Trabajo 2

Ivan Santiago Rojas Martinez

Estudiante de Pregrado en Estadística

Docente

Rene Iral Palomino

Asignatura

Introducción al Análisis Multivariado



Sede Medellín Octubre 21 de 2023

1 Parte A

2 Parte B

Para todos los efectos el vector $X=(P_1,P_7,P_{16},P_{22},P_{25},P_{27},P_{29},P_{38})$ contiene las variables continuas de su base de datos. Por notación sea el respectivo $\mu=(\mu_1,\mu_2,\mu_3,\mu_4,\mu_5,\mu_6,\mu_7,\mu_8)$ vector de medias y Σ su matriz de covarianzas.

Se procede a tomar la muestra aleatoria con la cedula **1020479466** y a seleccionar las variables numéricas.

```
library(splitstackshape)
uno <- read.table("Data/base.txt", header = TRUE)
genera <- function(cedula){
set.seed(cedula)
aux <- stratified(uno, "CAT_IMC", 200/2100)
aux
}
datos <- genera(1020479466)
x <- datos %>% select(P1, P7, P16, P22, P25, P27, P29, P38)
```

1. (10 pts.) Sea $\mu_0 = (66.1, 58, 81.6, 37, 47, 25, 19.2, 167)'$. Pruebe la hipótesis: $H_0: \mu = \mu_0$. Debe especificar todas las condiciones y elementos para probar esta hipótesis. Anexe los códigos en R usados.

Primero procederemos a verificar si el vector de variables se distribuye normal por medio de la prueba estadística Shapiro-Wilk de normalidad multivariada.

```
library(mvnormtest)
mu_0 <- c(66.1, 58, 81.6, 37, 47, 25, 19.2, 167)
mshapiro.test(t(as.matrix(x)))
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: Z
## W = 0.9307, p-value = 4.09e-08
```

Observando un $Valor P = 4.09 \times 10^{-8}$, podemos rechazar la hipótesis nula con un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$ lo que nos permite concluir que X no cumple normalidad multivariada. Basado en el **Teorema del limite central** sabemos que si se tiene:

$$\overline{\mathbf{X}}_n = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{X}_i \ \mathrm{y} \ \mathbf{Z}_n = \sqrt{n} \left(\overline{\mathbf{X}}_n - \boldsymbol{\mu} \right)$$

Luego:

$$\mathbf{Z}_n \stackrel{d}{\to} N_p(\mathbf{0}, \boldsymbol{\Sigma}).$$

con $\Sigma > 0$:

$$\tilde{\mathbf{Z}}_{n} = \mathbf{\Sigma}^{-\frac{1}{2}} \sqrt{n} \left(\overline{\mathbf{X}}_{n} - \boldsymbol{\mu} \right) \stackrel{d}{\to} N_{p} \left(\mathbf{0}, I_{p} \right)$$

у

$$n\left(\overline{\mathbf{X}}_n - \boldsymbol{\mu}\right)' S^{-1}\left(\overline{\mathbf{X}}_n - \boldsymbol{\mu}\right) \stackrel{d}{\to} \chi^2(p)$$

Bajo H_0 cierta. El estadístico de prueba es:

$$\chi_0^2 = n \left(\bar{X} - \mu_0 \right)' S^{-1} \left(\bar{X} - \mu_0 \right)$$

Se define las siguientes pruebas de hipótesis:

$$H_0: \mu = \mu_0 \ vs \ H_a: \mu \neq \mu_0$$

Se procede a hallar el vector de medias muestral X y la matriz de covarianzas muestral S en R.

```
xbar <- colMeans(x)
s <- cov(x)
n <- nrow(x)
p <- length(x)
mu_0<- as.matrix(c(mu_0))
chi_0 <- as.numeric(n*(t(xbar-mu_0)) %*%solve(s) %*%(xbar-mu_0))
chi_0</pre>
```

[1] 1603.695

Se plantea una región de rechazo de H_0 dada por:

$$X_0^2 > X_\alpha^2(p)$$

```
qchisq(0.05, p, lower.tail = F)
```

[1] 15.50731

Dado que la prueba nos arroja $X_0^2 = 1603.695 > X_{0.05}^2(8) = 15.50731$ con un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$. Se rechaza H_0 , lo que nos permite concluir que existen diferencia entre el vector μ y μ_0 .

2. (**15 pts**.) Repita la hipótesis anterior, pero discriminando por Género. ¿Observa algún cambio en la conclusión? Debe especificar todas las condiciones y elementos para probar esta hipótesis. Anexe los códigos en R usados.

2.1 Análisis discriminado sexo Masculino:

Se procede a filtra los datos por el genero masculino.

```
hom <- datos %>% filter(SEXO == "Hom") %>% select(P1, P7, P16, P22, P25, P27, P29, P38)
```

Se plantea sus hipótesis de normalidad multivariada discriminando por el genero de hombres.

$$H_o: X_H \sim N_p(\mu, \Sigma) \ VS \ H_a: X_H \nsim N_p(\mu, \Sigma)$$

```
mshapiro.test(t(as.matrix(hom)))
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: Z
## W = 0.92315, p-value = 1.91e-06
```

Observando un $Valor P = 1.91 \times 10^{-6}$, podemos rechazar la hipótesis nula con un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$ lo que nos permite concluir que el vector de variables X para los hombres no se distribuye normal, por tanto basado en el teorema del limite central tenemos que el estadístico de prueba es:

$$\chi_0^2 = n \left(\bar{X}_{hom} - \mu_0 \right)' S_{hom}^{-1} \left(\bar{X}_{hom} - \mu_0 \right) \xrightarrow{d} \chi_\alpha^2(\boldsymbol{P})$$

Con sus respectivas hipotesis:

$$H_0: \mu_{homb} = \mu_0 \ vs \ H_a: \mu_{homb} \neq \mu_o$$

```
xbar <- colMeans(hom)
s <- cov(hom)
n <- nrow(hom)
p <- length(hom)
mu_0<- as.matrix(c(mu_0))
chi_0 <- as.numeric(n*(t(xbar-mu_0)) %*%solve(s) %*%(xbar-mu_0))
chi_0</pre>
```

[1] 1403.088

Se plantea una región de rechazo de H_0 dada por:

$$X_0^2 > X_0^2(p)$$

```
qchisq(0.05, p, lower.tail = F)
```

```
## [1] 15.50731
```

Dado que la prueba nos arroja $X_0^2 = 1403.088 > X_{0.05}^2(8) = 15.50731$ con un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$. Se rechaza H_0 , lo que nos permite concluir que existen diferencia entre el vector μ_{homb} y μ_0 .

2.2 Análisis discriminado sexo Femenino:

Se procede a filtra los datos por el genero masculino.

```
muj <- datos %>% filter(SEXO == "Muj") %>% select(P1, P7, P16, P22, P25, P27, P29, P38)
```

Se plantea sus hipótesis de normalidad multivariada discriminando por el genero de mujeres.

$$H_o: X_M \sim N_p(\mu, \Sigma) \ VS \ H_a: X_M \nsim N_p(\mu, \Sigma)$$

```
mshapiro.test(t(as.matrix(muj)))
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: Z
## W = 0.93582, p-value = 0.001285
```

Observando un Valor P = 0.001285, podemos rechazar la hipótesis nula con un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$ lo que nos permite concluir que el vector de variables X para las mujeres no se distribuye normal, por tanto basado en el teorema del limite central tenemos que el estadístico de prueba es:

$$\chi_0^2 = n \left(\bar{X}_{muj} - \mu_0 \right)' S_{muj}^{-1} \left(\bar{X}_{hom} - \mu_0 \right) \stackrel{d}{\longrightarrow} \chi_\alpha^2(\boldsymbol{P})$$

Con sus respectivas hipotesis:

$$H_0: \mu_{muj} = \mu_0 \ vs \ H_a: \mu_{muj} \neq \mu_o$$

```
xbar <- colMeans(muj)
s <- cov(muj)
n <- nrow(muj)
p <- length(muj)
mu_0<- as.matrix(c(mu_0))
chi_0 <- as.numeric(n*(t(xbar-mu_0))%*%solve(s)%*%(xbar-mu_0))
chi_0</pre>
```

[1] 2773.412

Se plantea una región de rechazo de H_0 dada por:

$$X_0^2 > X_0^2(p)$$

[1] 15.50731

Dado que la prueba nos arroja $X_0^2=2773.412>X_{0.05}^2(8)=15.50731$ con un nivel de significancia de $\alpha=0.05$. Se rechaza H_0 , lo que nos permite concluir que existen diferencia entre el vector μ_{muj} y μ_0 .

3. (**15 pts.**) Para el mismo vector X, definido anteriormente, se sabe que $X \sim N_8(\mu, \Sigma)$. Pruebe la hipótesis: $H_0: 2\mu_1 - \mu_2 + 3\mu_4 + \mu_7 - \mu_6 = \mu_8$ y $3\mu_2 - 4\mu_3 + 2\mu_5 + 2\mu_6 = 0$. Debe especificar todas las condiciones y elementos para probar esta hipótesis. Anexe los códigos en R usados.

Primero se procede a plantear las hipótesis para los contrastes, como:

$$H_0: C\mu = \gamma \quad VS \quad C\mu \neq \gamma$$

Escritas de otra manera como:

$$H_0: 2\mu_1 - \mu_2 + 3\mu_4 + \mu_7 - \mu_6 = \mu_8$$
 $y 3\mu_2 - 4\mu_3 + 2\mu_5 + 2\mu_6 = 0$

Donde:

$$C = \left(\begin{array}{cccccccc} 2 & -1 & 0 & 3 & 0 & -1 & 1 & -1 \\ 0 & 3 & -4 & 0 & 2 & 2 & 0 & 0 \end{array}\right)$$

Estadístico de prueba:

$$T_0^2 = n(C\overline{\mathbf{X}} - \gamma)' (CSC')^{-1} (C\overline{\mathbf{X}} - \gamma)$$

Bajo H_0 cierto. Se rechaza si $\frac{n-k}{(n-1)k}T_0^2 > f_\alpha(k,n-k)$

Luego tenemos un $\frac{199-2}{2(199-1)}T_0^2=50.57493>f_{0.05}(2,197)=3.041753$ y con una significancia de $\alpha=0.05$ lo que nos permite rechazar H_0 concluyendo que $2\mu_1-\mu_2+3\mu_4+\mu_7-\mu_6\neq\mu_8$ y $3\mu_2-4\mu_3+2\mu_5+2\mu_6\neq0$

4. (**15 pts.**) Para el mismo vector X, definido anteriormente, sean Σ_D , Σ_N y Σ_0 las respectivas matrices de covarianzas para el grupo de Delgados, Normales y Obesos respectivamente. Suponga que el vector X tiene una distribución Normal multivariada, para los tres grupos definidos en la variable **CAT_IMC**. Determine si la estructura de covarianzas es similar en los tres grupos. Debe especificar todas las condiciones y elementos para probar esta hipótesis. Anexe los códigos en R usados.

Se plantean las respectivas Hipótesis como:

```
H_o: \Sigma_{obeso} = \Sigma_{normal} = \Sigma_{delgado} \ vs \ H_a: \Sigma_{obeso} \neq \Sigma_{normal} \neq \Sigma_{delgado}
```

```
delg <- datos %>% filter(CAT IMC == 'Delgado')
norm <- datos %>% filter(CAT_IMC == 'Normal')
obes <- datos %>% filter(CAT IMC == 'Obeso')
delg <- delg[, 2:9]
norm <- norm[, 2:9]
obes <- obes[, 2:9]
n1 <- nrow(delg)</pre>
n2 <- nrow(norm)
n3 <- nrow(obes)
p <- ncol(delg)
g <- 3
# Varianzas muestrales
s1 <- matrix(var(delg), ncol=8)</pre>
s2 <- matrix(var(norm), ncol=8)</pre>
s3 <- matrix(var(obes), ncol=8)
# Matriz ponderada
sum_ni \leftarrow ((n1-1)+(n2-1)+(n3-1))
sum inv ni \leftarrow (1/(n1-1))+(1/(n2-1))+(1/(n3-1))
k \leftarrow (2*p^2 + 3*p-1)/(6*(p+1)*(g+1))
sp \leftarrow ((n1-1)*s1+(n2-1)*s2+(n3-1)*s3)/sum_ni
# Estadístico M
 \texttt{M} \leftarrow \\ \text{sum\_ni*log(det(sp))-((n1-1)*log(det(s1))+(n2-1)*log(det(s2))+(n3-1)*log(det(s3)))} 
u \leftarrow (sum_inv_ni - (1/sum_ni))*k
C <- (1-u)*M
#Chi^2
alpha <- 0.05
gl \leftarrow p*(p+1)*(g-1)/2
q <- qchisq(alpha,gl)
```

Se obtine un $C=121.4472>\chi^2_{0.05}=53.46233$ con una significancia de $\alpha=0.05$ nos permite rechazar H_0 y concluir que la estructura de covarianza es diferente para los tres grupos $\Sigma_{obeso} \neq \Sigma_{normal} \neq \Sigma_{delgado}$.

5. (**20 pts.**) Para el mismo vector X, definido anteriormente, sean μ_H y μ_M los respectivos vectores de medias para Hombres y mujeres, respectivamente y sean Σ_H y Σ_M las respectivas matrices de covarianzas para Hombres y Mujeres, respectivamente. Determine si el vector X es suficiente para poder discriminar entre Hombres y Mujeres. Debe especificar todas las condiciones y elementos para probar esta hipótesis. Anexe los códigos en R usados.

El estadístico de razón de verosimilitud que nos permite probar H_0 se define como:

$$\lambda = \prod_{i=1}^{g} \left(\frac{|S_i|}{|S_p|} \right)^{\frac{(n_i - 1)}{2}}$$

Donde S_i son la matrices de covarianzas muéstrales para el genero masculino y el genero femenino. Y $S_p = \frac{1}{\sum_{i=1}^g (n_i-1)} \left[(n_1-1) S_1 + n_2 - 1 \right] S_2 + \dots + (n_g-1) S_g$

$$M = -2ln\lambda$$

$$M = \left[\sum_{i=1}^{g} (n_i - 1)\right] \ln(|S_p|) - \sum_{i=1}^{g} (n_i - 1) \ln(|S_i|)$$

$$u = \left[\sum_{i=1}^{g} \frac{1}{(n_i - 1)} - \frac{1}{\sum_{i=1}^{g} (n_i - 1)}\right] \left(\frac{2p^2 + 3p - 1}{6(p+1)(g+1)}\right)$$

Bajo H_0 verdadero se cumple:

$$C = (1 - u)M \xrightarrow{d} \chi^2 \left(\frac{1}{2}p(p+1)(g-1)\right)$$

Con un $\alpha=0.05$ se rechaza H_0 si $C>\chi^2_{0.05}\left(\frac{1}{2}p(p+1)(g-1)\right)$

Su respectiva hipótesis:

$$H_0: \Sigma_{hom} = \Sigma_{muj} \ vs \ H_a: \Sigma_{hom} \neq \Sigma_{muj}$$

```
nh <- nrow(hom)
nm <- nrow(muj)
varh<- cov(hom)
varm<- cov(muj)
sum_n <- (nh-1)*varh+(nm-1)*varm
sum_d <- (nh-1)+(nm-1)
sp <- sum_n/sum_d
#Estadistico de prueba
p <- 8
M <- sum_d*log(det(sp))-((nh-1)*log(det(varh))+(nm-1)*log(det(varm)))
sum_inv_ni <- (1/(nm-1))+(1/(nh-1))
k <- ((2*(p^2)+3*p-1)/(6*(p+1)*(2+1)))
u <- (sum_inv_ni-(1/sum_d))*k</pre>
```

```
C <- (1-u)*M

gl <- (p*(p+1)*(2-1))/2
alpha <- 0.05
q_alpha <- qchisq(0.05,gl,lower.tail = T)</pre>
```

Luego tenemos un $C=88.22488>\chi^2_{0.05}=23.26861$ y con una significancia de $\alpha=0.05$ lo que nos permite rechazar H_0 concluyendo que $\Sigma_{hom}\neq\Sigma_{muj}$.

6. (25 pts.) Usando la matriz de covarianzas muestral, calcule los vectores y valores propios de dicha matriz. Elabore el respectivo Scree-plot y comente sobre la variabilidad explicada por las componentes principales. Considere la primera componente principal, ¿Cuáles variables tienen mayor peso en su definición? ¿Puede dar alguna interpretación a dicha componente? Comente. Determine si el valor propio más pequeño de Σ es significativamente diferente de cero. Justifique su respuesta.

```
var_m <- cov(x) %>% as.matrix()
eigen_vec <- eigen(var_m)</pre>
```

Vectores Propios

eigen_vec\$vectors

```
##
              [,1]
                         [,2]
                                    [,3]
                                                  [,4]
                                                              [,5]
                                                                         [,6]
## [1,] -0.69429935
                   0.12777297
                              0.27596100 0.5575169474 -0.293845146 -0.16395845
## [2,] -0.17962978 0.21255066
                              0.61708787 -0.1393165671 0.627941437
                                                                   0.35426663
## [3,] -0.53137074  0.45370428 -0.58395712 -0.3801672357  0.130019459
                                                                   0.09624298
## [4,] -0.06166021
                  ## [5,] -0.09881243 -0.12512280 0.15828236 -0.2823070789 -0.605159637 0.70931763
## [6,] -0.07308015 -0.11120975 -0.03730454 -0.0006601938 0.018550648 -0.03565882
## [7,] -0.05013086 -0.08680225 -0.02802493 0.0121589554 -0.006365356 -0.00912413
## [8,] -0.42650557 -0.82399284 -0.06821325 -0.2200805778 0.231161384 -0.07656085
               [,7]
##
                           [8,]
## [1,] 0.037294644 0.004962479
## [2,] -0.049751603 -0.007635169
## [3,] 0.005949071 -0.007832278
## [4,] -0.021108164 -0.010306038
## [5,] -0.013830754 0.016994832
## [6,] -0.784465002 0.603240086
## [7,] -0.594462125 -0.797188838
## [8,] 0.163374095 -0.007214529
```

```
eigen_values <- eigen_vec$values
eigen_values
```

```
## [1] 271.1646218 61.6813232 22.3281270 4.1034057 2.8346277 2.3134986 ## [7] 0.6964915 0.1826296
```

Componentes Principales

```
pca <- prcomp(var_m)
summary(pca)</pre>
```

```
## Importance of components:
                              PC1
                                      PC2
                                              PC3
                                                       PC4
                                                               PC5
##
                                                                       PC6
                                                                               PC7
## Standard deviation
                          68.1144 23.1479 7.73823 1.23232 1.05365 0.84392 0.07997
## Proportion of Variance 0.8857 0.1023 0.01143 0.00029 0.00021 0.00014 0.00000
## Cumulative Proportion
                           0.8857 0.9879 0.99936 0.99965 0.99986 1.00000 1.00000
##
                                PC8
## Standard deviation
                          5.712e-17
## Proportion of Variance 0.000e+00
## Cumulative Proportion
                          1.000e+00
```

```
fviz_eig(pca, addlabels = TRUE, ylim = c(0, 93), main="Figure 1")
```

