Práctica 2: Limpieza y validación de los datos

Tipología y ciclo de vida de los datos

Manuel Cerezo y Alfredo Delsors

01 junio 2019

1. Descripción del dataset. ¿Por qué es importante y qué pregunta/problema pretende responder?

Para llevar a cabo la descripción de Dataset importamos el csv con los datos de los vinos tintos de la página https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/wine-quality/.

```
# Carga de datos
redwine <- read.csv("winequality-red.csv",header=TRUE, sep=";")
```

Comprobamos que los tipos de datos asigados por R se corresponden a los indicados en https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/wine-quality/winequality.names

```
#Tipo de dato asignado a cada campo
sapply(redwine, function(x) class(x))
```

```
##        fixed.acidity     volatile.acidity          citric.acid
##            "numeric"            "numeric"            "numeric"
##       residual.sugar            chlorides  free.sulfur.dioxide
##            "numeric"            "numeric"            "numeric"
## total.sulfur.dioxide              density                   pH
##            "numeric"            "numeric"            "numeric"
##            sulphates              alcohol              quality
##            "numeric"            "numeric"            "integer"
```

Observamos que los datos asignados por R son los especificados en el dataset: 11 variables numéricas y una entera.

1.1 Descripción del conjunto de datos

El conjunto de datos está constituido por 11 variables de tipo numérico con cada una de las características del vino tinto y una variable independiente con el resultado de la calidad de éste.

El dataset esta compuesto por 1599 registros que corresponden a 1599 vinos tintos diferentes, con las siguientes variables de entrada (basadas en pruebas fisicoquímicas): 1 - acidez fija 2 - acidez volatil 3 - ácido cítrico 4 - azucar residual 5 - cloruros 6 - dióxido de sulfuro libre 7 - dióxido de sulfuro total 8 - densidad 9 - pH 10 - sulfatos 11 - alcohol

Y la siguiente variable de salida (basada en datos sensoriales): 12 - calidad (puntuación entre 0 y 10)

1.2 Importancia y objetivos de los análisis

A partir de este conjunto de datos se plantea la problemática de determinar qué variables son las que determinan la calidad de un vino tinto.

Además, se podrán crear modelos de regresión que permitan predecir la calidad de un vino en función de sus características, así como realizar contrastes de hipótesis que ayuden a identificar propiedades interesantes en las muestras que puedan ser inferidas a partir de los datos.

Estos análisis adquieren una gran relevancia tanto en sectores vinícolas como en restaurantes o licorerías. Por ejemplo, las bodegas podrían conocer la calidad de un vino tinto a partir de sus características y ponerle precio, o los restaurantes, podrían sugerir un vino según el entrante seleccionado o elegir los vinos para su bodega.

1.3 Pregunta que se pretende responder en este análisis

¿Cuál es la calidad de un vino tinto, dadas sus características fisicoquímicas?

2. Integración y selección de los datos de interés a analizar.

En este caso no descartaremos ninguna variable, ya que las usaremos todas para calcular la calidad del vino.

3. Limpieza de los datos.

3.1. Ceros y datos vacios

En la descripción del dataset, la única variable con límite es la calidad, que estará entre 0 y 10, el resto no tienen límites definidos, por lo que no podremos descartar un registro que sea 0 por ser inválido.

Al tratarse de variables numéricas, podríamos descartar los valores nulos, los buscamos a continuación:

```
# Números de valores nulos por campo
sapply(redwine, function(x) sum(is.na(x)))
```

```
##        fixed.acidity     volatile.acidity          citric.acid
##                    0                    0                    0
##       residual.sugar            chlorides  free.sulfur.dioxide
##                    0                    0                    0
## total.sulfur.dioxide              density                   pH
##                    0                    0                    0
##            sulphates              alcohol              quality
##                    0                    0                    0
```

No hay valores nulos en el conjunto de datos.

3.2. Identificación y tratamiento de valores extremos.

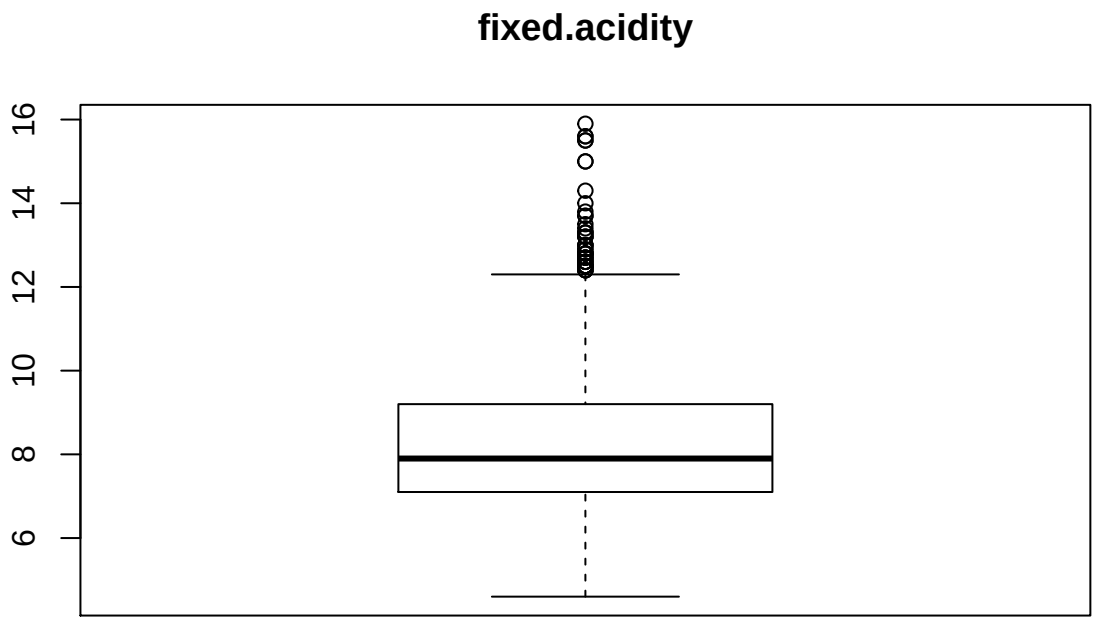
La manera mas sencilla de buscar valores extremos es mediante el diagrama de caja (boxplot). En este se puede ver los quartiles, la media y los valores fuera de la 'normalidad'. Para identificarlos usaremos la función boxplot.stats:

```
#Boxplot fixed.acidity
boxplot.stats(redwine$fixed.acidity)$out
```

```
##  [1] 12.8 12.8 15.0 15.0 12.5 13.3 13.4 12.4 12.5 13.8 13.5 12.6 12.5 12.8
## [15] 12.8 14.0 13.7 13.7 12.7 12.5 12.8 12.6 15.6 12.5 13.0 12.5 13.3 12.4
## [29] 12.5 12.9 14.3 12.4 15.5 15.5 15.6 13.0 12.7 13.0 12.7 12.4 12.7 13.2
```

```
## [43] 13.2 13.2 15.9 13.3 12.9 12.6 12.6
```

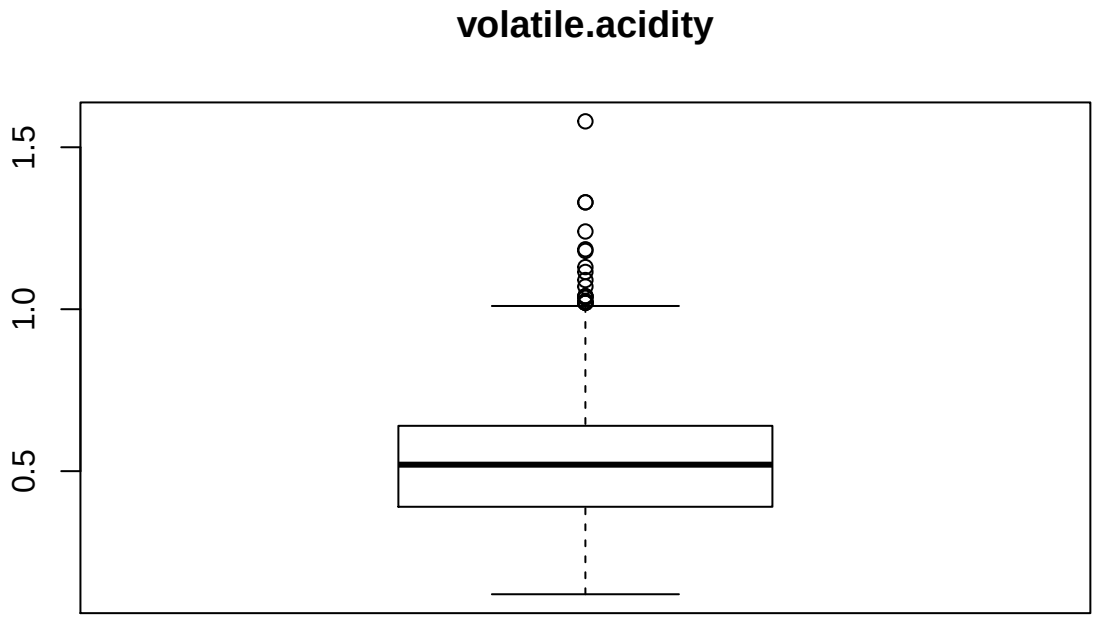
```
boxplotFacidity<-boxplot(redwine$fixed.acidity ,main="fixed.acidity", COL="gray")
```




```
#Boxplot volatile.acidity
boxplot.stats(redwine$volatile.acidity)$out
```

```
##  [1] 1.130 1.020 1.070 1.330 1.330 1.040 1.090 1.040 1.240 1.185 1.020
## [12] 1.035 1.025 1.115 1.020 1.020 1.580 1.180 1.040
```

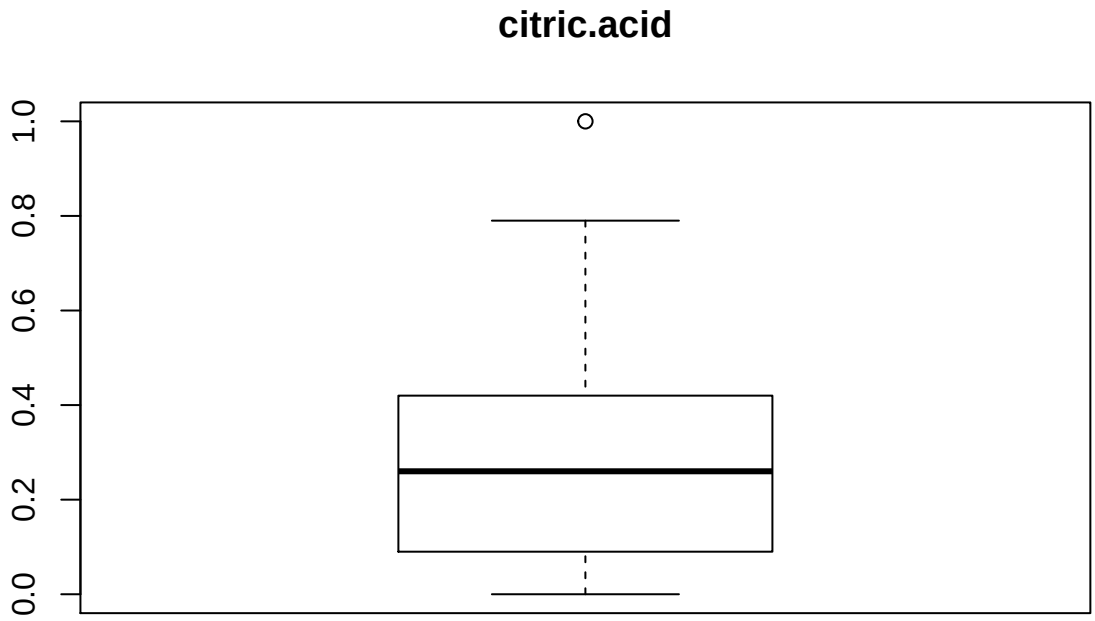
```
boxplotVacidity<-boxplot(redwine$volatile.acidity ,main="volatile.acidity", COL="gray")
```




```
#Boxplot citric.acid
boxplot.stats(redwine$citric.acid)$out
```

```
## [1] 1
```

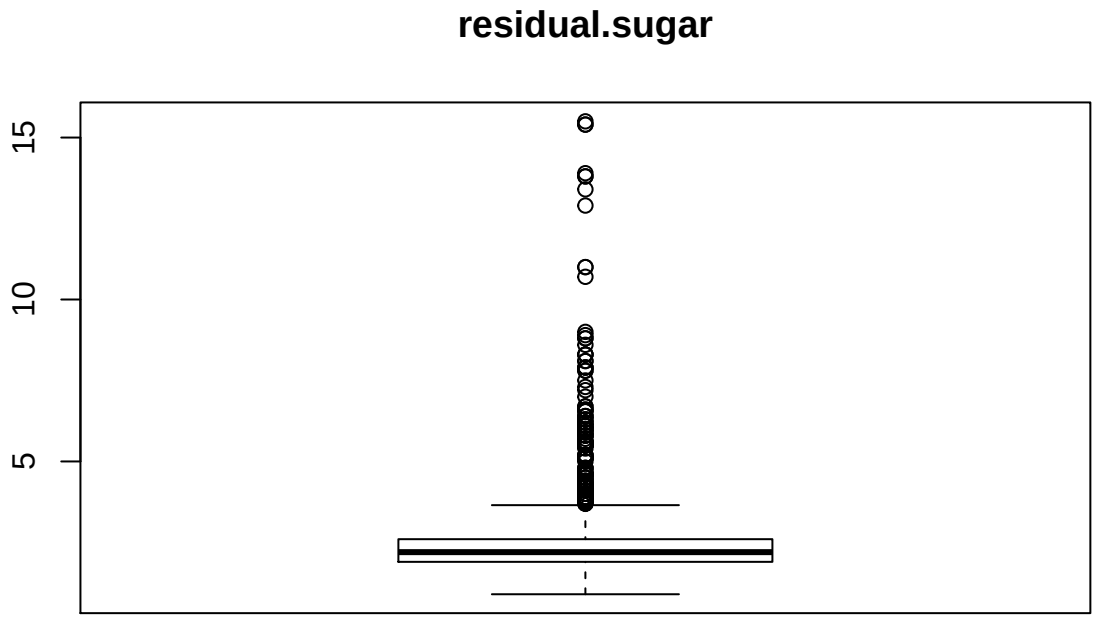
```
boxplotcitric<-boxplot(redwine$citric.acid ,main="citric.acid", COL="gray")
```




```
#Boxplot residual.sugar
boxplot.stats(redwine$residual.sugar)$out
```

```
##   [1]  6.10  6.10  3.80  3.90  4.40 10.70  5.50  5.90  5.90  3.80  5.10
##  [12]  4.65  4.65  5.50  5.50  5.50  5.50  7.30  7.20  3.80  5.60  4.00
##  [23]  4.00  4.00  4.00  7.00  4.00  4.00  6.40  5.60  5.60 11.00 11.00
##  [34]  4.50  4.80  5.80  5.80  3.80  4.40  6.20  4.20  7.90  7.90  3.70
##  [45]  4.50  6.70  6.60  3.70  5.20 15.50  4.10  8.30  6.55  6.55  4.60
##  [56]  6.10  4.30  5.80  5.15  6.30  4.20  4.20  4.60  4.20  4.60  4.30
##  [67]  4.30  7.90  4.60  5.10  5.60  5.60  6.00  8.60  7.50  4.40  4.25
##  [78]  6.00  3.90  4.20  4.00  4.00  4.00  6.60  6.00  6.00  3.80  9.00
##  [89]  4.60  8.80  8.80  5.00  3.80  4.10  5.90  4.10  6.20  8.90  4.00
## [100]  3.90  4.00  8.10  8.10  6.40  6.40  8.30  8.30  4.70  5.50  5.50
## [111]  4.30  5.50  3.70  6.20  5.60  7.80  4.60  5.80  4.10 12.90  4.30
## [122] 13.40  4.80  6.30  4.50  4.50  4.30  4.30  3.90  3.80  5.40  3.80
## [133]  6.10  3.90  5.10  5.10  3.90 15.40 15.40  4.80  5.20  5.20  3.75
## [144] 13.80 13.80  5.70  4.30  4.10  4.10  4.40  3.70  6.70 13.90  5.10
## [155]  7.80
```

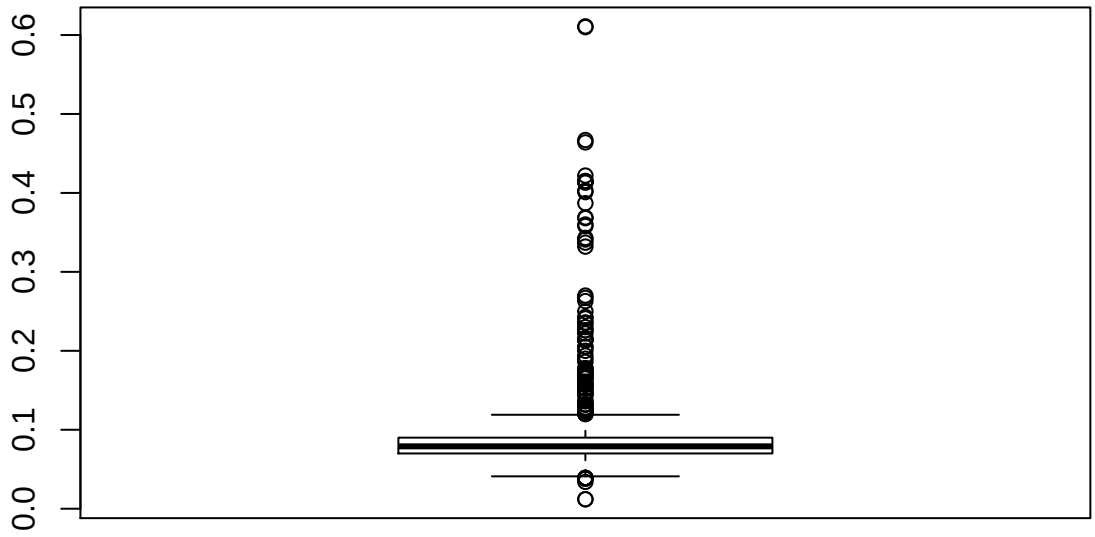
```
boxplotRsugar<-boxplot(redwine$residual.sugar ,main="residual.sugar", COL="gray")
```




```
#Boxplot chlorides
boxplot.stats(redwine$chlorides)$out
```

```
##   [1] 0.176 0.170 0.368 0.341 0.172 0.332 0.464 0.401 0.467 0.122 0.178
##  [12] 0.146 0.236 0.610 0.360 0.270 0.039 0.337 0.263 0.611 0.358 0.343
##  [23] 0.186 0.213 0.214 0.121 0.122 0.122 0.128 0.120 0.159 0.124 0.122
##  [34] 0.122 0.174 0.121 0.127 0.413 0.152 0.152 0.125 0.122 0.200 0.171
##  [45] 0.226 0.226 0.250 0.148 0.122 0.124 0.124 0.143 0.222 0.039 0.157
##  [56] 0.422 0.034 0.387 0.415 0.157 0.157 0.243 0.241 0.190 0.132 0.126
##  [67] 0.038 0.165 0.145 0.147 0.012 0.012 0.039 0.194 0.132 0.161 0.120
##  [78] 0.120 0.123 0.123 0.414 0.216 0.171 0.178 0.369 0.166 0.166 0.136
##  [89] 0.132 0.132 0.123 0.123 0.123 0.403 0.137 0.414 0.166 0.168 0.415
## [100] 0.153 0.415 0.267 0.123 0.214 0.214 0.169 0.205 0.205 0.039 0.235
## [111] 0.230 0.038
```

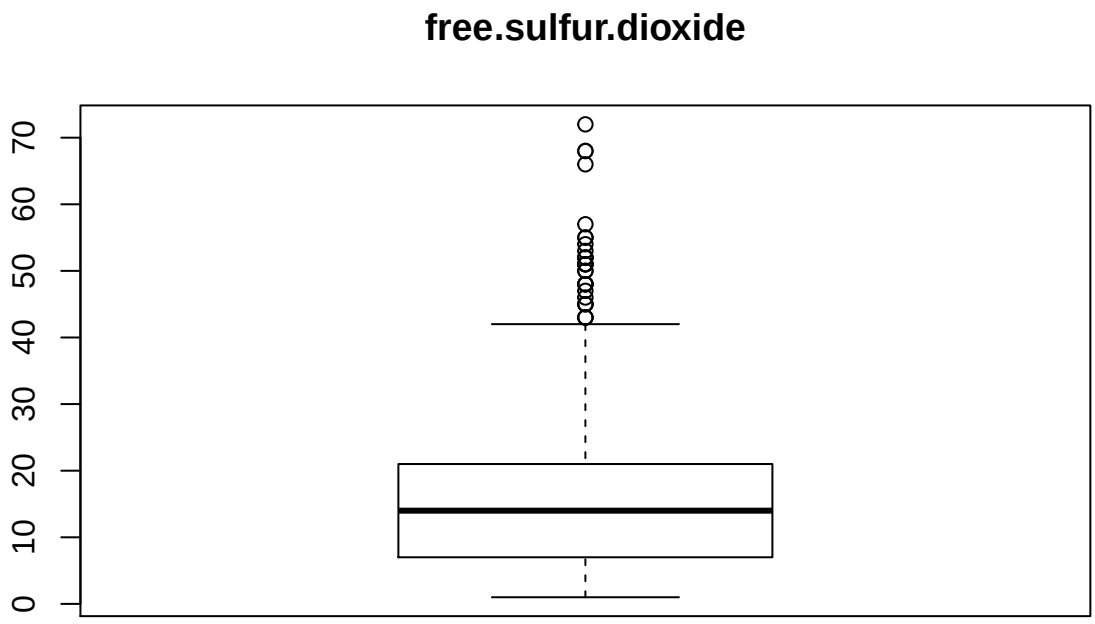
```
boxplotchlorides<-boxplot(redwine$chlorides ,main="chlorides", COL="gray")
```




```
#Boxplot free.sulfur.dioxide
boxplot.stats(redwine$free.sulfur.dioxide)$out
```

```
##  [1] 52 51 50 68 68 43 47 54 46 45 53 52 51 45 57 50 45 48 43 48 72 43 51
## [24] 51 52 55 55 48 48 66
```

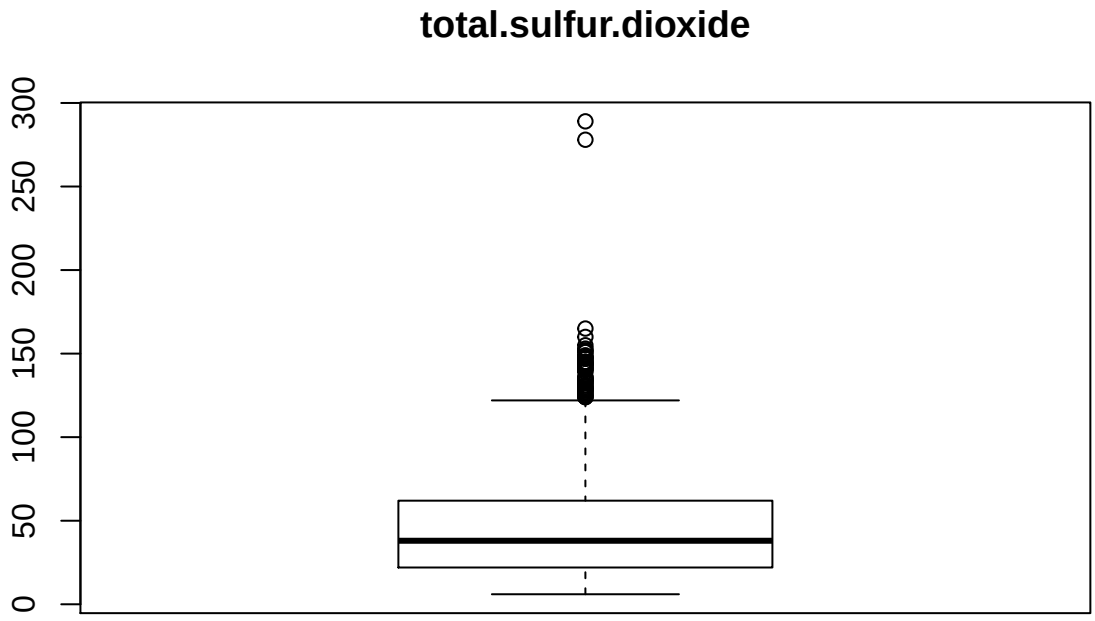
```
boxplotFsulfur<-boxplot(redwine$free.sulfur.dioxide ,main="free.sulfur.dioxide", COL="gray")
```




```
#Boxplot total.sulfur.dioxide
boxplot.stats(redwine$total.sulfur.dioxide)$out
```

```
##  [1] 145 148 136 125 140 136 133 153 134 141 129 128 129 128 143 144 127
## [18] 126 145 144 135 165 124 124 134 124 129 151 133 142 149 147 145 148
## [35] 155 151 152 125 127 139 143 144 130 278 289 135 160 141 141 133 147
## [52] 147 131 131 131
```

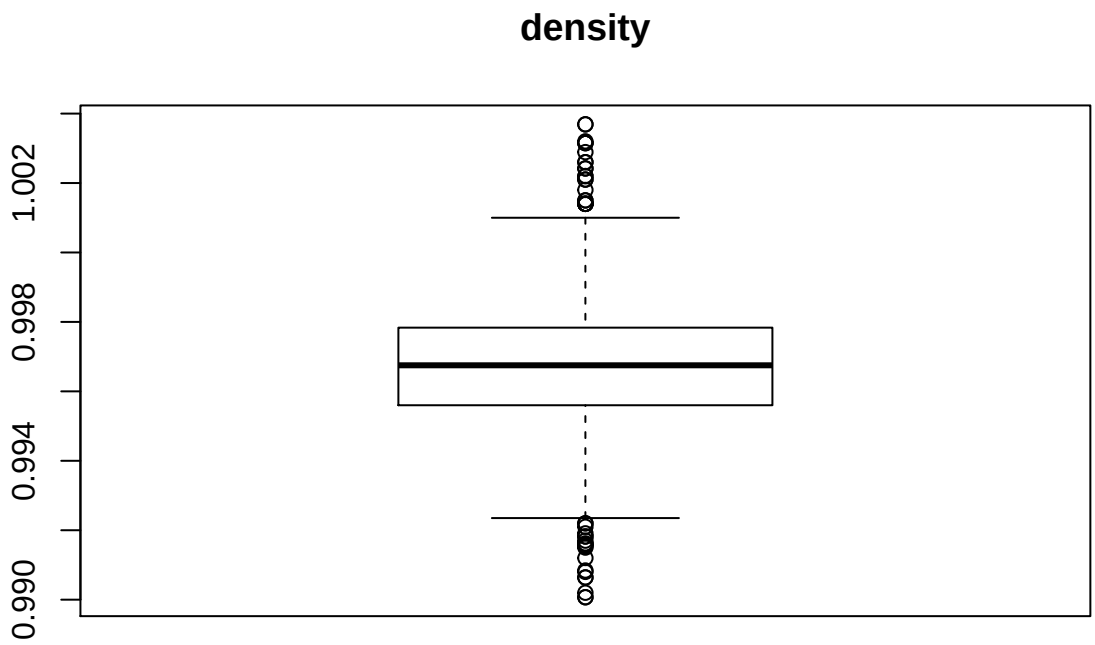
```
boxplotTsulfur<-boxplot(redwine$total.sulfur.dioxide ,main="total.sulfur.dioxide", COL="gray")
```




```
#Boxplot density
boxplot.stats(redwine$density)$out
```

```
##  [1] 0.99160 0.99160 1.00140 1.00150 1.00150 1.00180 0.99120 1.00220
##  [9] 1.00220 1.00140 1.00140 1.00140 1.00140 1.00320 1.00260 1.00140
## [17] 1.00315 1.00315 1.00315 1.00210 1.00210 0.99170 0.99220 1.00260
## [25] 0.99210 0.99154 0.99064 0.99064 1.00289 0.99162 0.99007 0.99007
## [33] 0.99020 0.99220 0.99150 0.99157 0.99080 0.99084 0.99191 1.00369
## [41] 1.00369 1.00242 0.99182 1.00242 0.99182
```

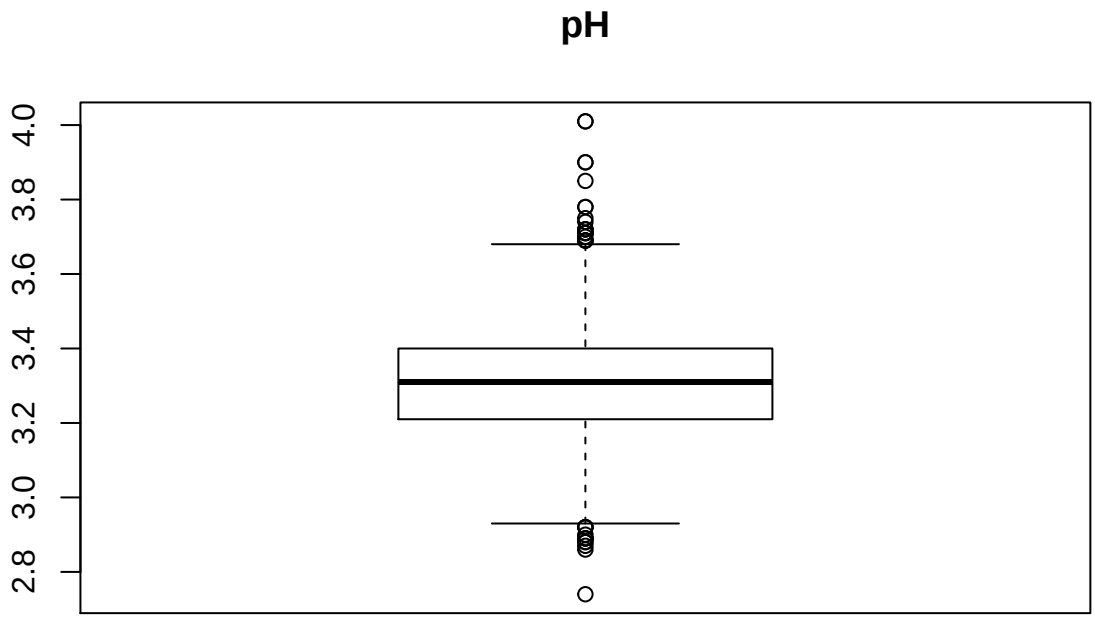
```
boxplotdensity<-boxplot(redwine$density ,main="density", COL="gray")
```




```
#Boxplot pH
boxplot.stats(redwine$pH)$out
```

```
##  [1] 3.90 3.75 3.85 2.74 3.69 3.69 2.88 2.86 3.74 2.92 2.92 2.92 3.72 2.87
## [15] 2.89 2.89 2.92 3.90 3.71 3.69 3.69 3.71 3.71 2.89 2.89 3.78 3.70 3.78
## [29] 4.01 2.90 4.01 3.71 2.88 3.72 3.72
```

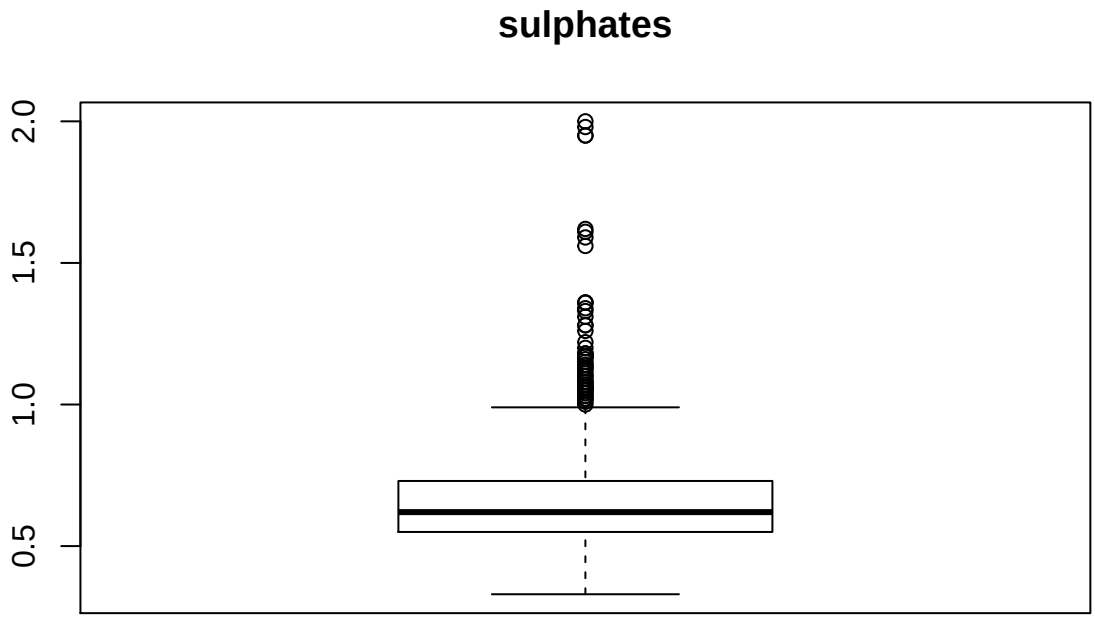
```
boxplotpH<-boxplot(redwine$pH ,main="pH", COL="gray")
```




```
#Boxplot sulphates
boxplot.stats(redwine$sulphates)$out
```

```
##  [1] 1.56 1.28 1.08 1.20 1.12 1.28 1.14 1.95 1.22 1.95 1.98 1.31 2.00 1.08
## [15] 1.59 1.02 1.03 1.61 1.09 1.26 1.08 1.00 1.36 1.18 1.13 1.04 1.11 1.13
## [29] 1.07 1.06 1.06 1.05 1.06 1.04 1.05 1.02 1.14 1.02 1.36 1.36 1.05 1.17
## [43] 1.62 1.06 1.18 1.07 1.34 1.16 1.10 1.15 1.17 1.17 1.33 1.18 1.17 1.03
## [57] 1.17 1.10 1.01
```

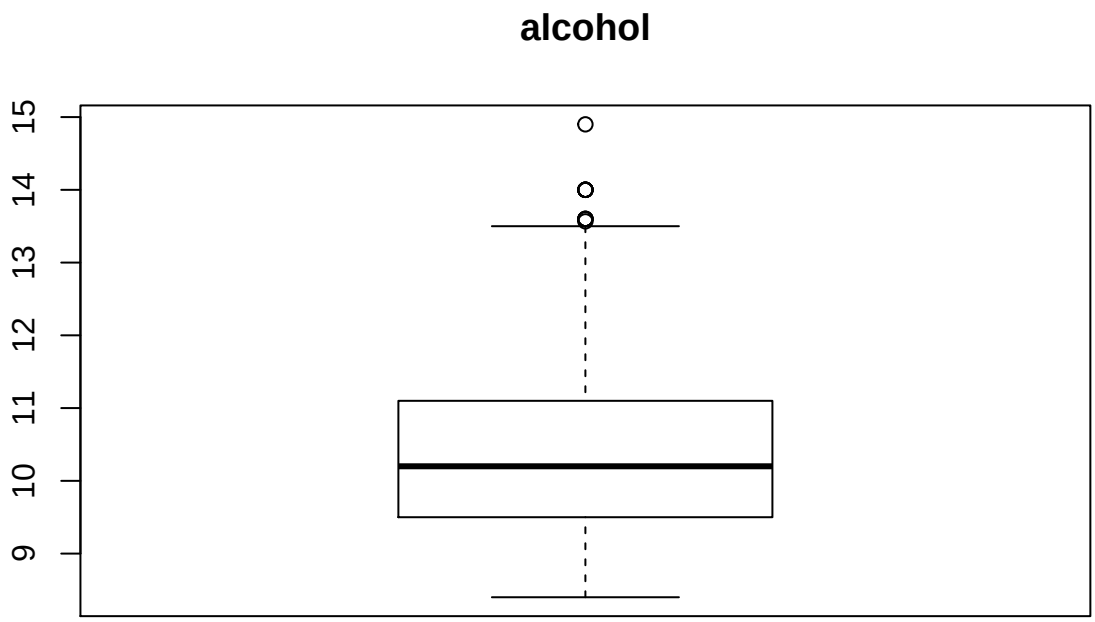
```
boxplotsulphates<-boxplot(redwine$sulphates ,main="sulphates", COL="gray")
```




```
#Boxplot alcohol
boxplot.stats(redwine$alcohol)$out
```

```
##  [1] 14.00000 14.00000 14.00000 14.00000 14.90000 14.00000 13.60000
##  [8] 13.60000 13.60000 14.00000 14.00000 13.56667 13.60000
```

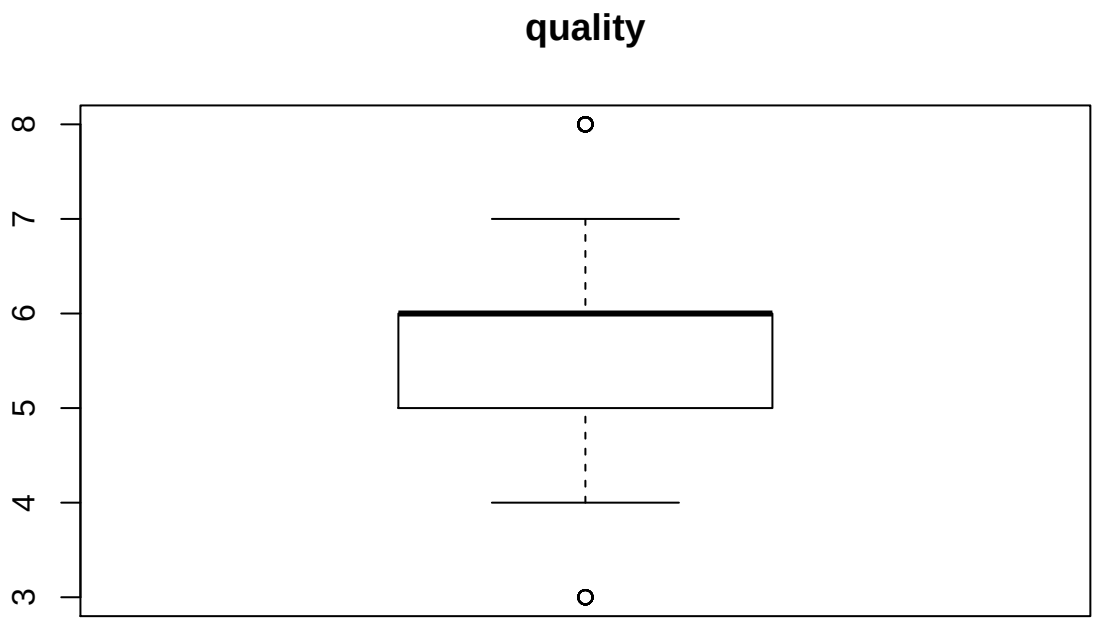
```
boxplotalcohol<-boxplot(redwine$alcohol ,main="alcohol", COL="gray")
```




```
#Boxplot quality
boxplot.stats(redwine$quality)$out
```

```
##  [1] 8 8 8 8 8 3 8 8 8 3 8 3 8 3 3 8 8 8 8 8 3 3 8 8 3 3 3 8
```

```
boxplotquality<-boxplot(redwine$quality ,main="quality", COL="gray")
```



Todos los extremos que se observan en los diagramas anteriores, son valores razonables de las distintas variables, por lo que no haremos ninguna modificación.

4. Análisis de los datos.

4.1. Selección de los grupos de datos que se quieren analizar/comparar (planificación de los análisis a aplicar).

En este caso vamos a analizar todas la variables para saber su influencia en la calidad del vino, por lo que podrá ser de utilidad agrupar los vinos con calidad baja (menor que 5), media (5 o 6) y alta (mayor que 6), para poder analizar si existe alguna relación entre las variables dentro de cada grupo.

```
# Agrupación para vinos de calida alta
redwine7 <- redwine[redwine$quality >= 7,]

# Agrupación para vinos de calida baja
redwine4 <- redwine[redwine$quality <= 4,]

# Agrupación para vinos de calida media
redwine5a7 <- redwine[redwine$quality > 4 & redwine$quality < 7 ,]
```

4.2. Comprobación de la normalidad y homogeneidad de la varianza.

4.2.1 Comprobacion de la normalidad

Para comprobar que los valores que toman nuestras variables cuantitativas provienen de una población distribuida normalmente, utilizaremos la **prueba de normalidad de Anderson-Darling**. Si en la prueba se obtiene un p-valor superior al nivel de significación prefijado de 0,05, se considera que la variable en cuestión sigue una distribución normal.

```
library(nortest)
alpha = 0.05
col.names = colnames(redwine)
for (i in 1:ncol(redwine)) {
  if (i == 1) cat("Variables que no siguen una distribución normal:")
  if (is.integer(redwine[,i]) | is.numeric(redwine[,i])) {
    p_val = ad.test(redwine[,i])$p.value
    if (p_val < alpha) {
      cat(col.names[i])
      if (i < ncol(redwine) - 1) cat(", ")
    }
  }
}
```

```
## Variables que no siguen una distribución normal:fixed.acidity, volatile.acidity, citric.acid, residua
```

Según este test ninguna de las variables sigue una distribución normal. Podríamos usar tambien los test de Kolmogorov-Smirnov y Saphiro-Wilk

```
#Test Kolmogorov-Smirnov fixed.acidity
ks.test(redwine$fixed.acidity, pnorm, mean(redwine$fixed.acidity), sd(redwine$fixed.acidity))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$fixed.acidity, pnorm,
## mean(redwine$fixed.acidity), : ties should not be present for the
## Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$fixed.acidity
## D = 0.1105, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$fixed.acidity)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$fixed.acidity
## W = 0.94203, p-value < 2.2e-16
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov volatile.acidity
ks.test(redwine$volatile.acidity, pnorm, mean(redwine$volatile.acidity), sd(redwine$volatile.acidity))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$volatile.acidity, pnorm,
## mean(redwine$volatile.acidity), : ties should not be present for the
## Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
## data:  redwine$volatile.acidity
## D = 0.054662, p-value = 0.0001416
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$volatile.acidity)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$volatile.acidity
## W = 0.97434, p-value = 2.693e-16
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov citric.acid
ks.test(redwine$citric.acid, pnorm, mean(redwine$citric.acid), sd(redwine$citric.acid))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$citric.acid, pnorm, mean(redwine$citric.acid), :
## ties should not be present for the Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$citric.acid
## D = 0.083866, p-value = 3.407e-10
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$citric.acid)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$citric.acid
## W = 0.95529, p-value < 2.2e-16
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov residual.sugar
ks.test(redwine$residual.sugar, pnorm, mean(redwine$residual.sugar), sd(redwine$residual.sugar))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$residual.sugar, pnorm,
## mean(redwine$residual.sugar), : ties should not be present for the
## Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$residual.sugar
## D = 0.26068, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$residual.sugar)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$residual.sugar
## W = 0.56608, p-value < 2.2e-16
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov chlorides
ks.test(redwine$chlorides, pnorm, mean(redwine$chlorides), sd(redwine$chlorides))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$chlorides, pnorm, mean(redwine$chlorides),
```

```
## sd(redwine$chlorides)): ties should not be present for the Kolmogorov-
## Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$chlorides
## D = 0.25964, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$chlorides)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$chlorides
## W = 0.48425, p-value < 2.2e-16
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov free.sulfur.dioxide
ks.test(redwine$free.sulfur.dioxide, pnorm, mean(redwine$free.sulfur.dioxide), sd(redwine$free.sulfur.di
```

```
## Warning in ks.test(redwine$free.sulfur.dioxide, pnorm,
## mean(redwine$free.sulfur.dioxide), : ties should not be present for the
## Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$free.sulfur.dioxide
## D = 0.11124, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$free.sulfur.dioxide)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$free.sulfur.dioxide
## W = 0.90184, p-value < 2.2e-16
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov total.sulfur.dioxide
ks.test(redwine$total.sulfur.dioxide, pnorm, mean(redwine$total.sulfur.dioxide), sd(redwine$total.sulfu
```

```
## Warning in ks.test(redwine$total.sulfur.dioxide, pnorm,
## mean(redwine$total.sulfur.dioxide), : ties should not be present for the
## Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$total.sulfur.dioxide
## D = 0.12098, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$total.sulfur.dioxide)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
```

```
## data:  redwine$total.sulfur.dioxide
## W = 0.87322, p-value < 2.2e-16
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov density
ks.test(redwine$density, pnorm, mean(redwine$density), sd(redwine$density))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$density, pnorm, mean(redwine$density),
## sd(redwine$density)): ties should not be present for the Kolmogorov-Smirnov
## test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$density
## D = 0.044787, p-value = 0.003274
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$density)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$density
## W = 0.99087, p-value = 1.936e-08
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov pH
ks.test(redwine$pH, pnorm, mean(redwine$pH), sd(redwine$pH))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$pH, pnorm, mean(redwine$pH), sd(redwine$pH)):
## ties should not be present for the Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$pH
## D = 0.040368, p-value = 0.01091
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(redwine$pH)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$pH
## W = 0.99349, p-value = 1.712e-06
```

```
#Test Kolmogorov-Smirnov sulphates
ks.test(redwine$sulphates, pnorm, mean(redwine$sulphates), sd(redwine$sulphates))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$sulphates, pnorm, mean(redwine$sulphates),
## sd(redwine$sulphates)): ties should not be present for the Kolmogorov-
## Smirnov test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$sulphates
## D = 0.12479, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```r
shapiro.test(redwine$sulphates)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$sulphates
## W = 0.83304, p-value < 2.2e-16
```

```r
#Test Kolmogorov-Smirnov alcohol
ks.test(redwine$alcohol, pnorm, mean(redwine$alcohol), sd(redwine$alcohol))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$alcohol, pnorm, mean(redwine$alcohol),
## sd(redwine$alcohol)): ties should not be present for the Kolmogorov-Smirnov
## test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$alcohol
## D = 0.12145, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```r
shapiro.test(redwine$alcohol)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$alcohol
## W = 0.92884, p-value < 2.2e-16
```

```r
#Test Kolmogorov-Smirnov quality
ks.test(redwine$quality, pnorm, mean(redwine$quality), sd(redwine$quality))
```

```
## Warning in ks.test(redwine$quality, pnorm, mean(redwine$quality),
## sd(redwine$quality)): ties should not be present for the Kolmogorov-Smirnov
## test
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  redwine$quality
## D = 0.24982, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```r
shapiro.test(redwine$quality)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  redwine$quality
## W = 0.85759, p-value < 2.2e-16
```

Vemos que todos los test, al tener un valor p-valor mas pequeño que el 0.05, niegan la hipotesis nula que asume al normalidad.

De todas maneras, al tratarse de una muestra grande, mediante la teorema central del límite podemos asumir que su distribución se aproxima bien una distribucion normal.

4.2.2 Homogeneidad de la varianza

Seguidamente, pasamos a estudiar la homogeneidad de varianzas mediante la aplicación del test de Fligner-Killeen. En este caso, estudiaremos la homogeneidad de cada variable según su calidad. En el siguiente test, la hipótesis nula consiste en que ambas varianzas son iguales.

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a fixed.acidity
fligner.test(quality ~ fixed.acidity, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by fixed.acidity
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 68.457, df = 95, p-value =
## 0.9818
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a volatile.acidity
fligner.test(quality ~ volatile.acidity, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by volatile.acidity
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 147.35, df = 142, p-value =
## 0.3621
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a citric.acid
fligner.test(quality ~ citric.acid, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by citric.acid
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 87.67, df = 79, p-value = 0.2362
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a residual.sugar
fligner.test(quality ~ residual.sugar, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by residual.sugar
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 85.881, df = 90, p-value =
## 0.6033
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a chlorides
fligner.test(quality ~ chlorides, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by chlorides
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 148.54, df = 152, p-value =
## 0.5642
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a free.sulfur.dioxide
fligner.test(quality ~ free.sulfur.dioxide, data = redwine)
```

```
##
```

```
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by free.sulfur.dioxide
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 52.989, df = 59, p-value =
## 0.6955
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a total.sulfur.dioxide
fligner.test(quality ~ total.sulfur.dioxide, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by total.sulfur.dioxide
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 180.55, df = 143, p-value =
## 0.01832
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a density
fligner.test(quality ~ density, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by density
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 364.74, df = 435, p-value =
## 0.9938
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a pH
fligner.test(quality ~ pH, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by pH
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 86.558, df = 88, p-value =
## 0.5235
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a sulphates
fligner.test(quality ~ sulphates, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by sulphates
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 120.2, df = 95, p-value =
## 0.04138
```

```
#Test Fligner-Killeen quality respecto a alcohol
fligner.test(quality ~ alcohol, data = redwine)
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  quality by alcohol
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 135.98, df = 64, p-value =
## 4.157e-07
```

En este caso podemos decir que las variables *total.sulfur.dioxide*, *sulphates* y *alcohol* tienen varianzas estadísticamente diferentes a *quality*, al tener un p-valor menor que el nivel de significacion del 0.05.

4.3. Aplicación de pruebas estadísticas para comparar los grupos de datos.

4.3.1 Coeficiente de correlación de Spearman

En primer lugar, procedemos a realizar un análisis de correlación entre las distintas variables para determinar cuáles de ellas ejercen una mayor influencia sobre la calidad del vino.

Para ello, se utilizará el *coeficiente de correlación de Spearman*, que no conlleva una suposicion en la distribución de los datos, puesto que hemos visto que tenemos datos que no siguen una distribución normal.

Vamos a comprobar cada una de las variables:

```
#Test correlación Spearman quality respecto a fixed.acidity
cor.test(redwine$quality,redwine$fixed.acidity, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$fixed.acidity, method
## = "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$fixed.acidity
## S = 603652045, p-value = 4.801e-06
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## 0.1140837
```

```
#Test correlación Spearman quality respecto a volatile.acidity
cor.test(redwine$quality,redwine$volatile.acidity , method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$volatile.acidity,
## method = "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$volatile.acidity
## S = 940754860, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## -0.3806465
```

```
#Test correlación Spearman quality respecto a citric.acid
cor.test(redwine$quality,redwine$citric.acid , method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$citric.acid, method =
## "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$citric.acid
## S = 535924037, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## 0.2134809
```

```r
#Test correlación Spearman quality respecto a residual.sugar
cor.test(redwine$quality,redwine$residual.sugar, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$residual.sugar, method
## = "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$residual.sugar
## S = 659549989, p-value = 0.2002
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##        rho
## 0.03204817
```

```r
#Test correlación Spearman quality respecto a chlorides
cor.test(redwine$quality,redwine$chlorides, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$chlorides, method =
## "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$chlorides
## S = 810797848, p-value = 1.883e-14
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##        rho
## -0.1899223
```

```r
#Test correlación Spearman quality respecto a free.sulfur.dioxide
cor.test(redwine$quality,redwine$free.sulfur.dioxide, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$free.sulfur.dioxide, :
## Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$free.sulfur.dioxide
## S = 720158572, p-value = 0.02288
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##         rho
## -0.05690065
```

```r
#Test correlación Spearman quality respecto a total.sulfur.dioxide
cor.test(redwine$quality,redwine$total.sulfur.dioxide, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality,
## redwine$total.sulfur.dioxide, : Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$total.sulfur.dioxide
```

```
## S = 815439962, p-value = 2.046e-15
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##        rho
## -0.1967351
```

```
#Test correlación Spearman quality respecto a density
cor.test(redwine$quality,redwine$density, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$density, method =
## "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$density
## S = 802043202, p-value = 9.918e-13
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##        rho
## -0.1770741
```

```
#Test correlación Spearman quality respecto a pH
cor.test(redwine$quality,redwine$pH, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$pH, method =
## "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$pH
## S = 711144697, p-value = 0.08085
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##         rho
## -0.04367193
```

```
#Test correlación Spearman quality respecto a sulphates
cor.test(redwine$quality,redwine$sulphates, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$sulphates, method =
## "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$sulphates
## S = 424463207, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## 0.3770602
```

```
#Test correlación Spearman quality respecto a alcohol
cor.test(redwine$quality,redwine$alcohol, method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(redwine$quality, redwine$alcohol, method =
## "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  redwine$quality and redwine$alcohol
## S = 355321833, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## 0.4785317
```

Segun el coeficiente de correlación de Spearman, los atributos que tienen mayor influencia en la calidad del vino tinto son el alcohol, los sulfatos y la acidez volátil.

4.3.2 Contraste de hipótesis

Procederemos ahora ha hacer un contraste de hipótesis sobre las tres variables que hemos encontrado en el apartado anterior. Para ello buscaremos la mediana de las tres variables, para que nos sirva de valor limite. Compararemos si, es cuando el valor de la variable es menor al valor medio cuando influye en la calidad, o por el contrario, si influye cuando es superior al valor medio

```
#medianas de  volatile.acidity, alcohol y sulphates
volatile.acidity.median = median(redwine$volatile.acidity)
volatile.acidity.median
```

```
## [1] 0.52
```

```
alcohol.median = median(redwine$alcohol)
alcohol.median
```

```
## [1] 10.2
```

```
sulphates.median = median(redwine$sulphates)
sulphates.median
```

```
## [1] 0.62
```

Separaremos las muestras según estos valores:

```
#nuevos dataframes con separacion de volatile.acidity
redwineVAinf <-redwine[redwine$volatile.acidity < volatile.acidity.median,]$quality
redwineVAsup <-redwine[redwine$volatile.acidity > volatile.acidity.median,]$quality

#nuevos dataframes con separacion de alcohol
redwineAinf <-redwine[redwine$alcohol < alcohol.median,]$quality
redwineAsup <-redwine[redwine$alcohol > alcohol.median,]$quality

#nuevos dataframes con separacion de sulphates
redwineSinf <-redwine[redwine$sulphates < sulphates.median,]$quality
redwineSsup <-redwine[redwine$sulphates > sulphates.median,]$quality
```

Los valores medios los hemos obviado para simplificar en la practica los calculos, ya que al ser una muestra grande la influencia de estos datos coincidentes no afectan tanto.

Al ser una distribución mayor a 30, se supone una normalidad por el Teorema del Límite Central, usaremos el test T de Student.

Planteamos ahora el primer caso que consiste en el contraste de hipótesis de dos muestras sobre la diferencia de medias (la primera muestra es de los vinos con acidez volátil de menos de 0.52 y la segunda muestra es de

los vinos con acidez volátil mayores a 0.52), el cual es unilateral atendiendo a la formulación de la hipótesis alternativa:

$$\begin{cases} H_0: & \mu 1 - \mu 2 = 0 \\ H_1: & \mu 1 - \mu 2 < 0 \end{cases}$$

Donde $\mu 1$ es la media de la población de la que se extrae la primera muestra y $\mu 2$ es la media de la población de la que extrae la segunda.

Tomaremos un nivel de significación del 0,05.

```
#test T de Student sobre los dataframes separados de volatile.acidity
t.test(redwineVAinf, redwineVAsup, alternative = "less")
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  redwineVAinf and redwineVAsup
## t = 13.118, df = 1552.9, p-value = 1
## alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
## 95 percent confidence interval:
##       -Inf 0.5720762
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  5.890166  5.381865
```

Planteamos ahora el segundo caso que consiste en el contraste de hipótesis de dos muestras sobre la diferencia de medias (la primera muestra es de los vinos con la variable alcohol inferior a 10.2 y la segunda muestra es de los vinos con la variable alcohol mayores a 10.2), el cual es unilateral atendiendo a la formulación de la hipótesis alternativa:

$$\begin{cases} H_0: & \mu 1 - \mu 2 = 0 \\ H_1: & \mu 1 - \mu 2 < 0 \end{cases}$$

Donde $\mu 1$ es la media de la población de la que se extrae la primera muestra y $\mu 2$ es la media de la población de la que extrae la segunda.

Tomaremos un nivel de significación del 0,05.

```
#test T de Student sobre los dataframes separados de alcohol
t.test(redwineAinf, redwineAsup, alternative = "less")
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  redwineAinf and redwineAsup
## t = -17.869, df = 1411, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
## 95 percent confidence interval:
##        -Inf -0.6105772
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  5.310302  5.982827
```

Planteamos ahora el tercer caso que consiste en el contraste de hipótesis de dos muestras sobre la diferencia de medias (la primera muestra es de los vinos con sulfaatos inferior a 0.62 y la segunda muestra es de los vinos con sulfatos mayores a 0.62), el cual es unilateral atendiendo a la formulación de la hipótesis alternativa:

$$\begin{cases} H_0: & \mu 1 - \mu 2 = 0 \\ H_1: & \mu 1 - \mu 2 < 0 \end{cases}$$

Donde $\mu 1$ es la media de la población de la que se extrae la primera muestra y $\mu 2$ es la media de la población de la que extrae la segunda.

Tomaremos un nivel de significación del 0,05.

```
#test T de Student sobre los dataframes separados de sulphates
t.test(redwineSinf, redwineSsup, alternative = "less")
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  redwineSinf and redwineSsup
## t = -14.828, df = 1491.1, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
## 95 percent confidence interval:
##        -Inf -0.5094973
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  5.351562  5.924675
```

Del contraste de hipotesis sacamos que aceptamos la hipotesis alternativa en el caso de los sulfatos, ya que es inferior el p-valor al nivel de significacion, de manera que concluimos que **a mayores sulfatos (mas de 0.62) mejor calidad de vino**.

En el caso del alcohol y de la acidez volatil, aceptamos la hipotesis nula al tener un p-valor mayor al nivel de significación, de manera que **a menor alcohol (menos de 10.2) y a menor acidez volátil (menos de 0.52) mejor calidad de vino**.

4.3.3 Regresion Lineal

Uno de los objetivos al inspeccionar el dataset era poder predecir la calidad del vino dependiendo de las variables. De esta manera vamos a proceder a calcular mediante un modelo de regresión lineal usando laas variables más influyentes detectadas en el primer punto de este primer apartado.

Obtendremos varios modelos de regresion lineal segun estas variables y elegiremos el modelo mas eficiente al compararlos mediante el coeficiente de determinación.

```
# Variable a predecir
calidad = redwine$quality

# variables cuantitativas con mayor coeficiente
acidezFija=redwine$fixed.acidity
acidezVolatil=redwine$volatile.acidity
sulfatos=redwine$sulphates
chloridos=redwine$chlorides
alcohol=redwine$alcohol
densidad=redwine$density
totalSulfatos=redwine$sulphates
acidoCitrico=redwine$citric.acid

# Generación de varios modelos
modelo1 <- lm(calidad ~ sulfatos + alcohol + acidezVolatil , data = redwine)
modelo2 <- lm(calidad ~ sulfatos + alcohol + acidoCitrico + acidezFija +acidezVolatil+chloridos+densida
```

```
modelo3 <- lm(calidad ~ acidezFija +acidezVolatil+chloridos+densidad+totalSulfatos, data = redwine)
modelo4 <- lm(calidad ~ alcohol + acidoCitrico + acidezFija +acidezVolatil+chloridos+densidad+totalSulfa
modelo5 <- lm(calidad ~ sulfatos +  acidoCitrico + acidezFija +acidezVolatil+chloridos+densidad+totalSul
modelo6 <- lm(calidad ~ sulfatos + alcohol + acidezFija +acidezVolatil+chloridos+densidad+totalSulfatos
```

Vamos a calcular ahora el coeficiente de determinación de los modelos obtenidos para medir la bodad del ajuste.

```
# Tabla con los coeficientes de determinación de cada modelo
tabla.coeficientes <- matrix(c(1, summary(modelo1)$r.squared,
2, summary(modelo2)$r.squared,
3, summary(modelo3)$r.squared,
4, summary(modelo4)$r.squared,
5, summary(modelo5)$r.squared,
6, summary(modelo6)$r.squared),
ncol = 2, byrow = TRUE)
colnames(tabla.coeficientes) <- c("Modelo", "R^2")
tabla.coeficientes
```

```
##      Modelo       R^2
## [1,]      1 0.3358973
## [2,]      2 0.3504865
## [3,]      3 0.2727333
## [4,]      4 0.3504865
## [5,]      5 0.2727483
## [6,]      6 0.3483335
```

En este caso elegiremos el modelo 4 ya que, aunque tenemos el mismo resultado en el modelo 2, intervienen menos variables en el cálculo.

Ahora, empleando este modelo, podemos predecir la calidad del vino a partir de sus características, como en el siguiente ejemplo:

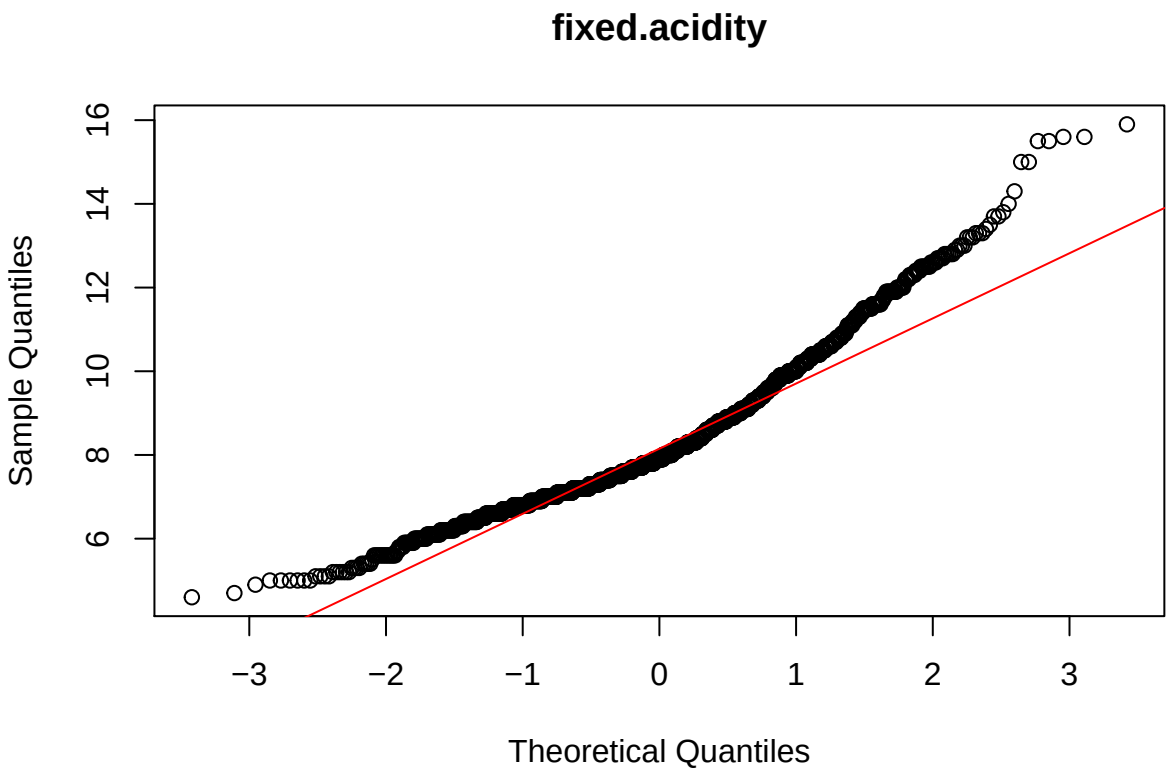
```
newdata <- data.frame(alcohol=6, acidoCitrico=0.56, acidezFija=6.2, acidezVolatil=0.65, chloridos=0.08,

# Predecir la calidad
predict(modelo4, newdata)
```

```
##        1
## 7.066356
```

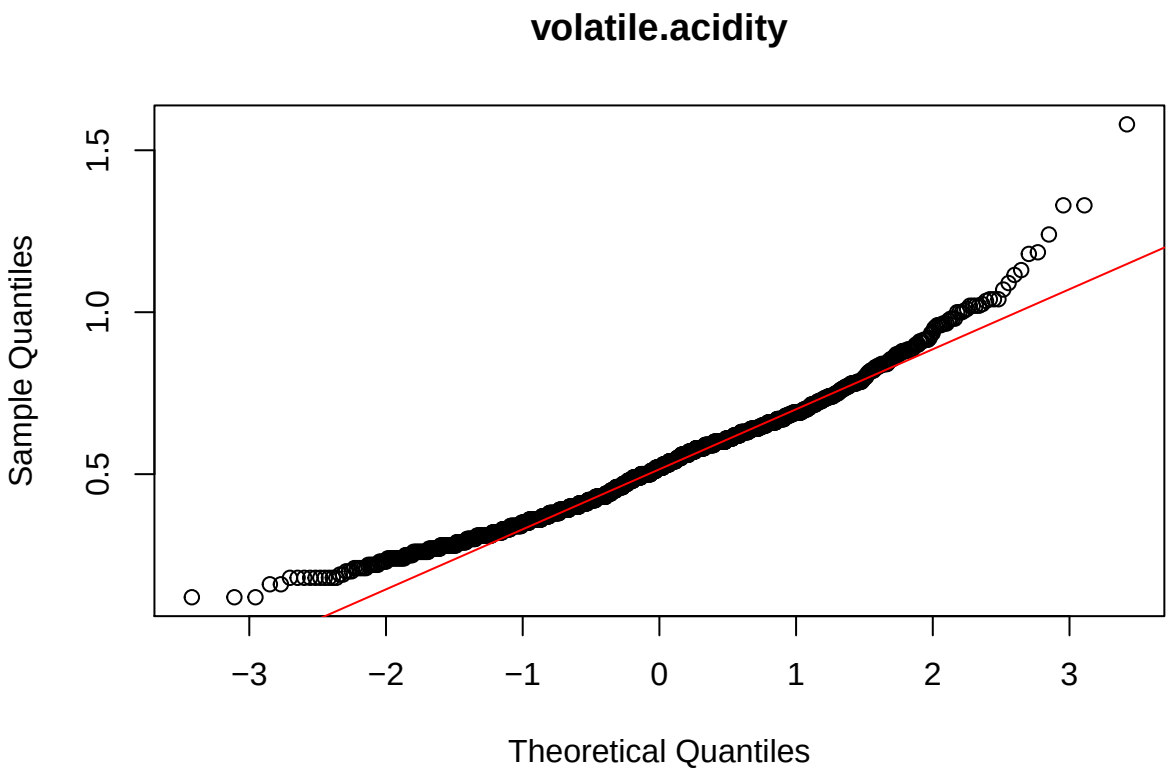
5. Representación de los resultados a partir de tablas y gráficas.

Al tratarse de una población que por el tamaño se acerca de la normalidad en su distribución, optaremos por los gráficos qq de cada variable, de manera que compararemos los cuantiles de la distribución observada con los cuantiles teóricos de una distribución normal, y cuanto más se aproxime los datos a una normal, más alineados se mostrarán sus puntos a la recta.

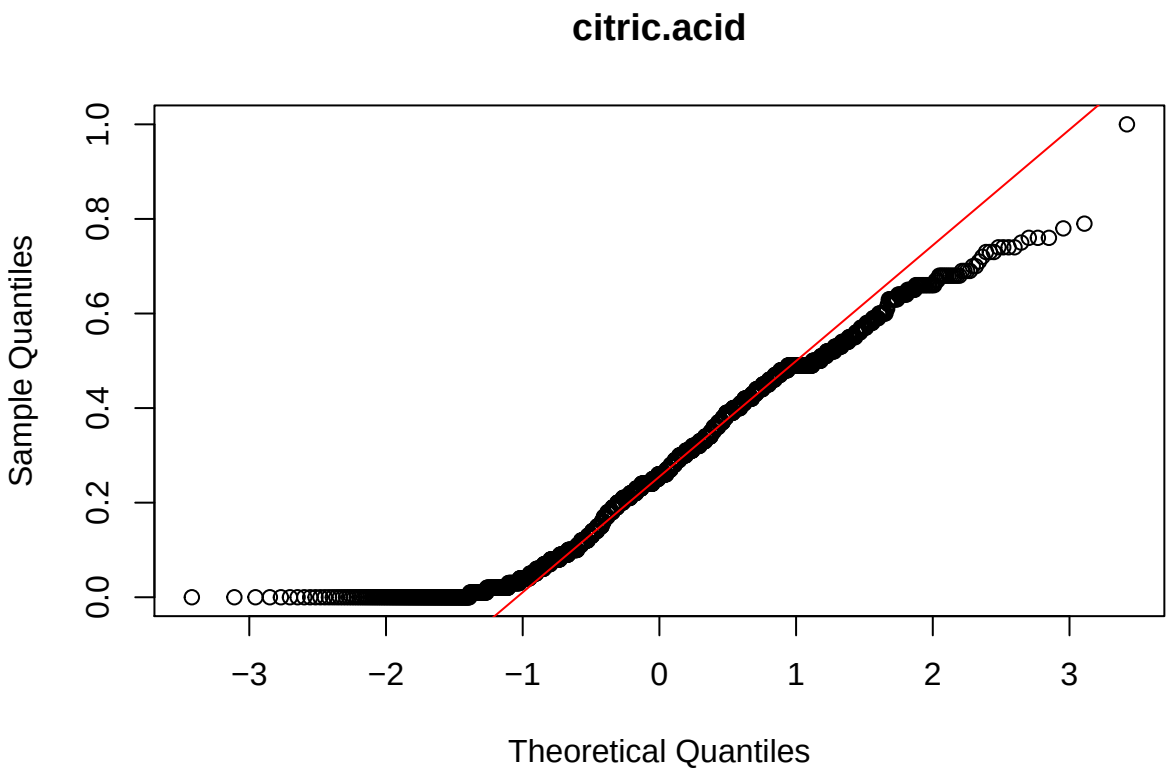
```
#gráfico qq fixed.acidity
qqnorm(redwine$fixed.acidity, main="fixed.acidity")
qqline(redwine$fixed.acidity, col=2)
```



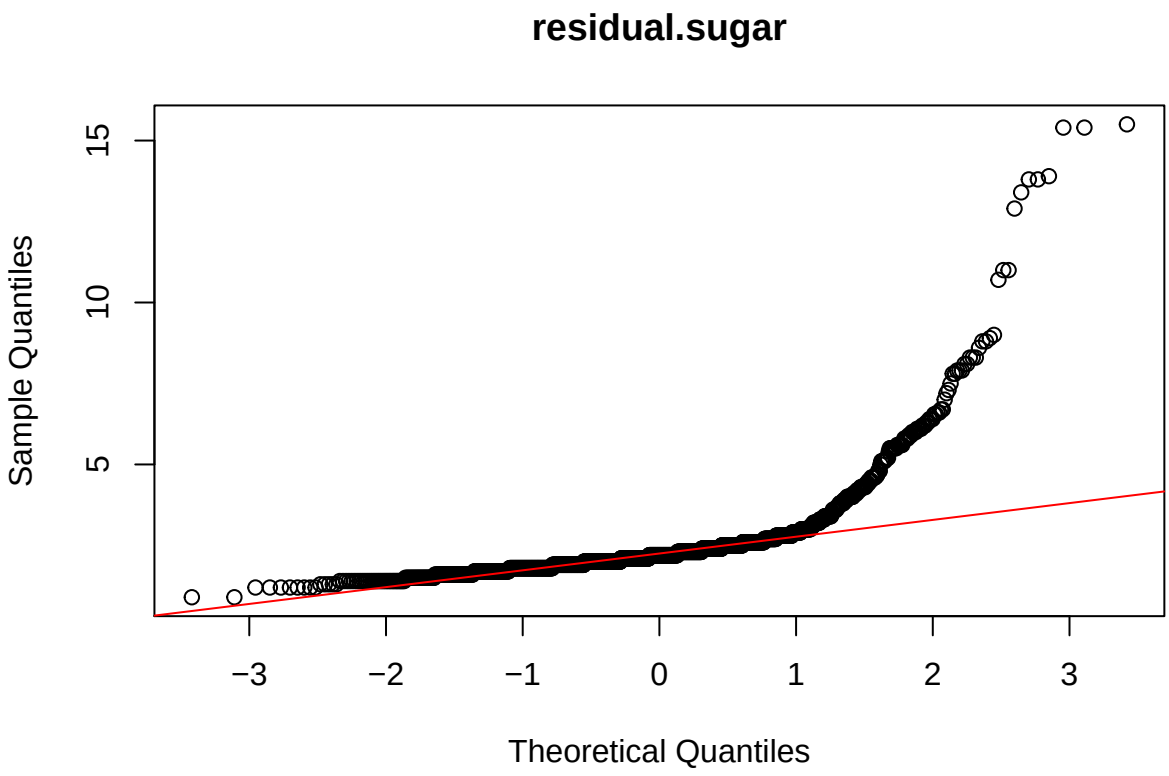

```r
#gráfico qq volatile.acidity
qqnorm(redwine$volatile.acidity, main="volatile.acidity")
qqline(redwine$volatile.acidity, col=2)
```



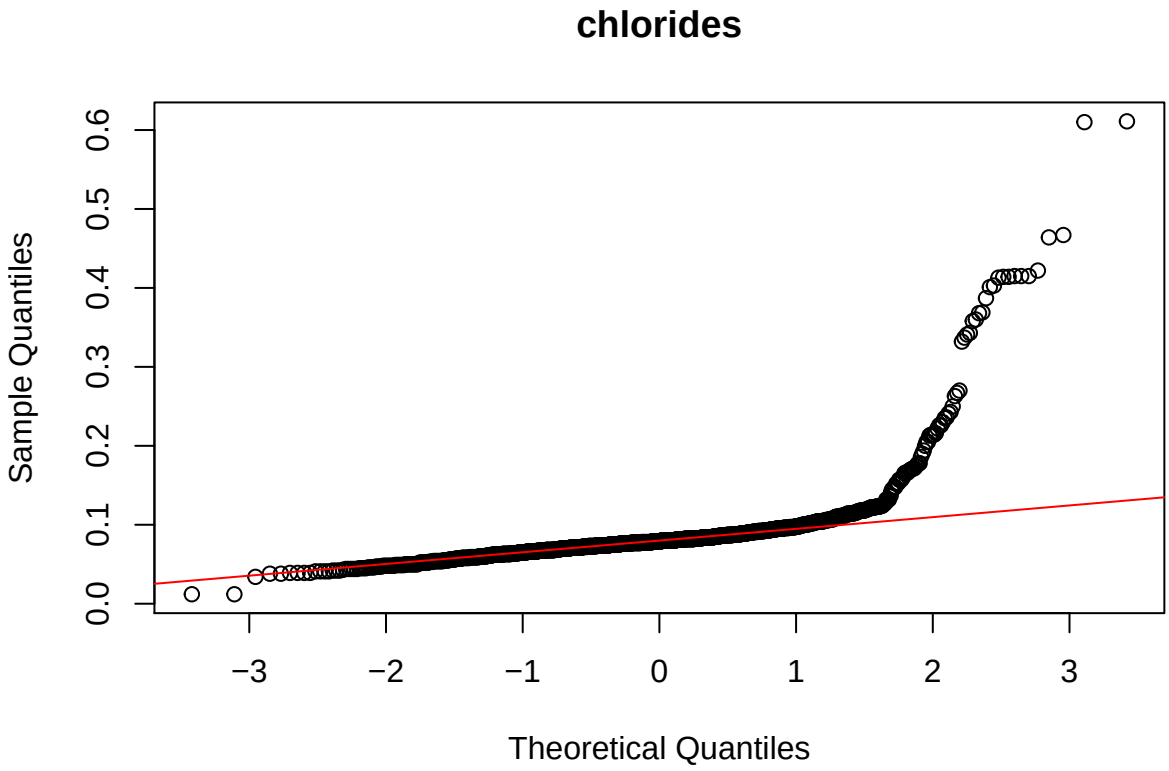

```
#gráfico qq citric.acid
qqnorm(redwine$citric.acid, main="citric.acid")
qqline(redwine$citric.acid, col=2)
```



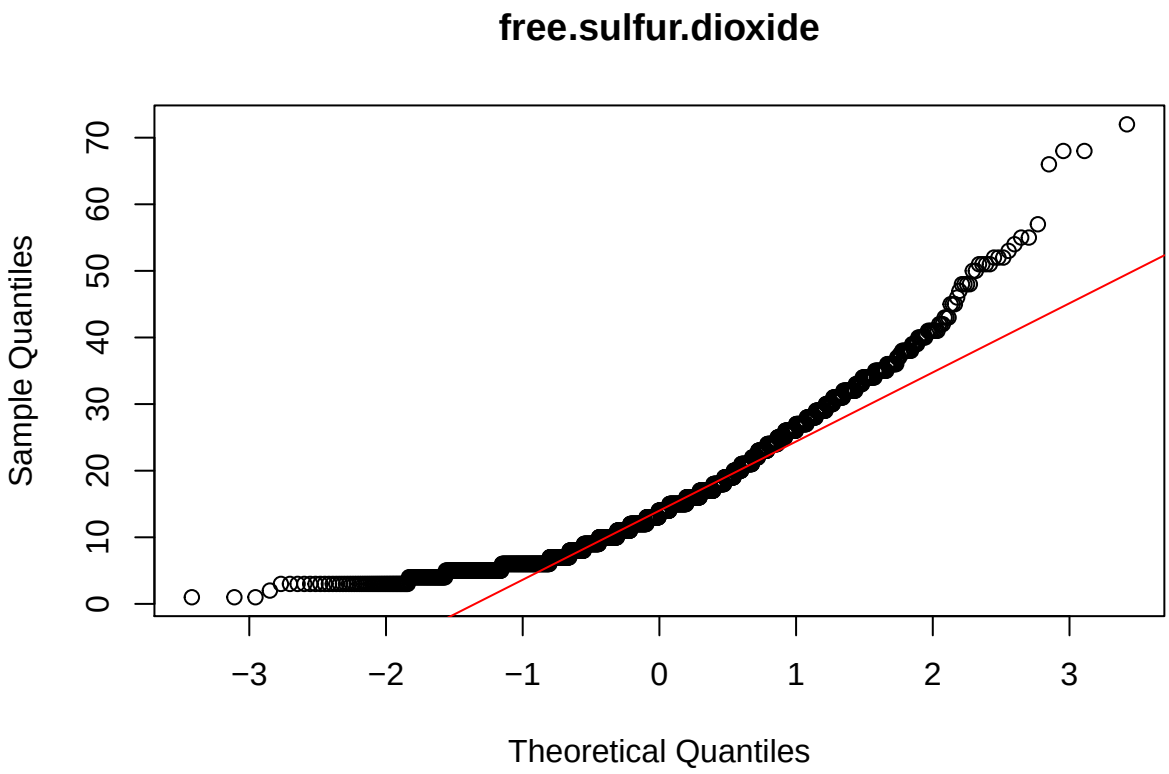

```
#gráfico qq residual.sugar
qqnorm(redwine$residual.sugar, main="residual.sugar")
qqline(redwine$residual.sugar, col=2)
```



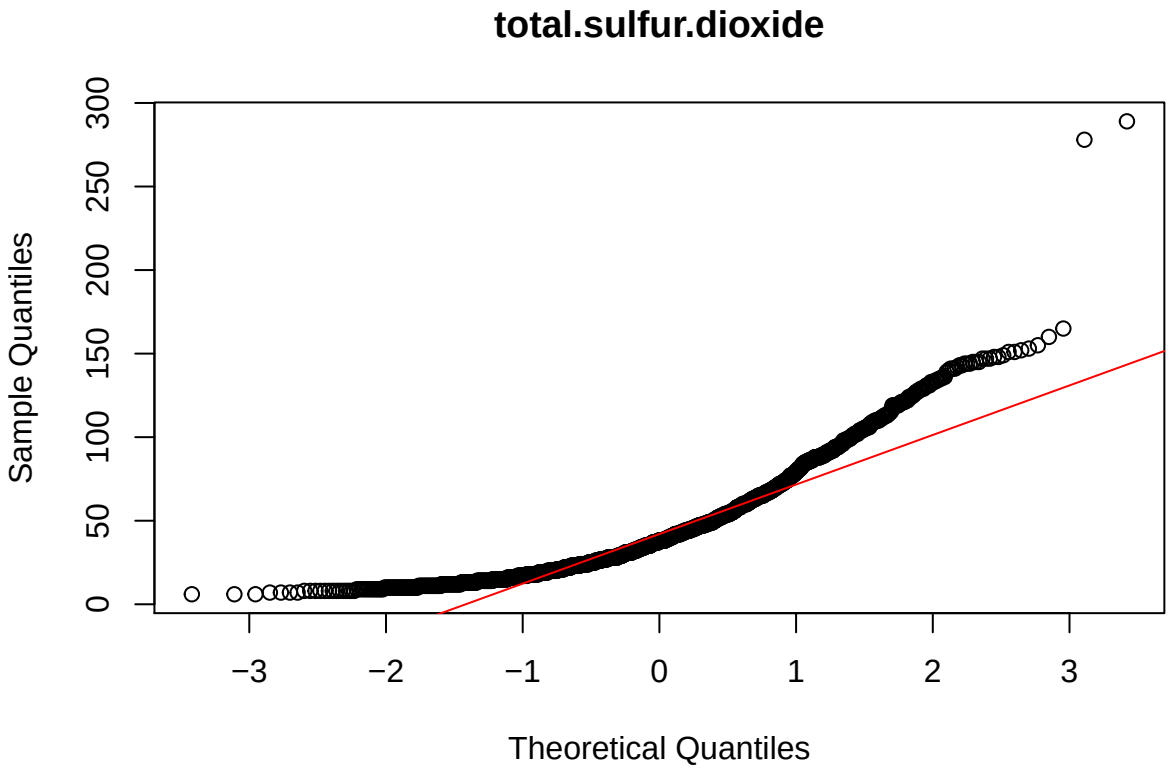

```r
#gráfico qq chlorides
qqnorm(redwine$chlorides, main="chlorides")
qqline(redwine$chlorides, col=2)
```



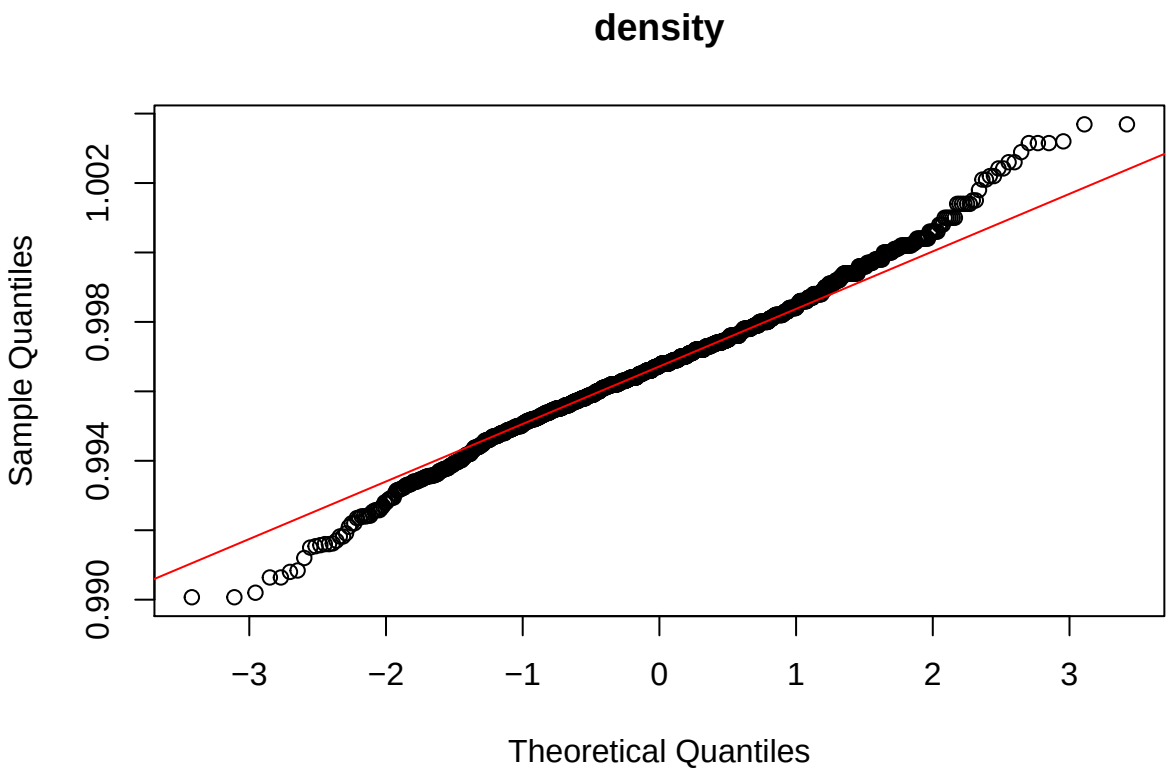

```
#gráfico qq free.sulfur.dioxide
qqnorm(redwine$free.sulfur.dioxide, main="free.sulfur.dioxide")
qqline(redwine$free.sulfur.dioxide, col=2)
```



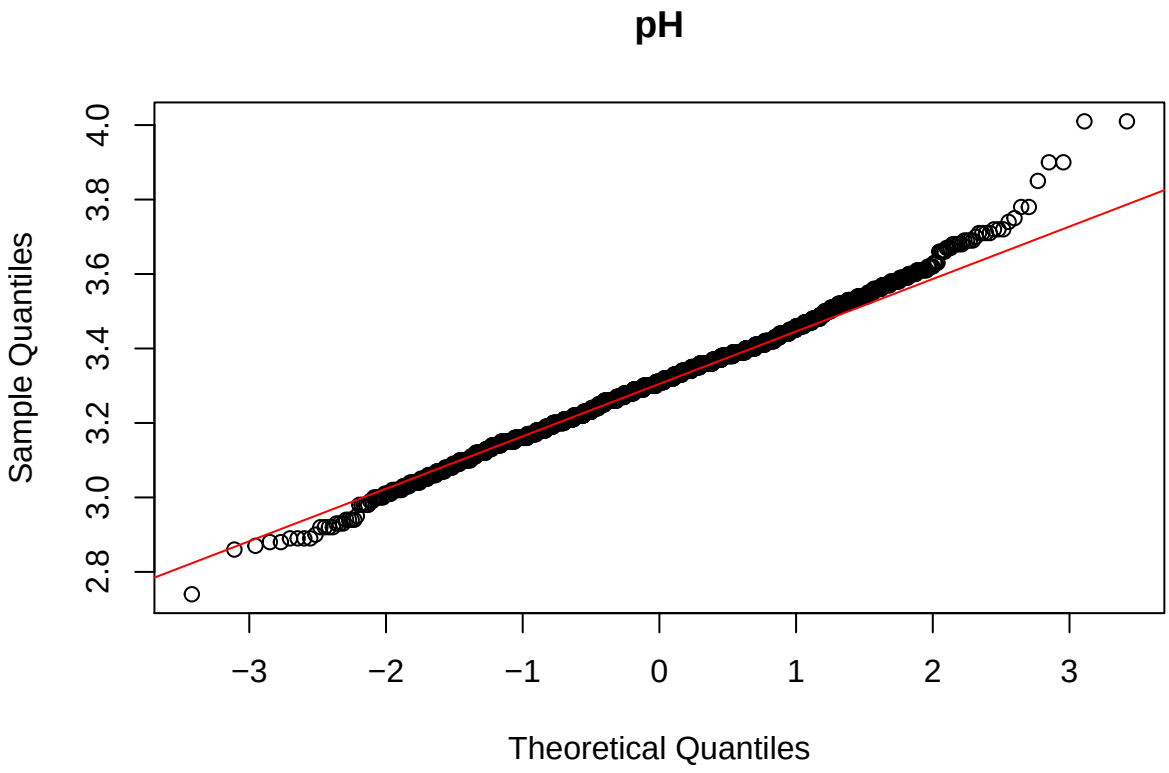

```r
#gráfico qq total.sulfur.dioxide
qqnorm(redwine$total.sulfur.dioxide, main="total.sulfur.dioxide")
qqline(redwine$total.sulfur.dioxide, col=2)
```



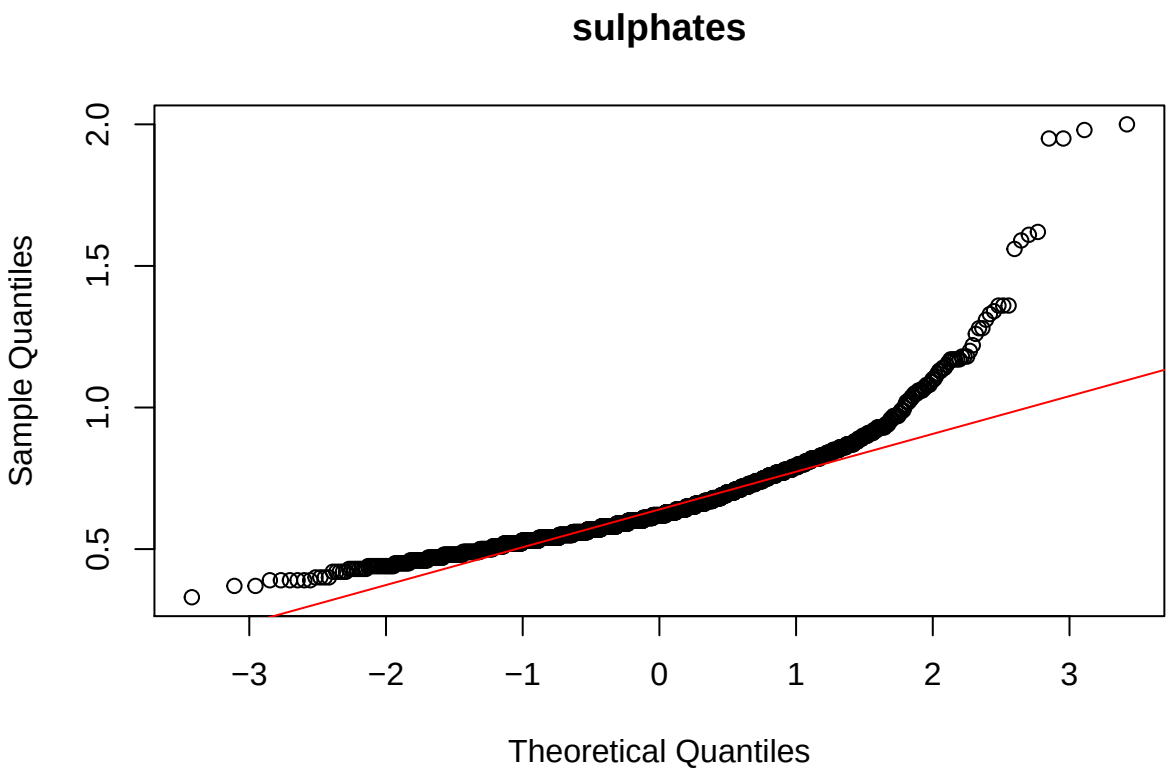

```r
#gráfico qq density
qqnorm(redwine$density, main="density")
qqline(redwine$density, col=2)
```



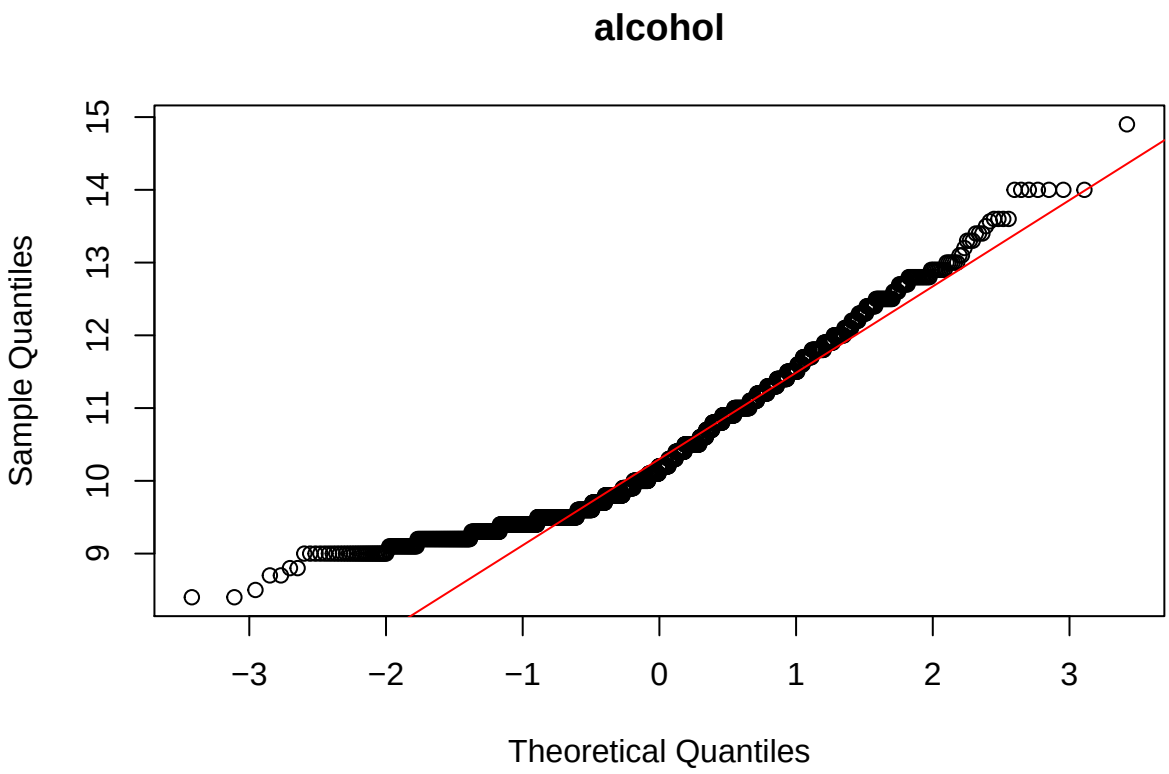

```r
#gráfico qq pH
qqnorm(redwine$pH, main="pH")
qqline(redwine$pH, col=2)
```



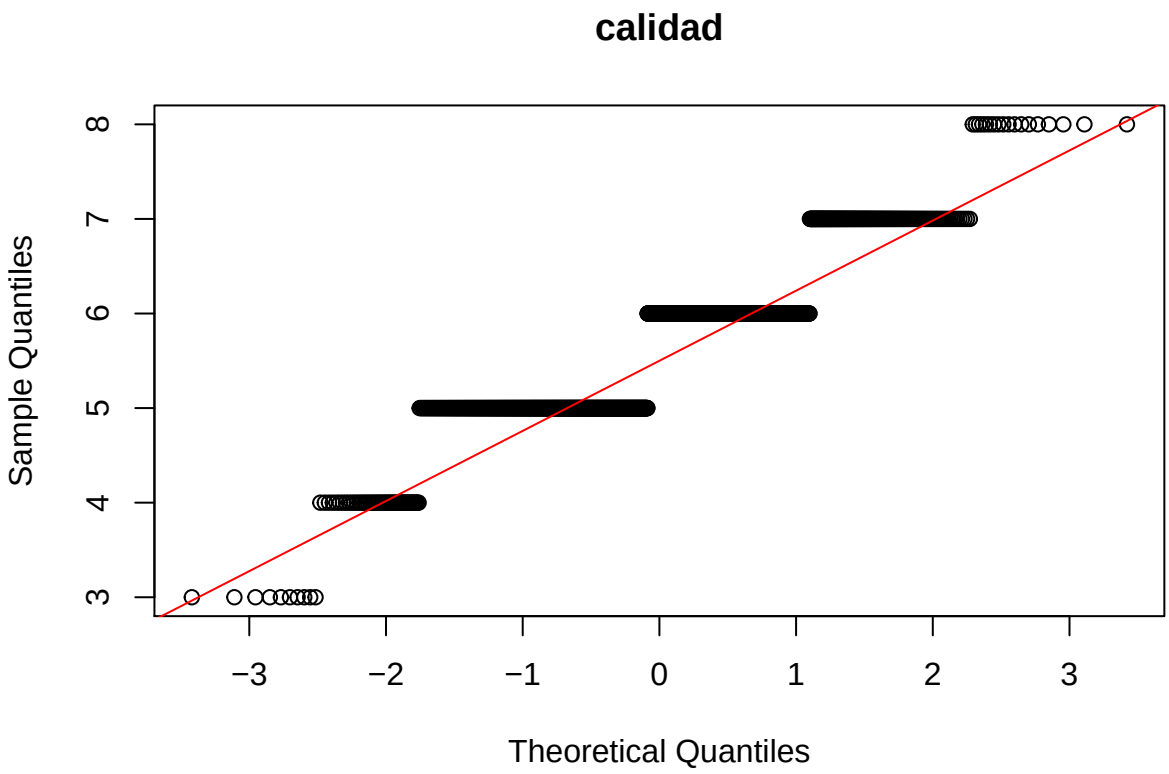

```
#gráfico qq sulphates
qqnorm(redwine$sulphates, main="sulphates")
qqline(redwine$sulphates, col=2)
```




```r
#gráfico qq alcohol
qqnorm(redwine$alcohol, main="alcohol")
qqline(redwine$alcohol, col=2)
```




```r
#gráfico qq quality
qqnorm(redwine$quality, main="calidad")
qqline(redwine$quality,col=2)
```



6. Resolución del problema. A partir de los resultados obtenidos, ¿cuáles son las conclusiones? ¿Los resultados permiten responder al problema?

Hemos podido extraer algunas conclusiones generales acerca de la calidad de un vino tinto, como que su calidad será mayor cuanto menor sea su acidez volatil, por ejemplo.

Por otra parte, hemos construido un modelo de regresión lineal capaz de predecir la calidad de un vino tinto a partir de sus características, de manera que a partir de la calidad obtenida, una bodega, por ejemplo, podría establecer su precio. Es decir, hemos podido responder al problema planteado, como conocer la calidad de un vino tinto a partir de sus características fisicoquímicas.

7. Código: Hay que adjuntar el código, preferiblemente en R, con el que se ha realizado la limpieza, análisis y validación de los datos.

La práctica se ha realizado utilizando formato R Markdown, para construir documentos dinámicos con R, con las respuestas a las preguntas y pedazos de código R embebido.

8. Contribuciones

- Investigación previa: MC, AD
- Redacción de las respuestas: MC, AD
- Desarrollo código: MC, AD