PRA2: Limpieza y análisis de datos

Juan Emilio Zurita Macías

30 de May, 2022

Contents

1 Descripción del dataset. **1**

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

3 Limpieza de los datos. **3**
3.1 ¿Los datos contienen ceros o elementos vacíos? Gestiona cada uno de estos casos. 3
3.2 Identifica y gestiona los valores extremos. 3

4 Análisis de los datos **8**
4.1 Selección de los grupos de datos que se quieren analizar/comparar. 8
4.2 Comprobación de la normalidad y homogeneidad de la varianza. 8
4.3 Aplicación de pruebas estadísticas para comparar los grupos de datos. 32

5 Resolución del problema. **39**

```
if (!require('reshape')) install.packages('reshape')
if (!require('ggplot2')) install.packages('ggplot2')
if (!require('dplyr')) install.packages('dplyr')
if (!require('tidyverse')) install.packages('tidyverse')
if (!require('ggpubr')) install.packages('ggpubr')
if (!require('corrplot')) install.packages('corrplot')
if (!require('RColorBrewer')) install.packages('RColorBrewer')
if (!require('ResourceSelection')) install.packages('ResourceSelection')
if (!require('pROC')) install.packages('pROC')
```

1 Descripción del dataset.

El dataset está relacionado a la variante "Vinho Verde" portugués y contiene una serie de componentes fisioquimicos que pueden ser tratados como variables de entrada además de una variable `quality` que define con número entero del 0 al 10 la calidad de cada observación.

Variable	Descripción	Unidades
`fixed.acidity` (acidez fija)	refiere al conjunto de los ácidos naturales procedentes de la uva (tartárico, málico, cítrico y succínico) o formados en la fermentación maloláctica (láctico)	g(tartaric acid)/dm3
`volatile.acidity` (acidez volátil)	refiere al conjunto de ácidos formados durante la fermentación o como consecuencia de alteraciones microbianas.	g(tartaric acid)/dm3

Variable	Descripción	Unidades
`citric.acid` (ácido cítrico)	es un acidificante para corregir la acidez y además posee una acción estabilizante	g/dm3
`residual.sugar` (azúcar residual)	es la cantidad total de azúcar que queda en el vino que no ha sido fermentada por las levaduras	g/dm3
`chlorides` (clorurlos)	son aniones derivados del cloruro de hidrógeno	g(tartaric acid)/dm3
`free.sulfur.dioxide` (dióxido de azufre libre)	se utiliza en enología principalmente como conservante, pero también para otros fines (por ejemplo, para funciones antisépticas, antioxidantes, antioxidasicas, solubilizantes, combinadas y clarificantes)	mg/dm3
`total.sulfur.dioxide` (dióxido de azufre total)	se utiliza en enología principalmente como conservante, pero también para otros fines (por ejemplo, para funciones antisépticas, antioxidantes, antioxidasicas, solubilizantes, combinadas y clarificantes)	mg/dm3
`density` (densidad)	es una magnitud escalar referida a la cantidad de masa en un determinado volumen de una sustancia o un objeto sólido	g/cm3
`pH`	es una medida de acidez o alcalinidad de una disolución acuosa	-
`sulphates` (sulfitos)	se encargan de neutralizar las levaduras propias de la viña, así como bacterias acéticas y lácticas que pueden provocar que el vino se avinagre	g(tartaric acid)/dm3
`alcohol`	Compuesto de carbono, hidrógeno y oxígeno que deriva de los hidrocarburos y lleva en su molécula uno o varios hidroxilos (OH)	% vol.
`quality` (calidad)	-	-

¿Por qué es importante y qué pregunta/problema pretende responder?

Este conjunto de datos pretende responder preguntas tales como, que componentes fisioquímicos afectan en mayor medida a la calidad del vino y con ellos incluso llegar a construir un modelo que permita predecir la calidad de un vino en función de éstos.

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

Puede ser el resultado de adicionar diferentes datasets o una subselección útil de los datos originales, en base al objetivo que se quiera conseguir.

Procedemos a la lectura de los datos que se encuentran en formato CSV

```
winequality <- read.csv("winequality-red.csv")
```

Comprobamos que tipo de datos tiene y las primeras entradas del dataset

```
str(winequality)
```

```
## 'data.frame':    1599 obs. of  12 variables:
```

```
##  $ fixed.acidity       : num  7.4 7.8 7.8 11.2 7.4 7.4 7.9 7.3 7.8 7.5 ...
##  $ volatile.acidity    : num  0.7 0.88 0.76 0.28 0.7 0.66 0.6 0.65 0.58 0.5 ...
##  $ citric.acid         : num  0 0 0.04 0.56 0 0 0.06 0 0.02 0.36 ...
##  $ residual.sugar      : num  1.9 2.6 2.3 1.9 1.9 1.8 1.6 1.2 2 6.1 ...
##  $ chlorides           : num  0.076 0.098 0.092 0.075 0.076 0.075 0.069 0.065 0.073 0.071 ...
##  $ free.sulfur.dioxide : num  11 25 15 17 11 13 15 15 9 17 ...
##  $ total.sulfur.dioxide: num  34 67 54 60 34 40 59 21 18 102 ...
##  $ density             : num  0.998 0.997 0.997 0.998 0.998 ...
##  $ pH                  : num  3.51 3.2 3.26 3.16 3.51 3.51 3.3 3.39 3.36 3.35 ...
##  $ sulphates           : num  0.56 0.68 0.65 0.58 0.56 0.56 0.46 0.47 0.57 0.8 ...
##  $ alcohol             : num  9.4 9.8 9.8 9.8 9.4 9.4 9.4 10 9.5 10.5 ...
##  $ quality             : int  5 5 5 6 5 5 5 7 7 5 ...
```

Realizamos un summary para extraer estadísticos de cada variable

```
summary(winequality)
```

```
##  fixed.acidity   volatile.acidity  citric.acid    residual.sugar
##  Min.   : 4.60   Min.   :0.1200   Min.   :0.000   Min.   : 0.900
##  1st Qu.: 7.10   1st Qu.:0.3900   1st Qu.:0.090   1st Qu.: 1.900
##  Median : 7.90   Median :0.5200   Median :0.260   Median : 2.200
##  Mean   : 8.32   Mean   :0.5278   Mean   :0.271   Mean   : 2.539
##  3rd Qu.: 9.20   3rd Qu.:0.6400   3rd Qu.:0.420   3rd Qu.: 2.600
##  Max.   :15.90   Max.   :1.5800   Max.   :1.000   Max.   :15.500
##    chlorides       free.sulfur.dioxide total.sulfur.dioxide    density
##  Min.   :0.01200   Min.   : 1.00       Min.   :  6.00       Min.   :0.9901
##  1st Qu.:0.07000   1st Qu.: 7.00       1st Qu.: 22.00       1st Qu.:0.9956
##  Median :0.07900   Median :14.00       Median : 38.00       Median :0.9968
##  Mean   :0.08747   Mean   :15.87       Mean   : 46.47       Mean   :0.9967
##  3rd Qu.:0.09000   3rd Qu.:21.00       3rd Qu.: 62.00       3rd Qu.:0.9978
##  Max.   :0.61100   Max.   :72.00       Max.   :289.00       Max.   :1.0037
##        pH          sulphates         alcohol         quality
##  Min.   :2.740   Min.   :0.3300   Min.   : 8.40   Min.   :3.000
##  1st Qu.:3.210   1st Qu.:0.5500   1st Qu.: 9.50   1st Qu.:5.000
##  Median :3.310   Median :0.6200   Median :10.20   Median :6.000
##  Mean   :3.311   Mean   :0.6581   Mean   :10.42   Mean   :5.636
##  3rd Qu.:3.400   3rd Qu.:0.7300   3rd Qu.:11.10   3rd Qu.:6.000
##  Max.   :4.010   Max.   :2.0000   Max.   :14.90   Max.   :8.000
```

Como no sabemos que elementos son más relevantes, no vamos a descartar ninguna variable, por lo que podemos proceder a su limpieza con el dataset completo.

3 Limpieza de los datos.

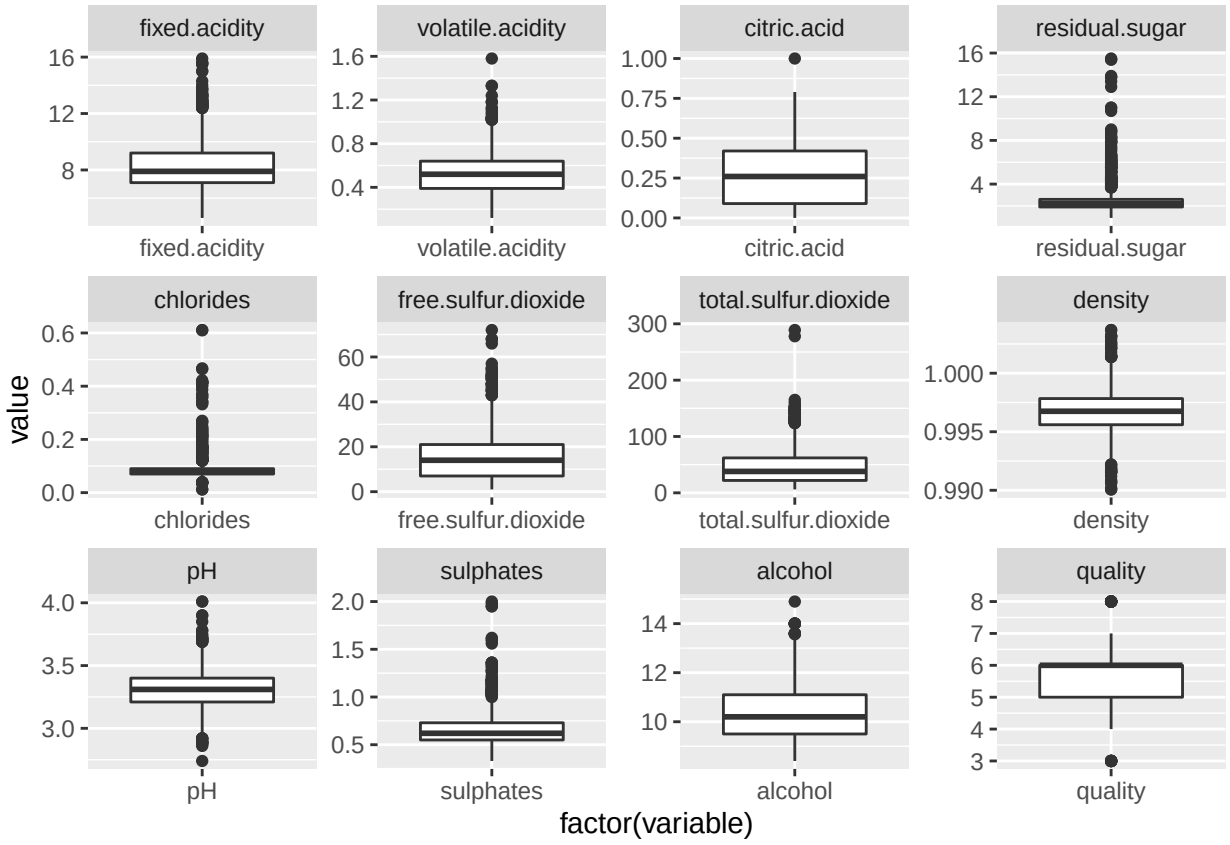
3.1 ¿Los datos contienen ceros o elementos vacíos? Gestiona cada uno de estos casos.

No parece haber elementos vacíos en este conjunto de datos, y solo hay una única variable que contiene valores cero (ácido cítrico) y parece corresponder con un valor válido.

3.2 Identifica y gestiona los valores extremos.

Para comprobar la posible presencia de outliers, representamos el mediante boxplots la distribución de valores de cada variable.

```
library(reshape)
library(ggplot2)

ggplot(melt(winequality), aes(factor(variable), value)) +
  geom_boxplot() + facet_wrap(~variable, scale="free")
```

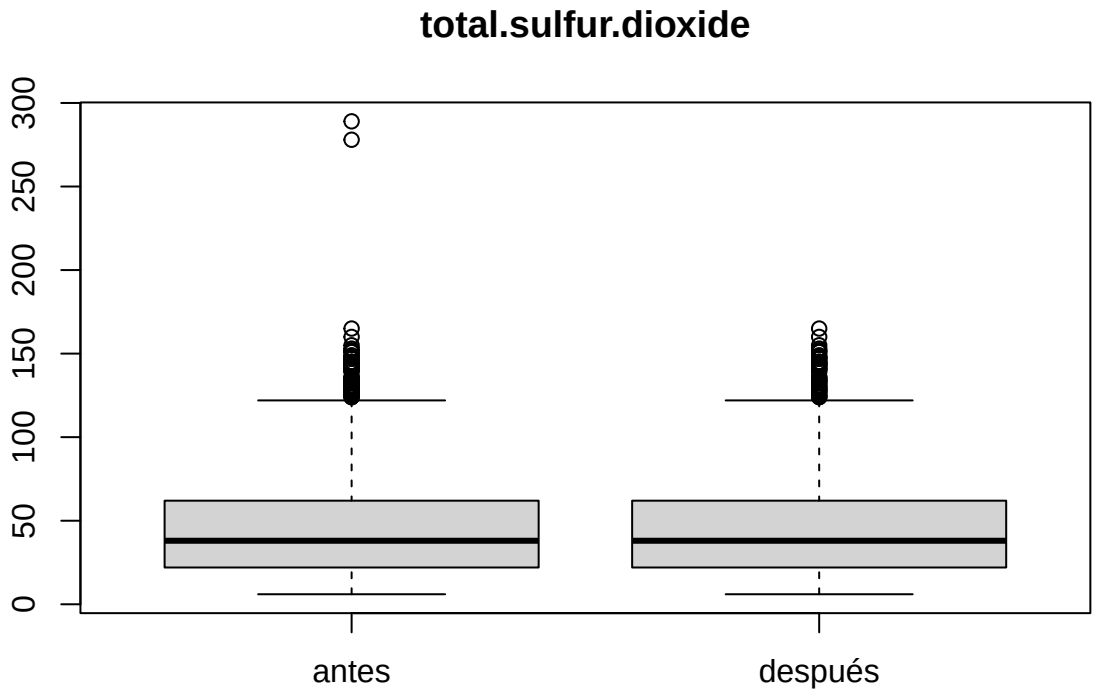


Se puede observar una gran presencia de outliers en variables como `total.sulfur.dioxide`, `chlorides` o `sulphates`. Se procederá a mirar de cerca cada uno de ellos y descartar valores que estén muy por encima de su mediana.

```
winequality.clean <- winequality
```

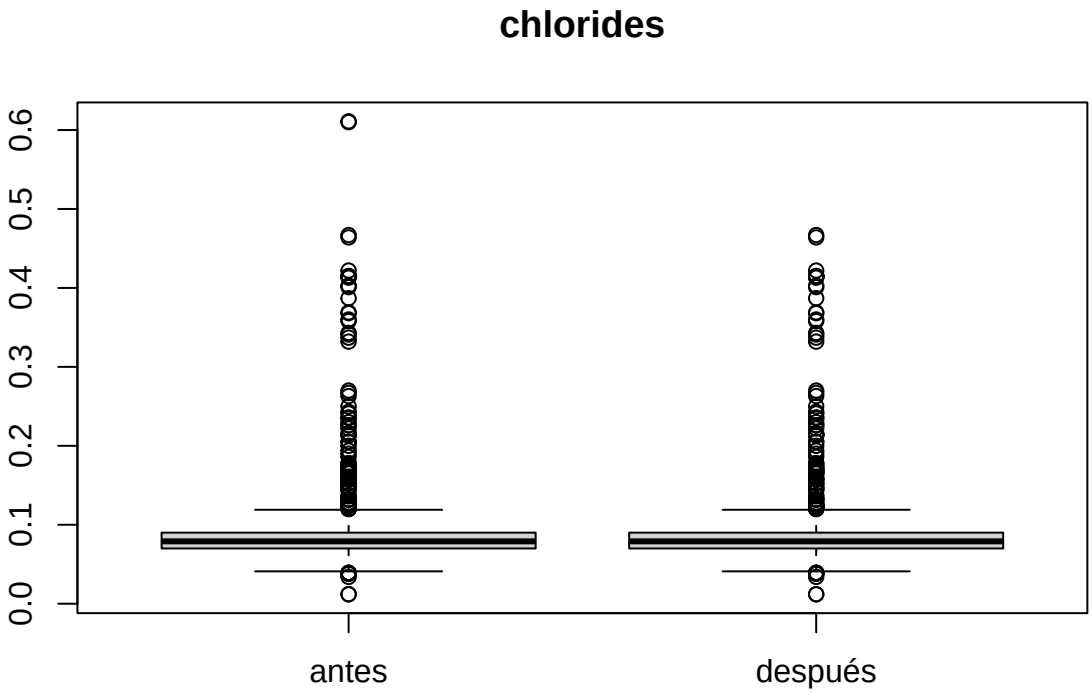
En el caso de `total.sulfur.dioxide`, podemos considerar outliers ese par de valores que sobresalen por encima de 200.

```
winequality.clean$total.sulfur.dioxide[winequality$total.sulfur.dioxide > 200] <- NA
boxplot(winequality$total.sulfur.dioxide, winequality.clean$total.sulfur.dioxide, main="total.sulfur.di
```



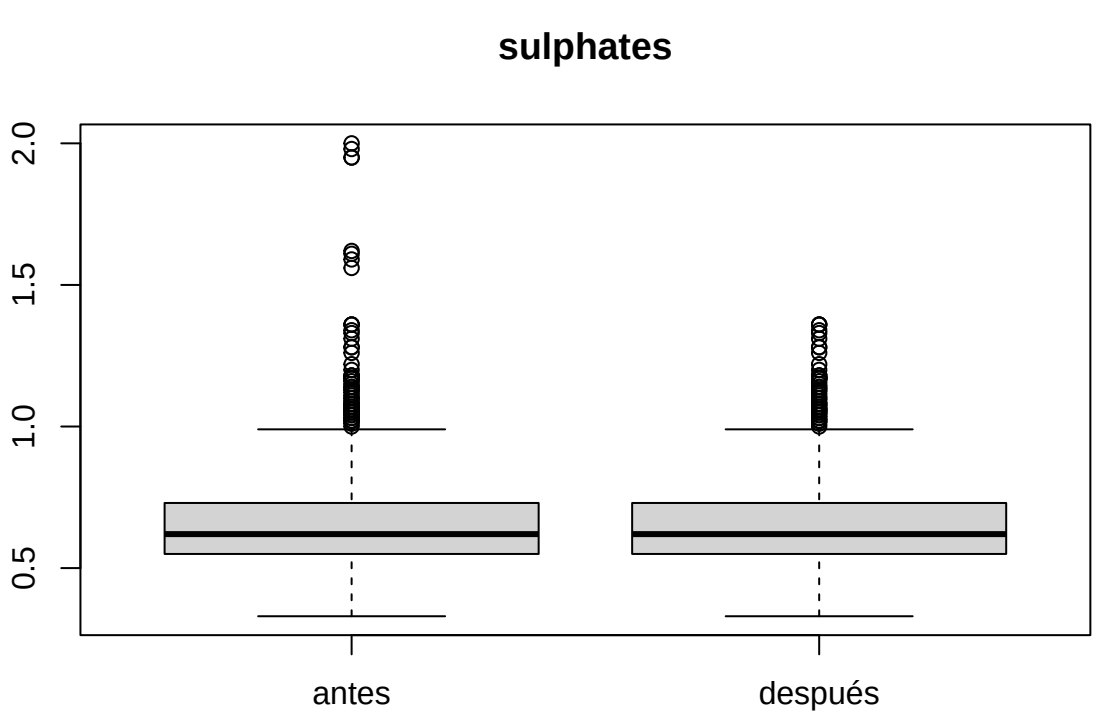
En el caso de `chlorides`, podemos considerar outliers ese valor que sobresale por encima de 0.5.

```
winequality.clean$chlorides[winequality$chlorides > 0.5] <- NA
boxplot(winequality$chlorides, winequality.clean$chlorides, main="chlorides", names = c("antes", "despu
```



En el caso de `sulphates`, podemos considerar outliers ese par de grupos de valores que sobresalen por encima de 1.5.

```
winequality.clean$sulphates[winequality$sulphates > 1.5] <- NA
boxplot(winequality$sulphates, winequality.clean$sulphates, main="sulphates", names = c("antes", "despu
```




```
library(dplyr)
library(tidyverse)

winequality.clean <- winequality.clean %>%
  drop_na() %>%
  unique()
```

Comprobamos cuanto se ha reducido el dataset después de realizar la limpieza

```
nrow(winequality.clean)/nrow(winequality) * 100
```

```
## [1] 84.36523
```

Se han descartado en torno al 16% de las observaciones del dataset original tras eliminar valores duplicados o outliers.

```
summary(winequality.clean)
```

```
##  fixed.acidity    volatile.acidity  citric.acid     residual.sugar
##  Min.   : 4.600   Min.   :0.1200   Min.   :0.0000   Min.   : 0.900
##  1st Qu.: 7.100   1st Qu.:0.3900   1st Qu.:0.0900   1st Qu.: 1.900
##  Median : 7.900   Median :0.5200   Median :0.2600   Median : 2.200
##  Mean   : 8.312   Mean   :0.5299   Mean   :0.2706   Mean   : 2.517
##  3rd Qu.: 9.200   3rd Qu.:0.6400   3rd Qu.:0.4300   3rd Qu.: 2.600
##  Max.   :15.900   Max.   :1.5800   Max.   :0.7900   Max.   :15.500
##    chlorides       free.sulfur.dioxide total.sulfur.dioxide    density
##  Min.   :0.01200   Min.   : 1.00       Min.   :  6.00       Min.   :0.9901
##  1st Qu.:0.07000   1st Qu.: 7.00       1st Qu.: 22.00       1st Qu.:0.9956
```

```
##  Median :0.07900   Median :14.00       Median : 38.00       Median :0.9967
##  Mean   :0.08699   Mean   :15.83       Mean   : 46.25       Mean   :0.9967
##  3rd Qu.:0.09000   3rd Qu.:21.00       3rd Qu.: 62.00       3rd Qu.:0.9978
##  Max.   :0.46700   Max.   :72.00       Max.   :165.00       Max.   :1.0037
##        pH          sulphates         alcohol         quality
##  Min.   :2.860   Min.   :0.3300   Min.   : 8.40   Min.   :3.000
##  1st Qu.:3.210   1st Qu.:0.5500   1st Qu.: 9.50   1st Qu.:5.000
##  Median :3.310   Median :0.6200   Median :10.20   Median :6.000
##  Mean   :3.312   Mean   :0.6528   Mean   :10.44   Mean   :5.624
##  3rd Qu.:3.400   3rd Qu.:0.7200   3rd Qu.:11.10   3rd Qu.:6.000
##  Max.   :4.010   Max.   :1.3600   Max.   :14.90   Max.   :8.000
```

4 Análisis de los datos

4.1 Selección de los grupos de datos que se quieren analizar/comparar.

Por ejemplo, si se van a comparar grupos de datos, ¿cuáles son estos grupos y qué tipo de análisis se van a aplicar?.

Para nuestro análisis, vamos a crear una nueva variable binaria basándonos en la variable `quality`. Esta variable determinará si se trata de un buen vino (bajo el criterio de una nota de corte mayor o igual a 6) o de un vino mediocre.

```
winequality.clean$buen.vino <- ifelse(winequality.clean$quality >= 6, TRUE, FALSE)
```

Como en este punto aún no tenemos claro que variables vamos a analizar (dependerá de análisis posteriores como la correlación), no vamos a realizar ninguna selección de momento.

4.2 Comprobación de la normalidad y homogeneidad de la varianza.

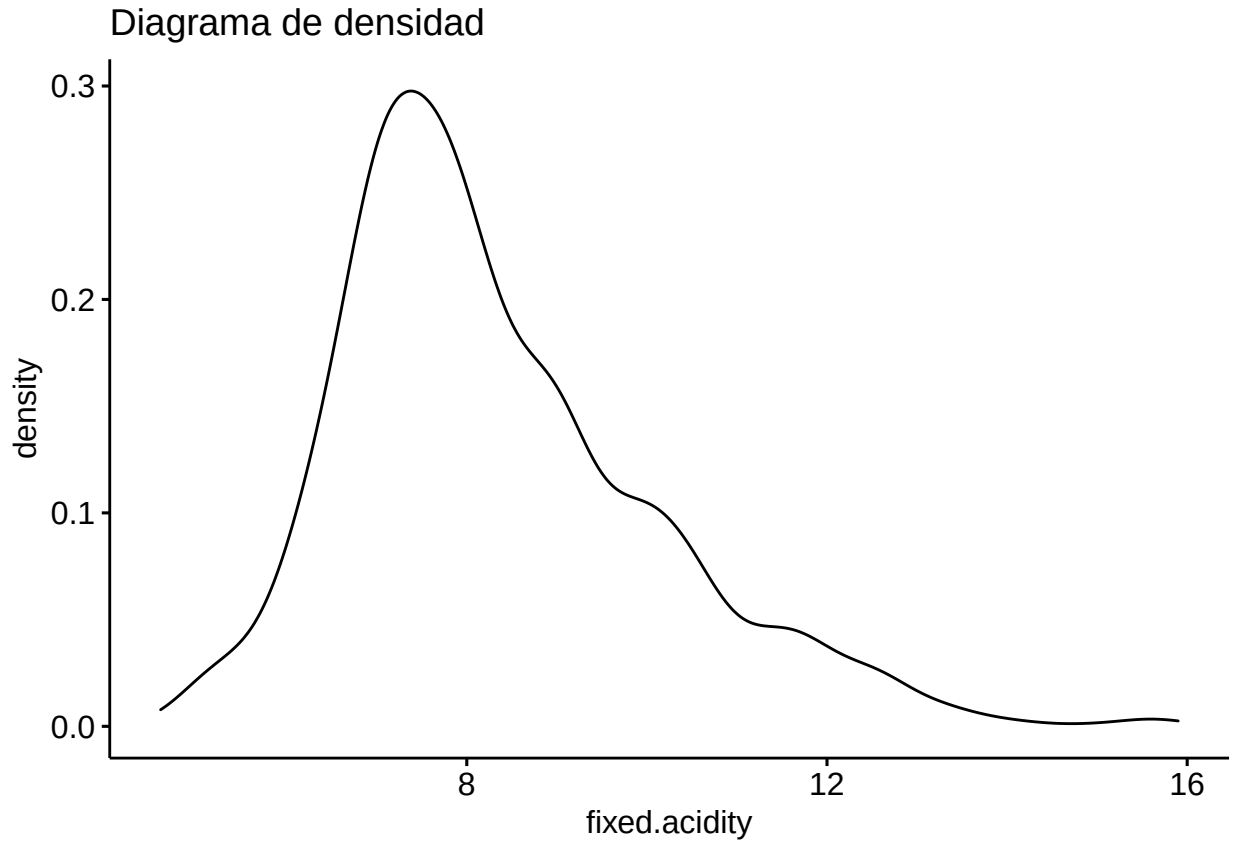
Si consideramos la aplicación del teorema del límite central (TLC), podemos concluir que para muestras suficientemente grandes de la población, aunque la población original no siga una distribución normal, la media se aproxima a una distribución normal. Esto será útil por si queremos hacer algún contraste de medias en nuestro análisis.

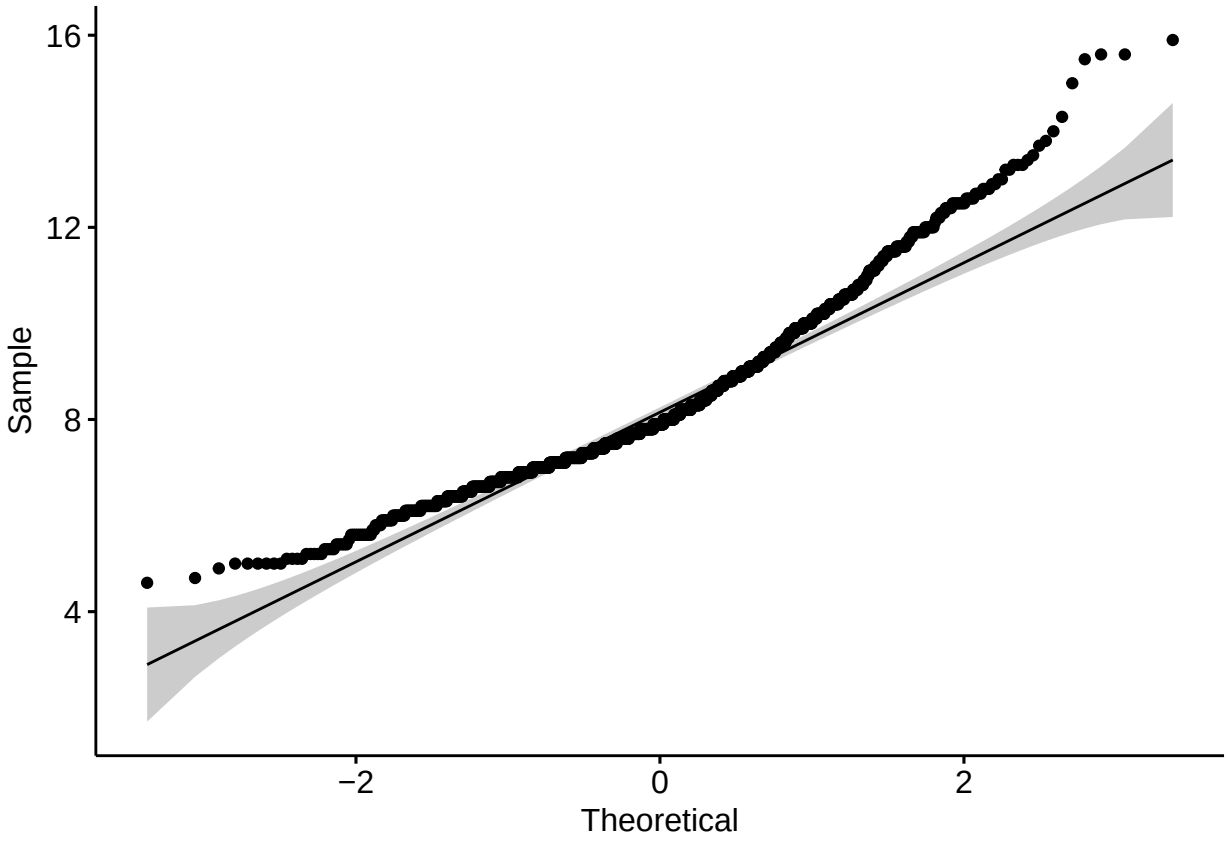
Sin embargo, se ha diseñado la siguiente función, que para un dataframe dado, realiza tanto un diagrama de densidad como Q-Q, además de el test de Saphiro-Wilk para una submuestra aleatoria de 50 elementos de cada variable.

```
library(ggpubr)

test.normalidad <- function(dataframe, NC){
  alpha <- 1 - NC

  for(var in colnames(dataframe)) {
    if(is.numeric(dataframe[, var])) {

      # Diagrama de densidad
      print(ggdensity(dataframe[, var],
            main = "Diagrama de densidad",
            xlab = var))

      # Diagrama Q-Q
      print(ggqqplot(dataframe[, var]))

      # Test de Saphiro-Wilk
```

```
      set.seed(1)
      pvalue <- shapiro.test(sample(dataframe[, var], 50))$p.value

      if(pvalue > alpha){
        print(sprintf("Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (%s) es mayor a alfa (%s) no se re
      }
      else{
        print(sprintf("Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (%s) es menor a alfa (%s) se recha
      }
    }
    else{
      message(sprintf("%s - no es numérica.", var))
    }
  }
}
```

```
test.normalidad(dataframe = winequality.clean, NC = 0.95)
```






```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0.0038) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hip
```

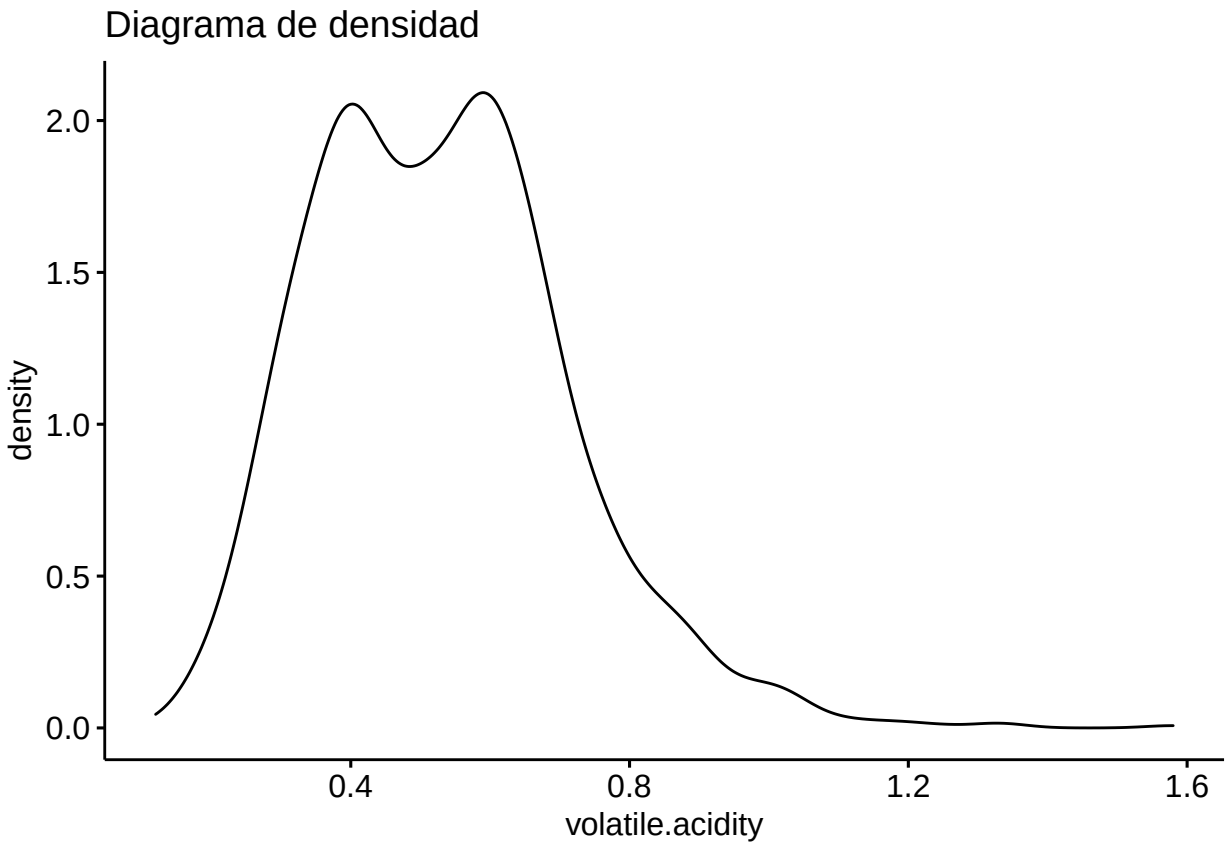
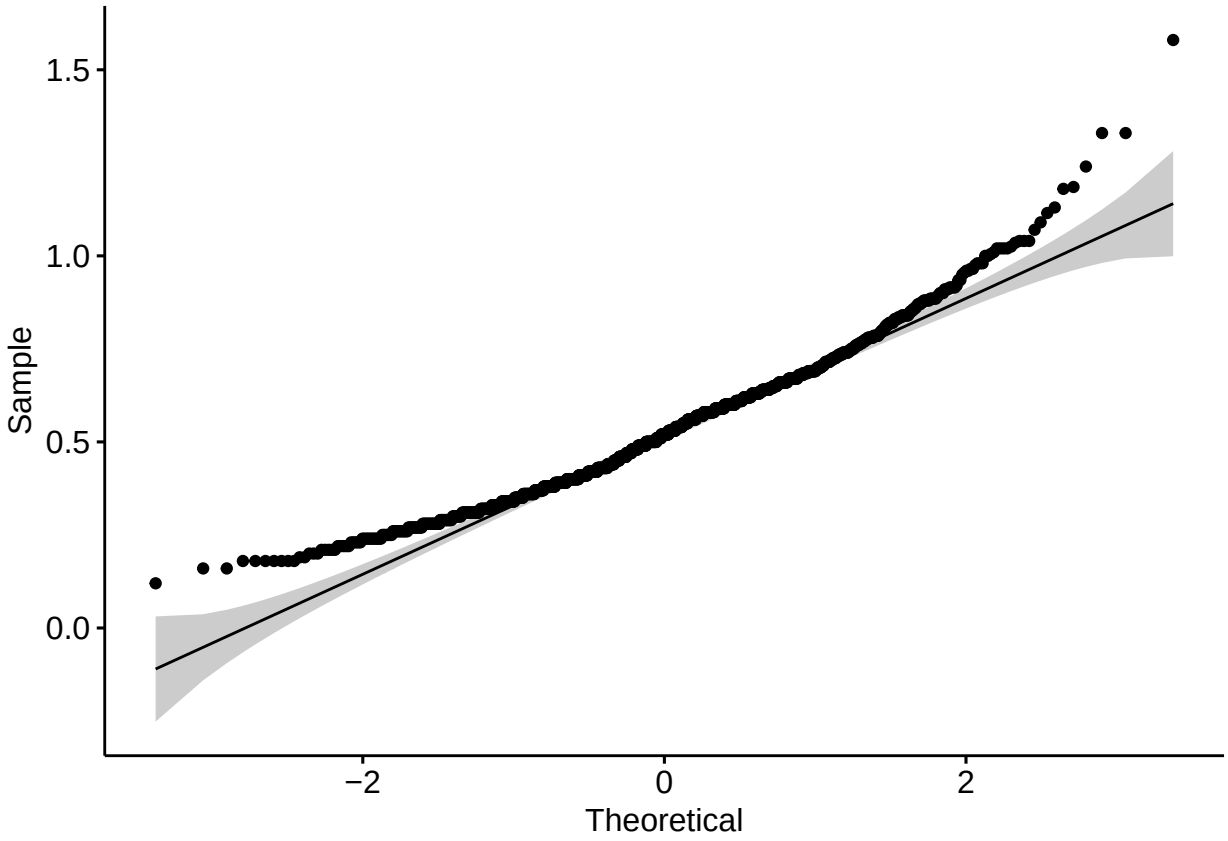


Diagrama de densidad
density
2.0
1.5
1.0
0.5
0.0
0.4
0.8
1.2
1.6
volatile.acidity




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0.2425) es mayor a alfa (0.05) no se rechaza la h
```

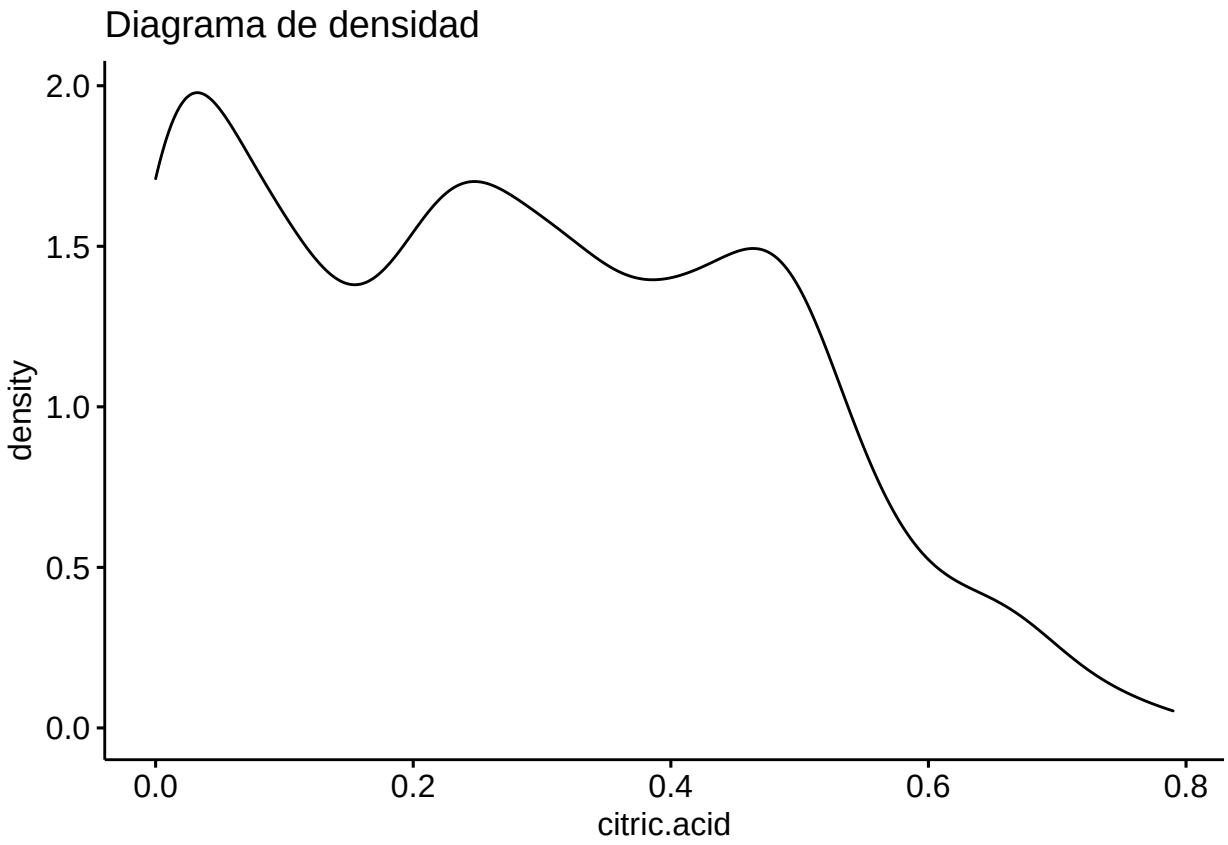
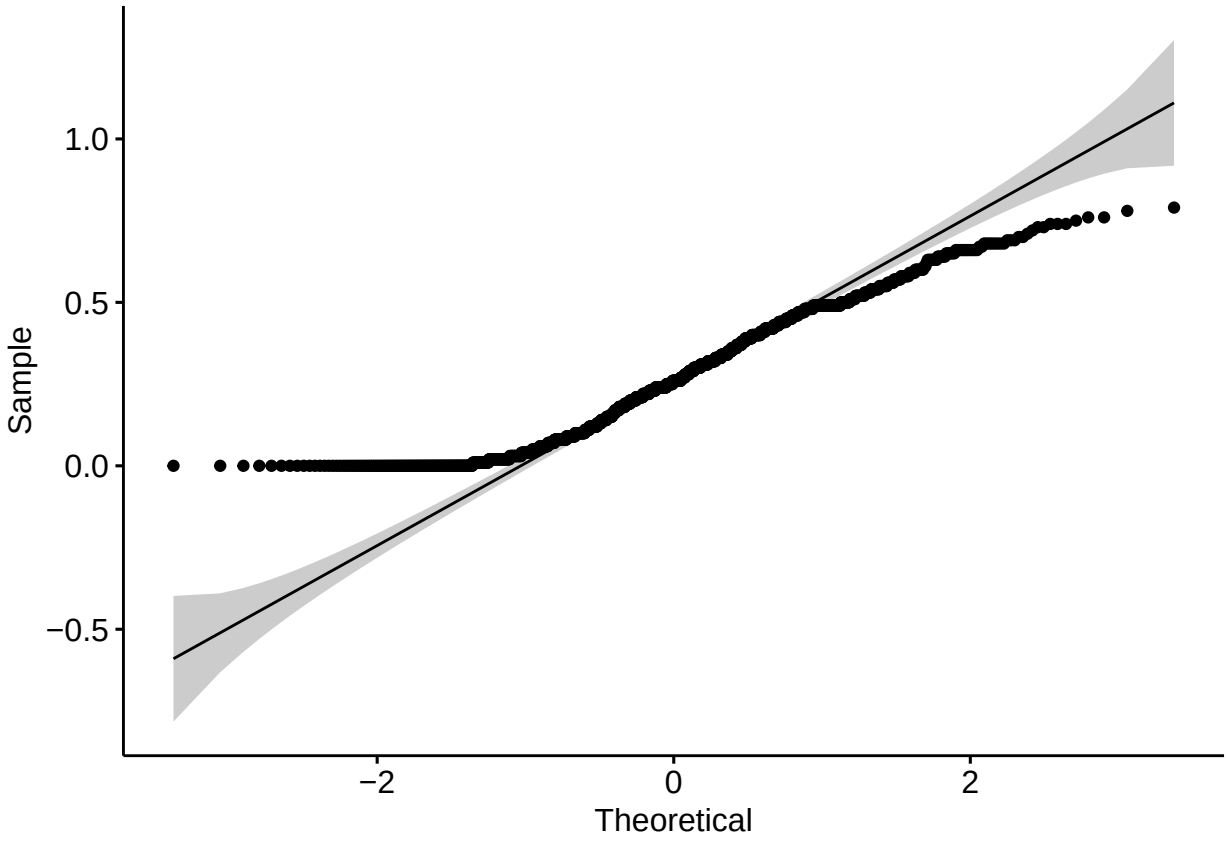


Diagrama de densidad
2.0
1.5
1.0
0.5
0.0
density
0.0
0.2
0.4
0.6
0.8
citric.acid




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0.0058) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hip
```

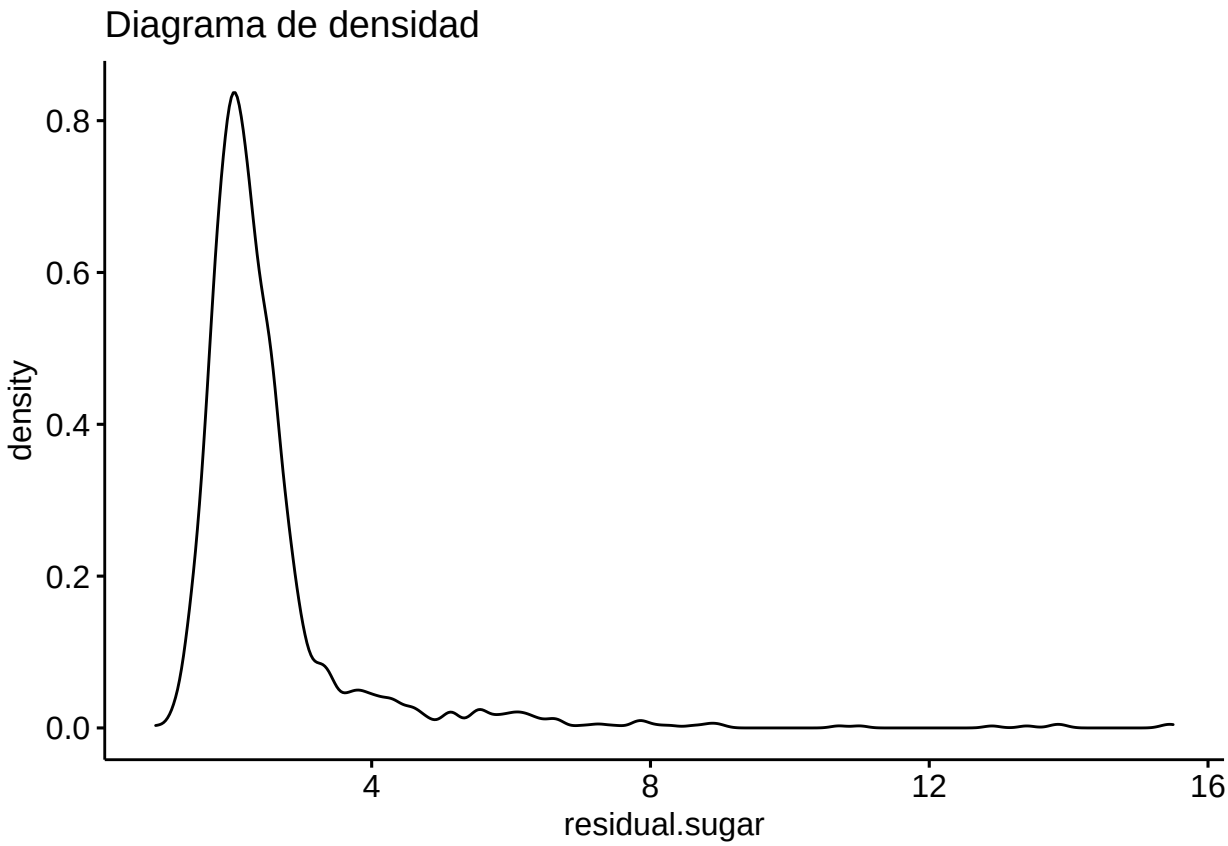
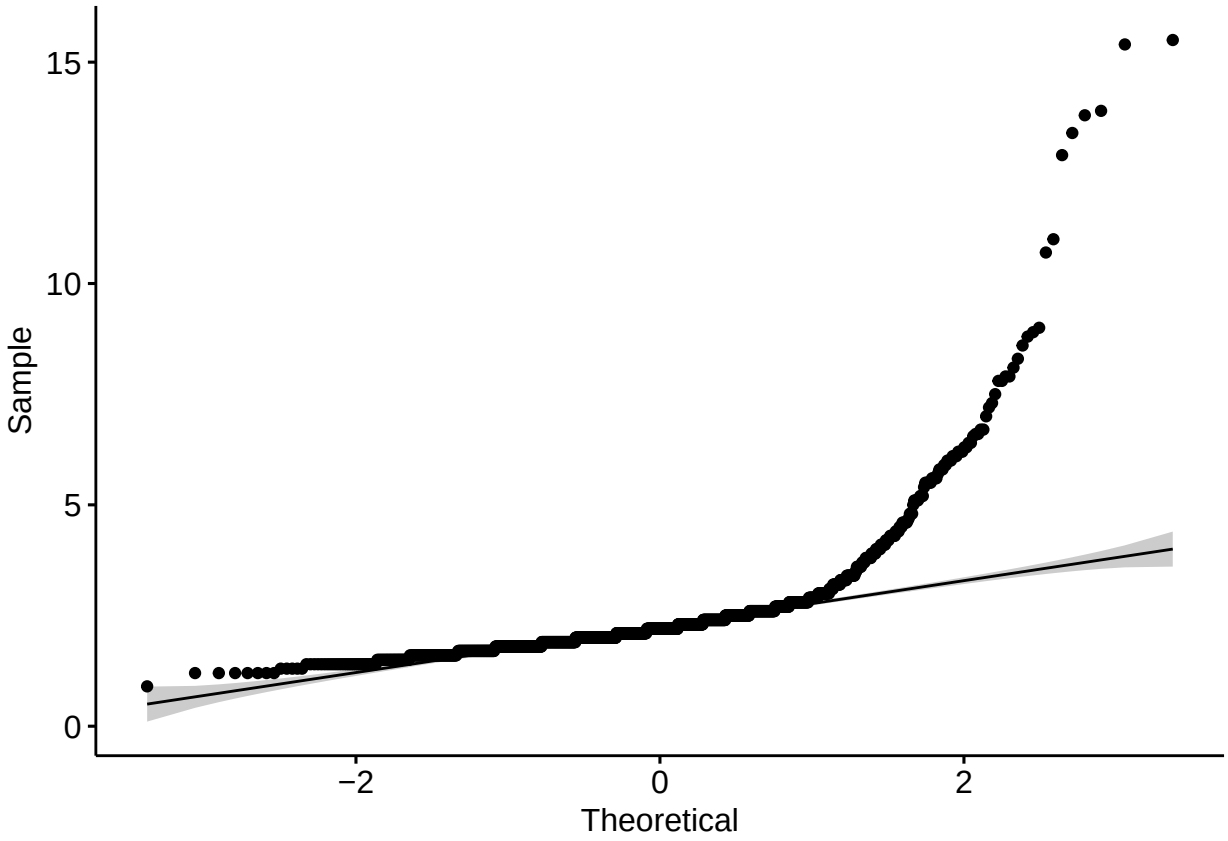


Diagrama de densidad
density
0.0
0.2
0.4
0.6
0.8
4
8
12
16
residual.sugar




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hipótesis
```

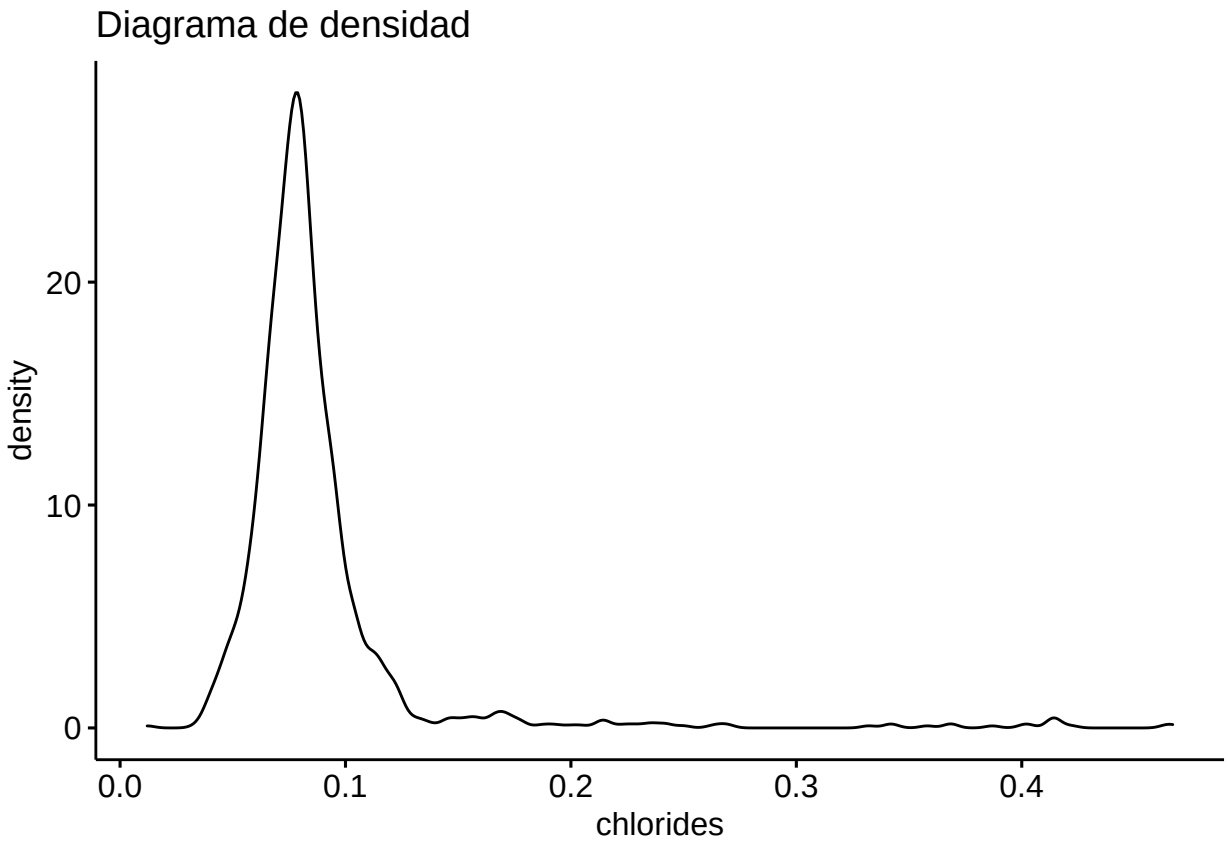
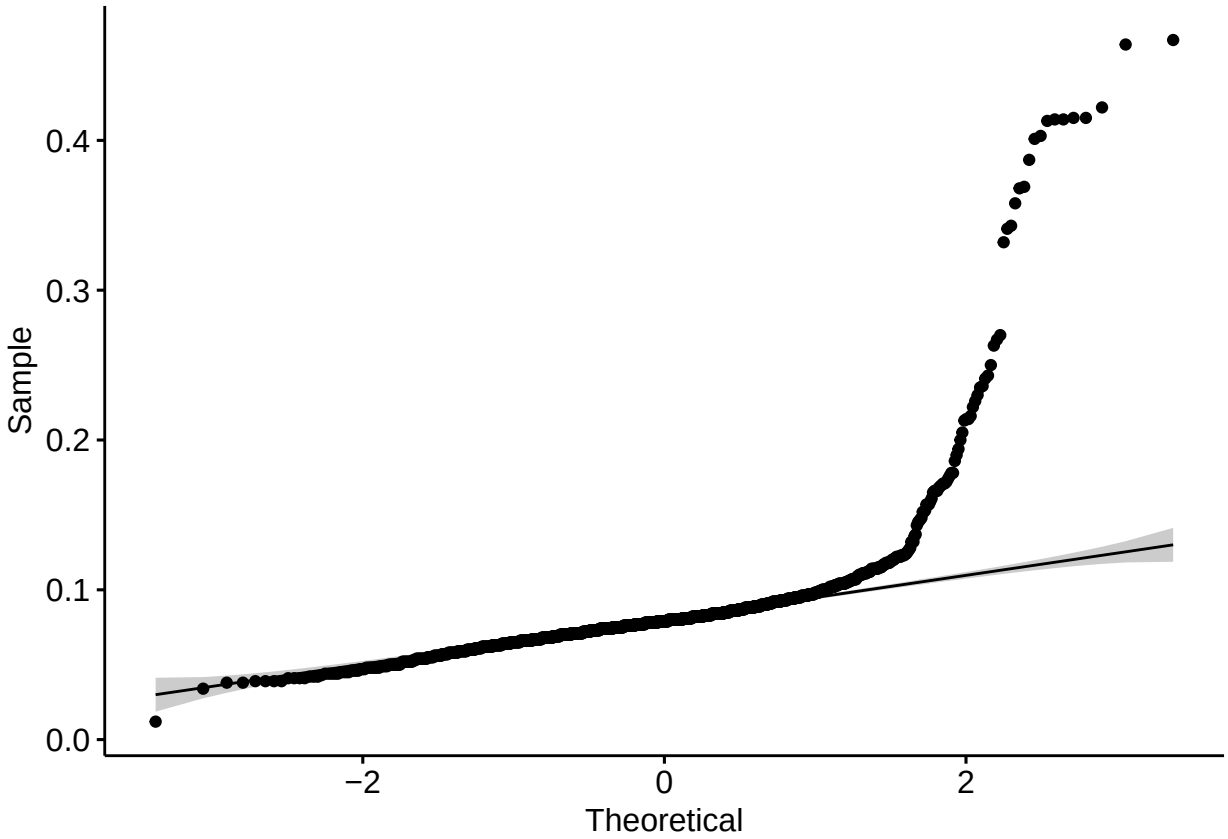


Diagrama de densidad
density
20
10
0
0.0
0.1
0.2
0.3
0.4
chlorides




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hipótesis
```

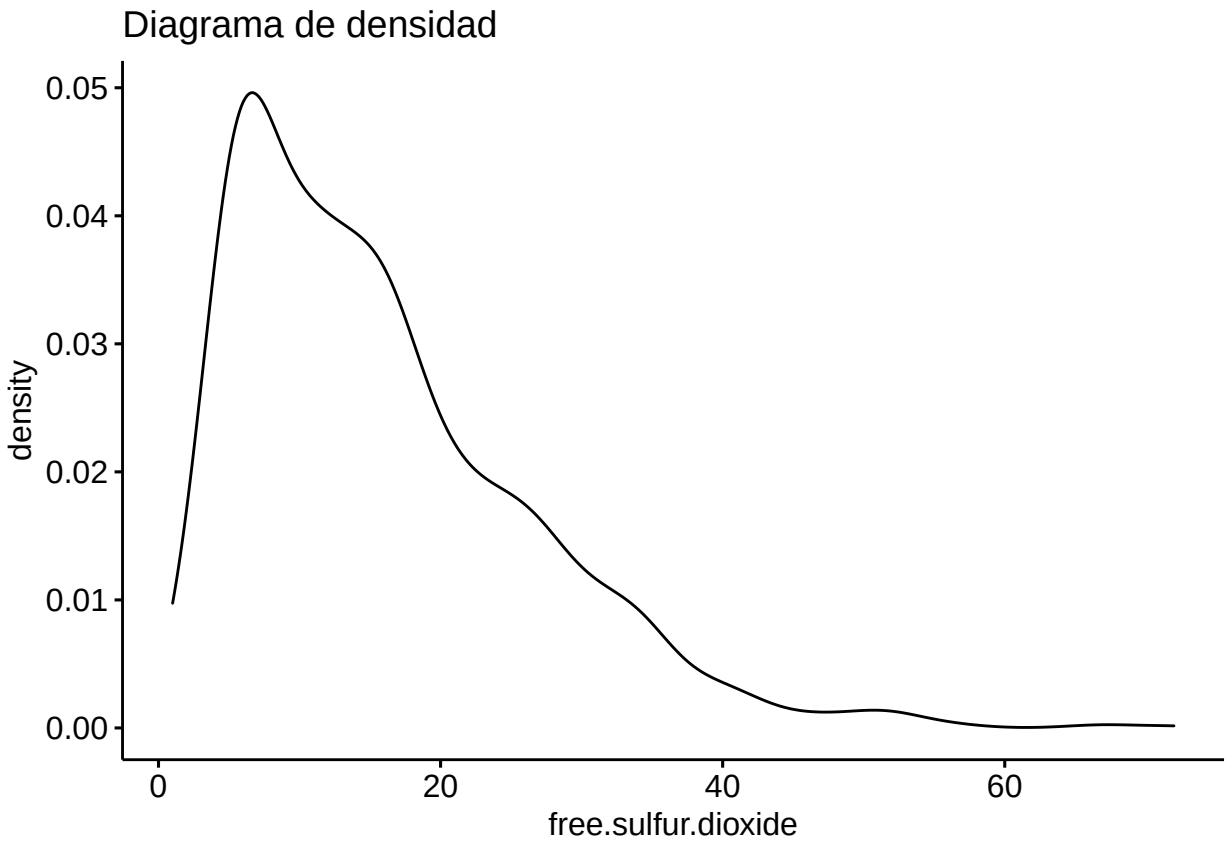
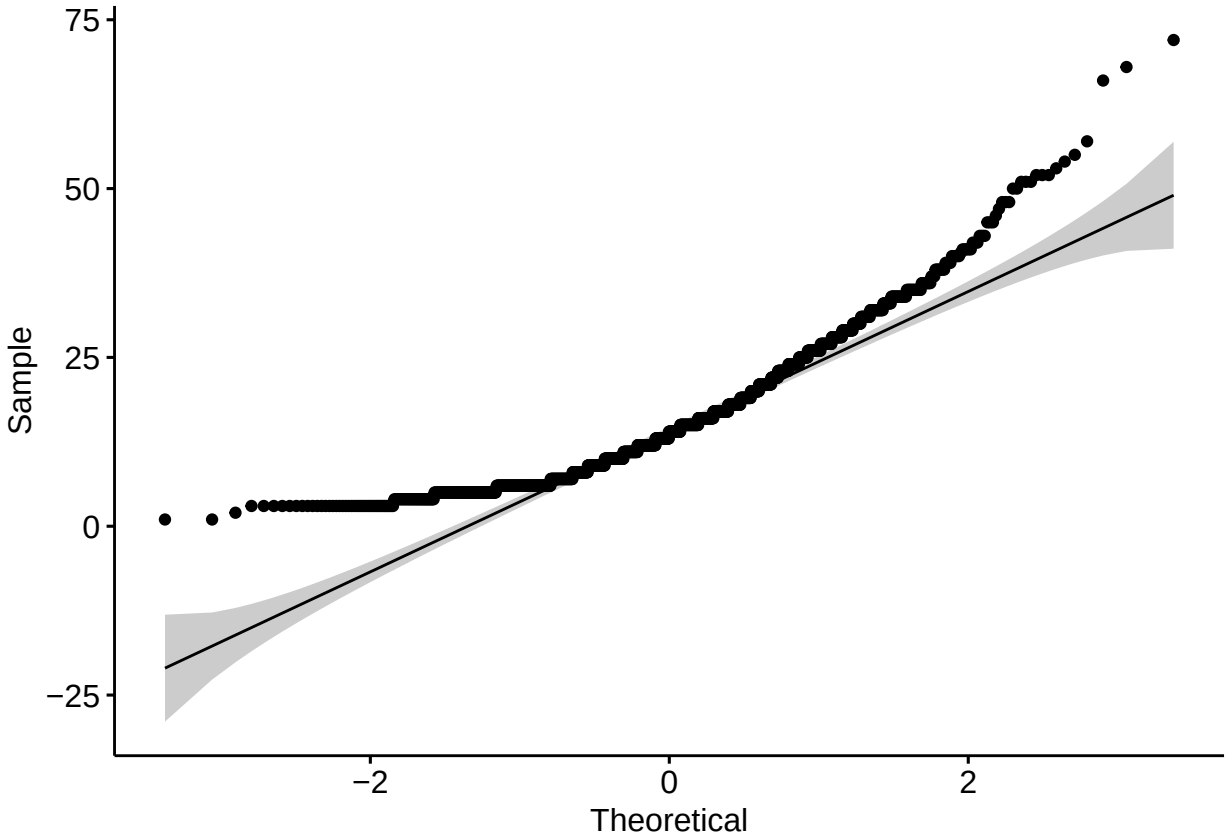


Diagrama de densidad
0.05
0.04
0.03
0.02
0.01
0.00
density
0
20
40
60
free.sulfur.dioxide




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0.0019) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hip
```

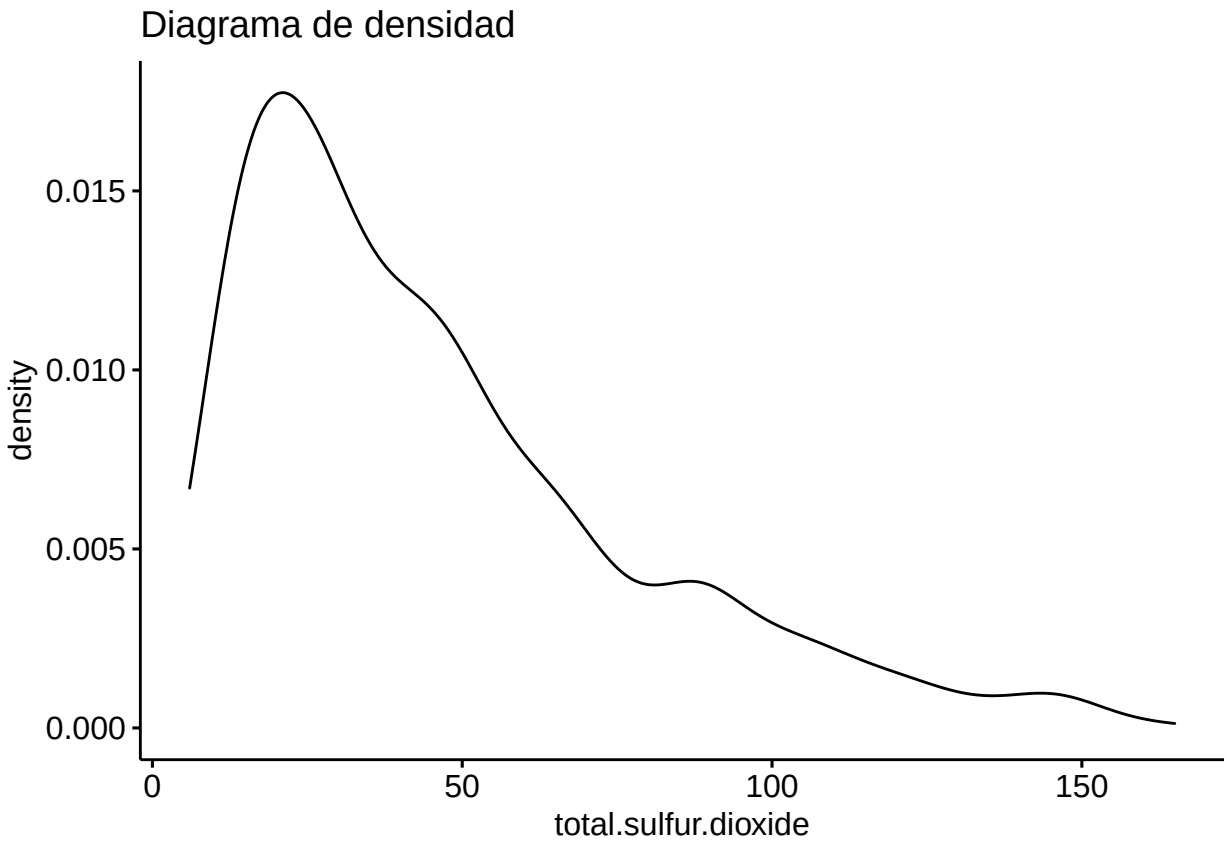
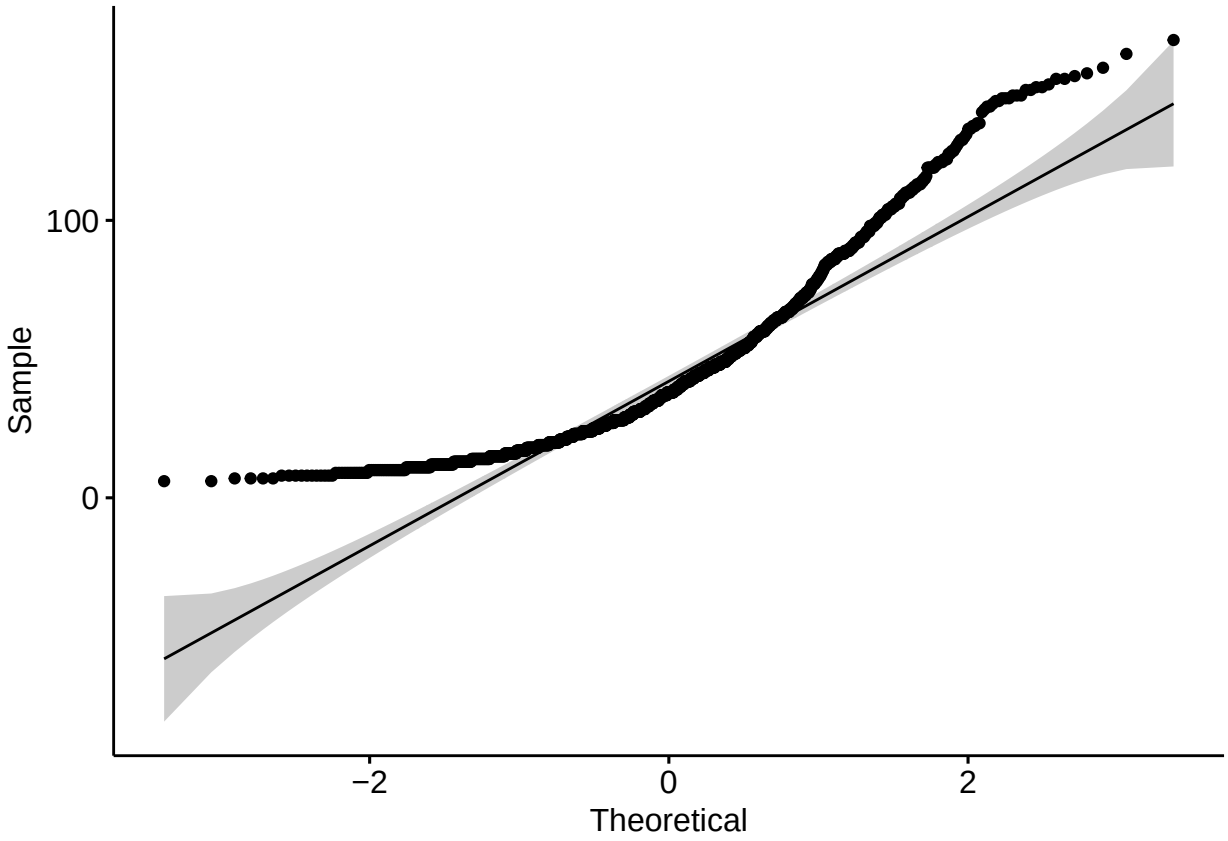


Diagrama de densidad
density
0.015
0.010
0.005
0.000
0
50
100
150
total.sulfur.dioxide




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hipótesis
```

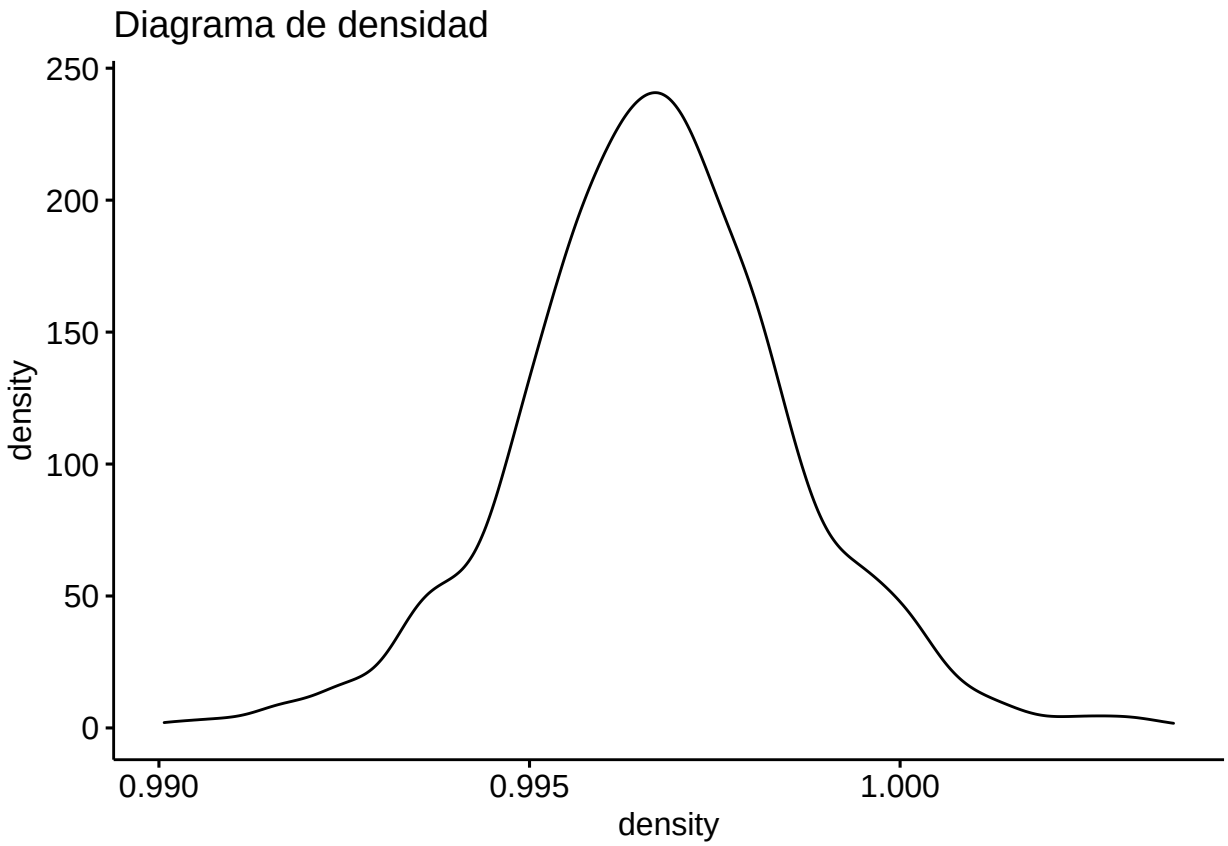
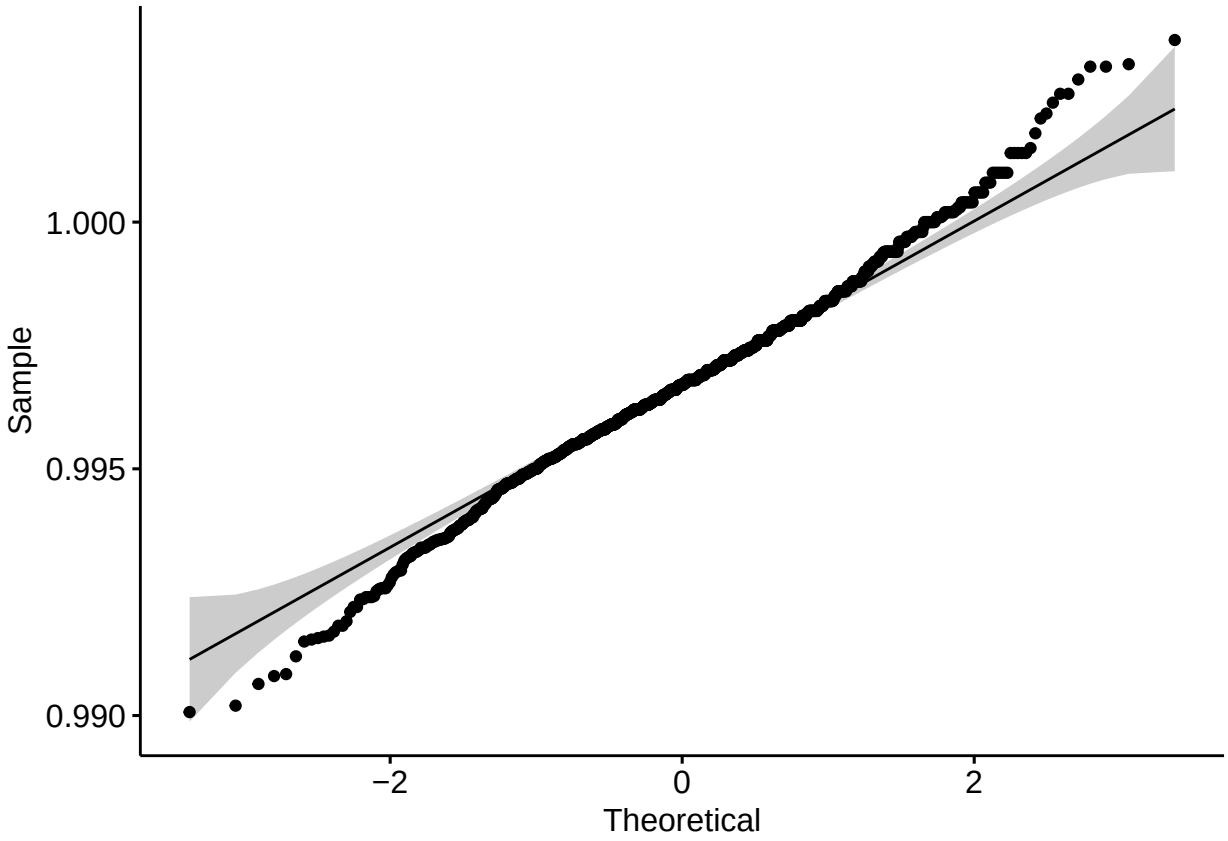


Diagrama de densidad
250
200
150
100
50
0
density
0.990
0.995
1.000
density




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0.7618) es mayor a alfa (0.05) no se rechaza la h
```

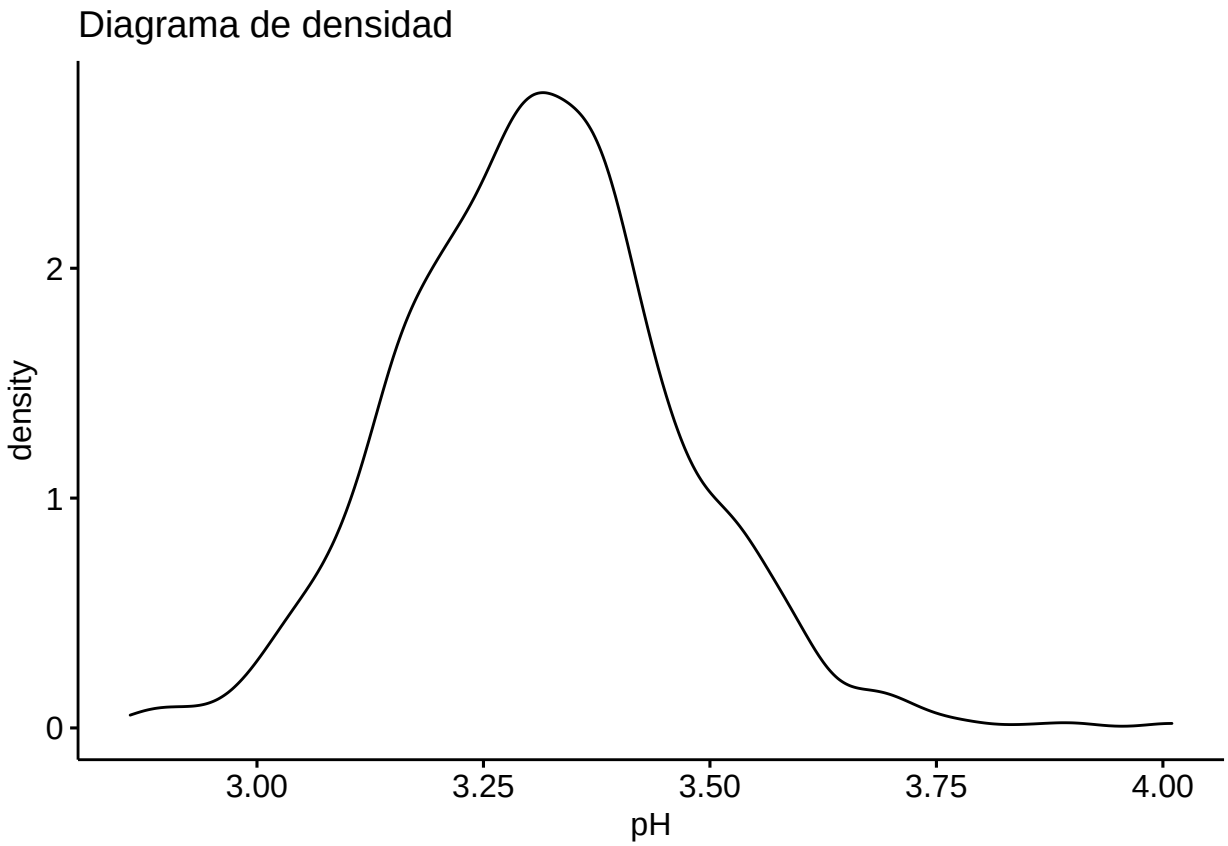
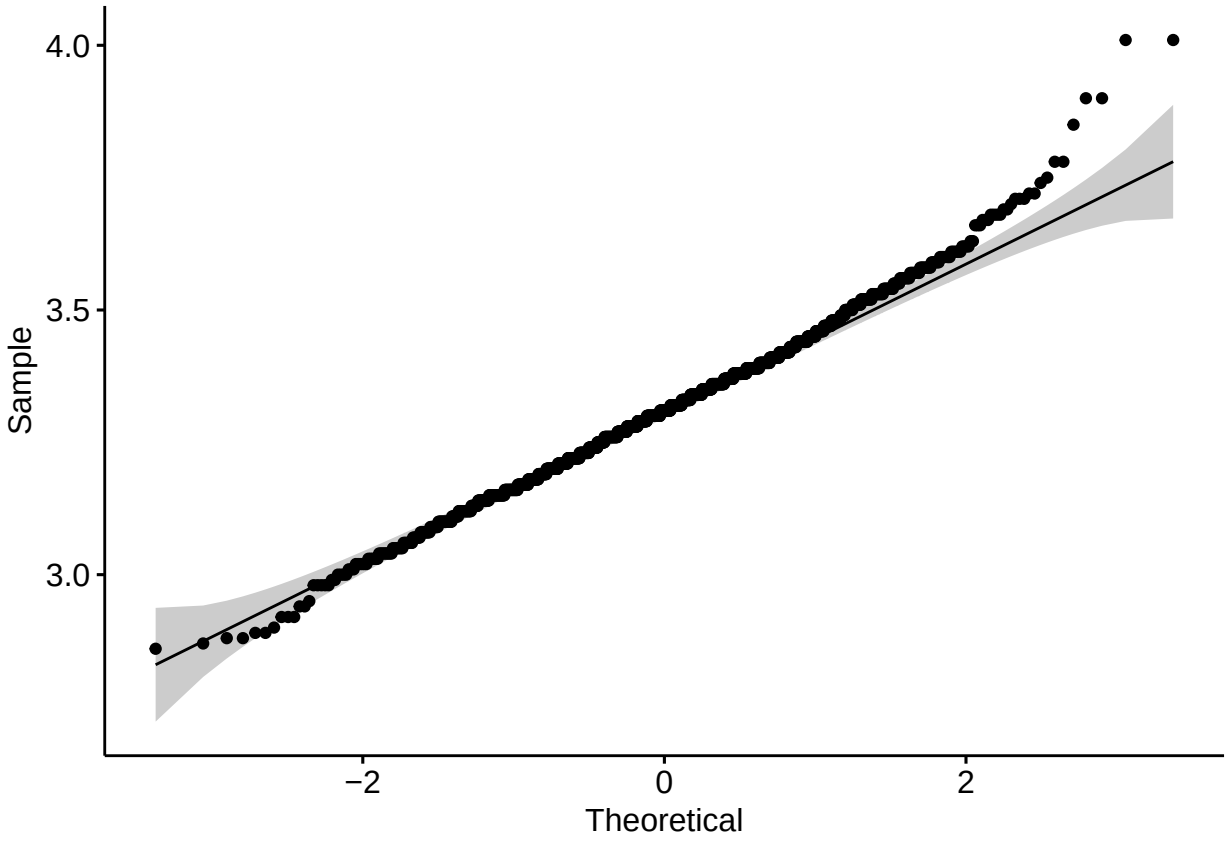


Diagrama de densidad
density
2
1
0
3.00
3.25
3.50
3.75
4.00
pH




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0.7853) es mayor a alfa (0.05) no se rechaza la h
```

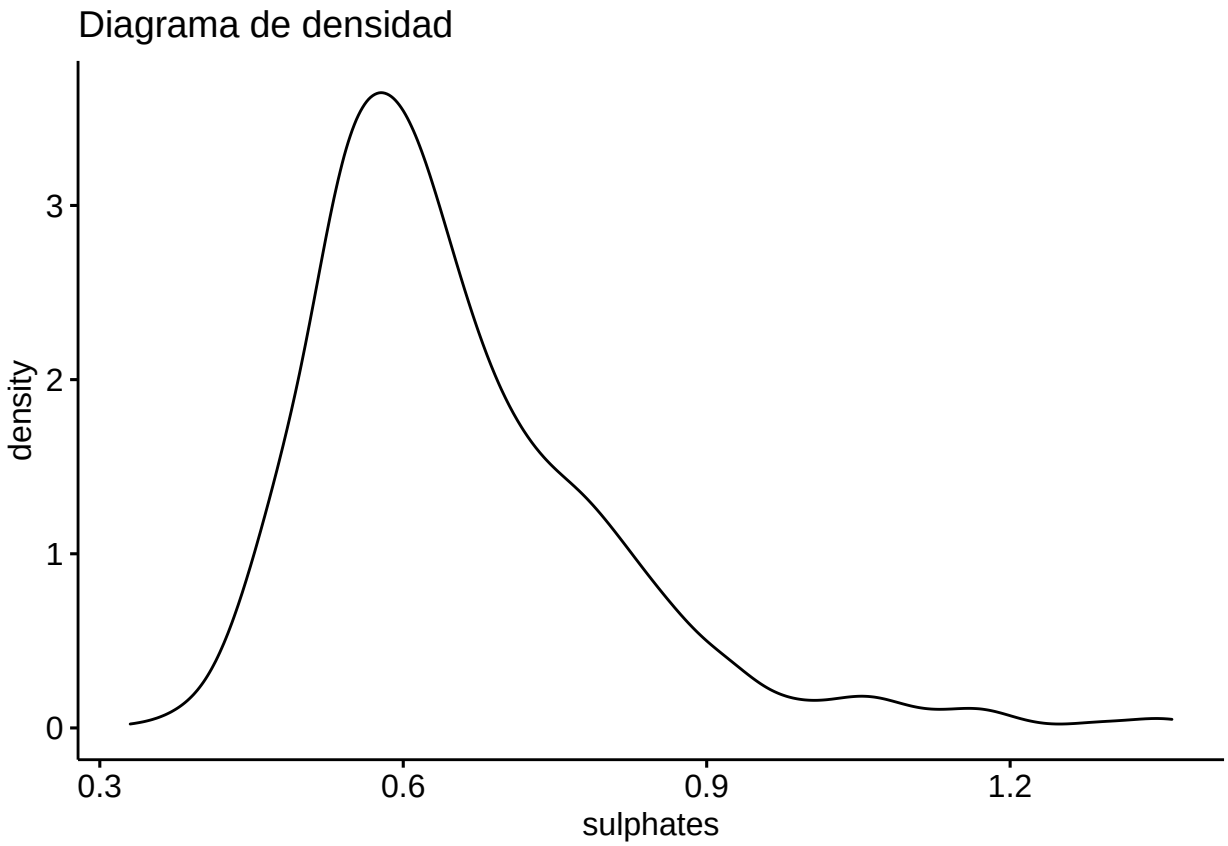
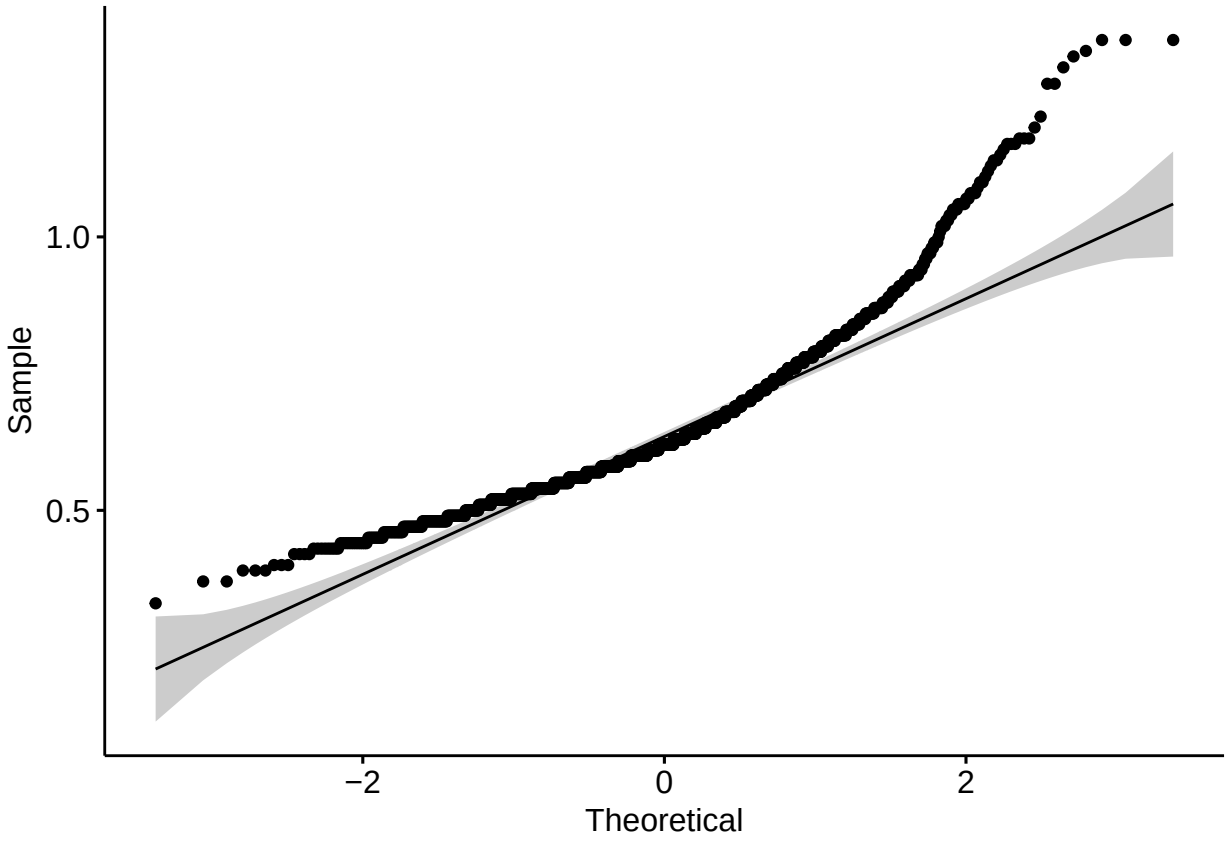


Diagrama de densidad
density
3
2
1
0
0.3
0.6
0.9
1.2
sulphates




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (1e-04) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hipó
```

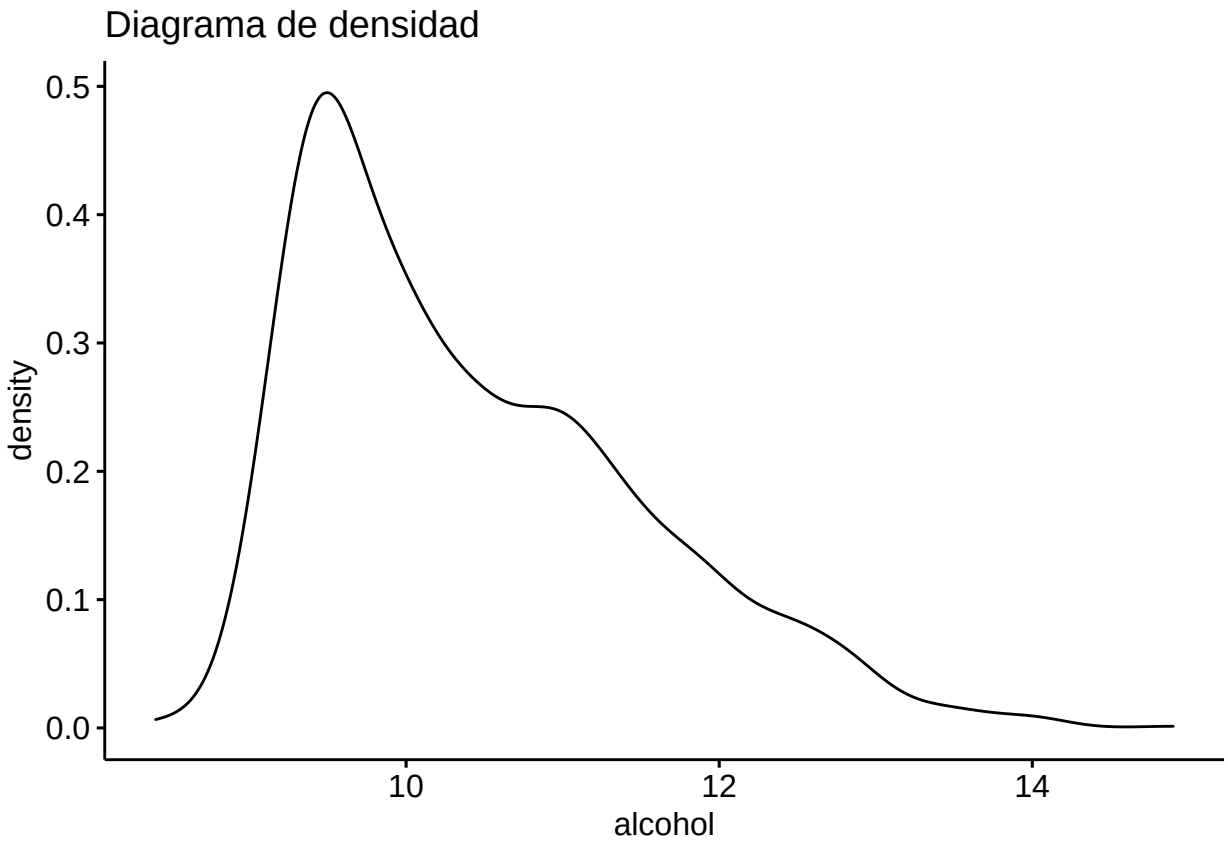
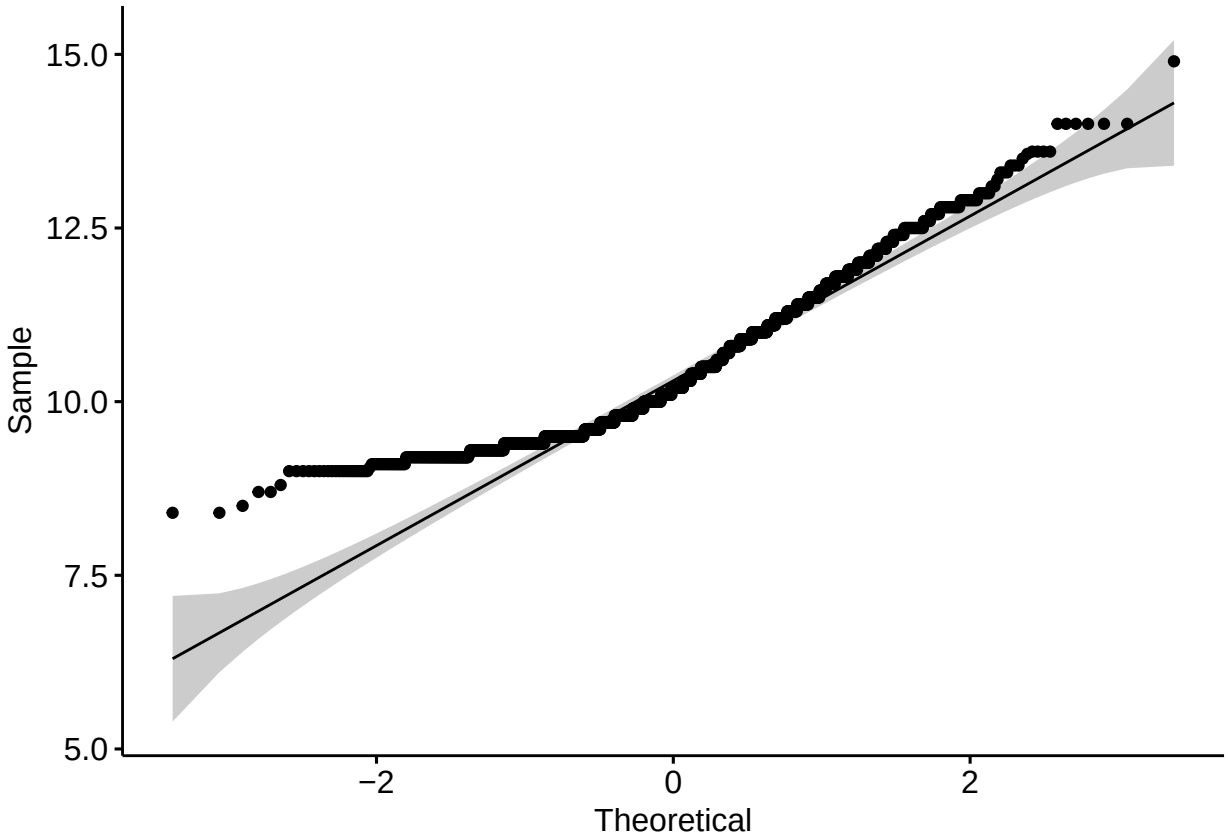
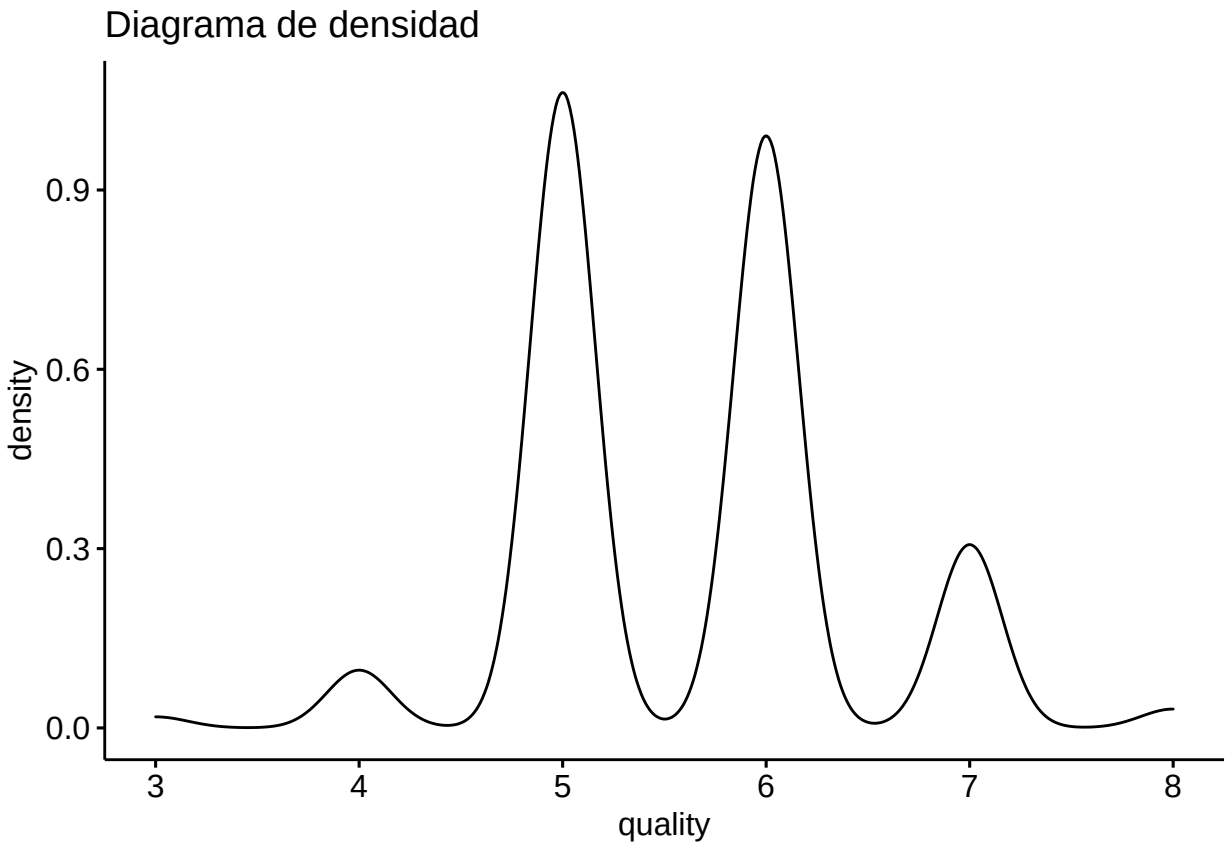


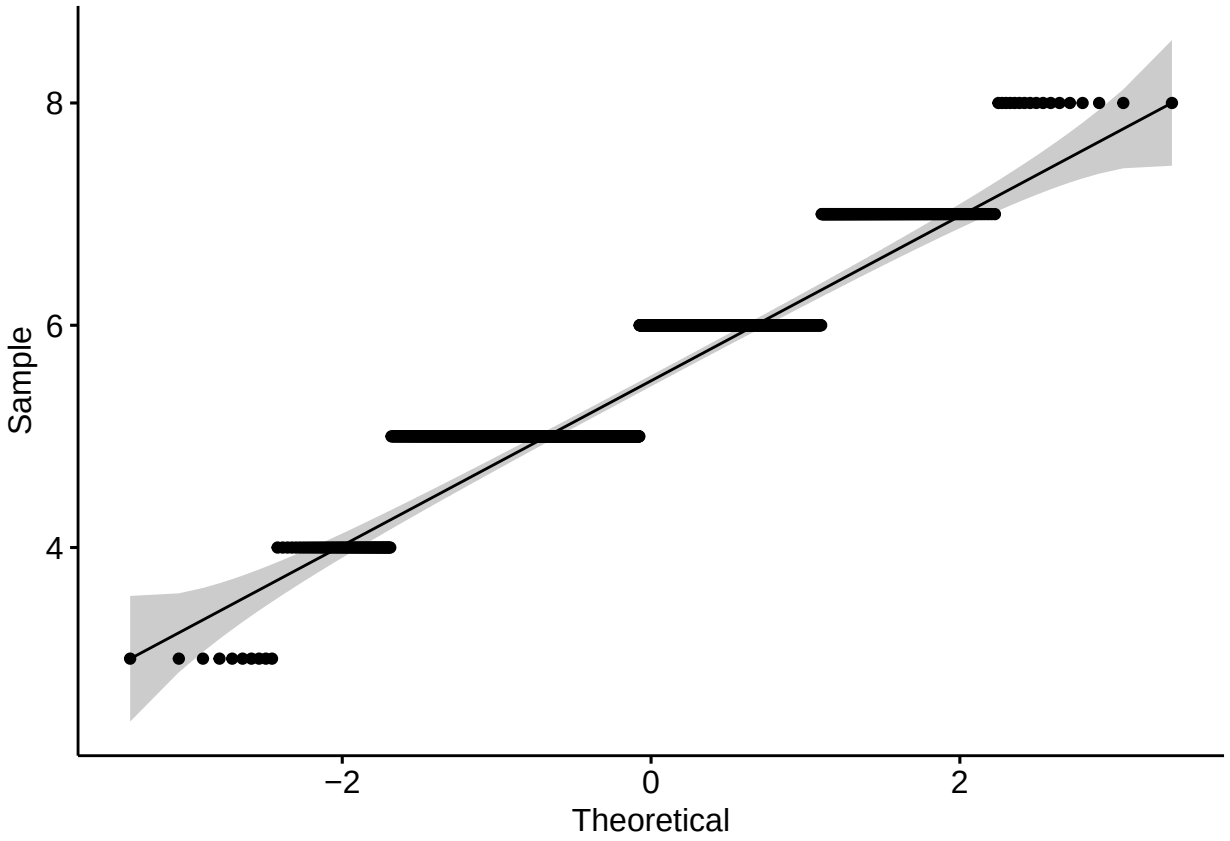
Diagrama de densidad
0.5
0.4
0.3
0.2
0.1
0.0
density
10
12
14
alcohol




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0.07) es mayor a alfa (0.05) no se rechaza la hi
```




```
## [1] "Según el test de Saphiro-Wilk como el valor p (0) es menor a alfa (0.05) se rechaza la hipótesis
## buen.vino - no es numérica.
```



El cálculo de homogeneidad de varianzas se realizará en el apartado correspondiente al análisis de contraste de hipótesis.

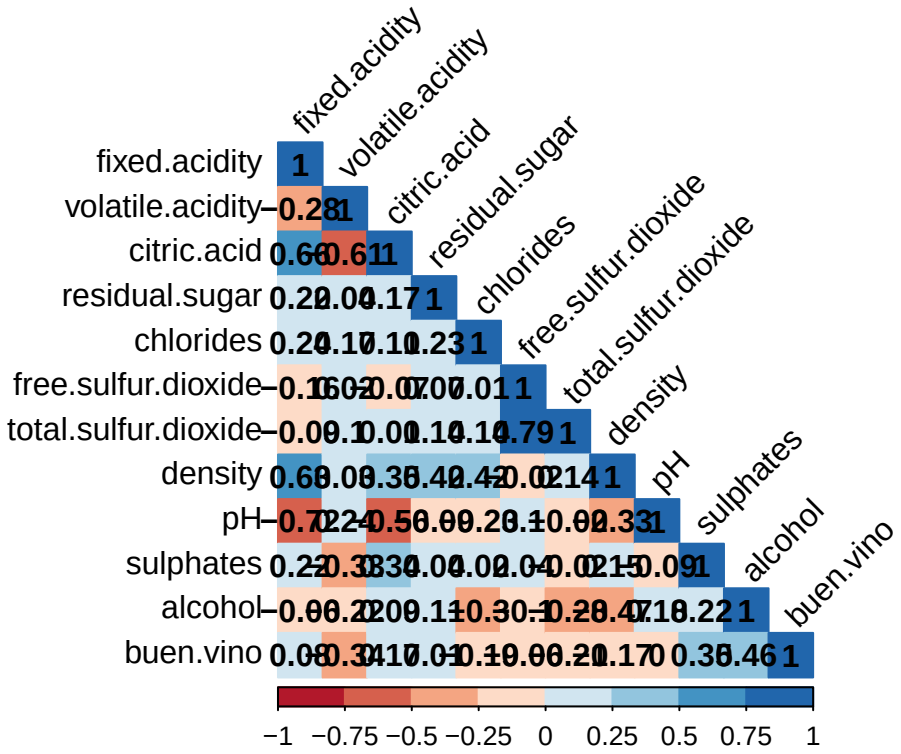
4.3 Aplicación de pruebas estadísticas para comparar los grupos de datos.

En función de los datos y el objetivo del estudio, aplicar pruebas de contraste de hipótesis, correlaciones, regresiones, etc. Aplicar al menos tres métodos de análisis diferentes.

4.3.1 ¿Qué componentes fisioquimicos influyen en la calidad del vino?

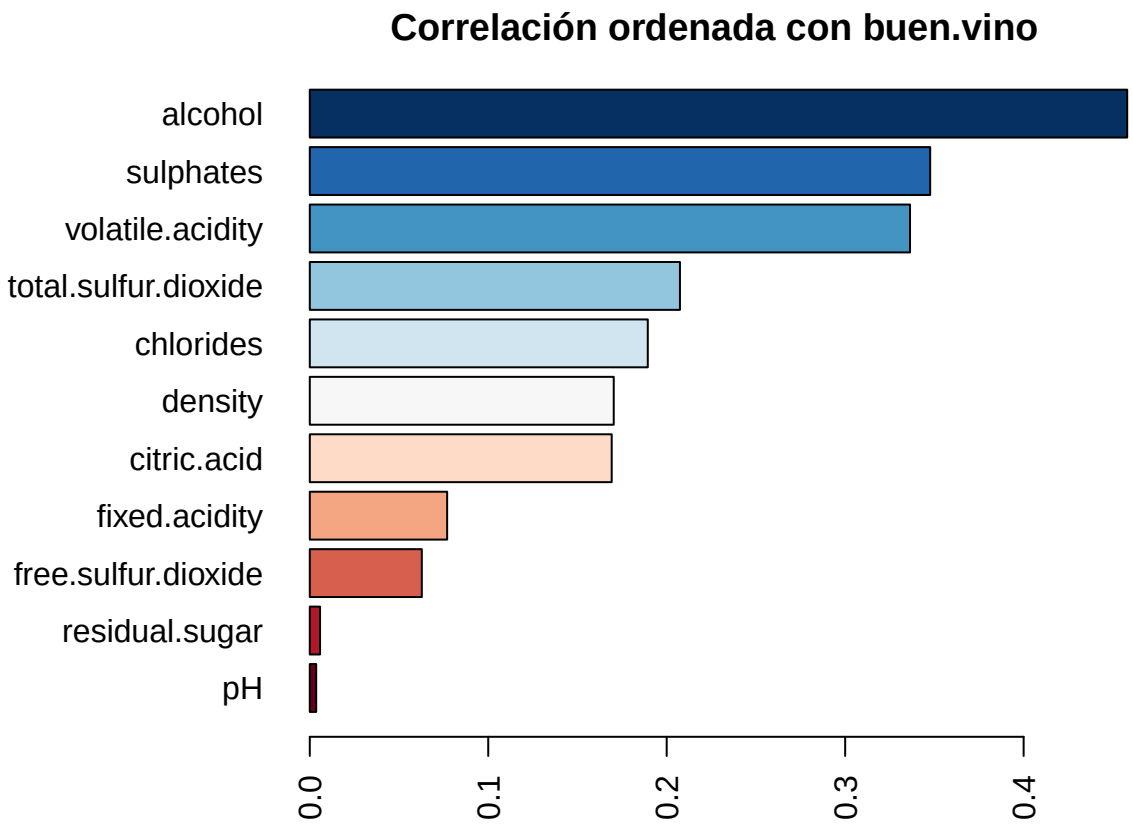
Para responder a la primera pregunta de nuestro análisis, vamos a hacer uso de la correlación por el método de Spearman

```
library(corrplot)
library(RColorBrewer)

corrplot(cor(winequality.clean[,-12], method = "spearman"),
         title = "Matriz de correlación de winequality", mar = c(0,0,1,0),
         method = "color", addCoef.col = "black",
         tl.srt = 45, tl.col = "black",
         col = brewer.pal(n = 8, name = "RdBu"),
         type = "lower")
```



Como el objetivo de este análisis es obtener los elementos que más influyen en la calidad de un vino, vamos a extraer el vector de correlación de la variable `buen.vino` y vamos a representar gráficamente de forma ordenada sus valores absolutos.

```
corr.buen.vino <- cor(winequality.clean[,-12], method = "spearman")[,"buen.vino"][1:11]
par(mar = c(3, 9, 2, 2))
barplot(sort(abs(corr.buen.vino)),
        main = "Correlación ordenada con buen.vino",
        horiz = TRUE,
        las = 2,
        col = brewer.pal(n = 11, name = "RdBu")
        )
```



De esta forma podemos ver claramente que los tres elementos que más influyen en la calidad del vino son el `alcohol`, `sulphates` y `volatile.acidity`.

4.3.2 ¿Es la media de alcohol de un buen vino μ_1 superior a la media de alcohol de un vino mediocre μ_2?

Deribado del análisis anterior, se ha obtenido que el elemento que más influye en la calidad del vino es el alcohol, y queremos saber si la media de alcohol de un buen vino es superior a la de un vino mediocre.

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$
$$H_1 : \mu_1 > \mu_2$$

```
alcohol.buen.vino <- winequality.clean[winequality.clean$buen.vino == TRUE, ]$alcohol
alcohol.vino.mediocre <- winequality.clean[winequality.clean$buen.vino == FALSE, ]$alcohol
```

Dado que ambas muestras son lo suficientemente grandes como para asumir normalidad (por el Teorema Central del Límite), procedemos directamente a comprobar la homogeneidad de varianza.

```
var.test(alcohol.buen.vino, alcohol.vino.mediocre)
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  alcohol.buen.vino and alcohol.vino.mediocre
## F = 2.0594, num df = 714, denom df = 633, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
```

```
## 95 percent confidence interval:
##  1.769335 2.395283
## sample estimates:
## ratio of variances
##           2.059374
```

Al obtener un valor p tan bajo, podemos concluir que las varianzas de ambas poblaciones son diferentes.

Vamos a realizar el cálculo del contraste de dos muestras independientes sobre la media con varianzas desconocidas diferentes.

```
t.test(alcohol.buen.vino, alcohol.vino.mediocre, alternative = "greater", var.equal = FALSE)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  alcohol.buen.vino and alcohol.vino.mediocre
## t = 18.576, df = 1277.9, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is greater than 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.8765528       Inf
## sample estimates:
## mean of x mean of y
## 10.887016  9.925237
```

Podemos concluir, al tratarse de un test unilateral por la derecha, que el valor observado para un nivel de confianza del 95% es mayor que el valor crítico, y el valor p es menor que el nivel de significancia, por lo tanto podemos rechazar la hipótesis nula (H_0) y aceptar la hipótesis alternativa (H_1) de que la media de alcohol de un buen vino es mayor a la media de alcohol de un vino mediocre.

4.3.3 Modelo de Regresión

A continuación vamos a proceder a modelar la calidad de un vino en función del valor de solamente 3 de sus elementos fisioquímicos.

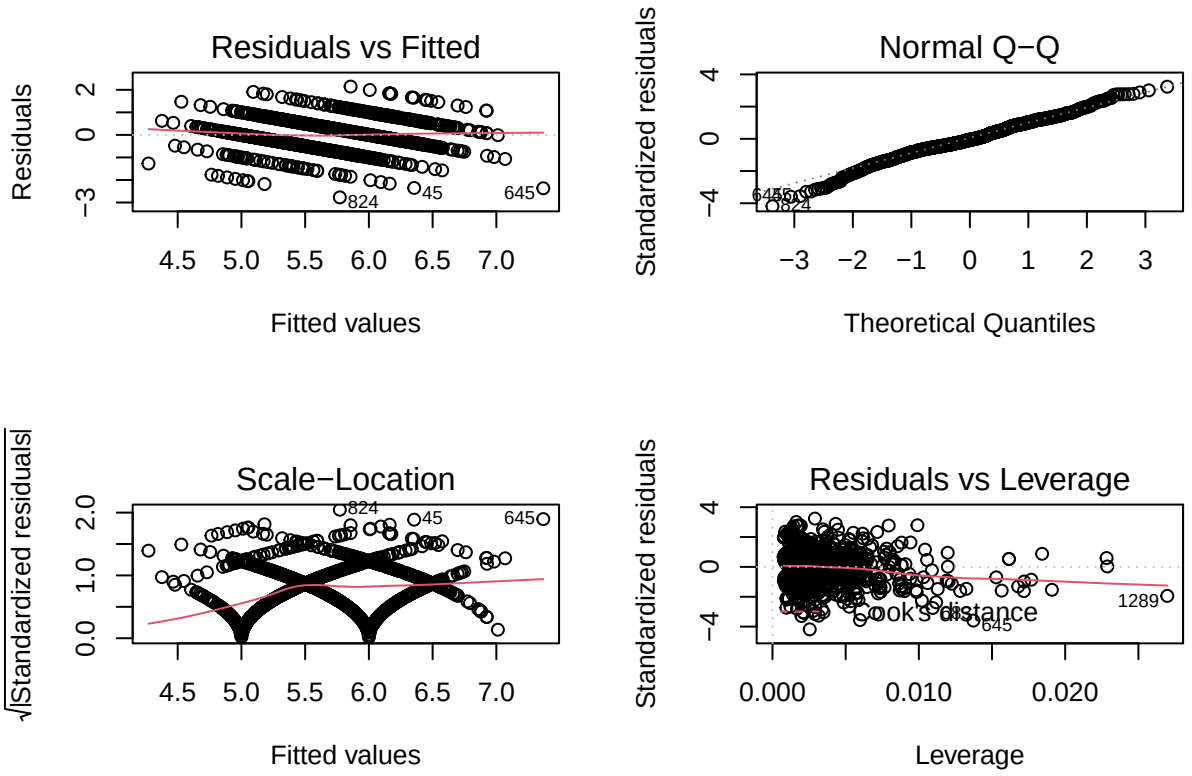
Para ello comenzamos con una simple regresión lineal, tomando como variable dependiente `quality` y como variables explicativas `alcohol`, `sulphates` y `volatile.acidity`.

```
regresion.multiple <- lm(quality ~ alcohol + sulphates + volatile.acidity, data = winequality.clean)
summary(regresion.multiple)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = quality ~ alcohol + sulphates + volatile.acidity,
##     data = winequality.clean)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.77197 -0.37842 -0.04117  0.46167  2.14349
##
## Coefficients:
##                   Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)        2.43662    0.21250  11.466  < 2e-16 ***
## alcohol            0.30420    0.01711  17.781  < 2e-16 ***
## sulphates          0.98370    0.12636   7.785 1.38e-14 ***
## volatile.acidity -1.18695    0.10449 -11.359  < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
##
## Residual standard error: 0.6633 on 1345 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.3515, Adjusted R-squared:  0.3501
## F-statistic:   243 on 3 and 1345 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(regresion.multiple)
```



Como podemos observar, los resultados obtenidos no son muy buenos, y esto es debido a la distribución de la variable `quality`.

Para mejorar esto, vamos a proceder con una regresión logística usando las mismas variables explicativas que para el modelo lineal, pero tomando la variable binaria `buen.vino` en vez de `quality`.

```
regresion.logistica.multiple <- glm(buen.vino ~ alcohol + sulphates + volatile.acidity, data=winequality
summary(regresion.logistica.multiple)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = buen.vino ~ alcohol + sulphates + volatile.acidity,
##     family = binomial(link = logit), data = winequality.clean)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -3.3823  -0.8609   0.2973   0.8429   2.4266
##
## Coefficients:
##                   Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
```

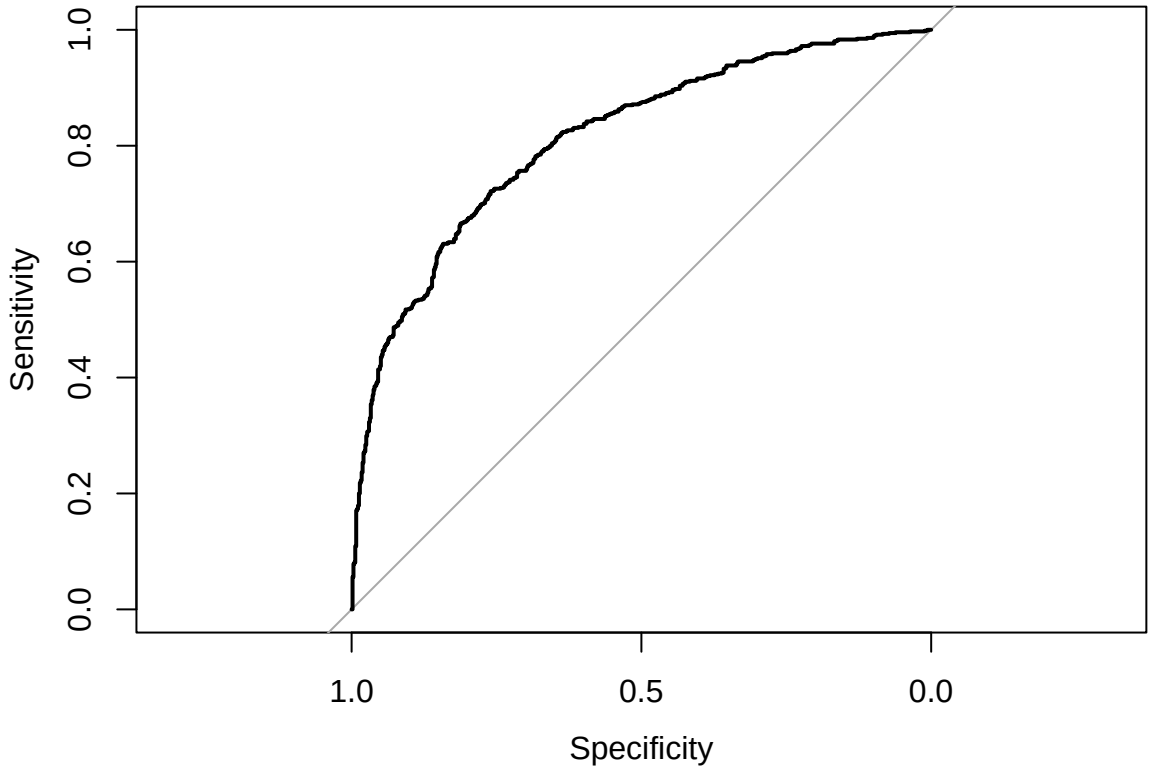
```
## (Intercept)      -10.27634    0.86338 -11.903  < 2e-16 ***
## alcohol            1.00245    0.07509  13.349  < 2e-16 ***
## sulphates          2.56287    0.45405   5.644 1.66e-08 ***
## volatile.acidity  -3.04546    0.39206  -7.768 7.98e-15 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 1865.2  on 1348  degrees of freedom
## Residual deviance: 1427.8  on 1345  degrees of freedom
## AIC: 1435.8
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
library(ResourceSelection)

hoslem.test(winequality.clean$buen.vino, fitted(regresion.logistica.multiple))
```

```
##
##  Hosmer and Lemeshow goodness of fit (GOF) test
##
## data:  winequality.clean$buen.vino, fitted(regresion.logistica.multiple)
## X-squared = 3.902, df = 8, p-value = 0.8659
```

Un valor p alto sugiere una buena bondad de ajuste.

```
library(pROC)

prob <- regresion.logistica.multiple %>% predict(winequality.clean, type="response")
r <- roc(winequality.clean$buen.vino, prob, data = winequality.clean)
plot(r)
```




```
auc(r)
```

```
## Area under the curve: 0.812
```

El valor del área bajo la curva (AUROC) sugiere que en general el modelo discrimina de manera excelente.

Esta vez parece que el modelo es capaz de responder con una buena bondad de ajuste y una discriminación excelente, si se trata de un buen vino o no dados los valores de `alcohol`, `sulphates` y `volatile.acidity`.

Podemos incluso hacer una prediccion de los primeros 5 elementos del dataset para ver con que porcentaje nuestro modelo es capaz de predecir si se trata de un buen vino o no.

```
head(winequality.clean[c("alcohol", "sulphates", "volatile.acidity", "buen.vino")]) %>%
  mutate(prediccion.buen.vino = predict(regresion.logistica.multiple,
                                        data.frame(alcohol = alcohol,
                                                   sulphates = sulphates,
                                                   volatile.acidity = volatile.acidity),
                                        type="response")
         )
```

```
##   alcohol sulphates volatile.acidity buen.vino prediccion.buen.vino
## 1     9.4      0.56             0.70     FALSE            0.1750920
## 2     9.8      0.68             0.88     FALSE            0.1994684
## 3     9.8      0.65             0.76     FALSE            0.2495430
## 4     9.8      0.58             0.28      TRUE            0.5452182
## 6     9.4      0.56             0.66     FALSE            0.1933883
## 7     9.4      0.46             0.60     FALSE            0.1821718
```

Finalmente guardamos el dataset que se ha limpiado y usado para el análisis, en formato CSV.

```
write.csv(winequality.clean,"winequality-red-clean.csv", row.names = FALSE)
```

5 Resolución del problema.

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

Dados los resultados del primer análisis de correlación pudimos extraer los 3 componentes que más afectan a la calidad del vino obteniendo como resultado el alcohol, sulfitos y acidez volátil.

Luego mediante un análisis de contraste de hipótesis pudimos responder a la pregunta de si un buen vino suele tener mayor cantidad de alcohol, y la respuesta fue afirmativa, el alcohol como elemento principal para definir la calidad de un vino, se suele encontrar en mayores niveles de éste en un buen vino que en un vino mediocre.

Y para finalizar, dados los resultados del análisis de regresión son que podemos determinar con un buen nivel de precisión si se trata de un buen vino o no, haciendo uso de solamente 3 componentes fisioquímicos.