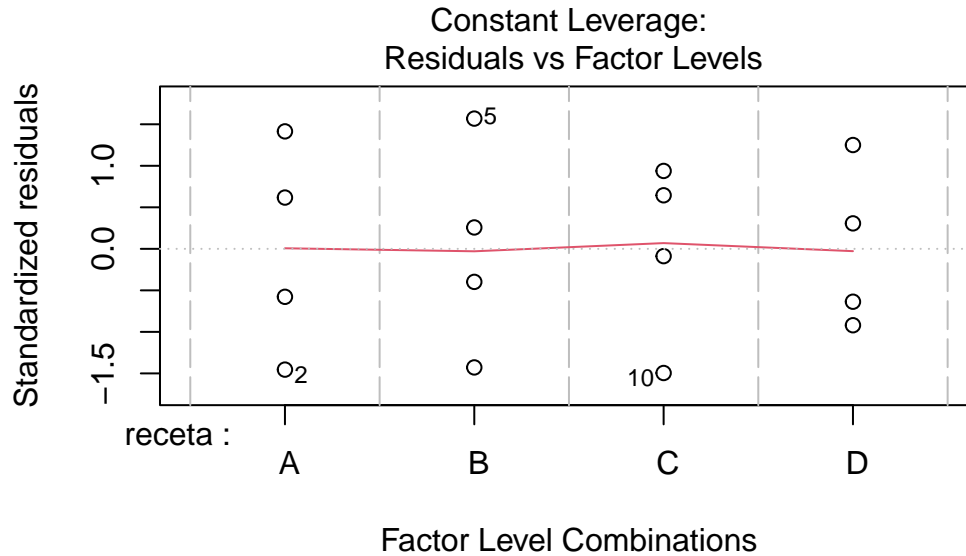
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.319 on 12 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.9146, Adjusted R-squared: 0.8932
F-statistic: 42.82 on 3 and 12 DF, p-value: 1.097e-06

```
plot((masa_lm_pond))
```







Como cabría esperar, este modelo pierde un poco en ajuste, pero nada preocupante. Los resultados sostienen la misma historia que habíamos encontrado en el enfoque no ponderado y en todo caso se aprecia una pequeña mejora en cuanto a la preocupación de que hubiera heterocedasticidad en los datos y esto pudiera estar afectando los resultados.

Para completar el análisis hago la valoración de la relevancia de separar las recetas *B* y *D* del resto. Considerando los mismos ponderadores que use con el modelo completo.

```
# Ajusto un modelo ponderado con mayor peso los tratamientos con menor varianza
masa_lm_BD_pond <- lm(tiempo ~ receta_BD, data = masa, weights = pond)
anova(masa_lm_pond, masa_lm_BD_pond)
```

Analysis of Variance Table

```
Model 1: tiempo ~ receta
Model 2: tiempo ~ receta_BD
```

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	12	20.889				
2	13	21.033	-1	-0.14415	0.0828	0.7784

```
summary(masa_lm_BD_pond)
```


Call:

```
lm(formula = tiempo ~ receta_BD, data = masa, weights = pond)
```

Weighted Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-1.70827	-0.94219	0.05806	0.82064	1.92669

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	486.25	34.93	13.921	3.45e-09	***
receta_BDBD	-296.30	40.72	-7.276	6.22e-06	***
receta_BDC	169.75	51.59	3.290	0.00586	**

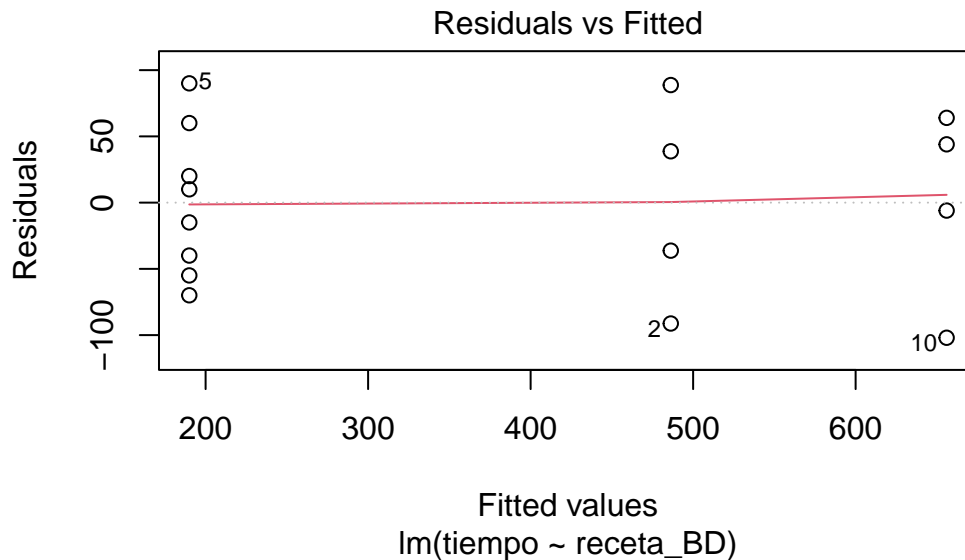
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

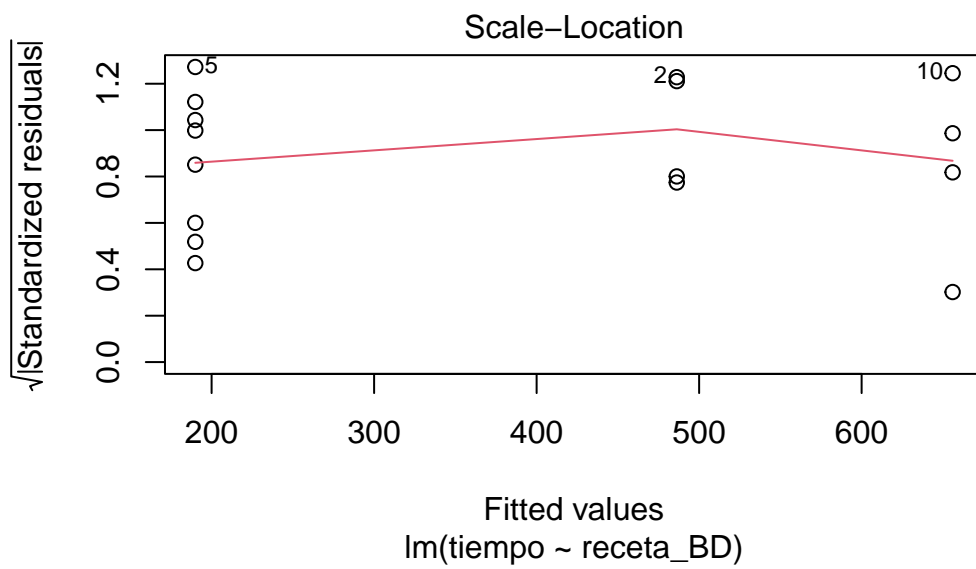
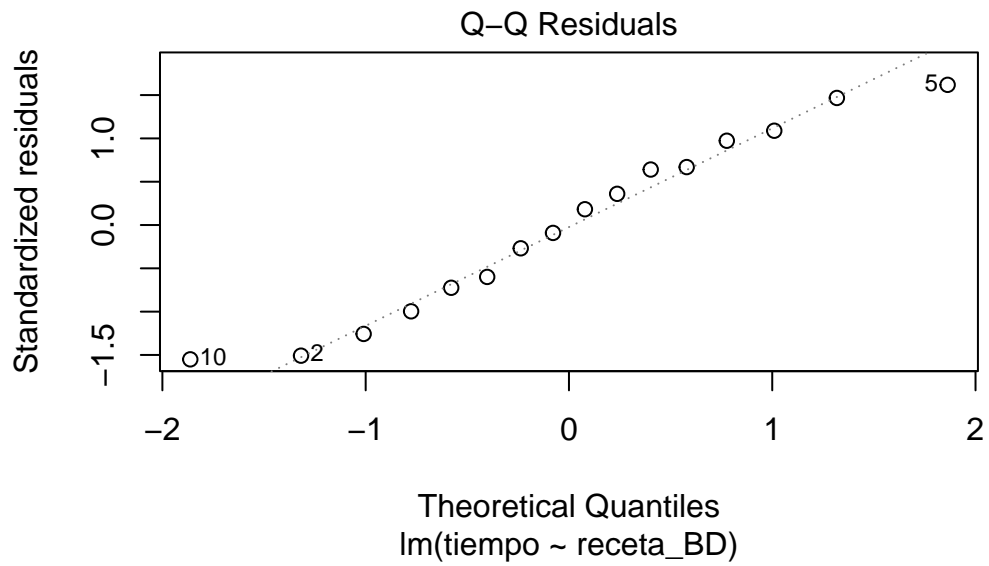
Residual standard error: 1.272 on 13 degrees of freedom

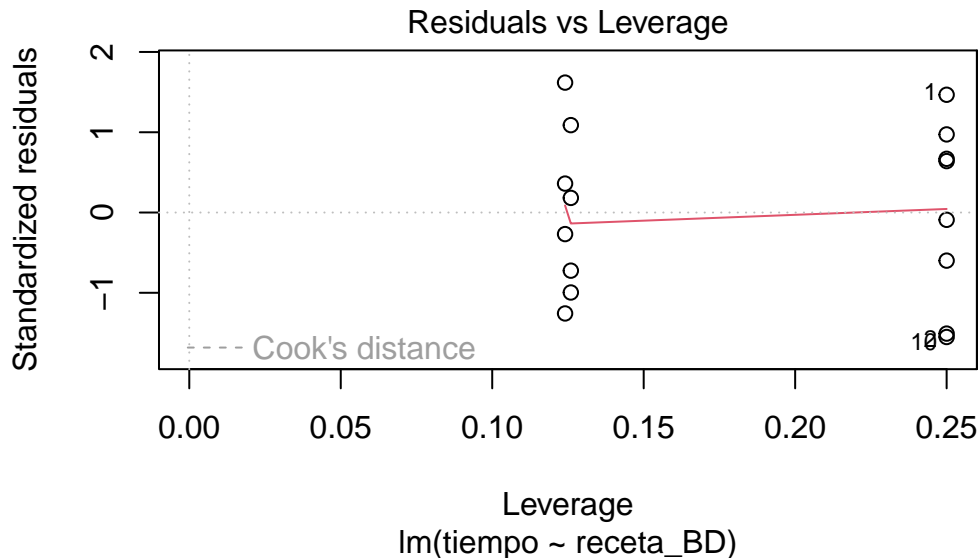
Multiple R-squared: 0.914, Adjusted R-squared: 0.9007

F-statistic: 69.06 on 2 and 13 DF, p-value: 1.188e-07

```
plot((masa_lm_BD_pond))
```







Los resultados se sostienen. Quizás ahora la falta de normalidad podría ser una inquietud, pero dada la congruencia entre los resultados de los varios modelos, sospecho que no está afectando fundamentalmente la naturaleza del patrón que estamos detectando. Marcelo debería tener mucha confianza al afirmar que las recetas *B* y *D* tiene un mejor desempeño que las otras dos y que entre estas dos no hay una diferencia detectable.

Offset: Modelo “redondeado”

Un último asunto ¿cómo puedo poner a prueba hipótesis de interés que no sean la $H_0=0$? Una manera es recurrir a la opción `offset` en **R**. A continuación muestro una forma de hacerlo. Lo que haré es tomar los coeficientes estimados y redondearlos, para ver que tanto de la capacidad predictiva del ajuste se pierde en la *versión simplificada* por el acto de redondear o incluso optando por usar coeficientes *fáciles de recordar*.

```
# Tomo los coeficientes estimados del modelo y elimino todos los decimales
coef_BD_pond <- round(coef(masa_lm_BD_pond), 0)
names(coef_BD_pond) <- names(coef(masa_lm_BD_pond))

coef_BD_pond_facil <- c(490, -300, 170)
names(coef_BD_pond_facil) <- names(coef(masa_lm_BD_pond))
```

Como vimos en clase, puedo obtener la matriz de variables explicativas (*dummy* o no) incluidas en el modelo con la función `model.matrix`. Si multiplico las columnas de esta matriz por el

coeficiente que le corresponde (multiplicación normal, no matricial), tengo una nueva matriz que contiene en cada renglón, el valor que predice el modelo ajustado para la observación correspondiente.

```
# La matriz del modelo es esta
bd_pond_mat <- model.matrix(masa_lm_BD_pond)

# Ahora tenemos que armar la matriz con el modelo para cada renglón
mode_off <- data.frame(intercept = coef_BD_pond[1] * bd_pond_mat[, 1],
                      receta_BD = coef_BD_pond[2] * bd_pond_mat[, 2],
                      receta_C  = coef_BD_pond[3] * bd_pond_mat[, 3])
mode_off
```

	intercept	receta_BD	receta_C
1	486	0	0
2	486	0	0
3	486	0	0
4	486	0	0
5	486	-296	0
6	486	-296	0
7	486	-296	0
8	486	-296	0
9	486	0	170
10	486	0	170
11	486	0	170
12	486	0	170
13	486	-296	0
14	486	-296	0
15	486	-296	0
16	486	-296	0

```
# Otra forma de hacer esto mismo es esta
mode_off_2 <- t(coef_BD_pond * t(model.matrix(masa_lm_BD_pond)))

mode_off_2 == mode_off
```

	intercept	receta_BD	receta_C
1	TRUE	TRUE	TRUE
2	TRUE	TRUE	TRUE
3	TRUE	TRUE	TRUE

4	TRUE	TRUE	TRUE
5	TRUE	TRUE	TRUE
6	TRUE	TRUE	TRUE
7	TRUE	TRUE	TRUE
8	TRUE	TRUE	TRUE
9	TRUE	TRUE	TRUE
10	TRUE	TRUE	TRUE
11	TRUE	TRUE	TRUE
12	TRUE	TRUE	TRUE
13	TRUE	TRUE	TRUE
14	TRUE	TRUE	TRUE
15	TRUE	TRUE	TRUE
16	TRUE	TRUE	TRUE

```
# modelo con offcets fáciles de recordar
mode_off_facil <- t(coef_BD_pond_facil * t(model.matrix(masa_lm_BD_pond)))
```

Ahora pongamos a prueba que tan bien funciona esta versión *redondeada* del modelo que hemos ajustado.

```
# valora-modelos

library(flextable, warn.conflicts = FALSE)

masa_lm_BD_pond_off <- lm(tiempo ~ -1, data = masa,
  weights = pond,
  offset = (mode_off[,1] + mode_off[,2] +
    mode_off[, 3]))

masa_lm_BD_pond_off_facil <- lm(tiempo ~ -1, data = masa,
  weights = pond,
  offset = (mode_off_facil[,1] + mode_off_facil[,2] +
    mode_off_facil[, 3]))

resumen <- as_tibble_row(coef(masa_lm_BD_pond)) %>%
  bind_rows(coef_BD_pond,
    coef_BD_pond_facil) %>%
  bind_cols(`Pr(>F)` = c(0,
    anova(masa_lm_BD_pond, masa_lm_BD_pond_off)$`Pr(>F)`[2],
    anova(masa_lm_BD_pond, masa_lm_BD_pond_off_facil)$`Pr(>F)`[2]),
    modelo = c("Ajuste", "Redondeo", "Fácil")) %>%
  select(c(5,1:3,4)) %>%
```

```

flextable() %>%
set_header_labels("(Intercept)" = "A (ref.)",
                   receta_BDBD = "BD",
                   receta_BDC = "C") %>%
add_header_row(colwidths = c(1, 3, 1),
               values = c("", "Receta (tiempo)", "Pr"),
               top = TRUE) %>%
theme_zebra() %>%
vline(j = c(1,4))

```

resumen

Cuadro 3: Comparación del desempeño de estimadores

	Receta (tiempo)			Pr
modelo	A (ref.)	BD	C	Pr(>F)
Ajuste	486.25	-296.2973	169.75	0.0000000
Redondeo	486.00	-296.0000	170.00	0.9999999
Fácil	490.00	-300.0000	170.00	0.9990516

Como puedes ver funciona muy bien, es prácticamente indistinguible del modelo ajustado con todas las cifras significativas que resultaron del cálculo que hizo la computadora. Hay una correspondencia término a término entre el *offset* y los coeficientes estimados y ahí también puede verse que los coeficientes corresponden muy bien y dado el *offset*, no habría razón para estimarlos con algún ajuste. Las sumas de cuadrados residuales son prácticamente iguales en las dos versiones del modelo, difiere muy poco, la probabilidad de que los estimadores correspondan al mismo modelo es muy alta, mayor a 99.9%. No habría razón para no entregarle cualquiera de esas ecuaciones a Marcelo para que hiciera cálculos futuros al preparar pizzas.

Tarea

De hecho, ¿por qué no repetimos este experimento en casa? Se los propongo como tarea y si les parece bien, habría que reunir los datos, organizarlos para tenerlos en la nube de Google Drive y repetir individualmente el proceso analítico que vimos aquí, por lo menos los elementos básicos de la *prueba de hipótesis*. A partir de la experiencia, podremos empezar por discutir el diseño experimental, convenir en lo que harán y podríamos finalmente discutir ideas sobre *reproducibilidad*, considerando los hallazgos de cada quién y de todos en conjunto.

Pistas

- Harina: 150 g
- Agua: 50 ml
- Leche: 25 ml
- Azucar: 1/3 cdt
- Levadura seca: 1/3 sobre (sobre de 11g)