

Lecturas de Cátedra

# Modelos estadísticos en lenguaje R

Lucas Alejandro Garibaldi  
Facundo José Oddi  
Francisco Javier Aristimuño  
Aliosha Nicolás Behnisch



EDITORIAL  
UNRN



## **MODELOS ESTADÍSTICOS EN LENGUAJE R**



Lecturas de Cátedra

## **MODELOS ESTADÍSTICOS EN LENGUAJE R**

Lucas Alejandro Garibaldi  
Facundo José Oddi  
Francisco Javier Aristimuño  
Aliosha Nicolás Behnisch





Utilice su escáner de  
código QR para acceder  
a la versión digital

# Índice

<b>Prefacio .....</b>	<b>13</b>
Capítulo1	
<b>Regresión lineal con dos variables .....</b>	<b>17</b>
Introducción .....	17
<b>TP N° 1. Introducción al lenguaje R y sus funciones básicas .....</b>	<b>17</b>
1. 1. Instrucciones para instalar R y R Studio .....	18
1. 2. Codificación del texto .....	18
1. 3. Directorio de trabajo .....	18
1. 4. Importación de datos .....	18
1. 5. Explorar datos .....	19
1. 6. Problema y gráfico de dispersión .....	20
1. 7. Modelo de regresión lineal simple .....	22
1. 8. Objetos.....	24
1. 9. Limpiar espacio de trabajo .....	24
<b>TP N° 2. Primeros pasos con el modelo de regresión lineal simple .....</b>	<b>25</b>
2. 1. Problema .....	25
2. 2. Cargar datos manualmente «concatenando».....	25
2. 3. Diseño .....	25
2. 4. Gráfico de dispersión .....	25
2. 5. Modelo: estimación y predicción .....	26
2. 6. Clases y funciones genéricas.....	29
2. 7. Ejercicio adicional .....	30
<b>TP N° 3. Pruebas, intervalos y supuestos del modelo de regresión lineal simple .....</b>	<b>31</b>
3. 1. Problema y datos .....	31
3. 2. Modelo, prueba «t» e intervalos .....	31
3. 3. Bondad de ajuste .....	35
3. 4. Coeficiente de correlación de Pearson .....	37
3. 5. Supuestos .....	38
3. 5. 1. Independencia, homogeneidad de varianza y linealidad ..	38
3. 5. 2. Normalidad.....	39
3. 5. 3. Observaciones atípicas, gran leverage e influyentes .....	45
3. 6. Análisis de la varianza (ANOVA) .....	47
3. 7. Inferencia multimodelo por criterio de información de Akaike (AIC) .....	48
3. 8. Ejercicio .....	49
3. 9. Ejemplo adicional .....	49
Lista de referencias bibliográficas.....	51

<b>Capítulo 2</b>	
<b>Análisis de la varianza (ANOVA) y comparaciones múltiples .....</b>	<b>53</b>
Introducción .....	53
<b>TP N° 4. Análisis de la varianza (ANOVA) y comparaciones múltiples .</b>	<b>53</b>
4. 1. Problema y datos .....	53
4. 2. Sobre factores en R .....	54
4. 2. 1. Cambiar orden .....	54
4. 2. 2. Cambiar nombres.....	55
4. 2. 3. Caracteres versus factores.....	55
4. 3. Modelo y ANOVA .....	55
4. 4. Comparaciones múltiples .....	56
4. 4. 1. Bonferroni .....	56
4. 4. 2. Tukey .....	57
4. 4. 3. LSD.....	58
4. 4. 4. Aspectos clave sobre comparaciones múltiples.....	60
4. 5. Gráfico .....	60
4. 6. Supuestos .....	62
4. 7. ¿Cuántas repeticiones necesito? .....	64
4. 8. Sobre probabilidades e inferencia .....	65
4. 9. Función de verosimilitud y matrices .....	65
Lista de referencias bibliográficas .....	65
<b>Capítulo 3</b>	
<b>Diseño de experimentos (muestreos) .....</b>	<b>67</b>
Introducción .....	67
<b>TP N° 5. Diseño en bloques completos aleatorizados (DBCA) .....</b>	<b>67</b>
5. 1. Problema y datos .....	67
5. 2. Consignas a resolver .....	68
5. 3. Supuesto de ausencia de interacción entre los efectos de bloques y tratamientos.....	68
5. 4. Más consignas .....	69
5. 5. Otro ejemplo DBCA .....	69
<b>TP N° 6. Diseño multifactorial.....</b>	<b>72</b>
6. 1. Problema y datos .....	72
6. 2. Gráficos .....	72
6. 3. Modelo y ANOVA .....	74
6. 4. Potencia.....	76
6. 5. Supuestos .....	77
6. 6. Una alternativa: transformaciones .....	78
6. 7. Segundo problema .....	79
<b>TP N° 7. Diseño multifactorial.....</b>	<b>82</b>
7. 1. Problema y datos .....	82
7. 2. Consignas a resolver .....	82

7. 3. Otro ejemplo .....	83
Lista de referencias bibliográficas.....	87
Capítulo 4	
<b>Regresión múltiple .....</b>	<b>89</b>
Introducción .....	89
<b>TP N° 8. Multicolinealidad, bondad de ajuste y potencia .....</b>	<b>89</b>
8. 1. Problema y datos .....	89
8. 2. Consignas a resolver .....	90
8. 3. Otro ejemplo .....	91
8. 4. Gráfico y modelo .....	91
8. 5. Multicolinealidad .....	94
8. 6. Factor de inflación de la varianza .....	95
8. 7. Intervalos de confianza y predicción .....	99
8. 8. Bondad de ajuste .....	100
8. 9. Coeficiente de determinación.....	101
8. 10. Supuestos .....	102
8. 11. Potencia.....	104
8. 12. Selección de modelos por AIC.....	106
8. 13. Mínimos cuadrados .....	107
8. 14. Información útil para objetos con clase «lm» .....	108
<b>TP N° 9. Modelos polinómicos y logarítmicos .....</b>	<b>109</b>
9. 1. Problema y datos .....	109
9. 2. Primer modelo.....	109
9. 3. Polinomio de segundo grado .....	111
9. 4. Polinomio de tercer grado.....	115
9. 5. Polinomio de grado 10 .....	117
Lista de referencias bibliográficas.....	123
Capítulo 5	
<b>Modelos lineales generales.....</b>	<b>125</b>
Introducción .....	125
<b>TP N° 10. Modelo de regresión con variables categóricas .....</b>	<b>125</b>
10. 1. Problema y datos .....	125
10. 2. Consignas a resolver .....	128
<b>TP N° 11. Un ejemplo de utilización de variables dummies .....</b>	<b>129</b>
11. 1. Problema y datos .....	129
11. 2. Consignas a resolver .....	130
<b>TP N° 12. Análisis de corte trasversal con diferentes años como factor ...</b>	<b>134</b>
12. 1. Problema y datos .....	134
12. 2. Consignas a resolver .....	135
12. 3. Intervalos de predicción y confianza .....	137
Lista de referencias bibliográficas.....	138

<b>Capítulo 6</b>	
<b>Modelos lineales generales con heterogeneidad de varianza ....</b>	<b>139</b>
Introducción .....	139
<b>TP N° 13. Varianzas en función de variable independiente categórica ....</b>	<b>139</b>
13. 1. Problema y datos .....	139
13. 2. Modelo de varianzas homogéneas .....	140
13. 3. Modelo de varianzas heterogéneas según región .....	141
13. 4. Prueba del cociente de verosimilitudes.....	143
<b>TP N° 14. Varianzas en función de variable independiente cuantitativa ....</b>	<b>145</b>
14. 1. Problema y datos .....	145
14. 2. Modelo con varianzas homogéneas usando «lm» .....	145
14. 3. Modelo con varianzas homogéneas utilizando «gls» .....	148
14. 4. Modelo de varianza fijada.....	149
14. 5. Modelo de varianza como potencia de la variable independiente.....	151
14. 6. Residuos de Pearson .....	152
14. 7. Modelo constante más potencia de la variable independiente .....	154
<b>TP N° 15. Ejemplos de modelos de heterogeneidad de varianza aplicados a la macroeconomía y la producción minera.....</b>	<b>155</b>
15. 1. Ejercicio 1 .....	155
15. 1. 1. Consignas a resolver .....	156
15. 2. Ejercicio 2 .....	157
15. 2. 1. Modelo con varianzas homogéneas entre minas .....	157
15. 2. 2. Modelo varianzas distintas para cada mina .....	159
Lista de referencias bibliográficas .....	160
<b>Capítulo 7</b>	
<b>Modelos no lineales generales .....</b>	<b>161</b>
Introducción .....	161
<b>TP N° 16. Primeros pasos con el modelo no lineal general.....</b>	<b>161</b>
16. 1. Problema y datos .....	161
16. 2. Modelo lineal .....	162
16. 3. Modelo no lineal .....	162
16. 4. Prueba «F» para comparar modelos no lineales anidados .....	165
16. 5. Bondad de ajuste en modelos no lineales .....	168
16. 6. Comparación modelos lineales y no lineales .....	169
16. 7. Modelo no lineal con heterogeneidad de varianzas.....	169
<b>TP N° 17. Diferentes modelos de crecimiento demográfico .....</b>	<b>170</b>
17. 1. Problema y datos .....	170
17. 2. Modelo exponencial de crecimiento demográfico .....	170
17. 3. Modelo logístico de crecimiento demográfico .....	171
17. 4. Supuestos .....	174

17. 5. Fórmulas en «nls» .....	177
<b>TP N° 18. La cinética Michaelis Menten y la función self-start.....</b>	<b>178</b>
18. 1. Problema y datos .....	178
18. 2. Paquetes para modelos no lineales .....	182
Lista de referencias bibliográficas.....	183
Capítulo 8	
<b>Modelos lineales generalizados.....</b>	<b>185</b>
Introducción .....	185
<b>TP N° 19. Distribución binomial.....</b>	<b>185</b>
19. 1. Problema y datos .....	185
19. 2. Repaso distribución binomial .....	186
19. 3. Modelo con distribución de error binomial.....	190
19. 4. Estimación y análisis de la devianza .....	190
19. 5. Escalas de expresión del modelo .....	192
19. 5. 1. Escala variable respuesta .....	192
19. 5. 2. Escala «logit» .....	193
19. 5. 3. Escala «ODD» .....	194
19. 6. Bondad de ajuste .....	194
<b>TP N° 20. ANDEVA y otros componentes de modelos «GLM» .....</b>	<b>195</b>
20. 1. Componentes de los modelos «GLM» .....	195
20. 2. Problema y datos .....	195
20. 3. ANDEVA .....	198
20. 4. Bondad de ajuste .....	199
20. 5. Función de verosimilitud .....	200
<b>TP N° 21. Función binomial y su expresión a través de diferentes escalas.....</b>	<b>200</b>
21. 1. Problema y datos .....	200
21. 2. Sobredispersión y Chi <sup>2</sup> .....	206
21. 3. Residuos dentro del modelo glm .....	208
21. 3. 1. Residuos de Pearson.....	209
21. 3. 2. Residuos deviance .....	209
<b>TP N° 22. Distribución Gamma y Chi<sup>2</sup> .....</b>	<b>210</b>
22. 1. Problema y datos .....	210
22. 2. Gamma .....	212
22. 3. Chi <sup>2</sup> .....	214
<b>TP N° 23. Funciones Gamma versus Normal .....</b>	<b>220</b>
23. 1. Problema y datos .....	220
23. 2. Consignas a resolver .....	225
<b>TP N° 24. Distribución de Poisson y binomial negativa.....</b>	<b>227</b>
24. 1. Problema y datos .....	227
24. 2. Distribución Poisson.....	227

24. 3. Distribución binomial negativa .....	230
24. 4. Varianza en función de la media .....	232
24. 5. GLM y binomial negativa.....	233
24. 6. Supuestos .....	236
24. 6. 1. Poisson .....	237
24. 6. 2. Binomial Negativa.....	237
<b>TP Nº 25. Ejercicios varios.....</b>	<b>239</b>
25. 1. Problema y datos .....	239
25. 2. Primer ejercicio .....	239
25. 3. Segundo ejercicio .....	245
<b>TP Nº 26. Ejemplos de diferentes distribuciones y sus relaciones varianza versus media .....</b>	<b>246</b>
26. 1. Distribuciones .....	246
26. 1. 1. Binomial .....	246
26. 1. 2. Gamma .....	249
26. 1. 3. Chi^2.....	251
26. 1. 4. Poisson .....	254
26. 1. 5. Binomial negativa.....	255
26. 2. Relación varianza versus media para las distribuciones....	255
Lista de referencias bibliográficas .....	257
<b>Autorías y colaboraciones .....</b>	<b>259</b>

## Prefacio

Los profesionales de las ciencias económicas y ambientales deben resolver problemas a partir de la colección y el análisis de datos. En general, estos datos son tomados de una muestra procedente de relevamientos o experimentos, es decir que la información con la que trabajan es parcial. Por lo tanto, deben contar con herramientas que los ayuden a tomar la mejor decisión ante preguntas que tienen respuestas inciertas.

La estadística aporta las herramientas necesarias para colectar los datos, a la vez que permite resumir y presentar la información contenida en la muestra, para luego inferir en base a ella características fundamentales de la población de la que fue extraída. Además, posibilita cuantificar la incertidumbre asociada a nuestras respuestas o, dicho de otra manera, la probabilidad de equivocarnos en la decisión tomada. Por lo tanto, al utilizar la estadística, las conclusiones estarán sustentadas por un sólido marco de análisis.

Con el objetivo de brindar al lector y a los profesionales las técnicas estadísticas necesarias para un adecuado análisis de datos, el doctor Lucas A. Garibaldi ha diseñado el curso de postgrado «Modelos generalizados aplicados a la economía en lenguaje R», el cual también forma parte de la currícula de grado de la Licenciatura en Economía de la Universidad Nacional de Río Negro (como Estadística II). Este cubre los temas de un segundo curso de grado en estadística y amplía sus contenidos a muchas de las herramientas utilizadas actualmente para la resolución de problemas económicos y ambientales, acerca de las cuales la oferta académica es reducida. Creemos que ello, junto con el enfoque de taller del curso, flexibiliza el aprendizaje del lector ayudándolo a lograr independencia para resolver los problemas a los cuales se enfrentará durante su actividad profesional.

A lo largo de los capítulos (suponemos que el lector está familiarizado con los conceptos básicos de estadística y probabilidad) ponemos a disposición ejercicios prácticos para adquirir los conocimientos básicos sobre cómo colectar datos (diseño de estudios), modelarlos y analizarlos utilizando el programa R. Recomendamos seguir los capítulos frente a una computadora analizando los datos reales que se encuentran disponibles en el siguiente enlace: [http://editorial.unrn.edu.ar/descargas/lenguaje\\_r\\_datos\\_eunrn.zip](http://editorial.unrn.edu.ar/descargas/lenguaje_r_datos_eunrn.zip)

Los ejercicios se presentan con la intención de proporcionar al lector un marco similar al que un profesional se enfrentaría comúnmente en su ámbito de trabajo. Esto es, con un marco conceptual del que deriva un problema relacionado, y para el cual el lector es guiado hacia su resolución (analizar

cómo ha sido la recolección de los datos, explorarlos, plantear modelos interesantes, determinar si el modelo planteado es adecuado, plantear modelos alternativos, realizar las inferencias y las predicciones) y arribar a una conclusión. Un aspecto relevante es que los ejercicios están basados en datos reales (datos publicados en sitios web, o cedidos por colegas).

Limitándonos al estudio de modelos con una sola variable de respuesta (dependiente), la obra se organiza en ocho capítulos. Los primeros siete abarcan el modelado de datos con distribución normal. En el capítulo 1 se estudia el modelo de regresión lineal entre dos variables cuantitativas (regresión lineal simple) y se introducen los conceptos de criterio de mínimos cuadrados ordinarios para la estimación de parámetros, bondad de ajuste y validez de los modelos a partir de sus supuestos. Los capítulos 2 y 3 tratan con variables independientes categóricas, el análisis de la varianza (ANOVA) y los test *a posteriori* (comparaciones múltiples). En particular, se aborda el diseño completamente aleatorizado (DCA), y se introduce el modelado con más de una variable independiente, todas categóricas en este caso, a partir del diseño en bloques completamente aleatorizados (DBCA) y el diseño multifactorial. El capítulo 4 trata con más de una variable independiente, pero en este caso, cuantitativas (regresión lineal múltiple) e introduce un aspecto fundamental del modelado estadístico: la multicolinearidad. Para ello, en este capítulo se estudian las sumas de cuadrados parciales (ANOVA tipo III) y secuenciales (ANOVA tipo I). En el capítulo 5 se formaliza el concepto de modelo lineal general y se plantean problemas que tratan con variables independientes cuantitativas y categóricas de manera conjunta. Se introducen, además, los conceptos de verosimilitud y los distintos criterios de información (AIC, BIC, etcétera) como medidas de bondad de ajuste, y el criterio de máxima verosimilitud como método de estimación de parámetros. Al llegar al capítulo 4, se incorpora el modelado de la varianza flexibilizando la homocedasticidad, uno de los supuestos del modelo lineal. Por su parte, el capítulo 7 cubre conceptos detrás del modelado de relaciones no lineales. Finalmente, en el Capítulo 8 se flexibiliza el supuesto de normalidad para modelar datos no normales. Este es el campo de los modelos lineales generalizados que permiten tratar con distribuciones de la familia exponencial: binomial, Poisson, normal y Gamma, y también se abarca la distribución binomial negativa. En forma general, a través de la obra presentamos el marco de inferencia frecuentista y abordamos la evaluación de relaciones de verosimilitud e inferencias multimodelo. Los capítulos no desarrollan los conceptos teóricos. Para ello, sugerimos la lectura de diversos libros de textos que abordan los conceptos presentes en esta obra de manera exhaustiva (Pinheiro y Bates 2000; Webster, 2000; Anderson y otros, 2008; Gelman y Hill 2007; Fox y Weisberg, 2010, 2011, entre otros).

Esta obra es fruto de varios años de llevar adelante este curso en la Universidad Nacional de Río Negro. Esperamos que les resulte útil y de ayuda para el abordaje de sus propios análisis.

Para terminar, queremos agradecer a Silvana Alzogaray, quien es fuente de admiración por su incansable altruismo, conocimiento y entusiasmo; a Mariana Dondo, por su bondad absoluta, tolerancia y enseñanzas; y a Qui-me Vigo, por su compasión incondicional, honestidad y dedicación.

Lucas Alejandro Garibaldi  
Facundo José Oddi  
Francisco Javier Aristimuño  
Aliosha Nicolás Behnisch



## Capítulo 1

# Regresión lineal con dos variables

## Introducción

En este capítulo el lector será introducido al modelo clásico de regresión lineal simple y sus supuestos. Al ser el primer capítulo, utilizaremos este modelo para ofrecer una introducción al lenguaje R y sus funciones básicas. Posteriormente, a lo largo del libro y de modo progresivo, se irán agregando otros conceptos y funciones.

Con relación al modelo de regresión, discutiremos la estimación de los parámetros del modelo por el método de mínimos cuadrados ordinarios y la ecuación de regresión estimada para la predicción media de la variable dependiente. Reflexionaremos sobre regresión y causalidad y las diferencias entre relaciones causales y relaciones estadísticas. En este contexto también cuantificaremos coeficientes de determinación y de correlación, cuadrado medio del error como estimador insesgado de la varianza residual y medida de bondad de ajuste. Aplicaremos a los modelos de regresión conceptos que esperamos el lector maneje con cierta fluidez como: error estándar de los estimadores, inferencia, significancia, confianza, potencia, error de tipo 1, error de tipo 2, estimación puntual, por intervalos de confianza, por intervalos de predicción. Evaluaremos los supuestos del modelo utilizando herramientas como los gráficos cuantil-cuantil, el test de Kolmogorov-Smirnov (y modificación Lilliefors), el test de Shapiro-Wilk, la cuantificación de asimetría y curtosis, y los gráficos de valores observados en función de predichos. Entre los múltiples textos introductorios sobre estos temas, el lector puede consultar los de Anderson, Sweeney y Williams (2012); Bowerman, O'Connell y Koehler (2007); Lind, Marchal y Mason (2006); Levin, Rubin, Balderas, del Valle y Gómez (2004); y Webster (2000). En relación con el lenguaje R, algunos textos de referencia son los de Paradis (2003) y Matloff (2011).

## Trabajo práctico 1

### Introducción al lenguaje R y sus funciones básicas

R es un lenguaje y un ambiente para análisis de datos y gráficos. Puede ser considerado una implementación de S, un lenguaje de programación desarrollado inicialmente en los laboratorios Bell durante la década de 1970. El proyecto R fue iniciado por Robert Gentleman y Ross Ihaka en la

Universidad de Auckland, Nueva Zelanda, en la década de los 90, y continuó siendo desarrollado por un equipo internacional desde mediados de 1997. Los archivos de comandos de R, conocidos como *scripts* y cuya extensión es «.R», se pueden leer con cualquier editor de texto.

### **1.1. Instrucciones para instalar R y R Studio**

El sitio de descarga de R es <https://cran.r-project.org/>. Una vez descargado, se procede a la instalación. Durante el proceso es necesario permitir la instalación, además, de los *plugins* que el programa solicite. Completado este paso, se descargará R Studio del sitio <https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/>. Es en este último programa, R Studio, que el lector deberá copiar los códigos o sentencias que se presentan a lo largo del libro.

### **1.2. Codificación del texto**

En R studio, realizar lo siguiente:

1. Ir a «Tools».
2. Luego, ir a «Options».
3. Finalmente, cambiar «Default text encoding» a «UTF-8».

Esto garantiza que podamos abrir los *scripts* tanto en Linux como en Windows sin errores.

### **1.3. Directorio de trabajo**

1. Indicamos «Working directory» (directorio de trabajo) en la ventana inferior derecha.
2. Nos situamos en el directorio donde se encuentran los archivos con los que trabajaremos.
3. Por último, apretamos «More» y luego «Set as working directory».

### **1.4. Importación de datos**

Cargamos la tabla de datos,<sup>1</sup> en este caso con extensión «.txt». A esta tabla la llamaremos *datos*.

---

<sup>1</sup> Los datos son de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), cuyo sitio es <http://www.fao.org/>

---

En este libro, los comandos en R, como el que sigue, se escriben en negritas (**comandos**), mientras que para los resultados de dichos comandos se utiliza una tipografía distinta a la del resto de los textos, sin negrita (datos), como se puede ver en el apartado siguiente.

---

```
datos=read.table("datos_p_1.txt", header=TRUE)
```

Lo que acabamos de hacer es crear un *objeto* llamado *datos*.

«*read.table*» es una *función*.

«*header*» es un *argumento* (opción) de la *función*.

## 1. 5. Explorar datos

Miramos las primeras filas de la tabla:

```
head(datos)
```

	país	crec_prod	cv_prod	riqueza	area
1	Argentina	1.028730	14.45836	62.79167	19739246.604
2	Afghanistan	1.007682	16.27734	32.54167	3251411.229
3	Albania	1.026333	21.87418	32.10417	455077.875
4	Algeria	1.043270	24.72541	50.04167	3588182.542
5	A_Samoa	1.014967	25.91996	10.93750	4091.083
6	Angola	1.027138	43.46338	28.00000	2038843.104

Si queremos saber qué hace la función «*head*» le preguntamos a R:

```
?head
```

¿Cuántos países se relevan?

```
length(datos$país)
```

```
[1] 170
```

Variables relevadas en cada país:

- «*crec\_prod*»: es el crecimiento anual promedio de la producción agrícola total de un país entre 1961 y 2008 (toneladas de materia prima producidas). Esta variable no tiene unidades ya que fue estimada como el promedio entre la producción del año «*t*» sobre el año «*t-1*».
- «*cv\_prod*»: representa la variabilidad interanual desde 1961 al 2008 en el volumen total de producción agrícola de un país. Expresada en porcentaje de la media.
- Riqueza: número promedio de cultivos del país desde 1961 al 2008.

- Área: área agrícola (hectáreas) promedio del país desde 1961 al 2008.

¿En cuántos países decreció la producción agrícola?

```
length(subset(datos$crec_prod, datos$crec_prod<1))
```

```
[1] 170
```

Vemos la tabla de datos entera:

```
View(datos)
```

Pedimos algunas medidas resumen para cada variable:

```
summary(datos)
```

país	crec_prod	cv_prod	riqueza	area
A_Samoa :1	Min. :0.929	Min. :4.235	Min. :2.50	Min. :300
Afghanistan :1	1st Qu.:1.014	1st Qu. :10.514	1st Qu.:21.30	1st Qu. :82982
Albania :1	Median :1.024	Median :13.403	Median :31.75	Median :911022
Algeria :1	Mean :1.026	Mean :16.888	Mean :36.70	Mean :5594636
Angola :1	3rd Qu.:1.037	3rd Qu. :19.198	3rd Qu.:50.64	3rd Qu. :3516285
Antigua_Barb :1	Max. :1.161	Max. :132.683	Max. :97.73	Max. :169689502
(Other) :164				

En la mayoría de los países el volumen de producción agrícola ha crecido. Este crecimiento fue, en promedio, de un 2,6 % anual (este porcentaje surge de observar el valor «Mean: 1.026»).

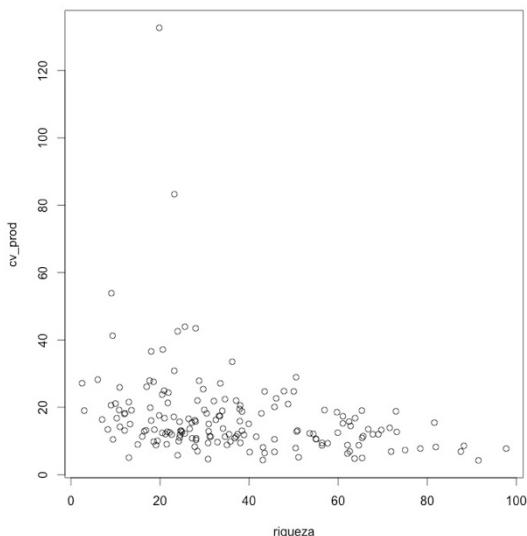
## 1.6. Problema y gráfico de dispersión

Nos interesa evaluar cómo cambia el «cv\_prod» en función de la riqueza de cultivos. Nuestro marco conceptual predice que países con más cultivos tendrán una producción más estable en el tiempo.

Primero hacemos un *diagrama de dispersión* exploratorio:

```
with(datos,plot(riqueza, cv_prod))
```

**Figura 1.1.** Diagrama de dispersión del cv de la producción en función de la riqueza

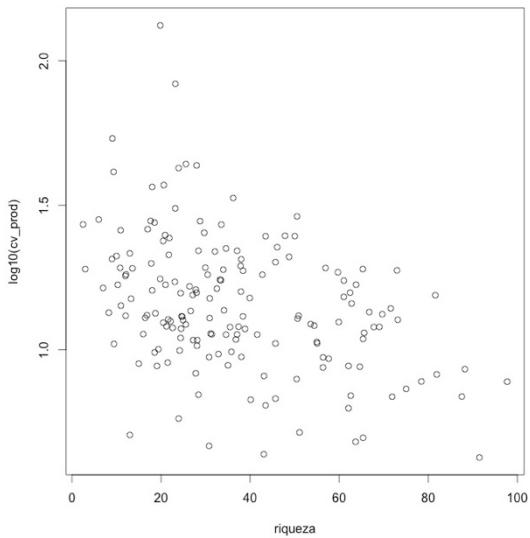


**Nota:** Cada punto corresponde a un país. Los gráficos de dispersión son una herramienta muy útil para evaluar la asociación entre dos variables cuantitativas.

Vemos que hay dos (de un total de 170) países que tienen cv extremadamente altos y esos países dominan la visual del gráfico mientras que en realidad nosotros queremos estudiar la tendencia habitual o más común entre países sin estar tan influenciada por valores extremos. Entonces una opción es usar «`log10(cv_prod)`»:

```
with(datos,plot(riqueza, log10(cv_prod)))
```

**Figura 1.2.** Diagrama de dispersión del «log10» del cv de la producción en función de la riqueza



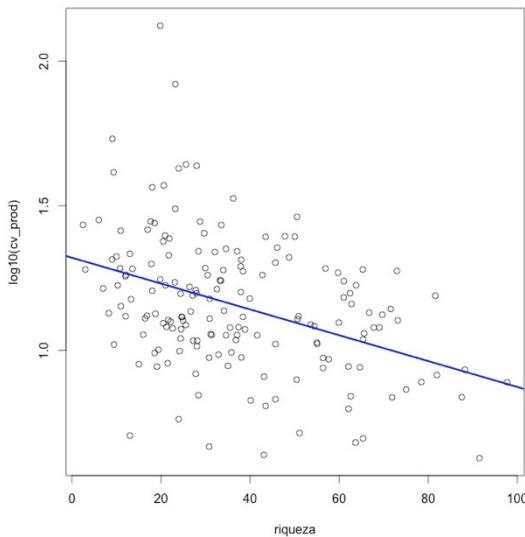
**Nota:** Al aplicar el logaritmo en base 10, la influencia de los países con valores extremos se reduce.

### 1.7. Modelo de regresión lineal simple

Agregamos la recta estimada promedio según un modelo de regresión lineal simple:

```
with(datos,abline(lm(log10(cv_prod)~riqueza),lwd=3,col="blue"))
```

**Figura 1.3.** Diagrama de dispersión del «log10» del cv de la producción en función de riqueza, con la correspondiente recta de regresión lineal



**Nota:** La recta indica la tendencia promedio.

«lwd» (por *line width*) es un argumento de la función *abline* que controla el grosor de la línea «col» (color). «Col» es un argumento de la función *abline* que controla el color de la línea.

En la jerga estadística definimos a «cv\_prod» como la *variable dependiente* y a riqueza como la *variable independiente*.

Creamos un objeto llamado *modelo* con los resultados de estimar un modelo de regresión lineal simple sobre nuestros datos:

```
modelo=lm(log10(cv_prod)~riqueza,data=datos)
```

«lm» (*linear model*) utiliza el método de estimación por mínimos cuadrados ordinarios.

Vemos los valores estimados de los parámetros:

```
modelo
```

Call:

```
lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos)
```

Coefficients:

(Intercept)	riqueza
1.320205	-0.004469

Modelo de regresión lineal simple:

$$y_i = B_0 + B_1 * x_i + E_i \quad i=1, \dots, N$$

Modelo estimado de regresión lineal simple:

$$y_i = 1.32 - 0.0045 * x_i + e_i \quad i=1, \dots, 170$$

Ecuación de regresión lineal simple:

$$y_i = 1.32 - 0.0045 * x_i$$

¿Qué «cv\_prod» promedio tendrán los países con una riqueza de 25 cultivos?

1.320205-0.004469\*25 da valores en «log10». Alternativamente

**modelo\$coefficients[1]+modelo\$coefficients[2]\*25**

da valores en «log10», retransformando de «log10(cv\_prod)» a «cv\_prod»:

**10^(modelo\$coefficients[1]+modelo\$coefficients[2]\*25)**

Continuará.

## 1. 8. Objetos

El principio fundamental detrás de R es que todo es un objeto. Entonces, no solo vectores y matrices son objetos que pueden ser procesados por funciones, sino que las funciones mismas y sus características también son objetos. Esto permite computación en el lenguaje y puede simplificar tareas de programación.

**objects()**

Esta función indica solamente los objetos nuevos que hemos creado. Hay más de mil objetos que están en el paquete base que no se muestran aquí, incluyendo la función «objects». Ver:

**objects("package:base")**

## 1. 9. Limpiar espacio de trabajo

Para eliminar todos los objetos del espacio de trabajo (*workspace*) apretamos «Clear All». También se puede usar la función «rm()».

## Trabajo práctico 2

### Primeros pasos con el modelo de regresión lineal simple

#### 2. 1. Problema

Desde un órgano de un gobierno provincial patagónico se está evaluando la posibilidad de imponer un impuesto a los hogares que posean mayor número de ambientes (habitaciones). Existe el supuesto de que hogares más grandes se condicen con ingresos mayores. Sin embargo, se sospecha de la efectividad de la medida. Por eso, tomaremos una muestra de 30 viviendas al azar y relevaremos el número de ambientes, el ingreso total familiar (ITF) y la cantidad de miembros en el hogar.

Trabajaremos con datos del INDEC, correspondientes al cuarto trimestre de 2010.<sup>2</sup>

#### 2. 2. Cargar datos manualmente «concatenando»

Cargamos los datos, el orden es importante:

```
ambientes = c(4, 4, 3, 2, 3, 3, 4, 5, 3, 2, 2, 2, 3, 4, 4, 2, 1,  
        4, 2, 2, 5, 1, 1, 1, 4, 3, 5, 3, 3, 1)  
ITF = c(2500, 2600, 430, 1757, 720, 1830, 900, 480, 2800, 700, 1800,  
      60, 1950, 1890, 500, 1500, 1654, 2800, 800, 200, 1000, 600,  
      1340, 160, 2000, 1800, 2350, 550, 480, 600)  
personas = c(7, 5, 2, 3, 2, 4, 2, 5, 10, 2, 5, 6, 4, 3, 5, 5, 3, 6,  
           2, 1, 2, 1, 5, 2, 4, 1, 5, 1, 1, 2)
```

«c» significa concatenar (unir).

#### 2. 3. Diseño

Ahora, identifique la unidad experimental, la muestra y la población. ¿De qué tipo de variables se trata?

#### 2. 4. Gráfico de dispersión

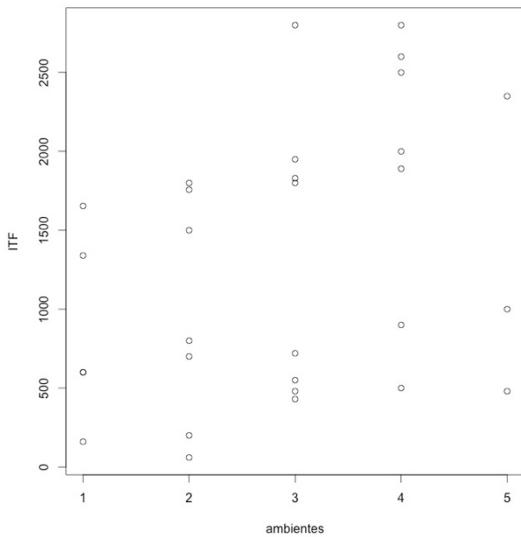
Realice un diagrama de dispersión que sea de utilidad para cumplir con su objetivo:

```
plot(ambientes, ITF)
```

---

<sup>2</sup> Los datos fueron tomados de <https://www.indec.gov.ar/>

**Figura 2.1.** Ingreso total familiar (ITF) en función de cantidad de ambientes del hogar



**Nota:** El marco conceptual propone que hogares con más ambientes tendrán mayor ITF.

¿Existe asociación lineal entre ambas variables?

## 2.5. Modelo: estimación y predicción

Planteé y estime un modelo adecuado para cumplir con su objetivo:

**modelo=lm(ITF~ambientes)**

«lm» es la función que ajusta modelos lineales por el método de mínimos cuadrados ordinarios:

?lm

**modelo**

Call:

lm(formula = ITF ~ ambientes)

Coefficients:

(Intercept)	ambientes
630.2	230.8

¿Qué le dice este modelo sobre la relación entre el número de ambientes e ITF? Interprete el valor de la pendiente en términos del problema e indique sus unidades ¿Qué ITF pronosticaría para personas que viven en hogares con 4 ambientes?

```
modelo$coefficients[1]+modelo$coefficients[2]*4
```

```
(Intercept)  
1553.226
```

Otra manera es utilizando la función «predict.lm»:

```
nuevos_datos=data.frame(ambientes=4)  
nuevos_datos
```

```
ambientes  
1 4
```

```
predict.lm(modelo,newdata=nuevos_datos)
```

```
1  
1553.226
```

«data.frame» sirve para crear una tabla de datos. Ver más información al respecto en la sección 2.6.

¿Qué ITF promedio pronosticaría para personas que viven en hogares de 8 ambientes? Tenga en cuenta el concepto de *dominio* del modelo.

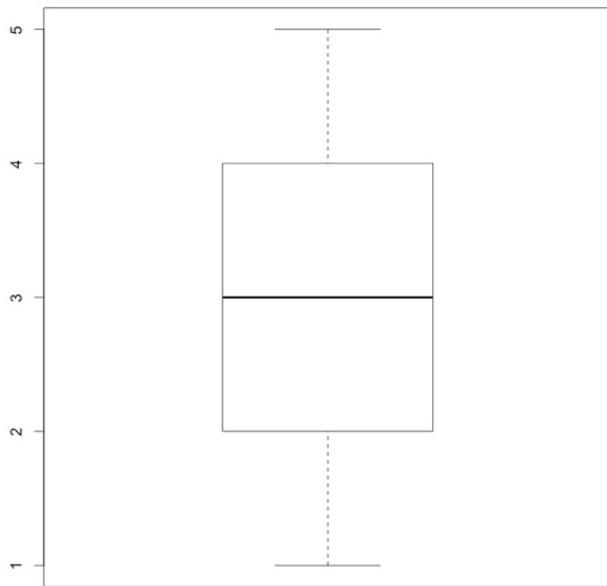
¿El análisis estadístico asegura que el ITF es causa del número de ambientes?

¿Por debajo de cuantos ambientes se encuentra el 75 % de los hogares?:  
**summary(ambientes)**

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.
1.000	2.000	3.000	2.867	4.000	5.000

```
boxplot(ambientes)
```

**Figura 2.2.** Diagrama de caja y bigotes para «ambientes»



**Nota:** La línea horizontal negra es la mediana, mientras que el límite inferior y superior de la caja es el primer y tercer cuartil, respectivamente.

En promedio, ¿cuántos miembros tiene un hogar patagónico?

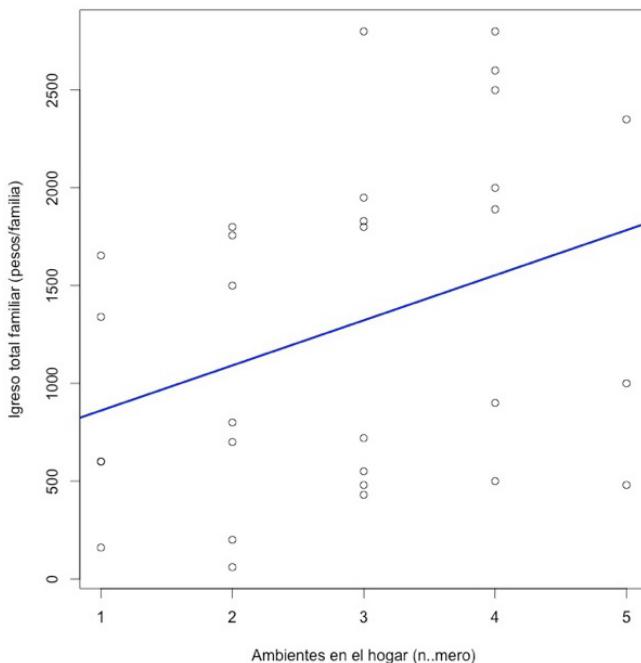
Confeccione otro gráfico de dispersión, pero que relacione la cantidad de ambientes con la cantidad de miembros en cada hogar. ¿Existe relación lineal entre ambas variables?

Concluya respecto del objetivo del trabajo.

Gráfico, modelo y datos:

```
plot(ambientes, ITF,  
      xlab="Ambientes en el hogar (número)",  
      ylab="Ingreso total familiar (pesos/familia)",  
      abline(lm(ITF~ambientes), col="blue", lw=3)
```

**Figura 2.3.** Ingreso total familiar (ITF) en función de cantidad de ambientes en el hogar, con respectiva linea de regresión estimada



## 2.6. Clases y funciones genéricas

Todo objeto tiene una clase que puede ser consultada usando «`class()`». Por ejemplo: «`data.frame`» es una clase de objeto (una lista o tabla con una cierta estructura, es el formato preferido para contener los datos), «`lm`» es otra clase de objeto (representa un modelo de regresión lineal ajustado por el método de mínimos cuadrados ordinarios) y «`matrix`» es otro ejemplo (que es, como lo indica el nombre, una matriz).

Para cada clase de objeto, existen ciertos métodos, llamados funciones genéricas, que están disponibles; ejemplos típicos son «`summary()`» y «`plot()`». El resultado de estas funciones depende de la clase de objeto sobre la cual se aplique. Cuando se la aplica sobre un vector numérico, «`summary()`» devuelve resúmenes básicos de la distribución empírica de los datos (medidas descriptivas de la muestra), como la media y la mediana. Cuando se aplica sobre un vector de datos categóricos (cualitativos), en cambio, devuelve una tabla de frecuencia. Y en el caso de que se aplique sobre un

modelo lineal, el resultado es el resumen estándar para una regresión («valor-p», etcétera). En forma similar, la función «plot()» devuelve un diagrama de dispersión cuando se aplica sobre datos cuantitativos, pero devuelve un diagnóstico básico de gráficos cuando se la aplica sobre un objeto que sea un modelo lineal.

## 2.7. Ejercicio adicional

Se seleccionaron 12 consumidores al azar para estudiar si su consumo depende de sus ingresos. Los datos fueron relevados en Florida (EUA) y las unidades son miles de dólares estadounidenses.<sup>3</sup>

Cargamos los datos, el orden es importante:

```
ingreso=c(24.3, 12.5, 31.2, 28.0, 35.1, 10.5, 23.2, 10.0, 8.5, 15.9, 14.7, 15)
consumo=c(16.2, 8.5, 15, 17, 24.2, 11.2, 15, 7.1, 3.5, 11.5, 10.7, 9.2)
«c» significa concatenar (unir).
```

Realice un diagrama de dispersión para los datos:

```
plot(ingreso, consumo)
```

Plantee y estime un modelo adecuado para cumplir con su objetivo:

```
modelo=lm(consumo~ingreso)
modelo
```

Call:

```
lm(formula = consumo ~ ingreso)
```

Coefficients:

(Intercept)	ingreso
1.7779	0.5582

¿Qué le dice este modelo sobre la relación entre el consumo y el ingreso? ¿Qué proporción de cada dólar adicional que se gana se invierte en consumo? ¿Qué consumo pronosticaría el modelo para personas que ganan 27,5 mil dólares estadounidenses?:

```
modelo$coefficients[1]+modelo$coefficients[2]*27.5
```

(Intercept)	
17.12759	

---

<sup>3</sup> Datos tomados de Webster, A. L. (2000), p. 335.

Otra manera es utilizando la función «predict.lm»:

```
nuevos_datos=data.frame(ingreso=27.5)  
nuevos_datos
```

```
ingreso  
1      27.5
```

```
predict.lm(modelo,newdata=nuevos_datos)
```

```
1  
17.12759
```

«data.frame» sirve para crear una tabla de datos.

¿Qué consumo promedio pronosticaría para personas que ganan 2,5 mil dólares estadounidenses?

¿El análisis estadístico asegura que el ingreso causa el consumo?

### Trabajo práctico 3

#### Pruebas, intervalos y supuestos del modelo de regresión lineal simple

##### 3. 1. Problema y datos

Antes de empezar, recordemos indicar el directorio de trabajo.

Seguimos trabajando con los datos del TP 1.

Cargamos la tabla.

```
datos=read.table("datos_p_1.txt", header=TRUE)
```

Al igual que todo el libro, esta sección requiere de conocimientos previos de algunos conceptos de estadística, por ejemplo, coeficiente de variación, intervalo de confianza, valor «p», prueba «t». Damos por conocidos estos (y otros) conceptos para aplicarlos al caso del modelo de regresión lineal simple.

##### 3. 2. Modelo, prueba «t» e intervalos

Recordamos que queremos estudiar cómo varía el coeficiente de variación de la producción agrícola de un país («cv\_prod») en función de su cantidad de cultivos (riqueza):

```
modelo=lm(log10(cv_prod)~riqueza,data=datos)
```

## modelo

```
Call:  
lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos)  
  
Coefficients:  
(Intercept)      riqueza  
1.320205       -0.004469
```

Modelo de regresión lineal simple :

$$y_i = B_0 + B_1 * x_i + E_i \quad i=1, \dots, N$$

Modelo estimado de regresión lineal simple:

$$y_i = 1.32 - 0.0045 * x_i + e_i \quad i=1, \dots, 170$$

Ecuación de regresión lineal simple:

$$y_i = 1.32 - 0.0045 * x_i$$

## summary(modelo)

```
Call:  
lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos)
```

### Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.5572	-0.1287	-0.0047	0.1416	0.8912

### Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )	
(Intercept)	1.3202047	0.0337274	39.143	< 2e-16 ***	
riqueza	-0.0044694	0.0008017	-5.575	9.7e-08 ***	
---					

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.215 on 168 degrees of freedom  
Multiple R-squared: 0.1561, Adjusted R-squared: 0.1511  
F-statistic: 31.08 on 1 and 168 DF, p-value: 9.704e-08

¿Qué significa el valor «p» para la fila riqueza? ¿Cuál es la hipótesis nula y la hipótesis alternativa?

Para quienes quieren obtener el valor de «t» crítico:

```
qt(p=0.025, df=170-2)
```

```
[1] -1.974185  
o  
qt(p=0.025, df=170-2, lower.tail=FALSE)  
[1] 1.974185
```

como prefieran.

Intervalos de confianza para la ordenada y la pendiente:

```
confint(modelo, level=0.95)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	1.25362066	1.386788827
riqueza	-0.00605218	-0.002886701

¿Qué significa el intervalo para «(Intercept)»? ¿Y para riqueza? Relacionar con los parámetros del modelo.

Intervalo de confianza para la media de «log10(cv)» para países con 29 cultivos:

```
nuevos_datos=data.frame(riqueza=29)  
predict.lm(modelo,newdata=nuevos_datos, interval="confidence")
```

	fit	lwr	upr
1	1.190591	1.155834	1.225348

Interprete.

Ahora el intervalo de predicción:

```
predict.lm(modelo,newdata=nuevos_datos, interval="prediction")
```

	fit	lwr	upr
1	1.190591	0.764751	1.616431

Interprete.

Incorporamos los intervalos para cada valor de riqueza observado a la tabla de datos:

```
datos[,6:8]=predict.lm(modelo,interval="confidence")  
datos[,6:8]  
datos[,9:11]=predict.lm(modelo,interval="prediction")  
datos[,9:11]  
colnames(datos)=c("pais","crec_prod","cv_prod","riqueza","area",
```

```
"media","iclow","icup","media2","iplow","ipup")
```

Diagrama de dispersión:

```
with(datos,plot(riqueza,log10(cv_prod),ylim=c(0.5,2.3)))
```

Agregamos los valores predichos (promedios):

```
datos=datos[order(datos$media),]
```

ordenamos la matriz según media en orden creciente:

```
lines(datos$riqueza,datos$media,lwd=2, col="red")
```

Agregamos al gráfico el límite superior e inferior de intervalo de confianza para los valores predichos:

```
datos=datos[order(datos$icup),]
```

ordenamos la matriz según «icup» en orden creciente

```
lines(datos$riqueza,datos$icup,lwd=2, lty=5, col="red")
```

«2lty» es el tipo de línea (por line type).

```
datos=datos[order(datos$iclow),]
```

ordenamos la matriz según «iclow» en orden creciente

```
lines(datos$riqueza,datos$iclow,lwd=2, lty=5, col="red")
```

Agregamos el límite superior e inferior del intervalo de predicción:

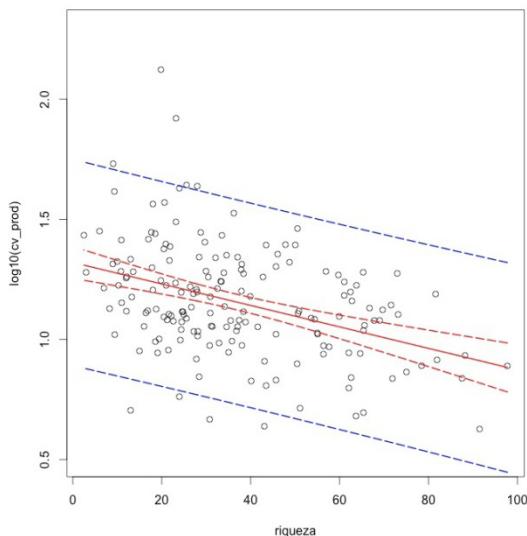
```
datos=datos[order(datos$ipup),]
```

```
lines(datos$riqueza,datos$ipup,lwd=2, lty=5, col="blue")
```

```
datos=datos[order(datos$iplow),]
```

```
lines(datos$riqueza,datos$iplow,lwd=2, lty=5, col="blue")
```

**Figura 3.1.** Intervalos de confianza y predicción para el «log10(CV\_Producción)» en función de la riqueza.



**Nota:** El marco conceptual propone que países con un mayor número de cultivos (riqueza) tendrán mayor estabilidad en la producción agrícola en el tiempo (es decir, menor cv).

Interpretar el gráfico prestando especial atención a los intervalos.

### 3. 3. Bondad de ajuste

«CME» como medida de bondad de ajuste:

**residuos=resid(modelo)**

**CME=(sum(residuos^2))/(length(residuos)-2)**

**CME**

[1] 0.04621833

El siguiente es el desvío estándar residual que está expresado en las mismas unidades que la variable dependiente:

**DS=sqrt(CME)**

**DS**

[1] 0.2149845

Recordemos que por regla empírica, si los datos están distribuidos normalmente, el rango comprendido por la media +/- 1 desvío estándar contendrá

al 68,3 % de las observaciones media +/- 2 DS ----> 95,5 % de las observaciones; media +/- 3 DS ----> 99,7 % de las observaciones.

Línea de regresión junto con el intervalo que contiene a casi el 70 % de los países:

```
with(datos,plot(riqueza,log10(cv_prod)))
with(datos,abline(lm(log10(cv_prod)~riqueza),lwd=2,col="blue"))
with(datos,abline(lm(log10(cv_prod)+DS~riqueza),lwd=2,lty=5,
col="blue"))
with(datos,abline(lm(log10(cv_prod)-DS~riqueza),lwd=2,lty=5,
col="blue"))
```

También es interesante ver:

```
predichos=fitted(modelo)
with(datos,plot(predichos,log10(cv_prod)))
abline(a=0,b=1,lwd=3,col="brown")
```

¿Cuál es la utilidad de la línea con ordenada al origen igual a cero y pendiente igual a 1?

Coeficiente de determinación.

Podemos ver el coeficiente de determinación haciendo:

```
summary(modelo)
```

Miramos el «Multiple R-squared»; el otro «r2» es interesante para cuando trabajemos con regresión múltiple.

También podemos estimarlo nosotros y comparar con la salida anterior:

```
SCE = sum(residuos^2)
SCTotal = with(datos, sum((log10(cv_prod)-(mean(log10(cv_prod)))) ^2
))
r2 = (SCTotal - SCE) / SCTotal
r2
```

```
[1] 0.1561128
```

```
round(r2, 4)
```

```
[1] 0.1561
```

### 3.4. Coeficiente de correlación de Pearson

Este índice no es parte del modelo de regresión lineal simple con el que venimos trabajando. Lo ubicamos aquí para recordar su relación con el coeficiente de determinación («r<sup>2</sup>»).

Coeficiente de correlación de Pearson «(r)»:

```
r=with(datos,cor(log10(cv_prod),riqueza))  
r
```

```
[1] -0.3951111
```

No es el coeficiente de asimetría de Pearson.

Contraste de hipótesis sobre el coeficiente de correlación:

```
with(datos,cor.test(log10(cv_prod),riqueza))
```

Pearson's product-moment correlation

```
data: log10(cv_prod) and riqueza  
t = -5.5748, df = 168, p-value = 9.704e-08  
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0  
95 percent confidence interval:  
-0.5149985 -0.2600627  
sample estimates:  
cor  
-0.3951111
```

Interprete el intervalo de confianza para «r». ¿Cuáles son las hipótesis que se están contrastando?

También se puede obtener como raíz cuadrada de «r<sup>2</sup>» pero se debe agregar el signo (el signo de «r» es el mismo que el de la pendiente):

```
sqrt(r2)
```

```
[1] 0.3951111
```

Aplicando la ecuación de Pearson:

```
r_trabajoso =  
with(datos,  
 (sum((log10(cv_prod)-mean(log10(cv_prod)))*(riqueza-  
 mean(riqueza))))
```

```
/  
  (sqrt( sum((log10(cv_prod)-mean(log10(cv_prod)))^2)  
        * sum((riqueza-mean(riqueza))^2)  
      ))  
r_trabajoso
```

### 3.5. Supuestos

Volvamos al modelo de regresión lineal simple. Evaluemos los supuestos del modelo a través de los residuos:

residuos=resid(modelo)

Los gráficos son una herramienta fundamental en el diagnóstico del modelo, especialmente en la evaluación de los supuestos.

#### 3.5.1. Independencia, homogeneidad de varianza y linealidad

Gráfico interesante para evaluar el supuesto de *homogeneidad de varianzas*, así como el de *independencia*.

```
predichos=fitted(modelo)  
plot(predichos,residuos)
```

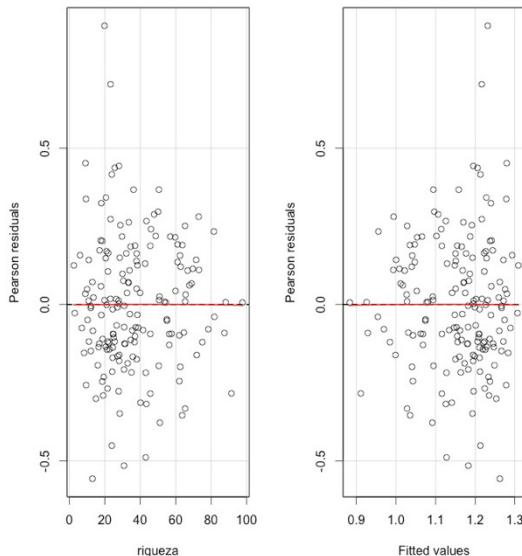
Otro gráfico que complementa el anterior para evaluar independencia, homogeneidad de varianzas, y el supuesto de linealidad del modelo:

```
with(datos,plot(riqueza,residuos))
```

El paquete «car» tiene una función interesante en este sentido:

```
library(car)  
residualPlots(modelo)
```

**Figura 3.2.** Gráficos de dispersión de los residuos de Pearson en función de riqueza (izquierda) y de los valores predichos por el modelo de regresión lineal simple (derecha).



Más adelante veremos qué son los Pearson «residuals», por ahora pensemos solamente que son residuales:

?residualPlots

### 3.5.2. Normalidad

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos, col="yellow")
boxplot(residuos, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
        xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar)  $1.5 * \text{rango intercuartil}$  es el bigote superior o inferior.

«bty» por «box type».

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos, col="yellow", freq=F)
lines(density(residuos), col="blue", lw=3)
```

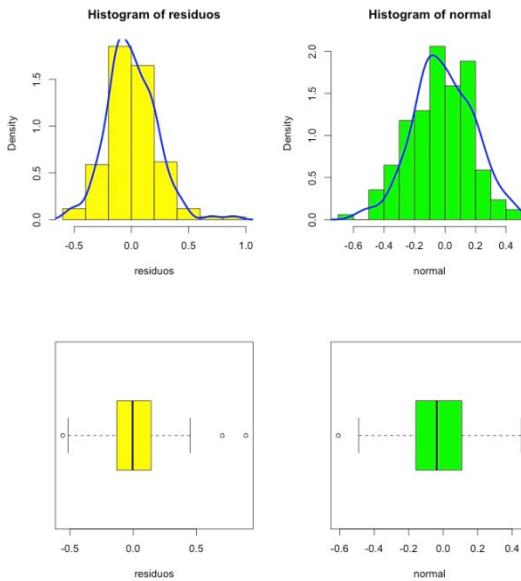
```

normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modelo)$sigma, n=length(summary(modelo)$residuals))
hist(normal, col="green", freq=F)
lines(density(residuos), col="blue", lw=3)

boxplot(residuos, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

```

**Figura 3.3.** Histogramas (arriba) y diagramas de caja y bigotes (abajo) de los residuos del modelo (izquierda) y de datos simulados a partir de una distribución normal (derecha).



¿A qué conclusión llegamos?

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:  
`ks.test(residuos,"pnorm", mean(residuos), sd(residuos))`

One-sample Kolmogorov-Smirnov test

```

data: residuos
D = 0.05573, p-value = 0.6666

```

```
alternative hypothesis: two-sided
```

Alternativamente conviene usar la modificación de Lilliefors a este test. Esta corrección considera que los parámetros son estimados, a diferencia del «ks» «a secas»:

**library(nortest)** antes hay que instalar el paquete con «install.packages» («nortest»).

```
lillie.test(residuos)
```

```
Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
```

```
data: residuos  
D = 0.05573, p-value = 0.2213
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad.

«n» debe ser menor a 2000 y no es muy útil cuando tenemos datos repetidos.

```
shapiro.test(residuos)
```

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data: residuos  
W = 0.9787, p-value = 0.01026
```

¿Cuáles son las hipótesis que se están evaluando en los tres casos anteriores?

El famoso gráfico cuantil-cuantil «Q-Q plot»:

```
par(mfrow=c(1,1))  
qqnorm(residuos)  
qqline(residuos)
```

También se puede hacer para los residuos estandarizados según transformación «z»:

```
plot(modelo, which = c(2))
```

«Q-Q plot» paso a paso:

```
n=length(datos[,2])  
pval=(1:n)/(n+1)  
pval
```

«pval» representa la probabilidad acumulada desde 1 (=0.0058) país hasta la suma de 170 países (= 0.994). Si dividimos por «n» en lugar de (n+1) el último valor de nuestra muestra tendrá una probabilidad = 1, pero en una distribución normal este valor sería +infinito.

¿Cuáles son los cuantiles de una distribución normal para las mismas probabilidades?:

```
cuantiles.normal=qnorm(pval)  
cuantiles.normal
```

Representamos los cuantiles observados en función de lo esperado bajo una distribución normal:

```
plot(cuantiles.normal,sort(residuos))
```

Es fundamental ordenar los residuos de menor a mayor. Este gráfico es prácticamente igual al «qqnorm(residuos)» que vimos más arriba. Comparemos:

```
layout(matrix(1:2,2,1))  
qqnorm(residuos)  
plot(cuantiles.normal,sort(residuos))
```

Otra opción muy común es hacer lo mismo con los residuos luego de realizar una transformación «z». Se los llama residuos estandarizados, pero «estandarizado» se usa como nombre genérico para otras transformaciones. Mejor entonces siempre hacer explícito qué estandarización realizamos:

```
observados.z = (residuos - mean(residuos)) / sd(residuos)  
plot(cuantiles.normal,sort(observados.z))
```

Los cuantiles de los residuos observados están en una escala «z» y los estamos comparando con los cuantiles de una distribución normal en una escala «z». Entonces, si los residuos se distribuyen normalmente, deberían seguir una recta con ordenada al origen = 0 y pendiente = 1:

```
abline(a=0,b=1,col="red",lw=2)
```

Este gráfico es prácticamente igual al que habíamos hecho anteriormente:

```
plot(modelo,which = c(2))
```

La siguiente sección es solo para fanáticos del «Q-Q plot». Para algunas personas es poco preciso utilizar simplemente los residuos observados ordenados y prefieren realizar una corrección a partir de «pval».

```
cuantiles.corregidos=quantile(residuos,probs=pval)
```

«cuantiles.corregidos» son los cuantiles de la distribución acumulada. Son los valores de los residuos expresados en «log10(cv)» para los cuales se acumula una determinada probabilidad. Es decir que en lugar de usar los residuos reales, usamos una función «quantile» que estima los residuos para cada «pval». Se pueden elegir entre 9 métodos (algoritmos) para estimar estos residuos según «pval» a partir de los residuos reales. Si no se

elige un método (algoritmo), R utiliza el método 7 (ver «?quantile»). No es importante para nosotros saber las diferencias entre los 9 métodos, sino solamente comprender que se usan los residuos reales para interpolar con algún método valores que correspondan a los de «pval».

Entonces comparemos:

```
layout(matrix(1:3,3,1))
plot(cuantiles.normal,sort(residuos), main="Simplemente residuos
observados ordenados")
plot(cuantiles.normal,cuantiles.corregidos, main="Residuos corregidos
por la función quantile")
qqnorm(residuos)
```

Se puede hacer lo mismo con los estandarizados:

```
cuantiles.corr.z=quantile(observados.z,probs=pval)
```

Queda como ejercicio realizar la comparación.

Aquí termina la sección para fanáticos del Q-Q Plot y lo que sigue es importante para todos los lectores.

¿Cómo afecta la curtosis y el muestreo?:

```
par(mfcol=c(2,4))

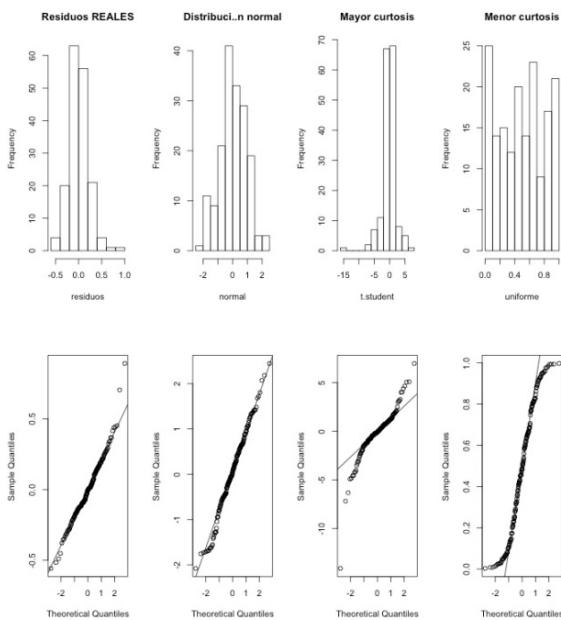
hist(residuos, main="Residuos REALES")
qqnorm(residuos, main="")
qqline(residuos)

normal=rnorm(n=170, mean=0, sd=1)
hist(normal,main="Distribución normal")
qqnorm(normal, main="")
qqline(normal)

t.student=rt(n=170, df=2)
hist(t.student,main="Mayor curtosis")
qqnorm(t.student, main="")
qqline(t.student)

uniforme=runif(n=170, min=0, max=1)
hist(uniforme,main="Menor curtosis")
qqnorm(uniforme, main="")
qqline(uniforme)
```

**Figura 3.4.** Histogramas (arriba) y gráficos cuantil-cuantil (abajo: «Q-Q Plot»)



**Nota:** Para los residuos del modelo de regresión lineal simple, primera columna; para datos simulados a partir de una distribución normal, segunda columna; y para datos simulados a partir de una distribución con mayor y menor curtosis que una normal, tercera y cuarta columna, respectivamente.

Para utilizar el paquete “moments” recordar instalarlo la primera vez con:  
**«install.packages»(«moments»)**

y luego cargar el paquete cada vez que quieran utilizarlo con:  
**library(moments)**

Ahora calculamos la asimetría y curtosis de los residuos:  
**skewness(residuos)** debería dar cero.

```
[1] 0.5017823
kurtosis(residuos) debería dar tres.
```

```
[1] 4.529746
```

El mundo no es perfecto. Probemos:

**skewness(normal)**

**kurtosis(normal)**

Están estimados como el tercer y cuarto momento estandarizados, respectivamente.

### 3. 5. 3. Observaciones atípicas, gran leverage e influyentes

Muchas veces la violación a los supuestos anteriormente mencionados puede darse por la presencia de este tipo de observaciones. Una buena referencia para este tema es la sección 14.9 del libro de Anderson y colaboradores. Por lo tanto, el análisis de los supuestos incluye, de modo importante, la evaluación de observaciones atípicas y (o) con gran leverage y (o) influyentes. En principio, estas observaciones pueden detectarse a partir de todos los gráficos de puntos (cada punto una observación) realizados en las secciones 3.5.1 y 3.5.2. A continuación definimos brevemente cada término y explicamos algunos estadísticos comunes:

- a. Atípicas (en inglés *outliers*): aquellas alejadas, raras y extremas en el eje y.
- b. Con gran leverage: aquellas alejadas, raras y extremas en el eje x.

Pero ¡cuidado!, Anderson y otros traducen este término incorrectamente como *influencia*. Para medir leverage generalmente se usa el estadístico «hi». Hay un «hi» para cada observación y su valor mínimo es 0 (en realidad  $1/n$  en los modelos con ordenada al origen) y el valor máximo es 1. La suma de todos los «hi» es igual al número de coeficientes en el modelo, incluyendo la ordenada al origen. Entonces en la regresión lineal simple este valor es 2.

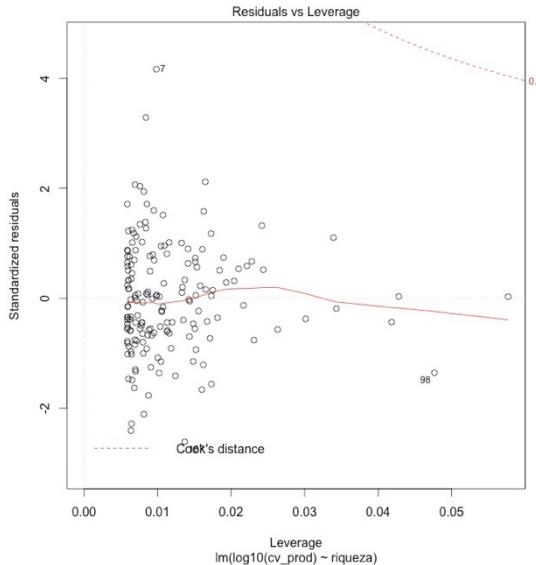
$$hi = 1 / n + (x_i - \bar{x})^2 / \sum((x_i - \bar{x})^2)$$

- c. Y, por lo tanto, con *gran influencia* en el análisis. Una observación que es ambas, atípica y con gran leverage, genera una gran influencia en el análisis. Para evaluar esto, un método básico es hacer el análisis con y sin la observación que se quiere evaluar. Esto es simplemente para detectar si esa observación modifica de manera importante el análisis. Si los coeficientes cambian mucho se dice que la observación tiene gran influencia. Una medida común de influencia es la distancia de Cook (*Cook's distance*). Al identificar que existe una observación influyente la misma no debe ser removida del análisis de manera automática. Reflexionar sobre las posibles causas para este tipo de observaciones y las posibles soluciones, así como sus relaciones de compromiso.

La función «plot» de R es útil porque da 4 gráficos que sirven para evaluar varios supuestos incluyendo estos aspectos que acabamos de discutir:

```
par(mfcol=c(1,1))
plot(modelo)
```

**Figura 3.5.** Residuos estandarizados en función del leverage de los datos en base al modelo de regresión lineal simple de «log10» del cv de producción en función de riqueza



La observación 7 podría tener una alta influencia. Veamos qué sucede cuando la removemos del análisis:

```
?update
modelo2=update(modelo,subset=-c(7))
library(car)
compareCoefs(modelo,modelo2)

Call:
1: lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos)
2: lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos, subset = -c(7))
      Est. 1     SE 1     Est. 2     SE 2
(Intercept) 1.320205  0.033727  1.318944  0.033982
      riqueza -0.004469  0.000802 -0.004422  0.000814
```

Concluya.

Recuerde que sacamos la observación 7 solamente para evaluar su influencia y no esperamos sacarla del análisis.

Saquemos ahora además la observación 167:

```
modelo3=update(modelo,subset=-c(7,167))  
compareCoefs(modelo,modelo2,modelo3)
```

Call:

```
1: lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos)  
2: lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos, subset = -c(7))  
3: lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos, subset = -c(7, 167))  
Est. 1      SE 1    Est. 2      SE 2    Est. 3      SE 3  
(Intercept) 1.320205  0.033727  1.318944  0.033982  1.320548  0.034385  
riqueza     -0.004469  0.000802 -0.004422  0.000814 -0.004454  0.000821
```

Los aspectos discutidos en el punto 3.5.3 se aplican tanto a modelos lineales *generales* como a modelos lineales *generalizados*. Al final del libro veremos los modelos lineales generalizados.

### 3. 6. Análisis de la varianza (ANOVA, por sus siglas en inglés).

Filosofía frecuentista:

```
summary(modelo)
```

Call:

```
lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.5572	-0.1287	-0.0047	0.1416	0.8912

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	1.3202047	0.0337274	39.143	< 2e-16 ***
riqueza	-0.0044694	0.0008017	-5.575	9.7e-08 ***
---				
Signif. codes:	0 ‘***’	0.001 ‘**’	0.01 ‘*’	0.05 ‘.’
	0.1 ‘ ’	1		

Residual standard error: 0.215 on 168 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.1561, Adjusted R-squared: 0.1511

F-statistic: 31.08 on 1 and 168 DF, p-value: 9.704e-08

Interprete el «F-statistic: 31.08» en términos del problema.

Para obtener la famosa tabla de ANOVA:

```
anova(modelo)
```

Analysis of Variance Table

```
Response: log10(cv_prod)
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
riqueza     1 1.4364 1.43641 31.079 9.704e-08 ***
Residuals 168 7.7647 0.04622
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

### 3.7. Inferencia multimodelo por criterio de información de Akaike (AIC)

Esta sección resulta interesante aquí para comparar con otros marcos de inferencia como el ANOVA propuesto en la sección anterior. Para una introducción sobre el tema de inferencia multimodelo pueden consultar el artículo de Garibaldi y otros (2017). Si usted no posee conocimientos sobre inferencia multimodelo siga con la sección 3.8.

Comparar con resultados ANOVA:

```
library("MuMIn")
```

Recordar instalar el paquete antes con `install.packages("MuMIn")`

```
modelo=update(modelo, na.action="na.fail")
selec<-dredge(modelo)
```

¡Importante! La función `dredge` genera todos los modelos posibles (incluido el modelo nulo que solo tiene a la ordenada al origen) y los compara ajustados por «ML»:

```
nrow(selec)
```

Contamos la cantidad de filas que tiene la tabla «selec»

```
[1] 2
```

La función `dredge` generó 2 modelos.

```
selec
```

```
Global model call: lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos, na.action = "na.fail")
```

```

---
Model selection table
  (Intrc)    riquz df logLik  AICc delta weight
2   1.320 -0.004469  3 21.109 -36.1  0.00      1
1   1.156           2  6.681 -9.3 26.78      0
Models ranked by AICc(x)

```

La salida es una tabla ordenada de los modelos del mejor al peor ajuste según AIC. La tabla contiene: la estimación de los predictores continuos y un signo «+» para los predictores categóricos incluidos en el modelo (en este caso ninguno). Además, muestra la cantidad de parámetros («df»), el «logLik», el «AIC», el «delta» (la diferencia respecto del mejor modelo) y el «weight» (peso relativo).

### 3. 8. Ejercicio

Evalúe los supuestos de un modelo de regresión lineal simple estimado para «cv\_prod» (sin «log10») en función de la riqueza.

### 3. 9. Ejemplo adicional

Comparamos la asociación de la riqueza con «cv\_prod» vs. con «crec\_prod»:

```
layout(matrix(1:2,2,1))
```

```

with(datos, plot(riqueza, crec_prod, bty="l",
                 xlab="Riqueza (no. cultivos)", ylab="Crecimiento producción"))
with(datos, abline(lm(crec_prod~riqueza), lwd=2))

with(datos, plot(riqueza, log10(cv_prod), bty="l", axes="F",
                 xlab="Riqueza (no. cultivos)", ylab="CV producción (%)"))
with(datos, abline(lm(log10(cv_prod)~riqueza), lwd=2))
axis(1, at=c(0,20,40,60,80,100), lab=c(0,20,40,60,80,100))
axis(2, at=c(0.6,1.1,1.6,2.1), lab=c(4,13,40,126))

```

Vemos los valores estimados de los parámetros y su significancia para el modelo de crecimiento de producción:

```
mod2=lm(log10(crec_prod)~riqueza,data=datos)
```

```
summary(mod2)
```

Call:

```
lm(formula = log10(crec_prod) ~ riqueza, data = datos)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.042684	-0.005065	-0.000813	0.004321	0.054401

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	9.527e-03	1.694e-03	5.626	7.58e-08 ***
riqueza	4.622e-05	4.026e-05	1.148	0.253
---				

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ‘ 1

Residual standard error: 0.0108 on 168 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.007783, Adjusted R-squared: 0.001877

F-statistic: 1.318 on 1 and 168 DF, p-value: 0.2526

este es el modelo de `log10(cv_prod)`,

`summary(modelo)`

Call:

```
lm(formula = log10(cv_prod) ~ riqueza, data = datos, na.action = "na.fail")
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.5572	-0.1287	-0.0047	0.1416	0.8912

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	1.3202047	0.0337274	39.143	< 2e-16 ***
riqueza	-0.0044694	0.0008017	-5.575	9.7e-08 ***
---				

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ‘ 1

Residual standard error: 0.215 on 168 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.1561, Adjusted R-squared: 0.1511

F-statistic: 31.08 on 1 and 168 DF, p-value: 9.704e-08

Comparar con el anterior y reflexionar sobre las diferencias entre los dos modelos evaluados.

## **Lista de referencias bibliográficas**

- Anderson D. R., Sweeney D. J. y Williams T. A. (2012). *Estadística para administración y economía*, 11a edición (cap. 14). México DF: Ed. Cengage Learning.
- Bowerman B. L., O'Connell L. T., Koehler A. B. (2007). *Pronósticos, series de tiempo y regresión: un enfoque aplicado*, 4ta edición (caps. 3 y 5). México DF: Ed. Cengage Learning.
- Garibaldi LA, Aristimuño FJ, Oddi FJ y Tiribelli F (2017). Inferencia multimodelo en ciencias sociales y ambientales. *Ecología Austral*, 27, 348-363.
- Lind D. A, Marchal W. G. y Mason R. D. (2006). *Estadística para administración y economía*. 11ava edición (cap. 13). México DF: Ed Alfaomega.
- Levin R. I., Rubin D. S., Balderas M., del Valle J. C. y Gomez R. (2004) *Estadística para administración y economía*, 7ma edición (cap. 12). México DF: Ed. Pearson.
- Matloff, N. S. (2011). *The art of R programming. A tour of Statistical Software Design*. San Francisco: Ed. No Starch Press.
- Paradis, E. (2003). *R para principiantes*. Recuperado de [https://cran.r-project.org/doc/contrib/rdebut\\_es.pdf](https://cran.r-project.org/doc/contrib/rdebut_es.pdf)
- Webster, A. L. (2000) *Estadística aplicada a los negocios y la economía*. 3era edición. Santa Fe de Bogota: Ed. Irwin McGraw-Hill. Capítulo 11.



## Capítulo 2

# Análisis de la varianza (ANOVA) y comparaciones múltiples

## Introducción

En este capítulo esperamos que el lector desarrolle la habilidad de llevar adelante análisis de la varianza (ANOVA, por sus siglas en inglés) en el ambiente de programación R. A partir de la metodología learning by doing (aprender haciendo) esperamos que pueda comprender, aplicar, analizar, evaluar y crear distintos ANOVAS acordes a la problemática a resolver. Este capítulo discute los conceptos de distribución F, sumas de cuadrados, grados de libertad y cuadrados medios. Introducimos estos conceptos mediante ANOVAS aplicados a variables independientes cuantitativas (en particular, modelos de regresión lineal simple) y categóricas (en particular, modelos unifactoriales con más de dos grupos o tratamientos). Discutimos también la relación entre el coeficiente de determinación y las sumas de cuadrados. Evaluamos los supuestos del ANOVA y la bondad de ajuste de los modelos mediante análisis de los residuos. También abarcaremos comparaciones múltiples como la «hsd» de Tukey, el «lsd» de Fisher y el ajuste de Bonferroni. Antes de trabajar sobre esta unidad práctica, les sugerimos al lector consultar los siguientes textos disponibles sobre los temas que se tratarán aquí y leer al menos un capítulo. Algunas obras que recomendamos para el área de Economía y Ciencias Sociales son Anderson, Sweeney y Williams (2012), Lind, Marchal y Mason (2006) y Webster (2000).

## Trabajo práctico 4

### Análisis de la varianza (ANOVA) y comparaciones múltiples

#### 4. 1. Problema y datos

Trabajaremos con información acerca del número de empleados públicos cada 1000 habitantes en las provincias argentinas.<sup>1</sup>

---

<sup>1</sup> Los datos pertenecen al Ministerio de Economía. Recuperados de [http://www.mecon.gov.ar/peconomica/basehome/fichas\\_provinciales.htm](http://www.mecon.gov.ar/peconomica/basehome/fichas_provinciales.htm)

```

empleados=c(105, 103, 63, 67, 92, 54, 42, 51, 45, 74, 62, 37, 43, 88, 56, 30, 35,
33, 55, 46, 45, 47, 44, 82)
region=c("Patagonia", "Patagonia", "Patagonia", "Patagonia", "Patagonia",
"Patagonia",
"NEA", "NEA", "NEA", "NOA", "NOA", "NOA", "NOA", "Centro y
Bs.As", "Centro y Bs.As", "Centro y Bs.As", "Centro y Bs.As", "Centro y Bs.As",
"Nuevo Cuyo", "Nuevo Cuyo", "Nuevo Cuyo", "Nuevo Cuyo")
provincia=c("Tierra del Fuego", "Santa Cruz", "Chubut", "Río Negro",
"Neuquén", "La Pampa", "Misiones", "Corrientes", "Chaco", "Formosa",
"Jujuy", "Salta", "Tucuman", "Catamarca", "Santiago del Estero", "Córdoba",
"Buenos Aires", "Santa Fe", "Entre Ríos", "CABA", "Mendoza", "San Luis",
"San Juan", "La Rioja")
datos = data.frame(empleados,region,provincia)

```

Queremos estudiar si la cantidad de empleados públicos por 1000 habitantes varía según las regiones.  
«Región» es una variable categórica.

## 4. 2. Sobre factores en R

En estadística, cuando las variables categóricas son predictoras (independientes) se llaman *factores*. A las categorías dentro de un factor se las llama *niveles*. R también usa esta terminología. Ver:

**str(datos)**

R nos indica que región es un factor con cinco niveles

**datos\$region** o también interesante

**class(datos\$region)**

**levels(datos\$region)** R ordena los niveles alfabéticamente.

### 4. 2. 1. Cambiar orden

Muchas veces queremos cambiar el orden de los niveles, ya que este es tomado luego por la función «lm» y ubica al primer nivel como ordenada (ver sección 4.3.). Entonces, si queremos cambiar el orden, supongamos de norte a sur:

**datos\$region=with(datos, factor(region, levels=c("NOA", "NEA", "Nuevo
Cuyo", "Centro y Bs.As", "Patagonia")))**

Vemos cómo cambia el orden:

**levels(datos\$region)**

Volvemos a ordenar alfabéticamente:

**datos\$region=with(datos, factor(region, levels=c("Centro y Bs.As", "NEA",
"NOA", "Nuevo Cuyo", "Patagonia")))**

```
levels(datos$region)
```

#### 4. 2. 2. Cambiar nombres

Finalmente puede resultarnos interesante cambiar los nombres de las clases. Por ejemplo por nombres más cortos, para ello usamos el argumento «labels» dentro de la función «factor»:

```
datos$region=with(datos, factor(region, labels=c("Centro", "NEA",  
"NOA", "Cuyo", "Pat")))  
levels(datos$region)
```

En la sección 4.3. Modelo y ANOVA explicamos cómo hacer algo similar con la función «relevel».

#### 4. 2. 3. Caracteres versus factores

R reconoce a «datos\$región» como un factor porque está dentro de una tabla de datos. En cambio, al vector «región» que cargamos al principio del apartado, lo reconoce como un vector de caracteres.

```
str(region)
```

Una de las diferencias es que R no reconoce los niveles cuando la clase es vector de caracteres:

```
levels(region)
```

En cambio, si lo transformamos en factor, sí los reconoce:

```
region = as.factor(region)
```

```
levels(region)
```

Un detalle a tener en cuenta: casi siempre guardamos los datos en tablas de datos («data.frames») entonces R siempre va a reconocer a nuestras variables categóricas como factores con sus niveles.

### 4. 3. Modelo y ANOVA

Volvamos al problema. Recordemos que queremos estudiar si la cantidad de empleados públicos por 1000 habitantes varía según regiones. Planteamos el modelo estadístico y lo evaluamos:

```
modelo=lm(empleados~region, data=datos)
```

```
modelo
```

```
summary(modelo)
```

Interpretamos el «F-statistic: 3.813» en términos del problema:

```
summary(modelo)$fstatistic
```

value	numdf	dendf
3.813321	4.000000	19.000000

¿Qué son «numdf» y «dendf»? ¿Cómo se obtienen?

**anova(modelo)**

Analysis of Variance Table

Response: empleados

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
region	4	4889.0	1222.26	3.8133	0.01937 *
Residuals	19	6089.9	320.52		

---

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

¿Qué unidades tiene el CME?

Las secciones 13.1 y 13.2 del libro de Anderson y otros (2012) explican de manera clara los fundamentos del anova para un ejemplo similar.

Si queremos cambiar el nivel que está como base en R otra opción es usar la función «relevel». Por ejemplo si queremos usar como base «Patagonia».

```
datos$region=relevel(datos$region, ref="Pat")
modelo2=update(modelo)
summary(modelo2)
```

#### 4.4. Comparaciones múltiples

```
install.packages("agricolae")
library(agricolae)
```

Vamos a ver tres tests y a ordenarlos crecientemente en su potencia pero también crecientemente en la probabilidad de cometer un error de tipo I.  
¿Por qué realizamos comparaciones múltiples?

##### 4.4.1. Bonferroni

```
LSD.test(modelo, trt="region", p.adj="bonferroni", alpha = 0.05, console=TRUE)
«Console = TRUE» para que nos muestre el resultado en la pantalla de de R.
```

Study: modelo ~ “region”

LSD t Test for empleados  
P value adjustment method: bonferroni

Mean Square Error: 320.5228

region, means and individual ( 95 %) CI

	empleados	std	r	LCL	UCL	Min	Max
Centro	39.80000	10.42593	5	23.04214	56.55786	30	55
Cuyo	54.50000	18.37571	4	35.76414	73.23586	44	82
NEA	53.00000	14.49138	4	34.26414	71.73586	42	74
NOA	57.20000	19.89221	5	40.44214	73.95786	37	88
Pat	80.66667	22.04238	6	65.36890	95.96443	54	105

alpha: 0.05 ; Df Error: 19

Critical Value of t: 3.173725

Minimum difference changes for each comparison

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means

a	Pat	80.67
ab	NOA	57.2
ab	Cuyo	54.5
ab	NEA	53
b	Centro	39.8

¿Qué es el «alpha»? ¿Cuál es el «alfa» que utiliza el test de Bonferroni en cada contraste de pares de medias aritméticas? ¿Cuál es el estadístico utilizado en estos contrastes?

#### 4.4.2. Tukey

HSD: *honestly significant difference* (diferencia honestamente significativa)

**tukey=HSD.test(modelo,"region",console=TRUE)**

Study: modelo ~ "region"

HSD Test for empleados

Mean Square Error: 320.5228

region, means

	empleados	std	r	Min	Max
Centro	39.80000	10.42593	5	30	55
Cuyo	54.50000	18.37571	4	44	82

```
NEA      53.00000 14.49138 4  42   74  
NOA     57.20000 19.89221 5  37   88  
Pat     80.66667 22.04238 6  54  105  
alpha: 0.05 ; Df Error: 19  
Critical Value of Studentized Range: 4.252831
```

Harmonic Mean of Cell Sizes 4.6875  
Honestly Significant Difference: 35.16713

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means

a	Pat	80.67
ab	NOA	57.2
ab	Cuyo	54.5
ab	NEA	53
b	Centro	39.8

«Critical Value of Studentized Range» es el valor «q» de la fórmula 10.10 del libro de Webster; «q» sigue una distribución de rangos estudiantizada HSD = q \* sqrt((CME /repeticiones))

**HSD = 4.252831 \* sqrt((320.5228 / 4.6875))**

**HSD**

«q» puede obtenerse también como:

**qtukey(0.95,nmeans=5,df=19)**

«Harmonic Mean of Cell Sizes» es el número de repeticiones que se usa en la fórmula 10.10 de HSD, en este caso es 4 6875 porque los distintos tratamientos tienen distinto número de repeticiones.

**HarmonicMean = 5 / (1/5 + 1/4 + 1/5 + 1/4 + 1/6)**

**HarmonicMean**

```
[1] 4.6875
```

El valor de la media armónica generalmente es menor al de la media aritmética.

#### 4. 4. 3. LSD

```
LSD.test(modelo,"region", p.adj="none", alpha = 0.05, console=TRUE)  
Study: modelo ~ "region"
```

LSD t Test for empleados

Mean Square Error: 320.5228

region, means and individual ( 95 %) CI

	empleados	std r	LCL	UCL	Min	Max	
Centro	39.80000	10.42593	5	23.04214	56.55786	30	55
Cuyo	54.50000	18.37571	4	35.76414	73.23586	44	82
NEA	53.00000	14.49138	4	34.26414	71.73586	42	74
NOA	57.20000	19.89221	5	40.44214	73.95786	37	88
Pat	80.66667	22.04238	6	65.36890	95.96443	54	105

alpha: 0.05 ; Df Error: 19

Critical Value of t: 2.093024

Minimum difference changes for each comparison

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means

a	Pat	80.67
b	NOA	57.2
b	Cuyo	54.5
b	NEA	53
b	Centro	39.8

Fórmula 10.11 del libro de Webster:

LSD =  $\sqrt{2 * CME * F / \text{repeticiones}}$ .

**LSD =  $\sqrt{2 * 320.5228 * (2.093024^2) / 4.6875}$**

**LSD**

Cuando los grados de libertad del numerador de la F son = 1, la F =  $t^2$ , por eso es que aquí se usa  $t^2$  pero la ecuación es la misma que la fórmula 10.11 de Webster. La única diferencia es que en la fórmula 10.11 usamos F y aquí usamos  $t^2$ .

Si utilizamos la ecuación 13.17 del libro de Anderson:

LSD =  $t * \sqrt{CME * ((1/\text{repeticiones})^2)}$

**LSD2 =  $qt(0.025, df=19, lower.tail=F) * \sqrt{320.5228 * (1/4.6875 + 1/4.6875)}$**

**LSD2**

vemos que dan lo mismo:

**LSD; LSD2**

En la nueva versión del paquete «agricolae» en lugar de utilizar una diferencia mínima significativa para todas las comparaciones, utiliza comparaciones «t» de a pares, empleando las réplicas y los datos solo de los dos tratamientos en cuestión. Por eso el análisis indica «Minimum difference changes for each comparison».

Esta es una pequeña corrección a lo que plantean los textos de Webster y de Anderson no necesariamente aceptada.

En este caso indicamos en la función «LSD.test» el argumento «p.adj="none"», es decir, que son comparaciones de «t» apareadas sin corregir por comparaciones múltiples sobre un mismo set de datos. De las tres pruebas, por lo tanto, esta sería la de mayor alfa global (pero menor error de tipo 2).

Previamente hemos visto el método de ajuste por Bonferroni con el argumento «p.adj="bonferroni"» pero hay varios otros métodos de ajuste que podrían haberse empleado. Ver:

?LSD.test

#### 4. 4. 4. Aspectos clave sobre comparaciones múltiples

- a. Cuando se realizan múltiples tests sobre los mismos datos el alfa global (es decir, la probabilidad de cometer al menos un error de tipo 1 en alguna de las pruebas) aumenta drásticamente. Esto es especialmente grave para estudios con muchos tratamientos y pocas repeticiones.
- b. Reducir el alfa particular (de cada prueba) para mantener el alfa global en niveles aceptables aumenta el error de tipo 2.
- c. Por lo tanto, debido a lo planteado en b) existen distintos métodos para corregir el alfa particular. No hay un único método que sea el mejor para todas las situaciones.
- d. Las comparaciones múltiples también se conocen como comparaciones *a posteriori* porque se realizan solamente luego de encontrar efectos significativos en el ANOVA.

#### 4. 5. Gráfico

```
medias=with(datos,tapply(empleados,region,mean))
medias=sort(medias)
```

ordenamos las medias para que luego el gráfico nos quede de menor a mayor  
medias

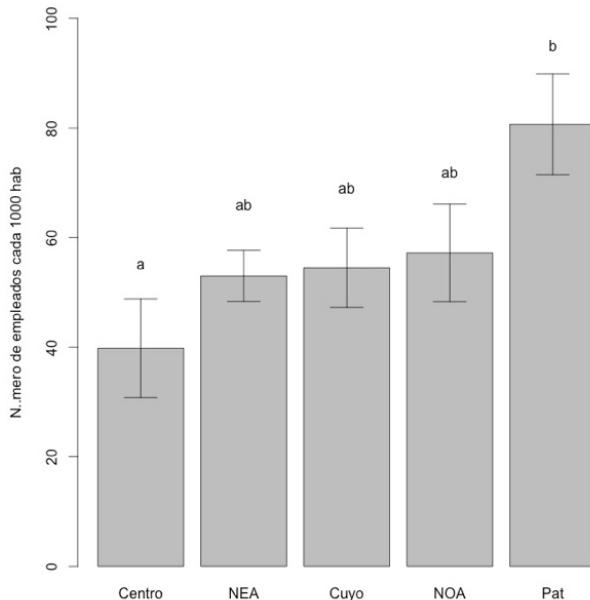
```
desvios=with(datos,tapply(empleados,region,sd))
num=with(datos,tapply(empleados,region,length))
error=desvios / sqrt(num)
```

```
fig= barplot(medias,ylim=c(0,100),ylab= "Número de empleados cada  
1000 hab")  
arrows(fig,medias+error,fig,medias-error,angle=90,code=3)
```

Agregamos al gráfico los resultados del test de Tukey:

```
text(0.7,55,"a")  
text(1.9,66,"ab")  
text(3.1,69,"ab")  
text(4.3,72,"ab")  
text(5.5,95,"b")
```

**Figura 4.1.** Media (+- un error estándar) del número de empleados cada 1000 habitantes según regiones de Argentina.



**Nota:** Letras distintas indican diferencias significativas de acuerdo a los resultados del test de Tukey.

Otro gráfico similar y con un código más corto:

```
bar.group(tukey$groups,ylim=c(0,100),density=4,border="blue")
```

Nos gusta más el gráfico anterior porque presenta el error estándar para la media de cada tratamiento (región).

¿Cuál es la importancia de mostrar el error estándar para cada media en el gráfico?

#### 4. 6. Supuestos

Evaluamos los supuestos del modelo a través de los residuos:

```
residuos=resid(modelo)
```

Independencia, homogeneidad, linealidad para evaluar el supuesto de homogeneidad de varianzas, así como el de independencia:

```
predichos=fitted(modelo)
```

```
plot(predichos,residuos)
```

Indique las unidades de los residuos y los valores predichos.

¿Qué son los valores predichos?

```
library(car)
```

```
residualPlots(modelo)
```

Más adelante veremos qué son los *Pearson residuals*, por ahora pensémoslos solo como residuales.

Normalidad:

```
par(mfrow=c(2,1))
```

```
hist(residuos,col="yellow")
```

```
boxplot(residuos,bty="l",range=1.5,col="yellow",horizontal=T,  
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) 1.5 \* rango intercuartil es el bigote superior o inferior: «bty» por «box type».

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
```

```
hist(residuos,col="yellow",freq=F)
```

```
lines(density(residuos),col="blue",lw=3)
```

```
normal=rnorm(mean=0,sd=summary(modelo)$sigma,n=length(summ  
ary(modelo$residuals)))
```

```
hist(normal,col="green",freq=F)
```

```
lines(density(residuos),col="blue",lw=3)
```

```
boxplot(residuos,bty="l",range=1.5,col="yellow",horizontal=T,  
xlab="residuos")
```

```
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,  
xlab="normal")
```

¿A qué conclusión llegamos?

```
par(mfrow=c(2,1))  
qqnorm(residuos)  
qqline(residuos)
```

Comparemos con una normal:

```
qqnorm(normal)  
qqline(normal)
```

```
par(mfrow=c(1,1))
```

También puede hacerse para los residuos estandarizados según transformación «z».

```
plot(modelo, which = c(2))
```

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos,"pnorm",mean(residuos),sd(residuos))
```

Alternativamente conviene usar la modificación de Lilliefors a este test. Esta corrección considera que los parámetros son estimados, a diferencia del «ks» a secas.

```
library(nortest) antes hay que instalar el paquete  
lillie.test(residuos)
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad: «n» debe ser menor a 2000 y no es muy útil cuando tenemos datos repetidos:

```
shapiro.test(residuos)
```

También puede realizar lo siguiente:

```
library(moments)
```

`skewness(residuos)` debería dar cero.

`kurtosis(residuos)` debería dar tres.

Otros gráficos interesantes

```
par(mfcol=c(2,4))
```

```
hist(residuos, main="Residuos REALES")  
qqnorm(residuos, main="")  
qqline(residuos)
```

```

normal=rnorm(n=24, mean=0, sd=1)
hist(normal,main="Distribución normal")
qqnorm(normal, main="")
qqline(normal)

t.student=rt(n=24, df=2)
hist(t.student,main="Mayor curtosis")
qqnorm(t.student, main="")
qqline(t.student)

uniforme=runif(n=24, min=0, max=1)
hist(uniforme,main="Menor curtosis")
qqnorm(uniforme, main="")
qqline(uniforme)
par(mfcol=c(1,1))
plot(modelo)

```

Recordamos que la parte de *leverage* está explicada en las páginas 616-618 de Anderson (2012) y también que *leverage* está incorrectamente traducido como «influencia».

#### 4.7. ¿Cuántas repeticiones necesito?

La ecuación de HSD contiene el número de repeticiones por tratamiento  
 $HSD = q * \sqrt{(CME / \text{repeticiones})}$

Si despejamos «repeticiones», obtenemos:

$$\text{repeticiones} = CME * (q / HSD)^2$$

Si reemplazamos en esta ecuación podemos tener una idea del número de repeticiones que necesitamos antes del experimento.

Para el ejemplo que venimos discutiendo:

$$CME = (\text{sum(residuos}^2)) / (\text{length(residuos)} - 5)$$

CME las unidades son (empleados cada mil hab)<sup>2</sup>

En el capítulo 1 usamos «qnorm» para obtener el cuantil de la distribución normal para una determinada probabilidad acumulada.

Ahora, para obtener «q», hacemos lo mismo pero con la distribución de rangos estudiantizados (o distribución Tukey):

```

q = qtukey(0.95,nmeans=5,df=19)
q

```

El primer valor es la confianza; el segundo, el número de tratamientos y el tercero son los grados de libertad del error.

Al HSD lo definimos nosotros:

$$\text{HSD}=20$$

Ahora sí:

$$\text{repeticiones} = \text{CME}^* (q / \text{HSD})^2$$

### repeticiones

Aspectos importantes a considerar para obtener un número de repeticiones adecuado:

- Variabilidad (en este caso residual: CME)
- Confianza (influye sobre «q»)
- Precisión (HSD)

Indique dónde se encuentran estos tres aspectos en la ecuación de «t» de student que suele presentarse en un curso introductorio de estadística para obtener el número de repeticiones.

Compare e indique similitudes y diferencias.

## 4. 8. Sobre probabilidades e inferencia

Todo lo ejercitado es de gran utilidad para inferir y modelar aspectos de una población a partir de una muestra. Pero en el caso particular del ejemplo tratado: ¿cuál es la población? ¿Cuál es la muestra? ¿Existe incertidumbre? ¿A qué se refieren las probabilidades obtenidas?

## 4. 9. Función de verosimilitud y matrices

Este tema se discute con más detalle a partir del capítulo 5. Si no conoce sobre verosimilitud puede evitar esta sección. Caso contrario, las consignas son:

1. Plantee la función de verosimilitud de acuerdo al modelo estimado arriba.
2. Escriba matricialmente el modelo estimado arriba.
3. Indique y explique el método por el cual se estiman los parámetros.

## Lista de referencias bibliográficas

- Anderson D. R., Sweeney D. J. y Williams T. A. (2012). *Estadística para administración y economía*, 11a edición, capítulos 13 y 14. México D.F.: Ed. Cengage Learning.
- Lind D. A, Marchal W. G. y Mason R. D. (2006). *Estadística para administración y economía*, 11ava edición, capítulo 12. México D.F.: Alfaomega.

- Webster, A. L. (2000). *Estadística aplicada a los negocios y la economía*, 3a edición, capítulo 10. Bogotá, Colombia: Ed. Irwin McGraw-Hill.
- Wasserstein R. (2016). *Declaración de la Asociación de Estadística Americana Sobre la Significancia Estadística y Los Valores P* [ASA Statement on Statistical Significance and P-values], suplemento en línea y traducción al español por Laco Mazzone F, Grampa M, Goldenberg M, Aristimuño F, Oddi F y Garibaldi LA, *The American Statistician*, 70.

## Capítulo 3

# Diseño de experimentos (muestreos)

## Introducción

En este capítulo esperamos que el lector pueda discernir entre diseños uni y multi-factoriales, diseño completamente aleatorio (DCA) y el diseño en bloques (DBCA). A partir de la integración de capítulos anteriores aplicaremos ANOVAS a estos diseños, evaluaremos sus supuestos y la bondad de ajuste mediante análisis de los residuos. Un aspecto clave de este capítulo es la comprensión de experimentos manipulativos versus mensurativos y sus implicancias en la interpretación de los estudios. Por otro lado, en la planificación de cualquier ensayo es clave la determinación del número de repeticiones necesario. Finalmente, es importante poder discernir entre datos en panel, corte transversal y series de tiempo ya que ello afecta la elección del tipo de análisis estadístico a desarrollar. Una introducción a estos temas puede encontrarse en Anderson, Sweeney y Williams (2012) y Webster (2000).

## Trabajo práctico Nº 5. Diseño en bloques completos aleatorizados (DBCA)

### 5. 1. Problema y datos

Se desea estudiar los beneficios obtenidos por las empresas más importantes del globo. Se piensa que el beneficio promedio depende del sector en el que se desempeña cada empresa, dado que sectores distintos poseen diferencias en sus estructuras de costos y en las posibilidades de retener rentas extraordinarias. Para llevar adelante el estudio se tomaron empresas de hasta 100 000 empleados, relevando datos de empresas de cinco de los sectores más significativos de toda economía, cuantificando el beneficio generado por ellas en 1986 en millones de USD.

Como el tamaño de la empresa es sin duda un factor determinante a la hora de considerar los beneficios que genera, para cada sector se ha elegido una empresa entre 0 y 5000 empleados, otra entre 5000 y 20 000 empleados y otra entre 20 000 y 100 000. De este modo el estudio también consideró el efecto del tamaño de la empresa sobre el beneficio, pero el principal objetivo fue evaluar el efecto del sector sobre el beneficio.

Cargamos los datos.<sup>1</sup>

```
datos = read.table("datos_p_5.txt", header=T, dec=",")  
str(datos)
```

## 5.2. Consignas a resolver

1. Indique el modelo conceptual y un modelo estadístico acorde. Identifique la unidad experimental y los tratamientos.
2. ¿Por qué se incluyó el factor «tamaño de empresa» en el estudio? ¿Cuáles son las ventajas de esta inclusión?  
¿Podría tener desventajas haber incluido este factor? ¿Cuáles? Indique las consecuencias de dicha elección sobre el cociente «F».
3. Interprete algún valor del cociente «F» en términos del problema. Indique su relevancia y la hipótesis asociada.  
¿Cómo varía el «valor-p» a medida que aumenta el valor del cociente «F»?
4. Indique verdadero o falso y justifique:
  - a. Que las empresas grandes tengan beneficios mayores en el sector de energía refleja la existencia de interacción entre los factores y, por ende, invalida el modelo previamente planteado.
  - b. Un diseño en bloques completos aleatorizados implica una aleatorización restringida.
  - c. Es un experimento mensurativo porque se asignan aleatoriamente los tratamientos a las unidades experimentales.
  - d. La asignación (o selección) aleatoria de las unidades experimentales es fundamental para (pero no garantiza) lograr independencia en los residuos y evitar efectos confundidos.

## 5.3. Supuesto de ausencia de interacción entre los efectos de bloques y tratamientos

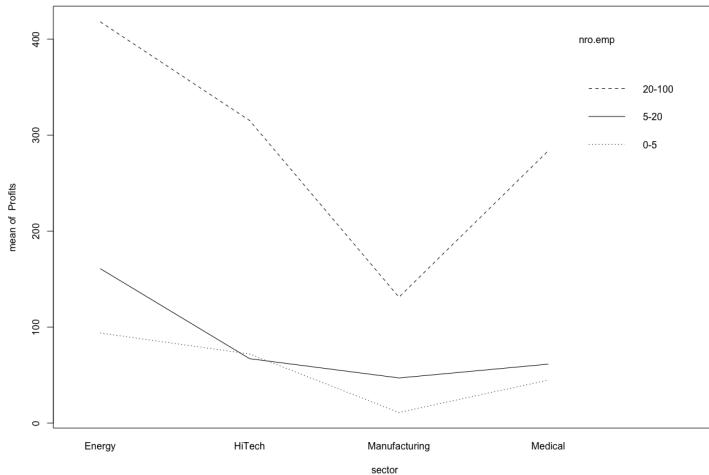
5. Evalúe los supuestos del modelo y análisis desarrollados.  
¡Importante! Nuevo supuesto: ausencia de interacción entre los bloques y los tratamientos:

```
with(datos, interaction.plot(sector,nro.emp,Profits))
```

---

<sup>1</sup> Los datos pertenecen al año 1986 y provienen de *Forbes 500 list*. Recuperados de <http://lib.stat.cmu.edu/DASL/Datafiles/Companies.html>

**Figura 5.1.** Media de beneficios de las empresas según el sector en el que se desempeñan y cantidad de empleados con los que operan como bloque



Interprete el gráfico.

Evalué los otros supuestos del modelo (puede adaptar los apartados de los capítulos anteriores si lo necesita).

#### 5.4. Más consignas

6. Interprete el coeficiente de determinación. ¿Puede haber modelos adecuados pero con bajo coeficiente de determinación? Justifique.
7. Plantee dos modelos interesantes en el contexto del problema y compárelos por AIC.

#### 5.5. Otro ejemplo DBCA

Para las siguientes consignas se toman los datos del ejercicio 10 del libro de Webster (2000, p. 297).

Una empresa carbonífera en West Virginia analizó la producción promedio de tres minas.

Cuatro grupos de empleados trabajaron en cada mina y se registró en toneladas la producción de carbón resultante por día. Se utilizó un modelo con dos factores considerando a cada grupo como un bloque. Como nuevo

supervisor administrativo, usted debe determinar si existe alguna diferencia en la productividad promedio de las minas.

```
carbon=c(42.7,47.1,32.1,29.2,  
        54.1, 59.2, 53.1, 41.1,  
        56.9, 59.2, 58.7, 49.2)  
mina=c(1,1,1,1,2,2,2,2,3,3,3,3)  
mina=as.factor(mina)  
grupo=c(1,2,3,4,1,2,3,4,1,2,3,4)  
grupo=as.factor(grupo)  
datos=data.frame(carbon,grupo,mina)
```

1) Escriba el modelo y estime sus parámetros.

```
modelo=with(datos, lm(carbon~mina + grupo))  
modelo  
summary(modelo)
```

2) Evalúe las hipótesis de interés.

```
anova(modelo)  
  
library(agricolae)  
HSD.test(modelo,"mina", console=TRUE)
```

3) Interprete los resultados de la siguiente función y relacionelos con los objetivos del estudio:

```
confint(modelo, level = 0.99)
```

O, más completo:

```
cbind(Estimado=coef(modelo),confint(modelo, level = 0.99))
```

¿Cuáles son las diferencias con los resultados siguientes?

¿Cuáles son los parámetros estimados en cada caso?

```
predict.lm(modelo, interval="confidence")
```

4) Si la unidad experimental es cada día, y se eligen días al azar para cuantificar la producción. ¿Cómo cambiaría el diseño si se realiza según DCA en

lugar de DBCA (bajo el mismo objetivo: evaluar diferencias entre las minas)? Utilice el término *aleatorización restringida* en su respuesta.

5) ¿En qué consiste el experimento? ¿En qué consiste la muestra?

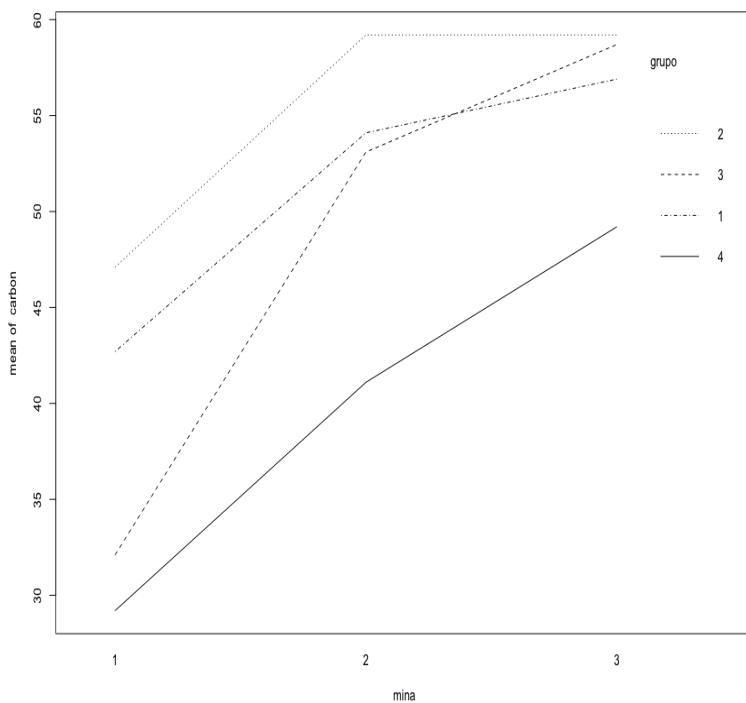
6) Dado lo indicado en 3) ¿este es un experimento mensurativo o manipulativo? Justifique.

7) El análisis continúa con la evaluación de los supuestos.

¡Importante! Nuevo supuesto: ausencia de interacción entre los bloques y los tratamientos

```
with(datos, interaction.plot(mina, grupo, carbon))
```

**Figura 5.2.** Producción de carbón (en toneladas diarias) en función de tres minas diferentes, con cuatro grupos de trabajadores como bloque



Interprete el gráfico.

Evalúe los otros supuestos del modelo (puede adaptar los apartados de los capítulos anteriores si lo necesita).

## Trabajo práctico Nº 6. Diseño multifactorial

### 6. 1. Problema y datos

Los siguientes datos fueron obtenidos de la Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL), División de Estadística y Proyecciones Económicas, Unidad de Estadísticas Sociales, sobre la base de tabulaciones especiales de las encuestas de hogares de los respectivos países<sup>2</sup>.

La variable dependiente es el «Porcentaje del salario medio de las mujeres asalariadas urbanas», respecto del salario de los hombres de iguales características.

Se utilizó en el cálculo hombres y mujeres de 20 a 49 años de edad, que trabajan 35 horas o más por semana,

```
datos=read.csv("datos_p_6.csv", sep=",")  
str(datos)
```

Para quienes trabajan con Windows:

Es posible que a Windows no le gusten las tildes y haya cambiado de nombre los títulos de las columnas que las tienen. Eso se corrige relativamente fácil renombrando las columnas de las tablas de datos:

```
colnames(datos)=c("año", "escolaridad", "remuneración")
```

Dentro del factor «escolaridad» hay un nivel que se llama «“13 y más”». Tal vez Windows le cambió el nombre a este nivel también.

Revisemos en apartados anteriores los códigos que nos permiten renombrar niveles de factores.

Se desea conocer cómo varía el porcentaje del salario de las mujeres en función de la escolaridad y el año en el cual se realizó la encuesta. Ambas variables expresadas como *variables categóricas*.

### 6. 2. Gráficos

```
levels(datos$escolaridad)
```

Los ordenamos de menor a mayor para que el gráfico quede mejor:

```
datos$escolaridad=with(datos, factor(escolaridad, levels=c("0_5",  
"6_9", "10_12", "13 y más")))
```

---

<sup>2</sup> Los interesados pueden obtener más información en <http://www.eclac.org/>

Un gráfico interesante en el contexto del problema:

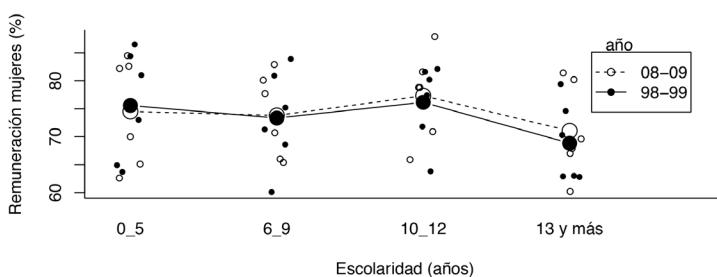
```
with(datos, interaction.plot(escolaridad,año,remuneración,
                             xlab="Escolaridad (años)",
                             ylab="Remuneración mujeres (%)",
                             ylim=range(remuneración),
                             type="b", pch=c(1,16),
                             cex=2, leg.bty="o", bty="l"))
```

El «`type="b"`» nos da un símbolo en el centro mientras que el «`pch=c(1,16)`» nos dice que esos símbolos son círculos vacíos y negros según el año. «`cex=2`» nos da el tamaño de los símbolos en el gráfico. «`leg.bty="o"`» le agrega el cuadro a la leyenda. «`bty="l"`» es el *box type* para el gráfico.

Si además de las medias aritméticas queremos ver los valores para cada unidad experimental, entonces al gráfico anterior le agregamos los puntos con la función «“points” :-»):

```
with(datos, points(jitter(as.numeric(escolaridad),factor=0.5),remuneración,
                    pch=ifelse(año == "98-99", 16, 1), cex=0.8))
```

**Figura 6.1.** Remuneración de las mujeres (medida como % del salario de un hombre en igual puesto) en función de la escolaridad (medida en años de estudios) para dos períodos.



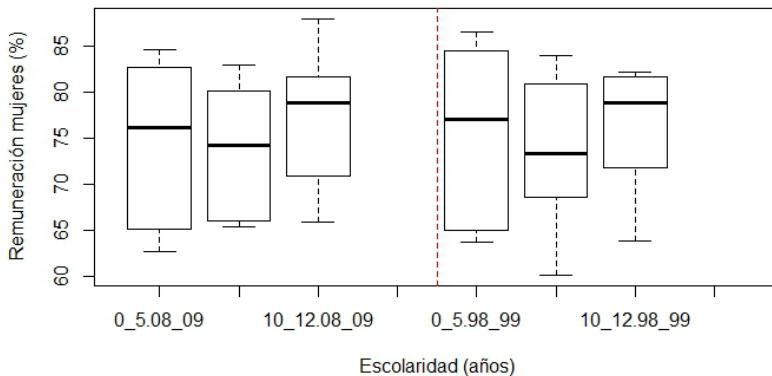
**Nota:** Se observan las medias aritméticas, como así todas las unidades experimentales

Interprete el gráfico en términos del problema.

Otro gráfico interesante:

```
with(datos,boxplot(remuneración~escolaridad*año,,  
                    xlab="Escolaridad (años)",  
                    ylab="Remuneración mujeres (%)"))  
abline(v=4.5, lty="dashed", col ="red")
```

**Figura 6.2.** Diagrama de caja y bigotes que refleja la remuneración de las mujeres (medida como % del salario de un hombre en igual puesto) en función de la escolaridad (medida en años de estudios) para dos períodos.



### 6.3. Modelo y ANOVA

```
modelo=lm(remuneración~escolaridad*año, data=datos)
```

Notar el uso del «\*» en el modelo para indicar:

Efecto principal de escolaridad.

Efecto principal de año.

Efecto de interacción escolaridad y año.

```
summary(modelo)
```

Call:

```
lm(formula = remuneración ~ escolaridad * año, data = datos)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-13.233	-6.763	1.483	6.617	10.917

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	74.500	3.478	21.422	<2e-16 ***

```

escolaridad6_9           -0.700    4.918  -0.142    0.888
escolaridad10_12          2.817    4.918   0.573    0.571
año98_99                  1.083    4.918   0.220    0.827
escolaridad6_9:año98_99   -1.550    6.955  -0.223    0.825
escolaridad10_12:año98_99 -2.250    6.955  -0.323    0.749
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 8.518 on 30 degrees of freedom
(12 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.03051,    Adjusted R-squared: -0.1311
F-statistic: 0.1888 on 5 and 30 DF,  p-value: 0.9645

```

A continuación, mostramos la matriz de las variables predictoras para entender cómo es la parametrización del modelo.

```
model.matrix(escolaridad*año, data=datos)
```

Tal vez sea más práctico ver solo las primeras filas:

```
head(model.matrix(escolaridad*año, data=datos))
```

	(Intercept)	escolaridad6_9	escolaridad10_12	escolaridad13 y más	año98_99	
1	1	0	0	0	0	1
2	1	1	0	0	0	1
3	1	0	1	0	0	1
5	1	0	0	0	0	0
6	1	1	0	0	0	0
7	1	0	1	0	0	0
	escolaridad6_9:año98_99	escolaridad10_12:año98_99	escolaridad13 y más:año98_99			
1	0	0	0	0	0	
2	1	0	0	0	0	
3	0	1	0	0	0	
5	0	0	0	0	0	
6	0	0	0	0	0	
7	0	0	0	0	0	

Interprete el ANOVA:

```
anova(modelo)
```

```
Analysis of Variance Table
```

Response: remuneración

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
escolaridad	2	60.26	30.130	0.4152	0.6639
año	1	0.30	0.303	0.0042	0.9489
escolaridad:año	2	7.95	3.977	0.0548	0.9468
Residuals	30	2176.94	72.565		

¿Por qué siempre evaluamos primero la hipótesis de no interacción entre los factores?

En este caso, ¿continúa el análisis con un test de comparaciones múltiples?

¿Por qué?

## 6.4. Potencia

¿Cuántas repeticiones hay por tratamiento?

```
xtabs(escolaridad+año, data=datos)
```

```
library(agricolae)
HSD.test(modelo,"escolaridad",console=TRUE)
HSD.test(modelo,"año",console=TRUE)
```

Si bien no es exactamente la potencia (probabilidad), el valor de HSD nos dice la magnitud de diferencias que podía detectar nuestro ensayo/análisis. Estas diferencias hay que contextualizarlas según la magnitud de variación en nuestra variable de interés:

```
summary(datos$remuneración)
```

Interprete entonces los valores de hsd en términos del problema y discuta la utilidad del estudio realizado.

Si hacemos el test para los 8 tratamientos lógicamente hay menos potencia:

```
tratamientos=datos$escolaridad:datos$año
CME = deviance(modelo)/df.residual(modelo)
HSD.test(datos$remuneración,tratamientos,df.residual(modelo),CME,
alpha=0.05, console=TRUE)
```

## 6.5. Supuestos

Evalúe los supuestos del modelo (puede adaptar los apartados de los capítulos anteriores si lo necesita) Una ayuda:

```
plot(modelo, which = c(2))
```

Cuando los puntos se cruzan en la línea del «qq plot», como en este caso, es un típico indicio de distinta curtosis a la distribución normal. Generalmente cuando empiezan por arriba de la línea y terminan por debajo de esta, como en este caso, indica menor curtosis.

¿Cómo afecta la curtosis y el muestreo?

```
par(mfcol=c(2,4))
residuos=resid(modelo)
hist(residuos, main="Datos REALES")
qqnorm(residuos, main="")
qqline(residuos)

normal=rnorm(n=48, mean=0, sd=1)
hist(normal,main="Distribución normal")
qqnorm(normal, main="")
qqline(normal)

t.student=rt(n=48, df=2)
hist(t.student,main="Mayor curtosis")
qqnorm(t.student, main="")
qqline(t.student)

uniforme=runif(n=48, min=0, max=1)
hist(uniforme,main="Menor curtosis")
qqnorm(uniforme, main="")
qqline(uniforme)
```

Aquí se ve bien que nuestros datos se parecen más a una distribución uniforme que tiene menor curtosis que la distribución normal:

```
library(moments)
skewness(residuos)
```

Debería dar cero.

```
kurtosis(residuos)
```

Debería dar tres.

Probemos con la normal:

**skewness(normal)**

**kurtosis(normal)**

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Nuevamente vemos que nuestra muestra tiene menor curtosis que lo esperado según una normal.

¿Cómo será en la población? Para ello realizamos contrastes de hipótesis en un marco de inferencia frecuentista: Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos,"pnorm",mean(residuos),sd(residuos))
```

Alternativamente conviene usar la modificación de Lilliefors a este test; esta corrección considera que los parámetros son estimados, a diferencia del «ks» a secas:

```
library(nortest) antes hay que instalar el paquete  
lillie.test(residuos)
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad, «n» debe ser menor a 2000 y no es muy útil cuando tenemos datos repetidos

```
shapiro.test(residuos)
```

probemos con la normal

```
shapiro.test(normal)
```

Recuerde evaluar también los otros supuestos.

## 6. 6. Una alternativa: transformaciones

```
modelo=lm(log10(datos$remuneración)~datos$escolaridad*datos$año)  
anova(modelo)
```

¡El logaritmo no sirve para aumentar la curtosis!

Luego se evalúan los supuestos nuevamente. Se puede probar con otras transformaciones o asumiendo otro tipo de distribución tal como veremos más adelante.

### 6.7. Segundo problema

El flujo de fondos es una herramienta central para la administración de una empresa. Este representa la acumulación neta de activos líquidos de una compañía en un período determinado y, por lo tanto, es utilizado como indicador de su liquidez.

Concretamente, el flujo de fondos permite optimizar su uso diario. Sin embargo, uno de los problemas financieros más comunes de una empresa es desatender su flujo de fondos, lo que las puede llevar a tomar decisiones equivocadas. Por ejemplo, una mala gestión de cobros genera problemas para financiar las operaciones corrientes. Esto tiene un efecto en cadena, ya que si una empresa se demora en el pago de deudas, perjudica la capacidad de pago de sus proveedores, quienes, a su vez, se retrasan con sus acreedores. Es así que es común que muchas empresas quiebren no por tener pérdidas, sino por no poder resolver de forma eficiente los problemas asociados al flujo de fondos.

Una empresa dedicada a la venta de bienes finales en la Patagonia ha perdido en los últimos meses la posibilidad de que sus proveedores le otorguen importantes descuentos por no poder afrontar el pago de contado al momento de realizar las operaciones de compra. Por lo tanto, la empresa desea mejorar la logística de compra de mercaderías y para ello es fundamental predecir el flujo de ingresos corrientes semanales, ya que estos ingresos indican la capacidad de pago inmediato. Al conocer en qué momento del mes es más probable tener liquidez, la empresa podría planificar la compra de mercaderías y negociar con sus proveedores las bonificaciones por pago de contado. De esta manera, el área financiera hace tres meses que comenzó a desarrollar un sistema de previsión de ingresos por ventas. Específicamente, han registrado los ingresos (en miles de pesos) correspondientes a cada una de las semanas del mes en sus dos casas de ventas (Bariloche y Comodoro Rivadavia).<sup>3</sup>

A continuación damos una breve definición de algunos de los términos económicos utilizados en el enunciado del problema:

Activos de una empresa: conjunto de bienes económicos.

Activos líquidos: dinero o activos que pueden convertirse en dinero inmediatamente.

Liquidez: capacidad de una empresa de atender sus obligaciones de pago. Relacionado con la cantidad de activos líquidos que posee la empresa.

---

<sup>3</sup> Se trata de un problema real modificado con fines didácticos.

Operaciones corrientes: operaciones de pago de personal, bienes y servicios, gastos financieros, y trasferencias corrientes.

Bienes finales: bienes que ya están aptos para el consumo de la sociedad.

Desde la gerencia de la empresa se ha solicitado al área de finanzas un informe que evalúe si el flujo de ingresos varía de acuerdo a la semana del mes, y si esa variación es consistente entre ciudades.

```
INGRESO = c(292, 293, 261, 229, 135, 129, 108, 92,
           260, 325, 215, 210, 152, 145, 125, 86,
           334, 295, 248, 248, 176, 167, 96, 51)
```

```
SEMANA = c("S1", "S2", "S3", "S4", "S1", "S2", "S3", "S4",
          "S1", "S2", "S3", "S4", "S1", "S2", "S3", "S4",
          "S1", "S2", "S3", "S4", "S1", "S2", "S3", "S4")
```

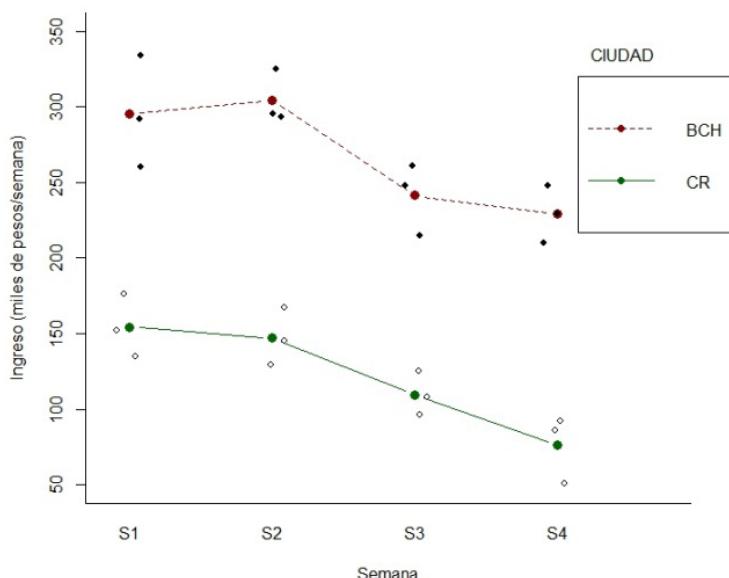
```
CIUDAD = c("BCH", "BCH", "BCH", "BCH", "CR", "CR", "CR", "CR",
           "BCH", "BCH", "BCH", "BCH", "CR", "CR", "CR", "CR",
           "BCH", "BCH", "BCH", "BCH", "CR", "CR", "CR", "CR")
```

```
datos = data.frame(INGRESO, SEMANA, CIUDAD)
```

El siguiente es un gráfico que debería mostrarse en el informe. Interprétilo:

```
with(datos, interaction.plot(SEMANA, CIUDAD, INGRESO,
                             xlab="Semana",
                             ylab="Ingreso (miles de pesos/semana)",
                             ylim=c(50, 350),
                             type="b", pch=c(19, 19), cex=1.25, col=c("darkred",
                             "darkgreen"),
                             leg.bty="o", bty="l"))
with(datos, points(jitter(as.numeric(SEMANA), factor=0.5), INGRESO,
                   pch=ifelse(CIUDAD == "CR", 1, 19), cex=0.8))
```

**Figura 6.3.** Ingreso de la empresa según la semana y la ciudad



**Nota:** Se observan las medias aritméticas, como así todas las unidades experimentales. Las líneas ayudan a detectar la existencia de interacción entre los factores.

Plantee un modelo estadístico que considere adecuado para evaluar lo que requiere la gerencia. Estime e informe los parámetros del modelo con sus respectivas unidades.

Podemos obtener una matriz con:

- Los datos observados de la variable dependiente (Y).
- Los datos observados en las variables independientes (X).
- Los residuos.
- Los valores predichos por el modelo para cada unidad experimental.

```
modelo = lm(INGRESO ~ SEMANA * CIUDAD, data = datos)
```

```
y = INGRESO
```

```
residuos = resid(modelo)
```

```
x = model.matrix(~ SEMANA * CIUDAD, data=datos)
```

```
predichos = fitted(modelo)
```

```
matriz = data.frame(Y, X, residuos, predichos)
matriz
```

¿Cuáles son las unidades de cada término de la matriz obtenida?

¿Cuál es la diferencia entre multicolinealidad e interacción? Explique en relación al problema.

¿El informe debería recomendar alguna/s semana/s en las cuales realizar el pago a los proveedores? ¿La recomendación debería ser la misma en ambas casas de venta? Apoye su respuesta con el análisis estadístico que considere adecuado.

## Trabajo práctico N° 7. Diseño multifactorial

### 7.1. Problema y datos

Desde un organismo internacional de desarrollo se desea estudiar cómo varía el número de hijos por madre en promedio. Se cree que la cantidad de hijos promedio por madre está, en parte, determinada por el grado de desarrollo del país el cual es medido mediante dos indicadores clásicos: la esperanza de vida y el PBI per cápita.<sup>4</sup>

```
datos=read.table("datos_p_7.txt")
colnames(datos)=c("pais","hijos","vida","PBI")
datos
str(datos)
```

VARIABLES:

País.

Hijos: hijos por madre en promedio.

Vida: esperanza de vida.

PBI: producto bruto interno per cápita corregido por inflación.

### 7.2. Consignas a resolver

1. ¿Cuál es la unidad experimental? ¿Qué tipo de diseño se empleó en este caso?
2. ¿Es un experimento mensurativo o manipulativo? Justifique.
3. Responda a la pregunta principal del trabajo utilizando los análisis que considere adecuados.

---

<sup>4</sup> Los datos fueron obtenidos de [www.gapminder.org](http://www.gapminder.org)

4. Elija algún valor «p» relevante y explique en términos del problema qué significa ese valor «p». ¿Cuál es la distribución del estadístico bajo la hipótesis nula en este caso?
5. Evalúe los supuestos del análisis.
6. ¿Valdría la pena aumentar la potencia de este ensayo? En caso afirmativo, ¿qué medidas tomaría?

### 7.3. Otro ejemplo

La Oficina de Estadísticas Laborales de Estados Unidos recoge información sobre sueldos de hombres y mujeres en diversas ocupaciones. Se desea conocer si hay diferencia entre los sueldos semanales de hombres y mujeres que trabajan como administradores financieros, programadores y farmaceúticos. De cada una de estas ocupaciones se encuestan cinco hombres y cinco mujeres y se registra el sueldo semanal de cada uno de ellos. Los datos obtenidos<sup>5</sup> son los que se presentan a continuación:

```
ocupación=factor(rep(c("adm_financiero","programador","farmacéutico
"),c(10,10,10)))
ocupación
sueldo=c(872,859,1028,1117,1019,519,702,805,558,591,747,766,
901,690,881,884,765,685,700,671,1105,1144,1085,903,
998,813,985,1006,1034,817)
sueldo
género=factor(rep(rep(c("Hombre","Mujer"),c(5,5)), 3))
género
datos=data.frame(ocupación,sueldo,género)
View(datos)
```

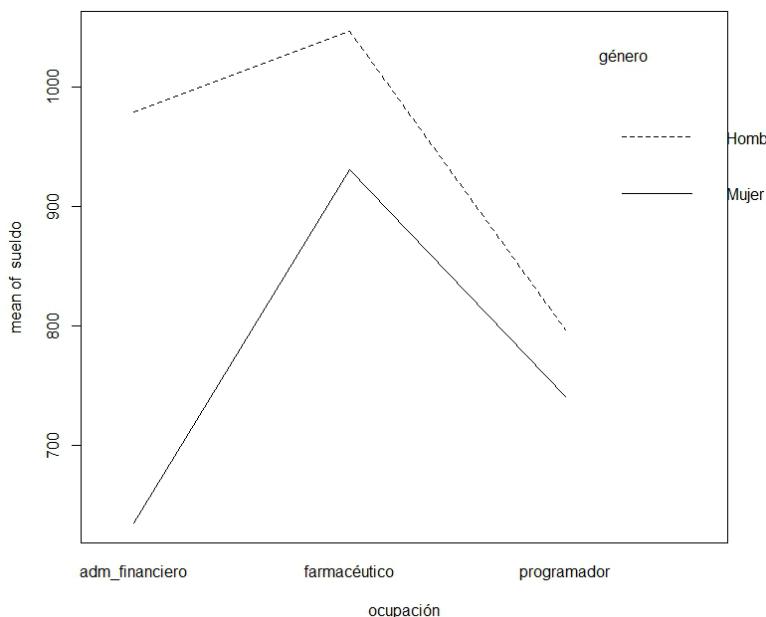
1. ¿Cuál es el tamaño de la muestra? ¿Cuál es la muestra? ¿Cuál es la unidad experimental?
2. Plantee un modelo estadístico que permita llevar adelante el objetivo planteado.
3. Cumpla con el objetivo planteado a partir de los datos recolectados.

```
interaction.plot(ocupación,género,sueldo)
```

---

<sup>5</sup> El ejercicio fue tomado de Anderson y otros (2008, p. 527).

**Figura 7.1.** Remuneración promedio de hombres y mujeres según ocupación



Este gráfico también sirve para tener una impresión respecto de si se cumple el supuesto de no interacción en los diseños en bloques que vimos en clases anteriores.

Sería mucho más útil si le agregáramos «+ 1 error estándar» a cada media aritmética.

```
modelo = with(datos, lm(sueldo ~ ocupación * género))
summary(modelo)
anova(modelo)
```

Analysis of Variance Table

Response: sueldo

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
ocupación	2	276560	138280	13.2456	0.0001330 ***
género	1	221880	221880	21.2536	0.0001119 ***
ocupación:género	2	115440	57720	5.5289	0.0105954 *
Residuals	24	250552	10440		
---					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

Como hay interacción significativa no podemos hablar del efecto de un factor sin considerar en qué nivel del otro factor nos encontramos.

Por lo tanto el análisis de Tukey se hace para todos los tratamientos. No es válido comparar mediante análisis de Tukey los niveles de cada factor por separado.

Necesitamos crear una variable que sea «tratamiento».

```
library(agricolae)
tratamiento=factor(rep(c("finan_hombre","finan_mujer","program_hombre",
"program_mujer","farma_hombre","farma_mujer"),
c(5,5,5,5,5,5)))
```

Otra forma mucho más fácil:

```
datos$tratamiento=paste(datos$ocupación, datos$género, sep="_")

CME=deviance(modelo)/df.residual(modelo)
tukey=with(datos, HSD.test(y=sueldo,
    trt=tratamiento,
    DFerror=df.residual(modelo),
    MSerror=CME,
    alpha=0.05,
    console=TRUE))
```

Study: sueldo ~ tratamiento

HSD Test for sueldo

Mean Square Error: 10439.67

tratamiento, means

	sueldo	std	r	Min	Max
adm_financiero_Hombre	979	110.55994	5	859	1117
adm_financiero_Mujer	635	116.95084	5	519	805
farmacéutico_Hombre	1047	96.63591	5	903	1144
farmacéutico_Mujer	931	107.31962	5	813	1034
programador_Hombre	797	90.52900	5	690	901
programador_Mujer	741	87.66698	5	671	884

alpha: 0.05 ; Df Error: 24  
Critical Value of Studentized Range: 4.372651

Honestly Significant Difference: 199.8035

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means

a	farmacéutico_Hombre	1047
ab	adm_financiero_Hombre	979
abc	farmacéutico_Mujer	931
bcd	programador_Hombre	797
cd	programador_Mujer	741
d	adm_financiero_Mujer	635

bar.group(tukey\$groups, ylim=c(0,1200), density=4, border="blue")

4) ¿Cuál es el valor predicho para hombres que son programadores?

```
summary(modelo)
modelo$coefficients[1]+modelo$coefficients[3]
```

Interprete dicho valor en términos del problema.  
Indique sus unidades.

5) ¿Cuál es la capacidad predictiva (bondad de ajuste) del modelo?  
Interprete.

6) Interprete el resultado del siguiente código:

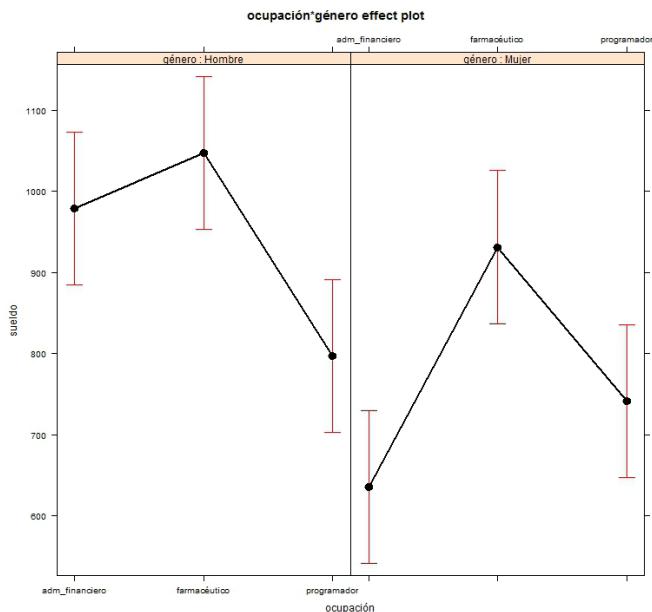
```
cbind(Estimado=coef(modelo), confint(modelo))
```

	Estimado	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	979	884.69241	1073.30759
ocupaciónfarmacéutico	68	-65.37108	201.37108
ocupaciónprogramador	-182	-315.37108	-48.62892
géneroMujer	-344	-477.37108	-210.62892
ocupaciónfarmacéutico:géneroMujer	228	39.38481	416.61519
ocupaciónprogramador:géneroMujer	288	99.38481	476.61519

7) Otro gráfico interesante:

```
library(effects)
plot(effect("ocupación:género",modelo))
```

**Figura 7.2.** Remuneración promedio de hombres y mujeres según ocupación con intervalos de confianza del 95%



Interprete el gráfico y los intervalos de confianza en el contexto del problema.

8) Continúe con la evaluación de los supuestos.

## **Lista de referencias bibliográficas**

- Anderson D. R., Sweeney D. J. y Williams T. A. (2012). *Estadística para administración y economía*, 11a edición, capítulo 13. México D.F.: Ed. Cengage Learning.
- Oddi F. J., Aristimuño F. J., Coulin C. y Garibaldi L. A. (2018). Ambigüedades en términos científicos: sobre el uso del «error» y el «sesgo» en estadística. *Ecología Austral*, 28, 525-536.
- Webster, A. L. (2000). *Estadística aplicada a los negocios y la economía*, 3era edición, capítulo 10. Bogotá, Colombia: Ed. Irwin McGraw-Hill.



## Capítulo 4

# Regresión múltiple

## Introducción

Los modelos de regresión múltiple son ampliamente utilizados tanto en las ciencias sociales como en las ciencias ambientales. En este capítulo esperamos que el lector comprenda estos modelos, incluyendo sus coeficientes de regresión parciales. Aplicaremos ANOVAS a modelos de regresión múltiple con especial énfasis en las diferencias entre sumas de cuadrados parciales (Tipo III) y sumas de cuadrados secuenciales (Tipo I). Un aspecto clave a la hora de desarrollar modelos de regresión múltiple es evitar la multicolinealidad, por lo que trabajaremos sobre su diagnóstico y solución. Los modelos de regresión múltiple son útiles también para analizar relaciones curvilineales, como modelos polinómicos y logarítmicos. Los modelos han tenido mucho éxito, entre otros aspectos, gracias a sus habilidades predictivas, por lo que discutiremos la predicción puntual y por intervalos de confianza, así como el coeficiente de determinación. Evaluaremos los supuestos de estos modelos y su bondad de ajuste mediante análisis de los residuos. Integraremos varios aspectos de los capítulos anteriores, entre ellos, la estimación del error de tipo 2 y la potencia. Para abordar una introducción a estos temas sugerimos la lectura de Anderson, Sweeney y Williams (2012), Bowerman, O'Connell y Koehler (2007), Lind, Marchal y Mason (2006) y Wooldridge (2013).

## Trabajo práctico N° 8. Multicolinealidad, bondad de ajuste y potencia

### 8.1. Problema y datos

La inflación y sus determinantes constituyen uno de los principales temas de discusión entre los economistas. Autores de la corriente monetarista sostienen que esta se ve directamente determinada por las variaciones en la masa de dinero circulante, mientras que otros autores, partidarios del análisis real de la economía, sostienen que esta es producto de la presión de la demanda sobre una oferta rezagada. Un investigador pretende conciliar ambas posturas en una sola al proponer que la inflación es producto

de las variaciones en la base monetaria, así como de las variaciones en la demanda agregada de una nación.

Variables:

- Índice de precios al consumidor (IPC): costo promedio de una canasta de bienes y servicios representativa del consumo final de los hogares, expresado en relación con un período base. Las diferencias en la elaboración de los índices son mínimas dado que son todos elaborados de acuerdo con reglas estrictas de la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económico (OECD).
- Demanda Doméstica (DD): total de bienes y servicios demandados por los residentes de una nación (quitando exportaciones y sumando importaciones del PBI).
- Base monetaria (M1): Valor del total de billetes impresos por el Banco Central de una nación.

Los datos son índices correspondientes al año 2010 tomando al 2005 como base (2005=100). La tabla es de elaboración propia en base a datos de la OECD.<sup>1</sup>

## 8.2. Consignas a resolver

1. Indique el modelo conceptual y el modelo estadístico acorde. Indique unidad experimental, muestra y población. Dada la naturaleza del experimento llevado adelante, ¿qué problema considera que pueda acarrear el hecho de tomar un gran número de países desarrollados en su muestra?
2. Elabore un gráfico que permita visualizar la relación entre las variables que plantea el modelo conceptual del investigador.
3. Estime un modelo para cada variable independiente por separado. ¿Su muestra le permite corroborar la significancia de la idea de los monetaristas?, y ¿de la del grupo de economistas volcado al análisis real de la economía? Dé alguna medida de precisión de la estimación de la pendiente y de la bondad de ajuste de cada modelo.
4. Estime el modelo de regresión múltiple propuesto por el investigador. Discuta su validez y relevancia.  
¿Cómo explicaría que en el «summary()» la variable «dd» no es significativa mientras que en el «anova()» siempre que se coloca primera resulta significativa? ¿Puede concluirse que la variabilidad de «DD» no es significativa para explicar las variaciones en IPC? Desde la economía, ¿qué crítica haría al modelo conceptual del investigador?

---

<sup>1</sup> Más información en [www.oecd.org/statistics/](http://www.oecd.org/statistics/)

5. Evalúe los supuestos de todos los modelos elaborados. ¿Con cuál se quedaría?

¿Podemos extrapolar las conclusiones de dicho modelo al caso argentino?

### 8. 3. Otro ejemplo

Queremos saber si existe una relación entre el ingreso bruto en función de los gastos de publicidad en televisión y periódicos.

Unidad experimental: cada empresa.

```
ingreso=c(96,90,95,92,95,94,94,94)
tele=c(5.0,2.0,4.0,2.5,3.0,3.5,2.5,3.0)
diarios=c(1.5,2.0,1.5,2.5,3.3,2.3,4.2,2.5)
datos=data.frame(ingreso,tele,diarios)
```

Las tres variables están expresadas en miles de pesos.

### Marco conceptual

La publicidad en diarios y en televisión suele generar la necesidad de un determinado producto por parte del consumidor, es por este motivo que estimula la compra de ese producto en la empresa que publicita.

La publicidad en diarios y en televisión influye mayoritariamente sobre distintos consumidores, por lo tanto tiene efectos independientes.

Los niveles de publicidad habitualmente empleados por las empresas medianas de interés para el estudio no logran alcanzar a todos los consumidores, por lo que la relación entre gasto en publicidad e ingreso bruto es lineal.

Se supone que invertir en publicidad en televisión y diarios es rentable, por lo tanto los coeficientes de regresión parcial deberían ser mayor a 1.

### 8. 4. Gráfico y modelo

¿Qué tipo de variables son «ingreso», «tele» y «diarios»?

¿La tabla de datos es de tipo panel, serie de tiempo o corte transversal?

¿Depende el ingreso de los gastos en publicidad en televisión y diarios?

```
library(scatterplot3d)
```

Recuerde tener instalado el paquete antes.

```
s3d=scatterplot3d(x=datos$tele,y=datos$diarios,z=datos$ingreso,
```

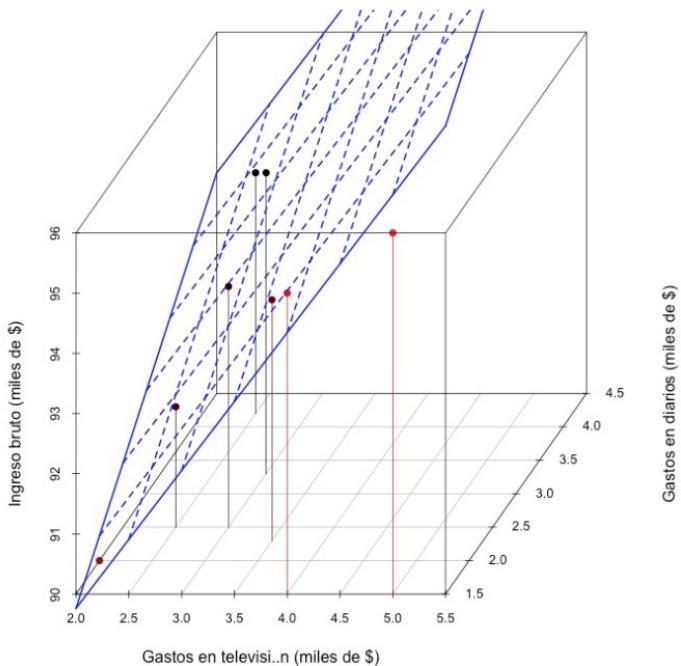
```

xlab="Gastos en televisión (miles de $)", ylab="Gastos en diarios
(miles de $)",
zlab="Ingreso bruto (miles de $)",
xlim=c(2,5.1),
pch=16, highlight.3d=TRUE, angle=50,type="h")

modelo=lm(ingreso~tele + diarios, data=datos)
s3d$plane3d(modelo, lty.box="solid",lwd=2, col="blue")

```

**Figura 8.1.** Ingresos brutos (en miles de \$) en función de gastos en propaganda de televisión y diarios (ambos en miles de \$)



Estimamos los coeficientes parciales de regresión. ¿Cuáles son sus unidades?

**summary(modelo)**

Call:

**lm(formula = ingreso ~ tele + diarios, data = datos)**

Residuals:

1	2	3	4	5	6	7	8
-0.6325	-0.4124	0.6577	-0.2080	0.6061	-0.2380	-0.4197	0.6469

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	83.2301	1.5739	52.882	4.57e-08 ***
tele	2.2902	0.3041	7.532	0.000653 ***
diarios	1.3010	0.3207	4.057	0.009761 **
---				

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.6426 on 5 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.919, Adjusted R-squared: 0.8866

F-statistic: 28.38 on 2 and 5 DF, p-value: 0.001865

En el resultado anterior se observa que el «summary» también contiene el ANOVA global del modelo.

A continuación vemos el ANOVA secuencial:

**anova(modelo)**

Analysis of Variance Table

Response: ingreso

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
tele	1	16.6401	16.6401	40.299	0.001432 **
diarios	1	6.7953	6.7953	16.457	0.009761 **
Residuals	5	2.0646	0.4129		
---					

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Para entender el ANOVA secuencial:

**modelo2=lm(ingreso~tele, data=datos)**

**anova(modelo2)**

Analysis of Variance Table

Response: ingreso

Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
----	--------	---------	---------	--------

```

tele      1 16.6401 16.6401 11.269 0.01529 *
Residuals 6  8.8599  1.4767
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Compare la «sc» de «tele» en este modelo respecto al «anova(modelo)». Interprete.

Compare la «sc» de «Residuals» en este modelo respecto de la «sc» de «“diarios”» sumada a la de «Residuals» del «anova(modelo)».

Interprete.

```

rm2=resid(modelo2)
plot(datos$diarios,rm2,xlab="Gasto en diarios (miles de $)",
      ylab="Ingreso bruto (miles $)")
abline(lm(rm2~datos$diarios))
anova(lm(rm2~datos$diarios))

```

Compare la «sc» de «“datos\$diarios” + “Residuals”» con la «sc» de «Residuals» en «anova(modelo2)». Interprete.

## 8.5. Multicolinealidad

La multicolinealidad es un problema que sucede cuando las variables independientes están muy correlacionadas entre sí.

```

with(datos, cor.test(tele,diarios))
with(datos, plot(tele,diarios,
                 xlab="gasto en televisión (miles $)",
                 ylab="gasto en diarios (miles $)"))
abline(lm(datos$diarios~datos$tele))

```

Es un problema de grado, cuanto mayor es la correlación entre las variables independientes mayor es este problema.

Corremos nuevamente el ANOVA secuencial:

**anova(modelo)**

Analysis of Variance Table

Response: ingreso

```

Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
tele      1 16.6401 16.6401  40.299 0.001432 **
diarios   1  6.7953  6.7953  16.457 0.009761 **
Residuals 5  2.0646  0.4129
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Los gastos de publicidad en diarios explican significativamente parte de la variación en el ingreso bruto que no ha sido explicada por una relación lineal entre ingreso bruto y gastos de publicidad en televisión. No hay un problema de multicolinealidad aquí.

## 8.6. Factor de inflación de la varianza

```
summary(lm(datos$tele~datos$diarios))
```

```
FIV=1/(1-0.3096)
```

```
FIV
```

Es un valor relativamente bajo. Algunos autores dicen que uno debería preocuparse a partir de un valor de 5 - 10. Pero recuerde que este es un valor totalmente arbitrario. Hay un «FIV» por cada variable independiente. En este caso como son solo dos variables independientes hay dos «FIV» con el mismo valor.

Consideremos ahora la variable «gasto de publicidad» en el diario más importante. Recordemos que la variable anterior «diarios» era el gasto de publicidad en todos los diarios, mientras que ahora nos concentraremos solamente en el diario más importante:

```
undiario=c(1.1,1.4,0.9,2.1,2.8,1.7,3.6,2.2)
datos=data.frame(datos,undiario)
plot(datos$undiario,datos$diarios)
abline(lm(datos$diarios~datos$undiario))
```

Ajustemos ahora un modelo de regresión múltiple con tres variables independientes:

```
modelo2=with(datos,lm(ingreso~tele+diarios+undiario))
anova(modelo2)
```

```
modelo3=with(datos,lm(ingreso~tele+undiario+diarios))
anova(modelo3)
```

¿A qué conclusión llegamos al comparar el modelo 2 con el modelo 3?  
Importante. Compare:

**summary(modelo)**

Call:

lm(formula = ingreso ~ tele + diarios, data = datos)

Residuals:

1	2	3	4	5	6	7	8
-0.6325	-0.4124	0.6577	-0.2080	0.6061	-0.2380	-0.4197	0.6469

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	83.2301	1.5739	52.882	4.57e-08 ***
tele	2.2902	0.3041	7.532	0.000653 ***
diarios	1.3010	0.3207	4.057	0.009761 **
---				
Signif. codes:	0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1			

Residual standard error: 0.6426 on 5 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.919, Adjusted R-squared: 0.8866

F-statistic: 28.38 on 2 and 5 DF, p-value: 0.001865

**summary(modelo2)**

Call:

lm(formula = ingreso ~ tele + diarios + undiario)

Residuals:

1	2	3	4	5	6	7	8
-0.6845	-0.3422	0.7669	-0.3106	0.5988	-0.1417	-0.3506	0.4637

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	83.7260	2.1334	39.246	2.52e-06 ***
tele	2.2718	0.3367	6.747	0.00252 **
diarios	0.4077	2.2852	0.178	0.86706
undiario	0.8979	2.2698	0.396	0.71259
---				
Signif. codes:	0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1			

```
Residual standard error: 0.7048 on 4 degrees of freedom  
Multiple R-squared:  0.9221,      Adjusted R-squared:  0.8636  
F-statistic: 15.78 on 3 and 4 DF,  p-value: 0.01108
```

Compare el valor estimado para el efecto de diarios entre modelos. ¿Por qué cambia tan fuertemente?

Compare el error estándar asociado al efecto de diarios entre modelos. ¿Por qué cambia tan fuertemente?

«FIV» para las tres variables independientes:

```
summary(lm(tele~diarios+undiario,data=datos))  
FIVtele=1 / (1-0.3227)  
  
summary(lm(diarios~tele+undiario,data=datos))  
FIVdiarios=1 / (1-0.9836)  
  
summary(lm(undiario~tele+diarios,data=datos))  
FIVundiario=1 / (1-0.9831)  
  
FIVs=c(FIVtele,FIVdiarios,FIVundiario)  
FIVs=as.data.frame(FIVs)  
rownames(FIVs)=c("FIVtele","FIVdiarios","FIVundiario")  
View(FIVs)  
  
summary(modelo2)
```

¿Por qué «diarios» no es significativo en el «modelo2» pero sí lo es en el «modelo»?

```
summary(modelo)
```

Presentamos los «GLS» y el ANOVA tipo 3:

```
install.packages("nlme")  
library(nlme)  
modelo4=GLS(ingreso~tele+diarios+undiario,data=datos)  
summary(modelo4)
```

```
Generalized least squares fit by REML  
Model: ingreso ~ tele + diarios + undiario  
Data: datos  
      AIC      BIC    logLik  
21.54984 18.48132 -5.774922
```

Coefficients:

	Value	Std. Error	t-value	p-value
(Intercept)	83.72602	2.1333795	39.24572	0.0000
tele	2.27182	0.3367069	6.74719	0.0025
diarios	0.40774	2.2852201	0.17842	0.8671
undiario	0.89792	2.2697867	0.39560	0.7126

Correlation:

	(Intr)	tele	diarios
tele	-0.799		
diarios	-0.686	0.221	
undiario	0.588	-0.138	-0.988

Standardized residuals:

Min	Q1	Med	Q3	Max
-0.9711670	-0.4885479	-0.3208217	0.7059034	1.0882119

Residual standard error: 0.7047798

Degrees of freedom: 8 total; 4 residual

Corroboramos que el «summary(modelo4)» da lo mismo que el «summary(modelo2)», con «lm» puede estimarse un subconjunto de modelos de los que podremos estimar con «gls»:

**summary(modelo2)**

Ahora verificamos lo mismo para ANOVA:

**anova(modelo2)**

**anova(modelo4)** si uno no indica que ANOVA quiere, presenta el ANOVA secuencial o tipo 1

Ver:

**anova(modelo4, type="sequential")**

Denom. DF: 4

	numDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	141555.15	<.0001
tele	1	33.50	0.0044
diarios	1	13.68	0.0209
undiario	1	0.16	0.7126

¿Por qué con el ANOVA secuencial «diarios» tiene un efecto significativo pero no con el test de «t» dado con el «summary»?

Presentamos el ANOVA marginal o «tipo 3»:

```
anova(modelo4, type="marginal")
```

Los valores «p» son iguales a los del «summary»:

```
summary(modelo4)
```

Explique.

## 8.7. Intervalos de confianza y predicción

Intervalos de confianza para la ordenada y los coeficientes de regresión parciales:

```
confint(modelo, level=0.95)
```

Interprete.

Pedimos el intervalo de confianza para la media de ingreso bruto dado cierto valor de gasto en publicidad en tele y en diarios.

```
predict.lm(modelo, interval="confidence")
```

	fit	lwr	upr
1	96.63249	95.31835	97.94664
2	90.41244	89.08565	91.73923
3	94.34231	93.43544	95.24917
4	92.20802	91.42194	92.99411
5	94.39391	93.54881	95.23900
6	94.23801	93.61968	94.85633
7	94.41970	93.07741	95.76200
8	93.35312	92.75344	93.95279

¿Cuál es el intervalo de confianza para la media de ingreso bruto si se invierten 3000 pesos en publicidad en televisión y 4000 pesos en diarios?

```
newdata=data.frame(tele=3.0, diarios=4.0)  
predict(modelo, newdata, interval="confidence")
```

¿Cuál es el intervalo de confianza para la media de ingreso bruto si se invierten 10000 pesos en publicidad en televisión y 4000 pesos en diarios?

Ahora el intervalo de predicción:

```
predict.lm(modelo,interval="prediction")
```

Si el año próximo mi empresa quiere invertir 2000 pesos en televisión y 3000 pesos en diarios: ¿qué valor esperaría obtener de ingreso bruto? ¿Entre qué valores podría estar el ingreso bruto del año próximo? ¿Con qué confianza?

```
newdata=data.frame(tele=3.0,diarios=4.0)
predict(modelo,newdata,interval="prediction")
```

## 8. 8. Bondad de ajuste

«CME» como medida de bondad de ajuste

```
residuos=resid(modelo)
CME = (sum(residuos^2))/(length(residuos)-3)
CME
```

```
[1] 0.4129184
```

Este es el desvío estándar residual que está expresado en las mismas unidades que la variable dependiente:

```
DSR=sqrt(CME)
DSR
```

```
[1] 0.6425873
```

Recuerde que, por regla empírica, si los datos están distribuidos normalmente, el rango comprendido por la media «+/- 1» desvío estándar contendrá al 68,3 % de las observaciones:

«media +/- 2 de» ----> 95,5 % de las observaciones

«media +/- 3 de» ----> 99,7 % de las observaciones

Plano de regresión junto con el intervalo que contiene a casi el 70% de las empresas:

```
s3d=scatterplot3d(x=datos$tele,y=datos$diarios,z=datos$ingreso,
                  xlab="Gastos en televisión (miles de $)",ylab="Gastos en diarios
                  (miles de $)",
                  zlab="Ingreso bruto (miles de $)",
                  pch=16, highlight.3d=TRUE,angle=35,type="h")
```

```

s3d$plane3d(modelo, lty.box="dashed",lwd=2, col="blue")

modelo5=lm(datos$ingreso+DSR~datos$tele + datos$diarios)
s3d$plane3d(modelo5)

modelo6=lm(datos$ingreso-DSR~datos$tele + datos$diarios)
s3d$plane3d(modelo6)

```

También es interesante ver:

```

predichos=fitted(modelo)
with(datos,plot(predichos,ingreso))
abline(a=0,b=1,lwd=2)

```

## 8. 9. Coeficiente de determinación

Podemos verlo haciendo:

```
summary(modelo)
```

O, más directamente:

```
summary(modelo)$r.squared
```

También podemos estimarlo y comparar con la salida anterior:

```

SCE = sum(residuos^2)
SCTotal = with(datos, sum( (ingreso-(mean(ingreso))) ^2 ) )
r2 = (SCTotal - SCE) / SCTotal
r2

```

Coeficiente de determinación corregido:  
usando fórmula Webster

```

r2corregido = 1 - ( (SCE/5) / (SCTotal/7) )
r2corregido

```

```
[1] 0.8866498
```

usando fórmula Anderson (y Webster)

```
r2_corr_ande = 1 - (1-r2)^*(8-1)/(8-2-1)
r2_corr_ande
```

```
[1] 0.8866498
```

Compare con:

```
summary(modelo)$adj.r.squared
```

## 8.10. Supuestos

Evaluamos los supuestos del modelo a través de los residuos:

```
residuos=resid(modelo)
```

Para evaluar el supuesto de homogeneidad de varianzas, así como el de independencia:

```
predichos=fitted(modelo)
plot(predichos,residuos)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=2)
```

Para evaluar el supuesto de normalidad:

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos,col="yellow")
boxplot(residuos,bty="l",range=1.5,col="yellow",horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) « $1.5 * \text{rango intercuartil}$ » es el bisonte superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros DATOS:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos,col="yellow",freq=F)
lines(density(residuos))

normal=rnorm(mean=0,sd=summary(modelo)$sigma,n=length(summar
ary(modelo)$residuals))
hist(normal,col="green",freq=F)
```

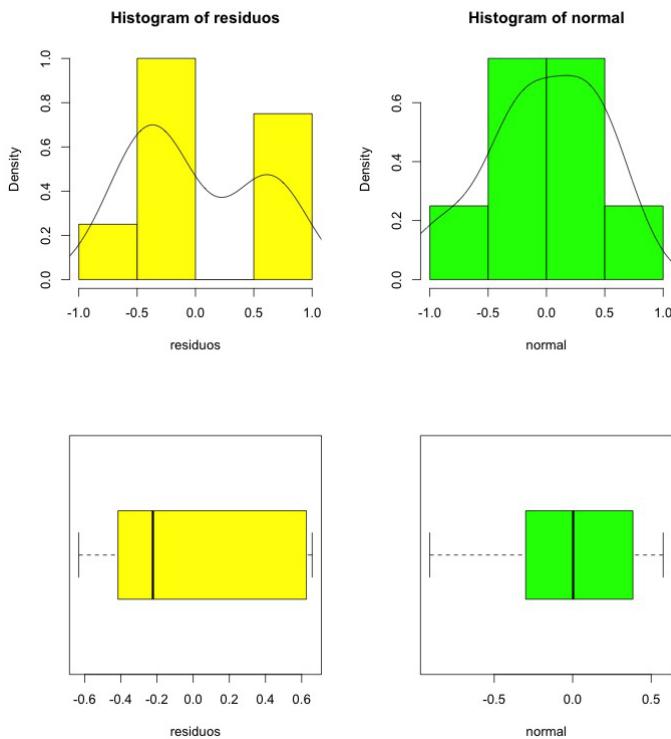
```

lines(density(normal))

boxplot(residuos, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

```

**Figura 8.2.** Distribución de los residuos para la muestra en estudio y una distribución normal de igual desvío estándar residual que la muestra



```

qqnorm(residuos)
qqline(residuos)

```

También se puede hacer para los residuos estandarizados:

```
plot(modelo, which = c(2))
```

```
library(moments)
```

**skewness(residuos)**

Debería dar cero.

**kurtosis(residuos)**

Debería dar tres.

Probemos con la normal:

**skewness(normal)**

**kurtosis(normal)**

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

**ks.test(residuos,"pnorm",mean(residuos),sd(residuos))**

Alternativamente conviene usar la modificación de Lillefors a este test

**library(nortest)**

**lillie.test(residuos)**

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

**shapiro.test(residuos)**

Evalúe si algunas observaciones son muy influyentes en el análisis.

## 8. 11. Potencia

**summary(modelo)**

Vamos a calcular la potencia para las pruebas «t» del «summary». Lo haremos en particular para el coeficiente de regresión parcial de «tele». Recordemos la estandarización «t»:  $t = (b1 - B1) / sb1$

Empezamos por «B1». Debemos elegir la hipótesis alternativa más chica relevante. En este caso podría ser «1», que es aquella en la que las empresas no pierden dinero ya que por cada peso extra gastado en publicidad hay un ingreso extra en televisión.

Es importante justificar conceptualmente la hipótesis alternativa elegida para estimar la potencia.

**B1=1**

Seguimos por «b1». Queremos el valor del coeficiente de regresión parcial a partir del cual se rechazaría la hipótesis nula.

Primero lo buscamos en escala «t» suponiendo un «alfa = 0.05»:

```
t1=qt(0.025,df=5,lower.tail=FALSE)
```

```
t1
```

```
[1] 2.570582
```

Con «t1» buscamos el valor de «b1» a partir del cual hubiésemos rechazado la hipótesis nula:

```
<t1 = (b1 - 0) / sb1>
```

```
b1=t1 * 0.3041
```

```
b1
```

```
[1] 0.7817139
```

Es decir que hubiésemos rechazado la hipótesis nula siempre y cuando nuestro valor de medio del coeficiente de regresión parcial asociado a «tele» fuese mayor a 0.78.

Entonces ahora podemos calcular el «t» asociado a la hipótesis alternativa. Valores menores a este «t» podrían implicar un error de tipo 2.

```
t=(b1 - B1) / 0.3041
```

```
t
```

```
[1] -0.7178101
```

Ahora buscamos la probabilidad asociada a este valor «t»:

```
beta= pt(t,df=5,lower.tail=TRUE)
```

```
beta
```

```
[1] 0.252502
```

Por lo tanto la potencia:

```
potencia=1 - beta
```

```
potencia
```

```
[1] 0.747498
```

## 8.12. Selección de modelos por AIC

### Teoría de la información

Esta sección es a modo de discusión para aquellos que ya han leído sobre el tema. No hemos explicado el fundamento de este análisis.

Compare con resultados del ANOVA:

```
library("MuMin")
```

Recuerde instalar el paquete antes con «install.packages("MuMin")».

```
modelo=lm(ingreso~tele + diarios, data=datos, na.action="na.fail")
```

Volvemos a correr el modelo aclarando que si hay `NAs` el modelo no debería estimarse. En nuestro caso no hay `NAs`, por lo tanto se estima sin problemas. Esta acción para `NAs` es requisito para utilizar la función «`dredge`» que sigue:

```
selec<-dredge(modelo)
```

Importante: la función «`dredge`» genera todos los modelos posibles (incluido el modelo nulo que solo tiene a la ordenada al origen) y los compara ajustados por `ML`.

```
nrow(selec)
```

Contamos la cantidad de filas que tiene la tabla “`selec`”

La función «`dredge`» generó 4 modelos:

```
selec
Global model call: lm(formula = ingreso ~ tele + diarios, data
= datos, na.action = "na.fail")
---
Model selection table
(Intrc)    diars   tele df logLik AICc delta weight
4     83.23  1.30100 2.290  4 -5.933 33.2  0.00  0.718
3     88.64          1.604  3 -11.760 35.5  2.32  0.225
1     93.75          2 -15.988 38.4  5.18  0.054
2     93.86 -0.04299      3 -15.987 44.0 10.77  0.003
Models ranked by AICc(x)
```

La salida es una tabla ordenada de los modelos del mejor al peor ajuste según AIC. La tabla contiene la estimación de los predictores continuos y un signo «+» para los predictores categóricos incluidos en el modelo (en este caso ninguno). Además, muestra la cantidad de parámetros «(DF)», el «logLik», el «AICC», el «delta» (la diferencia respecto del mejor modelo) y el «weight» (peso relativo).

### 8. 13. Mínimos cuadrados

Escriba el modelo estadístico matricialmente incluyendo los parámetros y cada uno de los valores observados para las variables.

Estimación puntual de los coeficientes de regresión parcial:

```
one=rep(1, each=8)
one
X=as.matrix(data.frame(one,tele,diarios))
X
Y=ingreso
Y
beta <- solve(t(X)%*%X) %*% t(X)%*%Y
beta
```

Da lo mismo que:

```
modelo$coefficients
summary(modelo)
```

Varianza residual:

```
residuos=resid(modelo)
ver=(sum(residuos^2))/(length(residuos)-3)
ver
```

Mismo resultado que:

```
summary(modelo)$sigma^2
```

Error estándar de los estimadores:

```
var=ver*solve(t(X)%*%X)
var
```

Compare con:

```
vcov(modelo)
```

En las diagonales están las varianzas, si obtenemos la raíz cuadrada:

```
Std._Error_Intercept=sqrt(var[1,1])
Std._Error_tele=sqrt(var[2,2])
Std._Error_diarios=sqrt(var[3,3])
```

```
Std._Error_Intercept
Std._Error_tele
Std._Error_diarios
```

O, más fácil:

```
sqrt(diag(var))
```

Compare con «Std. Error en»:

```
summary(modelo)
```

Demográficos:

```
demo("graphics")
```

Algunas capacidades gráficas de R.

## 8.14. Información útil para objetos con clase «lm»

Funciones genéricas para modelos lineales estimados (*generic functions for fitted linear model objects*)

- «print()»: presentación simple en pantalla.
- «summary()»: salida de regresión estándar.
- «coef()» (or coefficients()): extraer los coeficientes de regresión.
- «residuals()» (or resid()): extraer los residuos.
- «fitted()» (or fitted.values()): extraer los valores predichos.
- «anova()»: comparación de modelos anidados.
- «predict()»: predicciones para datos nuevos.
- «plot()»: gráficos de diagnóstico.
- «confint()»: intervalos de confianza para los coeficientes de regresión.
- «deviance()»: suma de cuadrado de los residuos.
- «vcov()» (estimated): matriz de varianza-covarianza.
- «logLik()»: log-verosimilitud (asumiendo errores distribuidos normalmente).
- «AIC()»: criterios de información incluyendo AIC, BIC/SBC (asumiendo errores distribuidos normalmente).

# Trabajo práctico N° 9. Modelos polinómicos y logarítmicos

## 9.1. Problema y datos

```
datos=read.table("datos_p_9.txt")
colnames(datos)=c("pais","vida","pbi")
```

## 9.2. Primer modelo

Estudiamos cómo varía la esperanza de vida (años) en función del PBI per cápita (USD por habitante por año):<sup>2</sup>

```
modelo=lm(vida~pbi,data=datos)
summary(modelo)
```

Call:

```
lm(formula = vida ~ pbi, data = datos)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.4663	-0.2978	0.2251	0.3037	1.2403

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	4.6399	0.9366	4.954	0.00257 **
pbi	-0.5868	0.3578	-1.640	0.15207

---

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.8628 on 6 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.3096, Adjusted R-squared: 0.1945

F-statistic: 2.69 on 1 and 6 DF, p-value: 0.1521

¿Qué conclusión obtiene de los gráficos siguientes?

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
```

Agregamos la línea que une los valores predichos:

```
curve(modelo$coefficients[1]+modelo$coefficients[2]*x,add=T,
col="green",lw=2)
```

<sup>2</sup> Los datos fueron obtenidos de Gelman y Hill (2007).

Residuos versus predichos:

```
residuos=resid(modelo)
predichos=fitted(modelo)
par(mfrow=c(1,1))
plot(predichos,residuos)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=2)
```

Observados versus predichos:

```
plot(predichos,datos$vida)
abline(a=0,b=1,col="blue",lw=2)
```

Supuesto de normalidad:

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos,col="yellow")
boxplot(residuos,bty="l",range=1.5,col="yellow",horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) « $1.5 * \text{rango intercuartil}$ » es el bivote superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos,col="yellow")
normal=rnorm(mean=0,sd=summary(modelo)$sigma,n=length(summ
ary(modelo)$residuals))
hist(normal,col="green")

boxplot(residuos,bty="l",range=1.5,col="yellow",horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal,bty="l",range=1.5,col="green",horizontal=T,
xlab="normal")

par(mfrow=c(1,1))
qqnorm(residuos)
qqline(residuos)
```

También se puede hacer para los residuos estandarizados:

```
plot(modelo,which=c(2))
```

```
library(moments)
```

**skewness(residuos)** debería dar cero.  
**kurtosis(residuos)** debería dar tres.

Probemos con la normal:

**skewness(normal)**  
**kurtosis(normal)**

Están estimados como el tercer y cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

**ks.test(residuos,"pnorm",mean(residuos),sd(residuos))**

One-sample Kolmogorov-Smirnov test

data: residuos  
D = 0.22859, p-value = 0.7177  
alternative hypothesis: two-sided

Alternativamente conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

**library(nortest)**  
**lillie.test(residuos)**

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

**shapiro.test(residuos)**

### 9.3. Polinomio de segundo grado

**datos\$pbi2=datos\$pbi^2**

**modelo2=lm(vida~pbi+pbi2,data=datos)**  
**summary(modelo2)**  
**anova(modelo2)**

Analysis of Variance Table

Response: vida  
Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)  
pbi 1 2.0026 2.00261 2.9846 0.1446  
pbi2 1 1.1113 1.11129 1.6562 0.2545  
Residuals 5 3.3549 0.67097

Observados versus variable independiente.

Además se agrega la línea que une los valores predichos:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
curve(modelo2$coefficients[1]+modelo2$coefficients[2]^x+modelo2$co
efficients[3]^x^2
,add=T,col="green",lw=2)
```

Residuos versus predichos:

```
residuos2=resid(modelo2)
predichos2=fitted(modelo2)
plot(predichos2,residuos2)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=2)
```

Observados versus predichos:

```
plot(predichos2,datos$vida)
abline(a=0,b=1,col="red",lw=2)
```

Normalidad:

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos2, col="yellow")
boxplot(residuos2, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) « $1.5 * \text{rango intercuartil}$ » es el bisonte superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos2, col="yellow")

normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modelo2)$sigma, n=length(sum
mary(modelo2$residuals)))
hist(normal, col="green")

boxplot(residuos2, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

par(mfrow=c(1,1))
```

```
qqnorm(residuos2)
qqline(residuos2)
```

También puede hacerse para los residuos estandarizados:

```
plot(modelo2, which = c(2))
```

```
library(moments)
skewness(residuos2) debería dar cero.
kurtosis(residuos2) debería dar tres.
```

Probemos con la normal:

```
skewness(normal)
kurtosis(normal)
```

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:  
**ks.test(residuos2,"pnorm",mean(residuos2),sd(residuos2))**

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

```
data: residuos2
D = 0.20404, p-value = 0.8316
alternative hypothesis: two-sided
```

Alternativamente conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

```
library(nortest)
primero hay que instalar el paquete
lillie.test(residuos2)
```

```
Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
data: residuos2
D = 0.20404, p-value = 0.421
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

```
shapiro.test(residuos2)
```

## Logaritmo

Si la relación es del siguiente modo:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
```

con el logaritmo podemos transformarla en lineal:

```
plot(log10(datos$pbi),datos$vida)
```

y utilizar entonces un modelo de regresión lineal simple:

```
modelo3=lm(vida~log10(pbi),data=datos)
summary(modelo3)
```

Observados versus variable independiente.

Además se agrega la línea que une los valores predichos:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
curve(modelo3$coefficients[1]+modelo3$coefficients[2]*log10(x)
,add=T,col="green",lw=2)
```

Residuos versus predichos:

```
residuos3=resid(modelo3)
predichos3=fitted(modelo3)
plot(predichos3,residuos3)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=2)
```

Observados versus predichos:

```
plot(predichos3,datos$vida)
abline(a=0,b=1,col="red",lw=2)
```

Normalidad:

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos3,col="yellow")
boxplot(residuos3, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) « $1.5 * \text{rango intercuartil}$ » es el bigote superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos3,col="yellow")

normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modelo3)$sigma, n=length(sum
mary(modelo3$residuals))
hist(normal,col="green")
```

```
boxplot(residuos3, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")
par(mfrow=c(1,1))
qqnorm(residuos3)
qqline(residuos3)
```

También se puede hacer para los residuos estandarizados:

```
plot(modelo3, which = c(2))
```

```
library(moments)
```

**skewness(residuos3)** debería dar cero.

**kurtosis(residuos3)** debería dar tres.

Probemos con la normal:

```
skewness(normal)
```

```
kurtosis(normal)
```

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos3,"pnorm",mean(residuos3),sd(residuos3))
```

Alternativamente conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

```
library(nortest) primero hay que instalar el paquete
lillie.test(residuos3)
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

```
shapiro.test(residuos3)
```

#### 9.4. Polinomio de tercer grado

```
datos$pbi2=datos$pbi^2
datos$pbi3=datos$pbi^3
modelo4=lm(vida~pbi+pbi2+pbi3,data=datos)
summary(modelo4)
```

Observados versus variable independiente.

Además se agrega la línea que une los valores predichos:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
curve(modelo4$coefficients[1]+modelo4$coefficients[2]*x+modelo4$co
efficients[3]*x^2
+modelo4$coefficients[4]*x^3, add=T, col="green", lw=2)
```

Residuos versus predichos:

```
residuos4=resid(modelo4)
predichos4=fitted(modelo4)
plot(predichos4,residuos4)
abline(a=0,b=0, col="violet", lw=2)
```

Observados versus predichos:

```
plot(predichos4,datos$vida)
abline(a=0,b=1, col="red", lw=2)
```

Normalidad:

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos4, col="yellow")
boxplot(residuos4, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) « $1.5 * \text{rango intercuartil}$ » es el bisonte superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos4, col="yellow")

normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modelo4)$sigma, n=length(sum
mary(modelo4)$residuals))
hist(normal, col="green")

boxplot(residuos4, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

par(mfrow=c(1,1))
qqnorm(residuos4)
qqline(residuos4)
```

También se puede hacer para los residuos estandarizados:

```
plot(modelo4, which = c(2))
```

```
library(moments)
```

**skewness(residuos4)** debería dar cero.

**kurtosis(residuos4)** debería dar tres.

Probemos con la normal:

```
skewness(normal)
```

```
kurtosis(normal)
```

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos4,"pnorm",mean(residuos4),sd(residuos4))
```

One-sample Kolmogorov-Smirnov test

```
data: residuos4
```

```
D = 0.13519, p-value = 0.9935
```

```
alternative hypothesis: two-sided
```

Alternativamente conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

```
library(nortest) primero hay que instalar el paquete
```

```
lillie.test(residuos4)
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

```
shapiro.test(residuos4)
```

## 9.5. Polinomio de grado 10

```
modelo5=lm(vida~pbi+I(pbi^2)+I(pbi^3)+  
I(pbi^4)+I(pbi^5)+I(pbi^6)+I(pbi^7)+  
I(pbi^8)+I(pbi^9)+I(pbi^10),data=datos)  
summary(modelo5)
```

Call:

```
lm(formula = vida ~ pbi + I(pbi^2) + I(pbi^3) + I(pbi^4) + I(pbi^5) +  
I(pbi^6) + I(pbi^7) + I(pbi^8) + I(pbi^9) + I(pbi^10), data = datos)
```

Residuals:

1	2	3	4	5	6	7	8
5.000e-01	-2.739e-13	-5.000e-01	-2.500e-01	2.928e-14	6.330e-13	-2.359e-15	2.500e-01

Coefficients: (5 not defined because of singularities)

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	1430.641	762.849	1.875	0.202
pbi	-2950.745	1603.104	-1.841	0.207
I(pbi^2)	2366.932	1304.979	1.814	0.211
I(pbi^3)	-921.561	514.570	-1.791	0.215
I(pbi^4)	174.167	98.290	1.772	0.218
I(pbi^5)	-12.783	7.278	-1.757	0.221
I(pbi^6)	NA	NA	NA	NA
I(pbi^7)	NA	NA	NA	NA
I(pbi^8)	NA	NA	NA	NA
I(pbi^9)	NA	NA	NA	NA
I(pbi^10)	NA	NA	NA	NA

Residual standard error: 0.559 on 2 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.9034, Adjusted R-squared: 0.6618

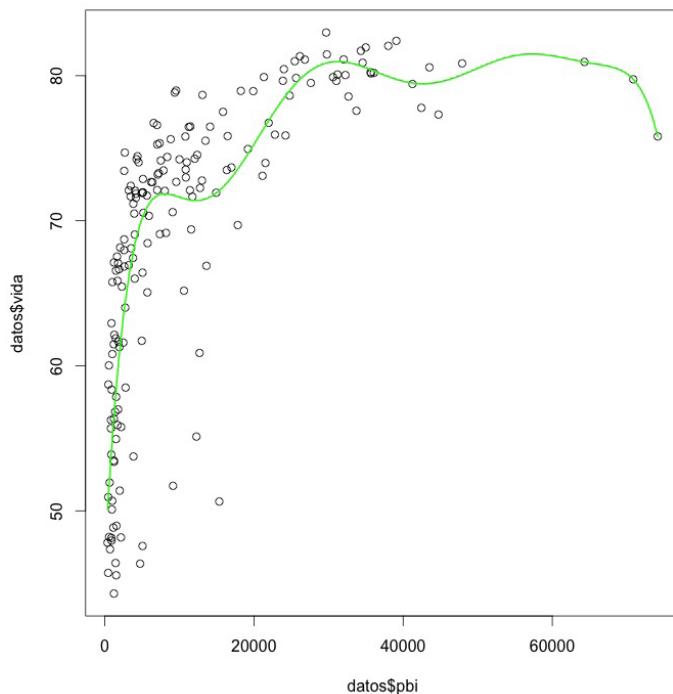
F-statistic: 3.74 on 5 and 2 DF, p-value: 0.2243

Observados versus variable independiente.

Además se agrega la línea que une los valores predichos:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
curve(modelo5$coefficients[1]+modelo5$coefficients[2]*x+
  modelo5$coefficients[3]*x^2
  +modelo5$coefficients[4]*x^3
  +modelo5$coefficients[5]*x^4
  +modelo5$coefficients[6]*x^5
  +modelo5$coefficients[7]*x^6
  +modelo5$coefficients[8]*x^7
  +modelo5$coefficients[9]*x^8
  +modelo5$coefficients[10]*x^9
  +modelo5$coefficients[11]*x^10, add=T, col="green", lw=2)
```

**Figura 9.1.** Expectativa de vida en años en función de PBI per cápita en miles de USD.



**Nota:** Línea de regresión del modelo polinómico de grado 10

¿Cómo se interpretan los parámetros del modelo? ¿Los valores estimados de estos parámetros son generalizables? ¿Por qué? ¿Cuál es el aporte conceptual del modelo?

Residuos versus predichos:

```
residuos5=resid(modelo5)
predichos5=fitted(modelo5)
plot(predichos5,residuos5)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=2)
```

Observados versus predichos:

```
plot(predichos5,datos$vida)
abline(a=0,b=1,col="red",lw=2)
```

Normalidad:

```
par(mfrow=c(2,1))
```

```
hist(residuos5, col="yellow")
boxplot(residuos5, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) « $1.5 * \text{rango intercuartil}$ » es el bigote superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos5, col="yellow")

normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modelo5)$sigma, n=length(summary(modelo5$residuals)))
hist(normal, col="green")

boxplot(residuos5, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

par(mfrow=c(1,1))
qqnorm(residuos5)
qqline(residuos5)
```

También se puede hacer para los residuos estandarizados:

```
plot(modelo5, which = c(2))

library(moments)
skewness(residuos5) debería dar cero.
kurtosis(residuos5) debería dar tres.
```

Probemos con la normal:

```
skewness(normal)
kurtosis(normal)
```

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos5,"pnorm", mean(residuos5), sd(residuos5))
```

One-sample Kolmogorov-Smirnov test

```
data: residuos5
D = 0.25, p-value = 0.6134
alternative hypothesis: two-sided
```

Alternativamente conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

```
library(nortest)
lillie.test(residuos5)
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

```
shapiro.test(residuos5)
```

Bondad ajuste cuatro modelos:

```
bondad=data.frame(matrix(NA,ncol=6,nrow=5))
rownames(bondad)=c("lineal","grado_2","log","grado_3","grado_10")
colnames(bondad)=c("r2","r2ajustado","DesvResid","AIC","BIC","logVERO
SIMILITUD")
```

Comparemos los «r2» de los cinco modelos:

```
bondad[1,1]=summary(modelo)$r.squared
bondad[2,1]=summary(modelo2)$r.squared
bondad[3,1]=summary(modelo3)$r.squared
bondad[4,1]=summary(modelo4)$r.squared
bondad[5,1]=summary(modelo5)$r.squared

bondad[1,2]=summary(modelo)$adj.r.squared
bondad[2,2]=summary(modelo2)$adj.r.squared
bondad[3,2]=summary(modelo3)$adj.r.squared
bondad[4,2]=summary(modelo4)$adj.r.squared
bondad[5,2]=summary(modelo5)$adj.r.squared
```

Comparemos «sqrt(cme)»:

```
bondad[1,3]=summary(modelo)$sigma
bondad[2,3]=summary(modelo2)$sigma
bondad[3,3]=summary(modelo3)$sigma
bondad[4,3]=summary(modelo4)$sigma
bondad[5,3]=summary(modelo5)$sigma

library(nlme)
modelo=gls(vida~pbi,data=datos)
modelo2=gls(vida~pbi+pbi2,data=datos)
modelo3=gls(vida~log10(pbi),data=datos)
modelo4=gls(vida~pbi+pbi2+pbi3,data=datos)
```

```

modelo5=gls(vida~pbi+I(pbi^2)+I(pbi^3)
+I(pbi^4)+I(pbi^5)+I(pbi^6)+I(pbi^7)+
I(pbi^8)+I(pbi^9)+I(pbi^10),data=datos)

bondad[1,4]=summary(modelo)$AIC
bondad[2,4]=summary(modelo2)$AIC
bondad[3,4]=summary(modelo3)$AIC
bondad[4,4]=summary(modelo4)$AIC
bondad[5,4]=summary(modelo5)$AIC

bondad[1,5]=summary(modelo)$BIC
bondad[2,5]=summary(modelo2)$BIC
bondad[3,5]=summary(modelo3)$BIC
bondad[4,5]=summary(modelo4)$BIC
bondad[5,5]=summary(modelo5)$BIC

```

Los valores de «log(verosimilitud)» habitualmente son negativos ya que son logaritmos de valores entre cero y uno:

```

bondad[1,6]=summary(modelo)$logLik
bondad[2,6]=summary(modelo2)$logLik
bondad[3,6]=summary(modelo3)$logLik
bondad[4,6]=summary(modelo4)$logLik
bondad[5,6]=summary(modelo5)$logLik

```

### **bondad**

	r2	r2ajustado	DesvResid	AIC	BIC	logVEROSIMILITUD	
lineal	0.3095817	0.1945119	0.8627614	25.09574	24.47102	-9.547870	
grado_2	0.4813747	0.2739246	0.8191285	25.55138	23.98913	-8.775690	
log	0.3966378	0.2960775	0.8065357	NA	NA	NA	
grado_3	0.6506383	0.3886171	0.7516537	24.94034	21.87181	-7.470171	
grado_10	0.9033816	0.6618357	0.5590170	NA	NA	NA	

```

with(bondad, plot(DesvResid,r2))
abline(lm(r2~DesvResid, data=bondad), col="blue", lw=3)

with(bondad, plot(logVEROSIMILITUD,r2))

```

Bajo el supuesto de normalidad los resultados por mínimos cuadrados coinciden con los de máxima verosimilitud. Pero como vimos en la evaluación de supuestos, este no es el caso.

## **Lista de referencias bibliográficas**

- Anderson D. R., Sweeney D. J. y Williams T. A. (2012). *Estadística para administración y economía*, 11a edición, capítulos 15 y 16. México DF: Ed. Cengage Learning.
- Bowerman B. L., O'Connell L. T. y Koehler A. B. (2007). *Pronósticos, series de tiempo y regresión: un enfoque aplicado*, 4ta edición, capítulo 5. México DF: Ed. Cengage Learning.
- Lind D. A., Marchal W. G. y Mason R. D. (2006). *Estadística para administración y economía*, 11ava edición, capítulo 14. México DF: Ed Alfaomega
- Levin R. I., Rubin D. S., Balderas M., del Valle J. C. y Gómez R. (2004). *Estadística para administración y economía*, 7ma edición, capítulo 13. México DF: Ed. Pearson.
- Wooldridge J. M. (2013). *Introductory econometrics: A modern approach*, 5ta edición, capítulo 2. Mason, USA: Ed. South-Western Cengage Learning.



## Capítulo 5

# Modelos lineales generales

## Introducción

En este capítulo esperamos que el lector comprenda la regresión con variables categóricas (incluyendo las dicotómicas o *dummy*) y el análisis de covarianza. Pondremos énfasis en analizar e interpretar la interacción entre variables independientes. Evaluaremos los supuestos y la bondad de ajuste de estos modelos mediante el análisis de los residuos. En este sentido será clave comprender el modelo lineal general en notación matricial, así como la distribución normal multivariada, por lo que será necesario cierto conocimiento de álgebra matricial. Discutiremos los métodos de estimación y las propiedades de los estimadores, entre ellos, será clave estudiar la verosimilitud y la estimación de parámetros por el método de máxima verosimilitud (ML) y de máxima verosimilitud restringida (REML). Practicaremos el proceso de selección de modelos y la inclusión de variables adicionales a partir del criterio de información de Akaike (AIC) y la prueba del cociente de verosimilitudes (LRT). Interpretaremos un gráfico clave, el de los datos observados en función de los predichos. Algunos de estos temas son introducidos conceptualmente en los textos: de Anderson, Sweeney y Williams (2012); Berridge y Crouchley (2011); Bowerman, O'Connell L. T. y Koehler A. B. (2007); Burnham, Anderson y Huyvaert (2011), Lind, Marchal y Mason (2006); Murtaugh (2014) y Novales Cinca (1993).

## Trabajo práctico N° 10. Modelo de regresión con variables categóricas

### 10.1. Problema y datos

Se desea estudiar cómo varía entre países la esperanza de vida (en años) en función de fecundidad (en números de hijos por mujer) según los años 1950 y 2009.<sup>1</sup>

```
datos=read.table("datos_p_10.txt",dec=",")  
colnames(datos)=c("pais","año","vida","fertilidad")
```

<sup>1</sup> Los datos fueron obtenidos de [www.gapminder.org](http://www.gapminder.org)

```
View(datos)
str(datos)

datos=na.omit(datos)

modelo=lm(vida~fertilidad*factor(año),data=datos)
```

Observados versus predichos

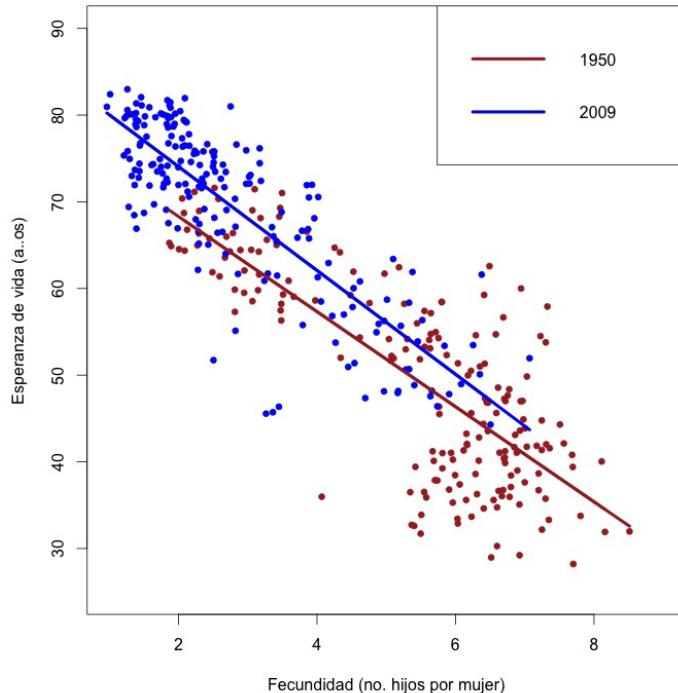
```
plot(fitted(modelo),datos$vida)
abline(a=0,b=1,col="red",lw=3)
```

Interprete el gráfico y defina la bondad de ajuste.

Observados versus fecundidad según año con ajuste del modelo

```
a1950=subset(datos,año==1950)
a2009=subset(datos,año==2009)
plot(a1950$fertilidad,a1950$vida,col="brown",
ylim=c(25,90),xlim=c(1,9),pch=19,cex=0.8,
ylab="Esperanza de vida (años)",xlab="Fecundidad (no. hijos por
mujer)")
points(a2009$fertilidad,a2009$vida,col="blue",pch=19,cex=0.8)
lines(a1950$fertilidad,predict(modelo,a1950),col="brown",lwd=4)
lines(a2009$fertilidad,predict(modelo,a2009),col="blue",lwd=4)
legend("topright",legend=c("1950","2009"),col=c("brown","blue"),lty=1,l
wd=4)
```

**Figura 10.1.** Esperanza de vida (en años) en función de fecundidad (en números de hijos por mujer) según los años 1950 y 2009



Interprete el «summary» y el ANOVA en el contexto de la figura anterior  
**summary(modelo)**

Call:

```
lm(formula = vida ~ fertilidad * año, data = datos)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-20.9840	-3.7259	0.6663	4.4355	18.9091

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	79.2710	1.6352	48.476	< 2e-16 ***
fertilidad	-5.4860	0.2876	-19.072	< 2e-16 ***
año1970	2.7429	2.1153	1.297	0.195274

```

año2009           6.7576    1.9484   3.468  0.000564 ***
fertilidad:año1970 0.8221    0.3785   2.172  0.030258 *
fertilidad:año2009 -0.5021    0.4418  -1.137  0.256184
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Residual standard error: 6.532 on 563 degrees of freedom  
 Multiple R-squared: 0.7712, Adjusted R-squared: 0.7692  
 F-statistic: 379.6 on 5 and 563 DF, p-value: < 2.2e-16

### **anova(modelo)**

#### Analysis of Variance Table

Response: vida

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
fertilidad	1	75511	75511	1769.8074	< 2.2e-16 ***
año	2	4986	2493	58.4339	< 2.2e-16 ***
fertilidad:año	2	478	239	5.5979	0.003915 **
Residuals	563	24021	43		
---					

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

## 10.2. Consignas a resolver

1. Escriba el modelo estadístico e interprete cada uno de sus parámetros en el contexto del problema. Indique las unidades de los parámetros. Indique el rango del modelo.
2. Escriba la función de verosimilitud para el modelo planteado.
3. Evalúe los supuestos del modelo.
4. Obtenga el residual de la observación número 27 (fila 27 de la tabla de datos). Indique sus unidades e interprete en términos del problema.

Seguiremos con este ejemplo más adelante.

## Trabajo práctico N° 11. Un ejemplo de utilización de variables *dummies*

### 11. 1. Problema y datos

```
datos = read.table("datos_p_11.txt", header=T, dec=",")  
head(datos)  
str(datos)
```

Se desea conocer cómo el saldo de balanza comercial (SBC) («serie explicada», «variable respuesta») varía en función de la tasa de cambio real (TCR) (nivel de apreciación-depreciación de la moneda).<sup>2</sup> Se propone que cuanto menor sea la tasa de cambio real (mayor apreciación) menor será el SBC (exportación-importación). A su vez, se plantea que la implementación del Plan Real por parte de Brasil en 1995 implicó cambios estructurales en la economía argentina que afectó el SBC y la relación de este con el TCR. Otro cambio estructural para la economía argentina fue el ingreso de China a la Organización Mundial del Comercio (OMC), lo cual implicó un significativo aumento en la demanda internacional de productos básicos con sus consiguientes efectos sobre el comportamiento del SBC de la Argentina.

Se proponen tres cálculos distintos de la trc en función de las distintas estimaciones de la inflación surgidas en el último decenio. La TCR incopora la diferencia de precios entre algún país de referencia, por ejemplo EUA, y la Argentina. Relaciona el costo de una canasta de productos básicos en ambos países.

TCR: tipo de cambio nominal \* precio internacional; por ejemplo (USD) / precio local (pesos).

Se eligió base 1986 porque hubo un estudio de la Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL) para fijar en ese año el tipo de cambio en un nivel de equilibrio.

A continuación se describe con mayor detalle cada una de las variables analizadas:

- TCR\_38\_indec: tasa de cambio real, ajustada por el índice de precios al consumidor (IPC) -2002 (overshot con 38,7% de inflación). Inflación según INDEC.
- TCR\_38\_Consultoras: tasa de cambio real, ajustada por IPC-2002 (overshot con 38,7% de inflación). Inflación según consultoras.
- TCR\_80\_Consultoras: tasa de cambio real, ajustada por IPC-2002 (overshot con 80% de inflación). Inflación según consultoras.

---

<sup>2</sup> Los datos fueron obtenidos de Roberto Kozulj (elaboración propia).

- SBC: SBC mercancías, exportación - importación FOB (valor en usd millones).
- Plan\_Real: Plan Real en Brasil.
- Ingreso\_China: ingreso China en OMC.

## Estructuralismo económico

La corriente estructuralista en economía propone que la relación entre algunas variables macroeconómicas depende de condiciones estructurales de la economía que se analiza. Así, por ejemplo, en la década de 1990 la política económica generaba un marco estructural que implicaba una relación inversa entre el consumo y el SBC argentino. Al estar las importaciones libres de aranceles y el TC sobrevaluado, el aumento en el consumo argentino implicaba un aumento en las importaciones y, por ende, una caída del SBC. En cambio, bajo otros modelos económicos se busca generar las condiciones estructurales a nivel macro para invertir esa relación. Al cerrar las fronteras a la importación indiscriminada se busca que los aumentos en la capacidad de consumo de los argentinos se vuelquen a productos nacionales y no tengan un efecto directo sobre el SBC.

Este tipo de análisis puede ser integrado a la estadística mediante la incorporación de variables categóricas a un modelo de regresión lineal. En muchos textos de estadística aplicados a la economía, a estas variables se las conoce como variables *dummy* (categóricas con dos niveles), y a estos modelos como modelos de cambio estructural.

### 11. 2. Consignas a resolver

1. Plantee el modelo estadístico de acuerdo al marco conceptual propuesto más arriba (tome solo una de las estimaciones del TCR).

```
modelo=lm(SBC~TCR_38_Indec*Plan_Real*Ingreso_China,data=datos)
summary(modelo)
```

Conviene reescribir el modelo del siguiente modo:

```
modelo=lm(SBC~TCR_38_Indec+Plan_Real+Ingreso_China+TCR_38_
Indec:Plan_Real+TCR_38_Indec:Ingreso_China,data=datos)
```

ya que no hay datos para considerar la interacción entre el ingreso de China y el plan real.

```
summary(modelo)
```

Call:  
lm(formula = SBC ~ TCR\_38\_Indec + Plan\_Real + Ingreso\_China +  
TCR\_38\_Indec:Plan\_Real + TCR\_38\_Indec:Ingreso\_China, data = datos)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-189.79	-66.71	-14.31	46.30	348.81

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-130.897	61.061	-2.144	0.03789 *
TCR_38_Indec	2.128	0.665	3.200	0.00262 **
Plan_Real	-445.753	129.674	-3.438	0.00134 **
Ingreso_China	1009.916	349.597	2.889	0.00609 **
TCR_38_Indec:Plan_Real	10.915	2.054	5.315	3.81e-06 ***
TCR_38_Indec:Ingreso_China	-9.920	4.390	-2.260	0.02910 *
---				
Signif. codes:	0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1			

Residual standard error: 107.7 on 42 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.885, Adjusted R-squared: 0.8713

F-statistic: 64.67 on 5 and 42 DF, p-value: < 2.2e-16

2. ¿Qué cambios estructurales propone el modelo conceptual?  
¿Cómo los modelamos estadísticamente?
3. Construya un gráfico que permita ver los distintos escenarios contemplados por su modelo estadístico.

Primero sepáramos los datos de acuerdo a las distintas situaciones estructurales:

**chinaybrasil=subset(datos,Ingreso\_China==1)**

Situación en la que China entró a la OMC y Brasil ya implementó el plan real.

**brasil=subset(datos,Plan\_Real==1)**

**brasilnochina=subset(brasil,Ingreso\_China==0)**

Situación en la que Brasil implementó el Plan Real pero China aún no ingresó a la OMC.

**nobrasil=subset(datos,Plan\_Real==0)**

Situación en la que ni China ingresó a la OMC, ni Brasil implementó el Plan Real:

```
plot(chinaybrasil$TCR_38_Indec,chinaybrasil$SBC,col="brown",pch=19,  
      ylim=c(-200,900),xlim=c(30,180),ylab="SBC",xlab="TCR")
```

Primero graficamos la situación en la que China entro a la OMC y Brasil ya implementó el Plan Real.

Establecemos los límites «ylim» y «xlim» mirando:

```
range(datos$SBC)
```

```
[1] -194.5 870.7
```

```
range(datos$TCR_38_Indec)
```

```
[1] 37.1 170.7
```

```
points(brasilnochina$TCR_38_Indec,brasilnochina$SBC,col="blue",pch=19)
```

Luego agregamos los puntos que corresponden a la segunda situación:

```
points(nobrasil$TCR_38_Indec,nobrasil$SBC,col="red",pch=19)
```

Y, finalmente, los correspondientes a la tercera.

Cada una de estas situaciones las modelaremos mediante una recta diferente pero solo con una ecuación.

```
lines(chinaybrasil$TCR_38_Indec,predict(modelo,chinaybrasil),  
      col="brown",lwd=2)
```

Recta perteneciente a la primera situación:

```
lines(brasilnochina$TCR_38_Indec,predict(modelo,brasilnochina),col=  
      "blue",lwd=2)
```

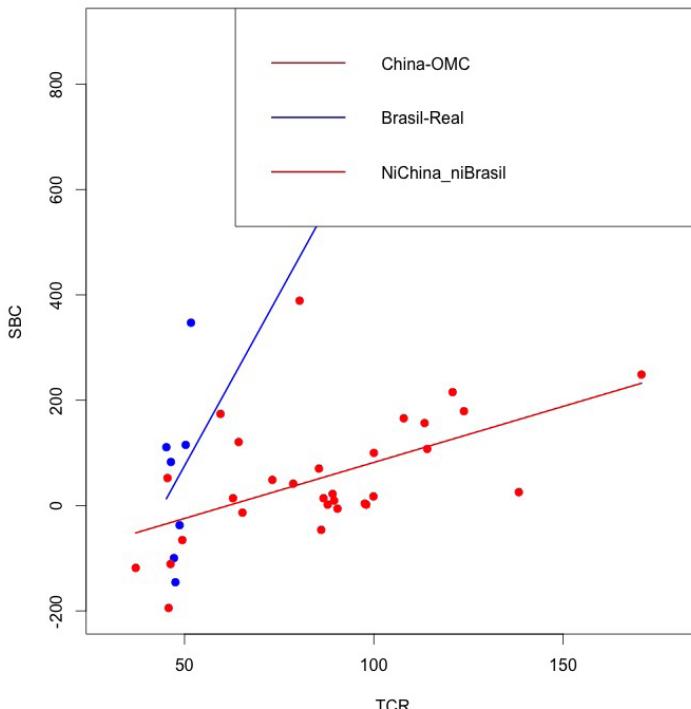
Recta perteneciente a la segunda situación:

```
lines(nobrasil$TCR_38_Indec,predict(modelo,nobrasil),col="red",lwd=2)
```

Recta perteneciente a la última situación:

```
legend("topright",legend=c("China-OMC","Brasil-Real","NiChina_niBrasil  
"),col=c("brown","blue","red"),lty=1,lwd=2)
```

**Figura 11.1.** Saldo de la balanza comercial según tasa de cambio real en diferentes contextos



**Nota:** Años donde China perteneció a la OMC; años donde Brasil tenía el Plan Real; años donde ambas situaciones anteriores estaban ausentes.

Observe el gráfico y responda:

¿El ingreso de China a la OMC implicó un cambio en el SBC Argentina? ¿Qué parámetro modela dicho salto? ¿La implementación del plan real por parte de Brasil implicó un cambio significativo en la relación entre el SBC y el TCR? ¿Qué parámetro modela dicho cambio en la relación entre SBC y TCR fruto del Plan Real?

4. Elabore tres modelos: uno con cada estimación del TCR y luego evalúe la bondad de ajuste de cada modelo. Concluya.
5. Indague sobre la presencia de valores extremos en su modelo. En caso de haberlos reescriba el modelo quitando ese valor y vuelva a realizar el gráfico anterior. Concluya sobre el efecto de esa observación acerca de sus estimaciones. ¿Qué haría al respecto?

6. Evalúe los supuestos del modelo. ¿Se trata de datos en corte transversal o de una serie de tiempo? ¿Qué características presentan comúnmente las series de tiempo? ¿El modelo planteado es adecuado?
7. Escriba matricialmente el modelo.

## Trabajo práctico Nº 12.

### Análisis de corte trasversal con diferentes años como factor

#### 12. 1. Problema y datos

Se desea conocer cómo es la esperanza de vida en países que presentan distintos niveles de fecundidad, y cómo cambió esta relación a lo largo del tiempo.

```

datos=read.delim("datos_p_12.txt",dec=",",header=F)
colnames(datos)=c("pais","año","vida","fertilidad")
datos=na.omit(datos)
str(datos)
summary(datos)

datos$año=as.factor(datos$año)
summary(datos)

modelo=lm(vida~fertilidad*año,data=datos)
summary(modelo)

Call:
lm(formula = vida ~ fertilidad * año, data = datos)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-20.9840 -3.7259  0.6663  4.4355 18.9091 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) 79.2710    1.6352 48.476 < 2e-16 ***
fertilidad -5.4860    0.2876 -19.072 < 2e-16 ***
año1970     2.7429    2.1153  1.297 0.195274  
año2009     6.7576    1.9484  3.468 0.000564 ***
```

```

fertilidad:año1970  0.8221      0.3785   2.172 0.030258 *
fertilidad:año2009 -0.5021      0.4418  -1.137 0.256184
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 6.532 on 563 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.7712,    Adjusted R-squared:  0.7692
F-statistic: 379.6 on 5 and 563 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

## 12. 2. Consignas a resolver

1. Escriba el modelo e interprétele con la ayuda del gráfico siguiente.
2. Escriba el modelo matricialmente, incluya los cinco primeros valores observados.

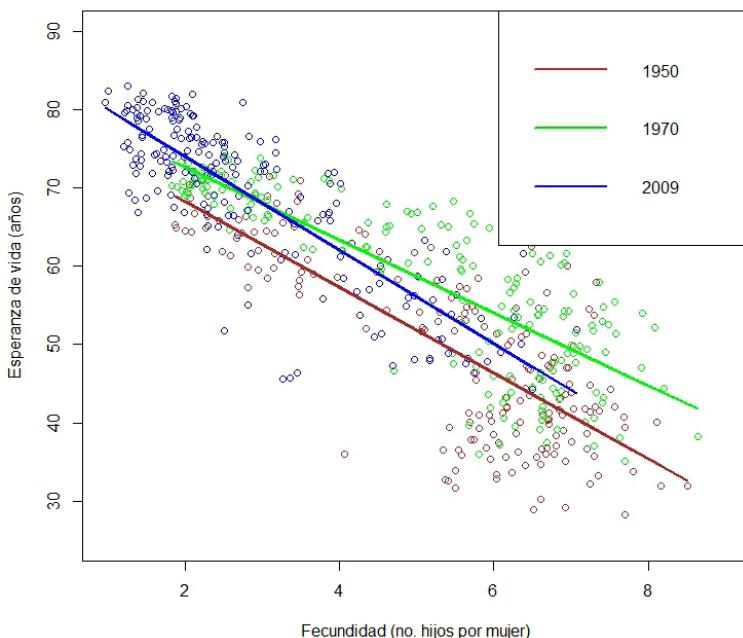
Observados versus fertilidad según año con ajuste del modelo:

```

a1950=subset(datos,año==1950)
a1970=subset(datos,año==1970)
a2009=subset(datos,año==2009)
plot(a1950$fertilidad,a1950$vida,col="brown",ylim=c(25,90),xlim=c(1,9),
     ylab="Esperanza de vida (años)",xlab="Fecundidad (no. hijos por mujer)")
points(a1970$fertilidad,a1970$vida,col="green")
points(a2009$fertilidad,a2009$vida,col="blue")
lines(a1950$fertilidad,predict(modelo,a1950),col="brown",lwd=2)
lines(a1970$fertilidad,predict(modelo,a1970),col="green",lwd=2)
lines(a2009$fertilidad,predict(modelo,a2009),col="blue",lwd=2)
legend("topright",legend=c("1950","1970","2009"),col=c("brown","green",
"blue"),lty=1,lwd=2)

```

**Figura 12.1.** Esperanza de vida (en años) en función de fecundidad (en cantidad de hijos por mujer) según los años 1950, 1970 y 2009



3. Interprete el ANOVA. Indique las unidades del estadístico «F».  
**anova(modelo)**

Analysis of Variance Table

Response: vida

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
fertilidad	1	75511	75511	1769.8074	< 2.2e-16 ***
año	2	4986	2493	58.4339	< 2.2e-16 ***
fertilidad:año	2	478	239	5.5979	0.003915 **
Residuals	563	24021	43		
---					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

4. ¿Cuál es el valor esperado de vida en un país durante 1970 y cuya fecundidad promedio es de 7 hijos?  
 5. ¿Cuál es el valor esperado de vida en un país durante 2009 y cuya fecundidad promedio es de 8 hijos?

6. ¿Cuál es el valor esperado de vida en un país durante 2009 y cuya fecundidad promedio es de 4 hijos?
7. ¿Cuál es el valor esperado de vida en un país durante 1950 y cuya fecundidad promedio es de 3 hijos?

### 12. 3. Intervalos de predicción y confianza

8. Intervalos de predicción y confianza

Intervalos de confianza para la ordenada y los coeficientes de regresión parciales:

```
confint(modelo, level=0.95)
```

Interprete.

Pedimos el intervalo de confianza para la media de esperanza de vida dado cierto año y valor de hijos por mujer.

```
predict.lm(modelo, interval="confidence")
```

Interprete.

¿Cuál es el intervalo de confianza para la media de esperanza de vida en el 2009 para un país con 3 hijos por mujer en promedio?

```
newdata=data.frame(año=2009, fertilidad=3)
newdata$año=as.factor(newdata$año)
predict(modelo,newdata,interval="confidence")
```

	fit	lwr	upr
1	68.06427	67.13153	68.997

Indique unidades. Interprete.

Ahora el intervalo de predicción para la misma situación que la anterior:

```
predict.lm(modelo,newdata,interval="prediction")
```

	fit	lwr	upr
1	68.06427	55.20043	80.9281

Explique las diferencias entre el intervalo de predicción y de confianza.

9. Evalúe el cumplimiento de los supuestos.
10. Estime el «R2» y el «AIC» del modelo y explique sus diferencias.

**AIC(modelo)**

[1] 3758.412

## **Lista de referencias bibliográficas**

- Anderson D. R., Sweeney D. J. y Williams T. A. (2012). *Estadística para administración y economía*, 11a edición, capítulos 15 y 16. México DF: Ed. Cengage Learning.
- Berridge D. M. y Crouchley R. (2011). *Multivariate Generalized Linear Mixed Models Using R*. Boca Ratón, EUA: Ed. CRC Press.
- Bowerman B. L., O'Connell L. T. y Koehler A. B. (2007). *Pronósticos, series de tiempo y regresión: un enfoque aplicado*, 4ta edición. México DF: Ed. Cengage Learning.
- Burnham K. P., Anderson D. R. y Huyvaert K. P. (2011). aic model selection and multimodel inference in behavioral ecology: some background, observations, and comparisons. *Behav. Ecol. Sociobiol.*, 65, 23-35.
- Lind D. A., Marchal W. G. y Mason R. D. (2006). *Estadística para administración y economía*, 11ava edición, capítulo 14. México DF: Ed Alfaomega.
- Murtaugh P. A. (2014). In defense of P values. *Ecology* 95:611-617.
- Novales Cinca A. (1993). Capítulo 3: el modelo lineal general. En *Econometría*, 2da edición. Madrid, España: McGraw-Hill.

## Capítulo 6

# Modelos lineales generales con heterogeneidad de varianza

## Introducción

Los datos con los que trabajan los profesionales de las ciencias económicas, sociales y ambientales generalmente presentan heterogeneidad de varianzas. Por lo tanto, en este capítulo discutiremos funciones para modelar la heterogeneidad de varianzas como varianzas fijadas (varFixed), diferentes varianzas por estrato (varIdent), potencia de la covariante o valores predichos (varPower), exponente de la covariante (varExp), constante más potencia de la co-covariante (varConstPower), y combinación de las funciones de varianzas (varComb). Un aspecto clave a comprender en estas situaciones es la estandarización de Pearson para los residuos, con los que evaluaremos los supuestos y la bondad de ajuste de los modelos. Más información sobre este tema (y otros más generales que aborda este capítulo, como los contrastes de hipótesis) puede encontrarse en los textos de Pinheiro y Bates (2000); y Wasserman (2016).

## Trabajo práctico Nº 13. Varianzas en función de variable independiente categórica

### 13. 1. Problema y datos

```
datos=read.table("datos_p_13.txt",dec=",")  
colnames(datos)=c("pais","ocupacion","region")  
str(datos)
```

Se desea evaluar si los niveles de ocupación varían según regiones en el mundo.<sup>1</sup> Ocupación: porcentaje de personas mayores de 15 años que ha sido empleado durante 2007.

¿Cuál es la unidad experimental, la muestra y la población?

```
library(nlme)
```

<sup>1</sup> Los datos de este apartado fueron obtenidos de Banco Mundial (<http://www.worldbank.org/>)

### 13. 2. Modelo de varianzas homogéneas

```
modelo=glm(ocupacion~region, data=datos)
```

Plantee matricialmente este modelo e indique los primeros cinco valores de cada matriz o vector.

```
anova(modelo)
```

```
par(mfrow=c(1,1))
boxplot(datos$ocupacion~datos$region)

datos$residuos=resid(modelo)
plot(datos$region,datos$residuos)
```

Otra opción para el gráfico de caja y bigotes (*boxplot*, en inglés)

```
boxplot(datos$residuos~datos$region)
```

El largo de los bigotes está definido por 1,5 veces la amplitud intercuartilar. Sin embargo, los bigotes pueden ser asimétricos (como en Asia) porque el final del bigote se ubica en el punto más extremo dentro de este rango. Todos aquellos valores que estén por fuera de «1,5 \*» Rango Intercuartilar se grafican como puntos.

El tamaño de los bigotes puede modificarse con el código «range» como vemos a continuación:

```
boxplot(datos$residuos~datos$region, range =0.5)
```

Largo bigote = 0.5 \* Rango intercuartilar. ¿Qué cambios se observan en el gráfico?

Sucede lo opuesto si damos un valor más alto a «range»:

```
boxplot(datos$residuos~datos$region, range = 2)
```

Si queremos que el límite inferior y el superior de los bigotes sean los valores mínimos y máximos en cada región ponemos «range = 0».

```
boxplot(datos$residuos~datos$region, range = 0)
```

```
tapply(datos$residuos,datos$region, sd)
plot(fitted(modelo),resid(modelo))
abline(a=0,b=0, col="violet", lw=3)
```

Otro gráfico interesante (sin acentos en las secuencias):

```
medias=with(datos,tapply(ocupacion,region,mean))
medias
desvios=with(datos,tapply(ocupacion,region,sd))
desvios
```

Estamos graficando el desvío estándar y no el error estándar. ¿Cuál es la diferencia entre ambos?

```
fig=barplot(medias,ylim=c(0,80),ylab="personas ocupadas (%
población mayor a 15)")
arrows(fig,medias+desvios,fig,medias-desvios,angle=90,code=3)
```

¿Por qué ambas secuencias dan los mismos valores?

```
with(datos,tapply(ocupacion,region,sd))
tapply(datos$residuos,datos$region,sd)
```

### 13. 3. Modelo de varianzas heterogéneas según región

«Var[i] = (DesvíoEstándar \* Beta[i])^2»

«DesvíoEstándar»: de una región que se toma como base.

En el «summary» se presenta como «Residual standard error».

«Beta[i]»: hay tantos Betas como grupos menos 1.

Es el desvío estándar del grupo de interés dividido el desvío estándar del grupo que se toma como base.

```
modident = gls(ocupacion~region, weights=varIdent(form=~
1|region),data=datos)
```

Escriba la función de verosimilitud para este modelo y el anterior. Explique las diferencias.

```
summary(modident)
```

```
Generalized least squares fit by REML
Model: ocupacion ~ region
Data: datos
      AIC      BIC    logLik
384.4923 403.8105 -182.2461
```

Variance function:

Structure: Different standard deviations per stratum

Formula: ~1 | region

Parameter estimates:

	Asia	Europa	Africa	LatinoAmerica	NorAmerica
	1.0000000	0.8911821	1.5186985	0.7260788	0.2920424

Coefficients:

	Value	Std.Error	t-value	p-value
(Intercept)	64.76316	2.615139	24.764706	0.0000
regionAsia	-0.49316	3.531676	-0.139638	0.8895
regionEuropa	-12.67030	3.167798	-3.999719	0.0002
regionLatinoAmerica	-5.71770	3.088531	-1.851269	0.0699
regionNorAmerica	0.28684	3.039975	0.094357	0.9252

Correlation:

	(Intr)	regnAs	rgnErp	rgnLtA
regionAsia	-0.740			
regionEuropa	-0.826	0.611		
regionLatinoAmerica	-0.847	0.627	0.699	
regionNorAmerica	-0.860	0.637	0.710	0.728

Standardized residuals:

Min	Q1	Med	Q3	Max
-1.96183039	-0.59588840	-0.07217778	0.67091902	2.08346365

Residual standard error: 7.505854

Degrees of freedom: 56 total; 51 residual

Interprete el «summary» en conjunto con el gráfico realizado arriba («bar-plot»). Según este modelo, ¿cuál es la varianza en la ocupación entre países en América Latina?

Comparamos con el modelo que supone homogeneidad de varianzas:

**anova(modelo,modident)**

Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
modelo	1	6	386.6105	398.2015	-187.3053		
modident	2	10	384.4923	403.8105	-182.2461	1 vs 2	10.11826 0.0385

El modelo con homogeneidad de varianzas está anidado dentro del «modident». ¿Por qué?

Verificamos que se solucionó el problema de heterogeneidad de varianzas.

```

datos$res_id=resid(modident,type="pearson")

plot(datos$region,datos$res_id)

tapply(datos$res_id,datos$region,SD)

plot(fitted(modident),datos$res_id)
abline(a=0, b=0, col="violet", lw=3)

```

Comparamos la normalidad para los residuos entre los modelos con y sin heterogeneidad de varianzas:

```

layout(matrix(1:2,1,2))
qqnorm(datos$residuos, main="SinModVar")
qqline(datos$residuos)
qqnorm(datos$res_id, main="ConModVar")
qqline(datos$res_id)

```

### 13.4. Prueba del cociente de verosimilitudes

Volvamos al ANOVA:

```
anova(modelo,modident)
```

Plantear la «H<sub>0</sub>» y «la H<sub>alt</sub>».

«L.Ratio»:

```
L.Ratio = -2 * (-187.3053 - (-182.2461))
```

```
L.Ratio
```

En este caso los grados de libertad son 4, que es la diferencia en el número de parámetros. ¿Cuáles son los parámetros que difieren entre ambos modelos? Podemos entonces calcular la probabilidad de encontrar un valor de «L.Ratio» de 10.12 o mayor si la hipótesis nula que indica que no hay diferencias entre la verosimilitud de los modelos sin y con heterogeneidad de varianzas fuese cierta.

```
1 - pchisq(L.Ratio,4)
```

Vemos que da lo mismo que el valor obtenido a partir de la función «anova(modelo,modident)».

El «LRT» solo sirve para comparar modelos anidados.

Ver:

?pchisq

En el capítulo 8 analizaremos esta distribución con más detalle.

«AIC»

Modelo sin heterogeneidad de varianzas:

-2 \* -187.3053 + 2 \* 6

Son 6 parámetros porque hay 5 regiones más una varianza. Recordemos que en la función de verosimilitud utilizando la distribución normal empleamos tanto la media como la varianza.

Modelo con heterogeneidad de varianzas:

-2 \* -182.2461 + 2 \* 10

Son 10 parámetros porque estimamos una media y una varianza para cada una de las 5 regiones

«BIC»

Modelo sin heterogeneidad de varianzas:

-2 \* -187.3053 + 6 \* log(51)

«log(51)» porque con el método REML se usa «n - p (parámetros del componente fijo) = 51», es decir, los grados de libertad residuales.

Recordemos que en R «log» es «ln», a menos que se especifique lo contrario, por ejemplo «“log10”».

Modelo con heterogeneidad de varianzas:

-2 \* -182.2461 + 10 \* log(51)

Como es de esperar el «BIC» favorece modelos más simples (con menos parámetros) que el «AIC».

Es interesante saber el tipo de funciones disponibles para modelar la varianza:

?varClasses

Recuerden lo que dice al final respecto de que pueden incorporar cualquier función que deseen simplemente con un poco más de notación.

## Trabajo práctico N° 14. Varianzas en función de variable independiente cuantitativa

### 14. 1. Problema y datos

```
datos=read.table("datos_p_9.txt")
colnames(datos)=c("pais","vida","pbi")
```

Volvemos sobre un ejemplo introducido en el capítulo 4. Recordemos que estudiamos cómo varía la esperanza de vida (años) en función del PBI *per cápita* (dólares por habitante por año).<sup>2</sup>  
¿Cuál es la unidad experimental?

### 14. 2. Modelo con varianzas homogéneas usando «lm»

Continuamos con el mejor de los modelos encontrados en el trabajo práctico n° 9

```
modelo3=lm(vida~log10(pbi),data=datos)
summary(modelo3)
```

Observados versus variable independiente:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
```

Agregamos la línea que une los valores predichos:

```
curve(modelo3$coefficients[1]+modelo3$coefficients[2]^*log10(x),
add=T,col="green",lw=2)
```

Residuos versus predichos:

```
residuos3=resid(modelo3)
predichos3=fitted(modelo3)
plot(predichos3,residuos3)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=2)
```

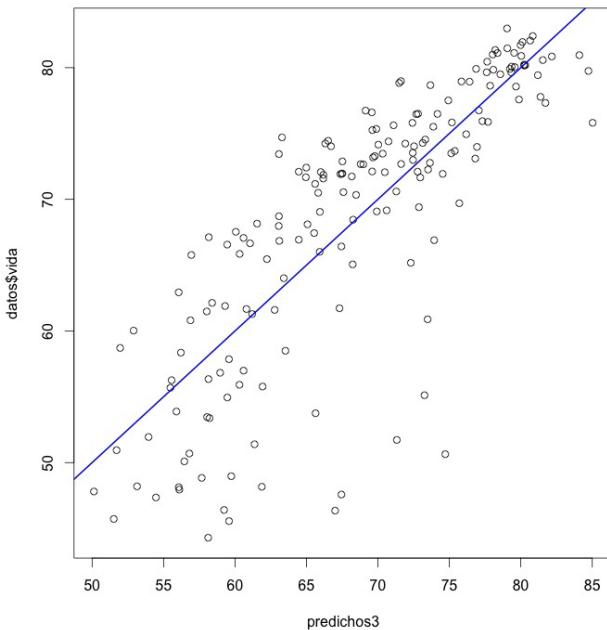
Observados versus predichos:

```
plot(predichos3,datos$vida)
abline(a=0,b=1,col="blue",lw=2)
```

---

<sup>2</sup> Los datos fueron obtenidos de [www.gapminder.org](http://www.gapminder.org)

**Figura 14.1.** Esperanza de vida en años en función de los valores predichos para la esperanza de vida en años según el modelo estimado



**Nota:** Este gráfico compara los valores observados con los predichos. Si el modelo es adecuado, los puntos deberían alinearse de manera homogénea sobre una recta con ordenada al origen igual a cero y pendiente igual a 1.

Aparentemente los gráficos indican que:

- A mayor PBI, mayor media para la esperanza de vida.
- A mayor PBI, menor varianza para la esperanza de vida.

Es interesante entonces modelar ambas, la media y la varianza.

Sin embargo, también se ve asimetría en los siguientes gráficos y análisis, aspecto que no podría solucionarse modelando solamente varianzas distintas para distribuciones simétricas, en este caso, distribuciones normales.

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos3, col="yellow")
boxplot(residuos3, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar) «1.5 \*» rango intercuartil es el bisonte superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos3, col="yellow")

normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modelo3)$sigma, n=length(sum-
mary(modelo3)$residuals))
hist(normal, col="green")

boxplot(residuos3, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

par(mfrow=c(1,1))
qqnorm(residuos3)
qqline(residuos3)
```

También se puede hacer para los residuos estandarizados:

```
plot(modelo3, which = c(2))

library(moments)
skewness(residuos3) debería dar cero.
kurtosis(residuos3) debería dar tres.
```

Probemos con la normal:

```
skewness(normal)
kurtosis(normal)
```

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos3,"pnorm",mean(residuos3),sd(residuos3))
```

Alternativamente, conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

```
library(nortest)
lillie.test(residuos3)
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

```
shapiro.test(residuos3)
```

### 14.3. Modelo con varianzas homogéneas utilizando «gls»

Como lo hemos hecho anteriormente, recurrimos a los «gls», primero ajustando un modelo igual al modelo 3 definido en la sección anterior (14.2.), es decir un modelo que supone varianzas homogéneas:

```
library(nlme)
modgls= gls(vida~log10(pbi),data=datos)
```

¿Que hace la función «gls»? Ver:

```
?gls
```

«gls» significa *generalized least squares*, estimados mediante máxima verosimilitud restringida (REML). Este método de estimación utiliza el algoritmo de Newton-Raphson, y permite estimar modelos lineales generales flexibilizando la matriz de varianzas y covarianzas. Esto posibilita estimar tanto modelos de heterogeneidad de varianzas como modelos de autocorrelación temporal y espacial entre los residuos (estos últimos no los abarcaremos en este libro).

La función «lm» estima modelos lineales generales los cuales suponen homogeneidad de varianzas y residuos independientes (correlación = 0).

Corroboramos que da lo mismo que el modelo 3:

```
summary(modgls)
summary(modelo3)
anova(modgls,modelo3)
```

Aprovechamos para practicar la fórmula de «AIC» y «BIC».

«AIC»:

```
-2*summary(modgls)$logLik + 2 * 3
```

En R «log» es el logaritmo natural.

El modelo consta de tres parámetros:

- Ordenada al origen.
- Pendiente.
- varianza.

«BIC»:

```
-2*summary(modgls)$logLik + log(length(datos[,1])-2)*3
```

#### 14.4. Modelo de varianza fijada

Incorporamos un modelo que supone que la varianza varía proporcionalmente con el PBI:

$$\text{«Var}[i] = \text{Var} * \text{pbi}[i]».$$

Un aspecto interesante de este modelo es que no incorpora nuevos parámetros. pbi debería ser positivo ya que las varianzas son siempre positivas. Asume una relación lineal positiva entre «Var[i]» y «pbi[i]» con ordenada al origen igual a cero y pendiente igual a «Var».

Escriba el modelo estadístico completo para:

- El caso con varianzas homogéneas presentado arriba.
- El caso con varianzas heterogéneas (fijadas) que se presenta a continuación.

Explique las diferencias entre los modelos.

```
modvarfija= gls(vida~log10(pbi), weights=varFixed(~pbi), data=datos)
```

```
summary(modvarfija)
```

Generalized least squares fit by REML

Model: vida ~ log10(pbi)

Data: datos

AIC	BIC	logLik
1288.99	1298.485	-641.4951

Variance function:

Structure: fixed weights

Formula: ~pbi

Coefficients:

	Value	Std.Error	t-value	p-value
(Intercept)	5.786515	3.477200	1.664131	0.0979
log10(pbi)	16.740421	1.088318	15.381917	0.0000

Correlation:

	(Intr)
log10(pbi)	-0.991

Standardized residuals:

Min	Q1	Med	Q3	Max
-3.18576450	-0.25024408	0.01341118	0.42033523	3.15053491

```
Residual standard error: 0.118227  
Degrees of freedom: 177 total; 175 residual
```

Aparece un nuevo término en el modelo que hace referencia al modelo de varianza ajustado.

El «summary» presenta los residuos estandarizados. En este caso cada residuo (valor observado - esperado) se divide por el desvío estándar que le corresponde según su pbi.

¿Cuál es la varianza en la esperanza de vida para países con PBI = 5000?  
**modvarfija\$sigma^2\*5000**

¿Cuáles son las unidades? Interprételas.

¿Cuál es la varianza en la esperanza de vida para países con PBI = 14 000?  
**anova(modgls, modvarfija)**

Model	df	AIC	BIC	logLik
modgls	1 3	1144.698	1154.192	-569.3490
modvarfija	2 3	1288.990	1298.485	-641.4951

Comparamos este modelo con el anterior que consideraba la misma varianza para todas las observaciones y vemos que el ajuste empeora sensiblemente.

Esto es lógico ya que en los gráficos anteriores observábamos menor variabilidad a mayor PBI. Ello es lo opuesto a lo que pusimos en el modelo, en el que indicamos que la variabilidad es mayor a mayor PBI.

Entonces, para jugar un poco podemos hacer lo siguiente:

```
pbi2=1/datos$pbi  
modvarfija2=gls(vida~log10(pbi), weights=varFixed(~pbi2), data=datos)  
anova(modgls, modvarfija, modvarfija2)
```

Model	df	AIC	BIC	logLik
modgls	1 3	1144.698	1154.192	-569.3490
modvarfija	2 3	1288.990	1298.485	-641.4951
modvarfija2	3 3	1177.261	1186.755	-585.6303

¿Qué pasó?

## 14.5. Modelo de varianza como potencia de la variable independiente

«Var[i] = var \* |pbi[i]| ^ (2^\*Gamma)».

- a. Si «Gamma = 0» estamos ante un caso de homogeneidad de varianzas.

Por eso se dice que el «modgls» está anidado dentro del «modvarpotencia» y se pueden comparar ambos modelos con el test de cociente de verosimilitudes.

Si «Gamma = 0,5» como está multiplicado por 2 se obtiene la misma relación que con el modelo de varianza fijada presentando anteriormente. Sin embargo, el modelo de varianza fijada no está anidado dentro del «modvarpotencia» porque el parámetro Gamma sigue siendo parte del modelo «(Gamma = 0,5)».

- b. Es un modelo muy flexible ya que representa un polinomio.
- c. No debería ser utilizado si «pbi = 0», por ejemplo, dado que las varianzas son siempre positivas.

```
modvarpotencia=gls(vida~log10(pbi), weights=varPower(form=~pbi),
data=datos)
anova(modgls, modvarpotencia)
```

Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
modgls	1	3	1144.698	1154.192	-569.3490		
modvarpotencia	2	4	1137.682	1150.341	-564.8412	1 vs 2	9.015644 0.0027

Vemos, en cambio, que este modelo con «varpotencia» tiene mejor ajuste que aquel que considera varianzas homogéneas.

Como «modgls» está anidado dentro del «modvarpotencia», ahora el comando ANOVA nos da un contraste de hipótesis a partir del uso del estadístico que surge del cociente de verosimilitudes entre ambos modelos («Lratio»).

Plantear las hipótesis que se están contrastando.

Obtenemos el cociente de verosimilitudes:

```
CocVer=-2*(summary(modgls)$logLik
           -summary(modvarpotencia)$logLik)
CocVer
```

Vemos que da lo mismo que en:

```
anova(modgls, modvarpotencia)
```

Podemos pedir el «L.Ratio» como:

```
anova(modgls, modvarpotencia)$L.Ratio
```

Luego, el valor de «p» utilizando la distribución de «Chi^2» como:

```
pchisq(CocVer, df=1, lower.tail=FALSE)
```

Compare con:

```
anova(modgls, modvarpotencia)$"p-value"
```

En el capítulo 8 veremos con más detalle de qué se trata la distribución «Chi^2».

Esta comparación también nos sirve como un análisis inferencial para evaluar el supuesto de homogeneidad de varianzas. En este caso concluimos que hay heterogeneidad de varianzas y que es necesario modelarlas.

```
summary(modvarpotencia)
```

Vemos que la potencia es negativa («Gamma estimado = -0.157»), es decir que a mayor PBI, menor varianza. Similar a lo que observamos en el gráfico.

## 14. 6. Residuos de Pearson

« $e[i] = (y[i] - E(y[i])) / \sqrt{Var(y[i])}$ ».

La «e» significa valor esperado. ¿Qué es el valor esperado?

```
residuos_p=resid(modvarpotencia, type="pearson")
```

Le pedimos los residuos estandarizados según Pearson que tienen en cuenta la varianza correspondiente para cada residual.

Los siguientes son los residuos sin estandarizar con los que veníamos trabajando previamente.

Eran útiles porque suponíamos homogeneidad de varianzas. En cambio ahora estamos modelando la heterogeneidad de varianzas:

```
residuos_c=resid(modvarpotencia, type="response")
```

Los comparamos:

```
View(data.frame(residuos_p,residuos_c))
```

Veamos cómo pasamos de los residuos ordinarios a los residuos estandarizados según el modelo propuesto.

Primero necesitamos el «Gamma», lamentablemente lo guardaron como atributo dentro del objeto del modelo y entonces el código para obtenerlo es algo largo, ver:

```
Gamma = attr(modvarpotencia$apVar, which="Pars")[1]
Gamma
```

Vemos que es el mismo valor que nos daba el «summary(modvarpotencia)». En el caso de que resulte muy complejo entender el código anterior, simplemente copie y pegue el valor del «Gamma» del «summary». Seguimos ahora obteniendo el desvío estándar correspondiente a cada unidad experimental según su valor de PBI con nuestro modelo:

```
DS = sqrt( (modvarpotencia$sigma^2)^*(datos$pbi^(2*Gamma)))
DS
```

Ahora, dividimos los residuos comunes por su desvío estándar:

```
res_pearson=residuos_c/DS
```

Comparamos los residuos de Pearson que obtuvimos paso a paso con aquellos que obtuvimos con la función «resid».

```
plot(residuos_p,res_pearson)
abline(a=0, b=1, col="red", lw=3)
```

¡Genial!

Vemos algunos supuestos:

```
predichos=fitted(modvarpotencia)
plot(predichos,residuos_p)
abline(a=0,b=0, col="violet", lw=2)
```

¿Por qué la distribución parece asimétrica?

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos_p, col="yellow")
boxplot(residuos_p, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar), «1.5 \*» rango intercuartil es el bigote superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos_p, col="yellow")
```

```
normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modvarpotencia)$sigma,
n=length(residuos_p))
hist(normal, col="green")
```

```

boxplot(residuos_p, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos estandarizados")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

par(mfrow=c(1,1))
qqnorm(residuos_p)
qqline(residuos_p)

library(moments)
skewness(residuos_p) debería dar cero.

```

Asimetría negativa:

`kurtoisis(residuos_p)` debería dar tres.

Probemos con la normal

```

skewness(normal)
kurtoisis(normal)

```

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos_p,"pnorm",mean(residuos3),sd(residuos3))
```

Alternativamente, conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

```

library(nortest)
lillie.test(residuos_p)

```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

```
shapiro.test(residuos_p)
```

¿El modelo es adecuado?

#### 14.7. Modelo constante más potencia de la variable independiente

«Var[i] = var \* (Gamma1 + |pbi[i]| ^ Gamma2 )^2»

```

modvarconst=gls(vida~log10(pbi),weights=varConstPower(form=~pbi),
data=datos)
anova(modgls,modvarpotencia,modvarconst)

```

Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
modgls	1 3	1144.698	1154.192	-569.3490			
modvarpotencia	2 4	1137.682	1150.341	-564.8412	1 vs 2	9.015644	0.0027
modvarconst	3 5	1139.682	1155.506	-564.8412	2 vs 3	0.000000	0.9997

Hasta ahora, el mejor modelo es el que tiene en cuenta la potencia del PBI para modelar la varianza («modvarpotencia»).

Sin embargo, aún no encontramos un modelo adecuado, dado que no se cumplen los supuestos de este análisis.

Este ejemplo sirve para comprender qué significa el supuesto de homogeneidad de varianzas y cómo puede modelarse la heterogeneidad de varianzas en caso de que este supuesto no se cumpla. Recordemos que, además, en caso de existir heterogeneidad de varianzas este es un aspecto en sí mismo interesante, tanto como modelar las tendencias promedio. Este ejemplo también sirve para recordar el concepto de asimetría.

Por ahora estamos modelando variables con distribución normal, la cual es simétrica.

En otros apartados veremos ejemplos con modelos adecuados y heterogeneidad de varianzas que, al combinarse con la experiencia lograda con este ejemplo, lograrán una comprensión abarcativa del tema.

## Trabajo práctico N° 15. Ejemplos de modelos de heterogeneidad de varianza aplicados a la macroeconomía y la producción minera.

### 15. 1. Ejercicio 1

Generalmente, en los modelos de análisis macroeconómico, herencia de John Maynard Keynes, se supone que el consumo del individuo promedio de un país depende positivamente del ingreso del que dispone, pero a una tasa menos que proporcional. Es decir que incrementos de una unidad de ingreso generan aumentos del consumo mayores a 0 pero menores a 1. Un economista se propone evaluar dicho modelo conceptual con datos de 34 países de la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (OCDE). A su vez, reconociendo las diferencias entre economías con distinto nivel de desarrollo, plantea la posibilidad de que dicha propensión marginal a consumir (el incremento en el consumo por unidad de incremento del ingreso) sea diferente entre ellas. Entonces, las variables son:<sup>3</sup>

<sup>3</sup> Los datos pertenecen a la OECD y al año 2006 y están disponibles en [http://stats.oecd.org/Index.aspx?DataSetCode=MON20123\\_2](http://stats.oecd.org/Index.aspx?DataSetCode=MON20123_2)

Consumo: es el consumo per cápita valuado en USD a precios constantes.  
«yd»: es el ingreso per cápita también valuado en USD a precios constantes.  
«desarr»: es el nivel de desarrollo del país.

```
datos = read.table("datos_p_15.txt", header = T, dec = ",")
```

### 15. 1. 1. Consignas a resolver

- a. Indique unidad experimental, muestra y población. ¿De qué tipo son las variables de interés?
- b. Presente una medida de la correlación lineal entre el consumo y el ingreso per cápita. Indique si la siguiente afirmación es verdadera o falsa (justifique): «El coeficiente de correlación de Pearson brinda una medida adecuada de la asociación lineal así como no lineal entre dos variables cuantitativas siempre y cuando ambas se distribuyan de acuerdo a una misma distribución de probabilidad».
- c. Plantee (y además estime) un modelo estadístico relevante de acuerdo a los objetivos del economista. Verifique los supuestos del modelo.
- d. Escriba la recta estimada para los países de desarrollo bajo. ¿Qué interpretación tiene el intercepto en términos del problema? ¿Y el coeficiente de regresión parcial? Indique las unidades de ambos coeficientes.
- e. El economista sospecha que podría mejorar la bondad de ajuste de su modelo si considerara varianzas diferentes entre economías de dispar desarrollo. Indague mediante un gráfico si las sospechas del economista son fundadas. Estime un modelo que contemple una varianza distinta para cada nivel de la variable categórica.
- f. ¿Cuál de los dos modelos es preferible? Plantee las hipótesis adecuadas y concluya. ¿Qué nivel de desarrollo posee mayor varianza? ¿Cuáles son las ventajas (o desventajas) del modelo elegido sobre el coeficiente de correlación de Pearson planteado en el punto 2?

### 15. 2. Ejercicio 2

Una empresa carbonífera en West Virginia analizó la producción promedio de tres minas. Cuatro grupos de empleados trabajaron en cada mina y se registró en toneladas la producción de carbón resultante por día. Se utilizó un modelo con dos factores que consideró a cada “grupo” como un

bloque. Como nuevo supervisor administrativo, usted debe determinar si existen diferencias en la productividad promedio de las minas.<sup>4</sup>

```
carbon=c(42.7,47.1,32.1,29.2,  
       54.1,59.2,53.1,41.1,  
       56.9,59.2,58.7,49.2)  
  
mina=c(1,1,1,1,2,2,2,3,3,3)  
mina=as.factor(mina)  
  
grupo=c(1,2,3,4,1,2,3,4,1,2,3,4)  
grupo=as.factor(grupo)  
  
datos=data.frame(carbon,grupo,mina)
```

### 15. 2. 1. Modelo con varianzas homogéneas entre minas

Escriba el modelo y estime sus parámetros:

```
modelo=with(datos, lm(carbon ~ mina + grupo))  
modelo  
summary(modelo)
```

Evalúe las hipótesis de interés:

```
anova(modelo)
```

```
«install.packages("agricolae")»  
library(agricolae)  
  
HSD.test(modelo,"mina",console=TRUE)
```

El análisis continúa con la evaluación de los supuestos.

Miremos entonces la heterogeneidad de varianzas primero:

```
datos$residuos=resid(modelo)  
plot(datos$mina,datos$residuos)  
tapply(datos$residuos,datos$mina, sd)
```

Otro gráfico interesante (sin acentos en las secuencias):

```
medias=with(datos,tapply(carbon,mina,mean))  
medias
```

---

<sup>4</sup> Los datos a continuación fueron tomados del ejercicio n° 10 de Webster (p. 297).

```
desvios=with(datos,tapply(residuos,mina,sd))  
desvios
```

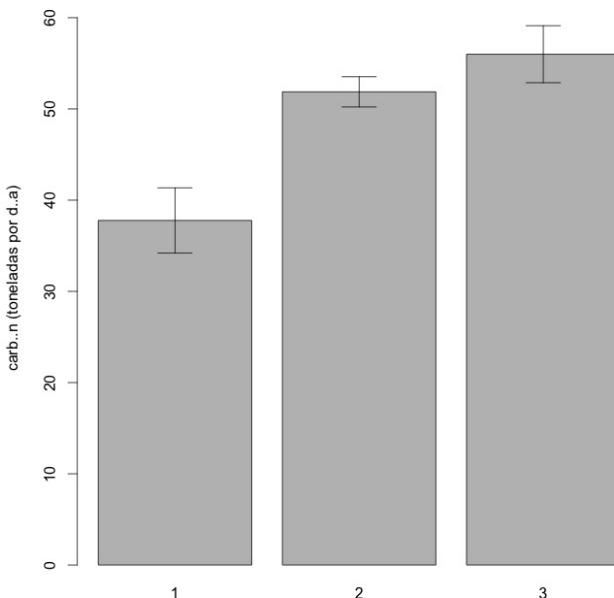
Ojo que estamos graficando el desvío estándar y no el error estándar.

```
fig= barplot(medias,ylim=c(0,63),ylab= "carbón (toneladas por día)")  
arrows(fig,medias+desvios,fig,medias-desvios,angle=90,code=3)
```

Agregamos al gráfico los resultados del test de Tukey:

```
text(0.7,44,"a")  
text(1.9,57,"b")  
text(3.1,62,"b")
```

**Figura 15.1.** Media de producción de carbón en toneladas por día según las minas 1, 2 y 3 con el correspondiente desvío estándar



Aparentemente la mina 2 tiene menor varianza.  
Vamos a evaluarlo utilizando un test inferencial.

## 15. 2. 2. Modelo varianzas distintas para cada mina

```
library(nlme)
modgl=glm(carbon ~ mina + grupo, data=datos)
```

Ahora proponemos que las distintas minas tienen también distintas varianzas.

```
modident=glm(carbon~mina + grupo, varIdent(form=~1 |
mina),data=datos)
```

```
summary(modident)
```

Generalized least squares fit by REML

Model: carbon ~ mina + grupo

Data: datos

AIC	BIC	logLik
54.48482	52.61066	-18.24241

Variance function:

Structure: Different standard deviations per stratum

Formula: ~1 | mina

Parameter estimates:

1	2	3
1.000000e+00	4.667644e-05	7.592935e-01

Coefficients:

	Value	Std.Error	t-value	p-value
(Intercept)	40.000	2.3047006	17.36	0e+00
mina2	14.100	2.3047006	6.12	9e-04
mina3	18.225	2.8937776	6.30	7e-04
grupo2	5.100	0.0003043	16761.50	0e+00
grupo3	-1.000	0.0003043	-3286.57	0e+00
grupo4	-13.000	0.0003043	-42725.40	0e+00

Correlation:

	(Intr)	mina2	mina3	grupo2	grupo3
mina2	-1.000				
mina3	-0.796	0.796			
grupo2	0.000	0.000	0.000		
grupo3	0.000	0.000	0.000	0.500	
grupo4	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500

```
Standardized residuals:  
Min Q1 Med Q3 Max  
-1.496941e+00 -7.186400e-02 2.244322e-09 4.447432e-01 8.623680e-01
```

```
Residual standard error: 4.609401  
Degrees of freedom: 12 total; 6 residual
```

### **anova(modgls,modident)**

Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
modgls	1	7	52.31623	50.85854	-19.15811		
modident	2	9	54.48482	52.61066	-18.24241	1 vs 2	1.831402 0.4002

Cuando evaluamos si los residuos cuentan con distribución normal lo hacemos a partir de métodos gráficos y métodos inferenciales.

En los primeros scripts del curso evaluamos el supuesto de homogeneidad de varianzas solo a partir de métodos gráficos. La secuencia aquí descripta es una manera adecuada de evaluar este supuesto utilizando métodos inferenciales.

Es interesante saber el tipo de funciones disponibles para modelar la varianza:

### **?varClasses**

Recuerden lo que dice al final respecto de que pueden incorporar cualquier función que ustedes deseen simplemente con un poco más de notación.

## **Lista de referencias bibliográficas**

- Pinheiro J. C. y Bates D. M. (2000). *Mixed-effects models in S and S-plus*, capítulo 5. Nueva York, EUA: Springer.
- Wasserstein, R. (Ed.) (2016). Declaración de la Asociación de Estadística Americana sobre la significancia estadística y los valores-P [Traducción de Laco Mazzone, F; Grampa, M; Goldenberg M.; Aristimuño F; Oddi, F. y Garibaldi, L. A.], The American Statistician, 70.

## Capítulo 7

# Modelos no lineales generales

## Introducción

En este capítulo esperamos que el lector pueda plantear modelos no lineales y comprender la diferencia con los modelos lineales. Con estos modelos realizaremos estimaciones, inferencias y predicciones. Evaluaremos los supuestos y la bondad de ajuste mediante análisis de los residuos. Discutiremos algunos modelos comúnmente empleados en ciencias ambientales, económicas y sociales, como los modelos de rendimientos decrecientes, exponenciales y logísticos. Entre los textos que abarcan estos temas, pueden consultarse Fox y Weisberg (2010); Pinheiro y Bates (2000); Ritz, Baty, Streibig y Gerhard (2015); y Ritz y Streibig (2009).

## Trabajo práctico Nº 16. Primeros pasos con el modelo no lineal general

### 16. 1. Problema y datos

```
datos=read.table("datos_p_9.txt")
colnames(datos)=c("pais","vida","pbi")
```

Nos movemos del modelo lineal al modelo no lineal general. Volvemos al ejemplo en el que modelamos la esperanza de vida en función del PBI.<sup>1</sup> Previamente, habíamos detectado que esta relación no era lineal. Países con mayor PBI tenían mayor esperanza de vida a una tasa decreciente.

En una primera etapa usamos modelos lineales en los parámetros para estimar esta relación no lineal y comparamos la bondad de ajuste de distintos modelos.

El modelo cuyo componente determinista fue «`log10(pbi)`» tuvo mejor bondad de ajuste pero no era un modelo adecuado; utilizamos distintos modelos de heterogeneidad de varianzas, aquí residía uno de los problemas que habíamos encontrado.

Ahora vamos a comparar el modelo «`log10(pbi)`» con un modelo no lineal en los parámetros, cuyos parámetros tengan un significado económico

<sup>1</sup> Los datos fueron obtenidos de [www.gapminder.org](http://www.gapminder.org).

importante, es decir, que respondan a un modelo económico interesante. Ya vimos que los modelos polinómicos son lineales en los parámetros y permiten ajustar relaciones no lineales y, que a medida que aumentamos el grado del polinomio, el modelo estadístico ajusta mejor a los datos. Sin embargo suele resultar difícil, y a veces imposible, interpretar estos parámetros en términos económicos y, por lo tanto, el modelo es cuestionable.

## 16. 2. Modelo lineal

```
modelo3=lm(vida~log10(pbi),data=datos)
summary(modelo3)
```

Observados versus variable independiente:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
```

Agregamos la línea que une los valores predichos:

```
curve(modelo3$coefficients[1]+modelo3$coefficients[2]*log10(x),
      add=T,col="green",lw=3)
```

Residuos versus predichos:

```
residuos3=resid(modelo3)
predichos3=fitted(modelo3)
plot(predichos3,residuos3)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=3)
```

Observados versus predichos:

```
plot(predichos3,datos$vida)
abline(a=0,b=1,col="blue",lw=3)
```

## 16. 3. Modelo no lineal

Usamos la función «nls»:

```
?nls
```

Primero ajustamos el modelo lineal que previamente ajustáramos por «lm»:

```
lineal_nls=nls(vida~a + b * log10(pbi),data=datos)
```

Nos avisa que conviene dar valores iniciales pero no es obligatorio.

```
summary(lineal_nls)
```

Formula: vida ~ a + b \* log10(pbi)

```
Parameters:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
a     11.613      3.160   3.675 0.000316 ***
b     15.075      0.827  18.229 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 6.1 on 175 degrees of freedom
```

```
Number of iterations to convergence: 1
Achieved convergence tolerance: 1.327e-08
```

### summary(modelo3)

```
Call:
lm(formula = vida ~ log10(pbi), data = datos)
```

#### Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-24.074	-2.134	1.058	3.738	11.411

#### Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	11.613	3.160	3.675	0.000316 ***
log10(pbi)	15.075	0.827	18.229	< 2e-16 ***
---				

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```
Residual standard error: 6.1 on 175 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.655, Adjusted R-squared:  0.6531
F-statistic: 332.3 on 1 and 175 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Naturalmente, ambas funciones dan los mismos resultados ya que usan el método de mínimos cuadrados para estimar parámetros. La diferencia es que «nls» emplea optimización numérica, mientras que «lm» emplea optimización analítica. Como «nls» emplea optimización numérica aparecen términos asociados a este tipo de estimación en el «summary» como «Number of iterations to convergence» (número de iteraciones a convergencia) y «Achieved convergence tolerance» (tolerancia de convergencia lograda), que no estaban en el «summary» de objetos resultantes de aplicar la función «lm». En el caso de «nls», utiliza el algoritmo de «Gauss-Newton». Podemos utilizar el método de mínimos cuadrados para los modelos no

lineales porque suponemos en nuestros modelos que los residuos son aditivos. Es decir: « $y = f(x) + e$ ».

Un modelo interesante no lineal en los parámetros, conocido como modelo de Michaelis-Menten:

```
mod_nls1=nls(vida ~ (a * pbi) / (b + pbi), data=datos)
summary(mod_nls1)
```

Formula: vida ~ (a \* pbi)/(b + pbi)

Parameters:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
a	76.4236	0.7362	103.81	<2e-16 ***
b	383.4443	31.2166	12.28	<2e-16 ***
	---			

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 6.608 on 175 degrees of freedom

Number of iterations to convergence: 9

Achieved convergence tolerance: 3.37e-06

Probamos dando valores iniciales y obtenemos los mismos resultados (aunque naturalmente si los valores iniciales que indicamos son cercanos a los que minimizan la SCE el algoritmo convergerá en menos iteraciones):

```
mod_nls1b=nls(vida ~ (a * pbi) / (b + pbi), data=datos, start=list(a=76,
b=383))
summary(mod_nls1b)
```

Compare «Number of iterations to convergence» de este modelo con respecto al anterior.

Escriba el modelo estadístico e interprete sus parámetros.

Observados versus variable independiente:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
curve((76.4236 * x) / (383.4443 + x), add=T, col="red", lwd=3)
```

«a»: asíntota de esperanza de vida.

Probemos reemplazar por un valor de PBI muy grande:

$(76.4236 * 85000000) / (383.4443 + 85000000)$

Interprete ese valor y dé sus unidades.

«b»: PBI al que ocurre a / 2

Comprobemos:

$$(76.4236 * 383.4443) / (383.4443 + 383.4443)$$

Es igual a:

$$76.4236 / 2$$

Ambos parámetros de la función de Michaelis-Mentel son interesantes y directamente interpretables en términos económicos.

También podemos darles los nombres que queramos a los parámetros:

```
mod_nls1b=nls(vida ~ (E_max * pbi) / (pbi_mitad + pbi), data=datos,
               start=list(E_max=76, pbi_mitad=383))
summary(mod_nls1b)
```

Intervalos de confianza para «a» y «b»:

```
confint(mod_nls1, level=0.95)
```

Interprete:

¿Cuál es el valor esperado para la esperanza de vida de los países con 6500 de PBI?

```
newdata=data.frame(pbi=6500)
predict(mod_nls1,newdata)
```

Interprete e indique unidades.

#### 16.4. Prueba «F» para comparar modelos no lineales anidados

La función ANOVA solo puede utilizarse para modelos anidados. Por lo que no podemos hacer:

```
anova(mod_nls1,lineal_nls)
```

Ya que ninguno de estos modelos está anidado dentro de otro.

¿Qué significa que dos modelos estén anidados?

En cambio sí podemos hacer:

```
mod_sin_b=nls(vida ~ (a * pbi) / (0 + pbi), data=datos)
anova(mod_nls1,mod_sin_b)
```

El estadístico «F» se obtiene de la siguiente manera:

```
((18876.7-7641.4)/7641.4) / ((176-175)/175)
round(((18876.7-7641.4)/7641.4) / ((176-175)/175), 2)
```

Al eliminar el parámetro «b» aumentamos la variación no explicada en un «147 % = ((18876.7-7641.4)/7641.4)\*100», mientras que solo agregamos un parámetro al modelo, perdiendo así solo un «0,57% = ((176-175)/175)\*100» de grados de libertad residuales.

De este modo el parámetro «b» contribuye de forma importante.

La prueba «F» obtenida de este modo para modelos anidados es interesante porque tiene en cuenta el principio de parsimonia al dividir los cambios en la variabilidad no explicada por los cambios en el número de grados de libertad residuales (inversamente proporcionales al número de parámetros, es decir, complejidad del modelo).

Plantear la «H0» y la «H1»

¿Qué significa el valor «p»?

¿Cuál es el valor esperado de «F» bajo «H0»?

Probemos con otro modelo, se lo llama modelo de Hill.

El modelo de Michaelis-Menten es un caso particular del de Hill.

Cuando «n»=1:

```
mod_nls_hill=nls(vida ~ (a * pbi^n) / (b + pbi^n), data=datos,
                  start=list(a=76, b=383, n=1))
summary(mod_nls_hill)
```

Formula: vida ~ (a \* pbi^n)/(b + pbi^n)

Parameters:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
a	91.76954	7.13031	12.870	< 2e-16 ***
b	9.24841	4.21919	2.192	0.0297 *
n	0.38701	0.09055	4.274	3.15e-05 ***

---

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 6.035 on 174 degrees of freedom

Number of iterations to convergence: 19

Achieved convergence tolerance: 5.739e-08

```
confint(mod_nls_hill)
```

El «n» es bien distinto de 1.

Comparemos con el modelo que no tiene el parámetro «n»:

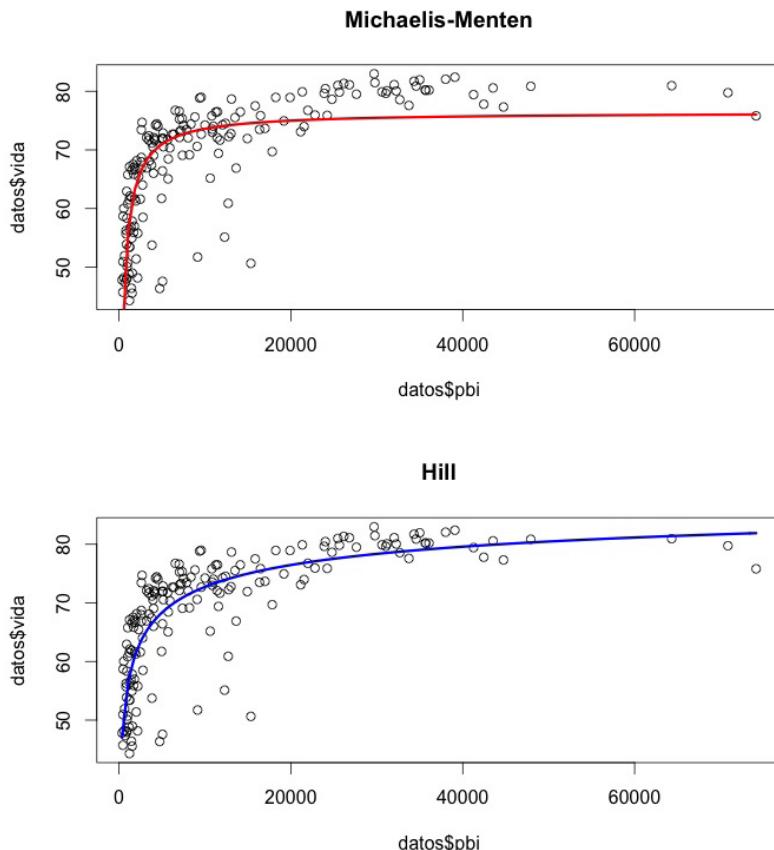
```
anova(mod_nls1,mod_nls_hill)
```

Concluya

Veamos:

```
par(mfrow=c(2,1))
plot(datos$pbi,datos$vida, main="Michaelis-Menten")
curve((76.4236 * x) / (383.4443 + x),
      add=T,col="red",lwd=3)
plot(datos$pbi,datos$vida, main="Hill")
curve((coef(mod_nls_hill)[1] * x^coef(mod_nls_hill)[3]) /
      (coef(mod_nls_hill)[2] + x^coef(mod_nls_hill)[3]),
      add=T,col="blue",lwd=3)
```

**Figura 16. 1.** Esperanza de vida en años en función de PBI per cápita en miles de USD según los modelos de Michaelis-Menten y Hill



¿Qué hace el parámetro «n»?

```
par(mfrow=c(3,1))
curve((coef(mod_nls_hill)[1] * x^coef(mod_nls_hill)[3]) /
      (coef(mod_nls_hill)[2] + x^coef(mod_nls_hill)[3]),
      add=F, col="blue", lwd=3, main ="n = 0.39")
curve((coef(mod_nls_hill)[1] * x^1) /
      (coef(mod_nls_hill)[2] + x^1),
      add=F, col="blue", lwd=3, main = "n = 1")
curve((coef(mod_nls_hill)[1] * x^2) /
      (coef(mod_nls_hill)[2] + x^2),
      add=F, col="blue", lwd=3, main = "n = 2")
```

## 16.5. Bondad de ajuste en modelos no lineales

A diferencia de «lm», el «summary» de un objeto resultante de la función «nls» no provee «r2».

Recordemos que « $r2 = (\text{SCTOT} - \text{SCE}) / \text{SCTOT}$ , siendo  $\text{SCTOT} = \text{Sum}(y[i] - \text{ymedia})^2$ ».

Por ejemplo, si tenemos un modelo lineal como:

« $\text{ymedia} = b_0 + b_1 * xi$ », y suponemos que « $b_1 = 0$ », nos queda: « $\text{ymedia} = b_0$ ». Entonces la sctot refleja la dispersión de los datos respecto de lo esperado bajo un modelo simple que solo contempla « $\text{ymedia} (=B0)$ » y que está anidado dentro del modelo que emplea la SCE. Este último refleja la dispersión de los datos respecto de lo esperado bajo un modelo más complejo, supongamos: « $\text{ymedia dado } xi = b_0 + b_1 * xi$ ».

En cambio, para el modelo de Michaelis-Menten que venimos discutiendo: « $\text{ymedia} = (a * pbi) / (b + pbi)$ ».

Si suponemos que los parámetros «a» y (o) «b» son iguales a cero no llegamos al modelo simple de «ymedia constante» que usa la SCTOT. Por lo tanto, este modelo no se encuentra anidado y no tiene sentido utilizar el «r2» como índice de bondad de ajuste.

Esto no siempre pasa para todos los modelos no lineales y depende de cada modelo particular empleado.

En general, para modelos no lineales, podemos usar como criterio de bondad de ajuste:

- Desvío estándar residual.
- AIC, BIC y otros.
- Gráfico de observados versus predichos (y, eventualmente, un «r2» de esta relación).

## 16. 6. Comparación modelos lineales y no lineales

```
AIC(modelo3,lineal_nls,mod_nls1,mod_nls_hill)
```

	df	AIC
modelo3	3	1146.423
lineal_nls	3	1146.423
mod_nls1	3	1174.741
mod_nls_hill	4	1143.636

```
BIC(modelo3,lineal_nls,mod_nls1,mod_nls_hill)
```

	df	BIC
modelo3	3	1155.951
lineal_nls	3	1155.951
mod_nls1	3	1184.270
mod_nls_hill	4	1156.341

Interprete.

Observados versus predichos:

```
plot(fitted(mod_nls_hill),datos$vida)
abline(a=0, b=1, lw=3, col="red")
cor(fitted(mod_nls_hill),datos$vida)^2
```

Interprete.

Evalúe los supuestos del mejor modelo y concluya.

## 16. 7. Modelo no lineal con heterogeneidad de varianzas

```
install.packages("nlreg")
library(nlreg)
?nlreg
```

En esta instancia, resulta claro que en R podemos ajustar cualquier modelo estadístico. Solo nos limita nuestra imaginación para plantear modelos y tener buenas ideas.

## Trabajo práctico Nº 17.

### Diferentes modelos de crecimiento demográfico

#### 17.1. Problema y datos

Uno de los aspectos más importantes en las ciencias económicas, sociales y ambientales es comprender y predecir el crecimiento poblacional mundial a lo largo del tiempo. Para ello se relevan datos del número de habitantes en el mundo para cada año.<sup>2</sup>

```
datos=read.table("datos_p_17.txt")
colnames(datos)=c("habitantes","anio")
str(datos)
plot(datos$anio,datos$habitantes)
```

¿Son datos en panel? ¿En corte transversal? ¿Serie de tiempo?

#### 17.2. Modelo exponencial de crecimiento demográfico

```
modelo=nls(habitantes~a*exp(b*anio), start=list(a=min(datos$habitantes), b=0.002),
nls.control(maxiter=2000), data=datos, trace=t)
```

Cuando ponemos «trace=t» nos indica la secuencia de iteraciones hasta encontrar los valores estimados de los parámetros que hagan mínima la suma de los residuos elevados al cuadrado (la primera columna que disminuye en su valor a través de las iteraciones).

```
summary(modelo)
```

Formula: habitantes ~ a \* exp(b \* anio)

Parameters:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
a	1.970e-06	4.836e-07	4.075	0.000168 ***
b	1.785e-02	1.238e-04	144.167	< 2e-16 ***

---

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

---

<sup>2</sup> Los datos fueron obtenidos de [www.gapminder.org](http://www.gapminder.org)

```
Residual standard error: 51580000 on 49 degrees of freedom
```

```
Number of iterations to convergence: 1084
```

```
Achieved convergence tolerance: 1.946e-07
```

«a» representa el valor de la población cuando nació Cristo. ¿Qué puede decir acerca de este valor?

«b» representa la tasa de crecimiento de la población.

Interprete e indique sus unidades.

Gráfico interesante:

```
plot(datos$anio,datos$habitantes)
curve(1.970e-06*exp(0.01785*x), add=T, col="red", lwd=2)
```

Interprete.

```
confint(modelo)
```

¿Cuántos habitantes tendrá la Tierra según este modelo en 2050?

```
newdata=data.frame(anio=2050)
predict(modelo,newdata)
```

¡15 mil millones de personas! ¡Hoy tiene algo más de 7 mil millones!

Si consideramos que la tasa de consumo per cápita aumenta más rápido que el crecimiento poblacional, ¿seremos capaces de satisfacer esa demanda en este planeta? Justifique su respuesta.

### 17. 3. Modelo logístico de crecimiento demográfico

Agreguemos ahora a la base anterior los datos de población hasta el 2011 y las proyecciones de las Naciones Unidas hasta el año 2050:

```
datos2=read.table("datos_p_17_2.txt")
colnames(datos2)=c("habitantes","anio")
str(datos2)
plot(datos2$anio,datos2$habitantes)

modelo2=nls(habitantes~Asym/(1+exp((xmid-anio)/scal)),
            start=list(Asym=max(datos2$habitantes),xmid=1990,scal=1),
            nls.control(maxiter=2000), data=datos2, trace=t)

summary(modelo2)
```

```

Formula: habitantes ~ Asym/(1 + exp((xmid - anio)/scal))

Parameters:
  Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
Asym 1.079e+10  4.475e+07  241.1   <2e-16 ***
xmid 1.991e+03 3.230e-01  6164.6   <2e-16 ***
scal 3.280e+01 2.192e-01   149.7   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 43980000 on 98 degrees of freedom

Number of iterations to convergence: 8
Achieved convergence tolerance: 3.564e-06

```

Interprete el valor «t» asociado a «Asym» en términos del problema.

Gráfico interesante:

```

plot(datos2$anio,datos2$habitantes)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/3.280e+01)),add=T,col="blue",lwd=3)

```

«Asym» es el valor máximo de habitantes (asíntota).

«xmid» es el año en el cual se produce el punto de inflexión.  
Es el año en el que se produce la mitad de la población máxima.

Si «Asym» es «1.079e+10», entonces:

**1.079e+10/2**

Es igual a:

**1.079e+10/(1+exp((1991-1991)/3.280e+01))**

«scal» representa el parámetro de escala. Si la escala es mayor que cero el término «exp((xmid-anio)/scal)» se reduce cuando aumenta «x», por lo tanto el resultado de la función se acerca al valor máximo de habitantes («Asym»).

Ver:

**exp((1991-1950:2050)/3.280e+01)**

En cambio:

**exp((1991-1950:2050)/-3.280e+01)**

Para valores positivos, si la escala disminuye, la tasa de crecimiento aumenta. Veamos:

```
plot(datos2$anio,datos2$habitantes)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/2)), add=T, col="red", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/20)), add=T, col="red", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/3.280e+01)), add=T, col="blue", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/40)), add=T, col="orange", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/400)), add=T, col="orange", lwd=3)
```

Sucede lo opuesto para valores negativos:

```
plot(datos2$anio,datos2$habitantes)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/-2)), add=T, col="red", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/-20)), add=T, col="red", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/-3.280e+01)), add=T, col="blue", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/-40)), add=T, col="orange", lwd=3)
curve(1.079e+10/(1+exp((1991-x)/-400)), add=T, col="orange", lwd=3)
```

¿Cuántos habitantes tendrá la Tierra según este modelo en 2050?

```
newdata=data.frame(anio=2050)
predict(modelo2,newdata)
```

```
[1] 9252938747
```

Este nuevo modelo predice que para el 2050 habrá 9 mil millones de habitantes en vez de los 15 mil millones planteados por el modelo exponencial. Aproximadamente 9 mil millones es el número aceptado actualmente para esta predicción. ¿Por qué los dos modelos discutidos dan predicciones distintas? ¿Qué es el dominio de un modelo? ¿Cuál es la importancia de este concepto en esta discusión?

¿Cuál es el tamaño máximo de habitantes que tendrá la Tierra según este modelo? Si uno no sabe cuáles valores iniciales podrían ser lógicos para los parámetros pueden usarse algunas funciones predeterminadas en R. Por ejemplo para el caso que acabamos de discutir:

```
modelo3=nls(habitantes~SSlogis(anio,Asym,xmid,scal),data=datos2)
```

«SS» significa self-starting model (modelo de auto arranque).

```
summary(modelo3)
```

Formula: habitantes ~ SSlogis(anio, Asym, xmid, scal)

Parameters:

```
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
```

```

Asym 1.079e+10  4.475e+07   241.1    <2e-16 ***
xmid 1.991e+03  3.230e-01   6164.6    <2e-16 ***
scal 3.280e+01  2.192e-01   149.7    <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 43980000 on 98 degrees of freedom

Number of iterations to convergence: 0
Achieved convergence tolerance: 6.399e-07

```

Compare con el modelo anterior:

```
summary(modelo2)
```

Otros modelos no lineales de tipo self-starting habitualmente utilizados son:

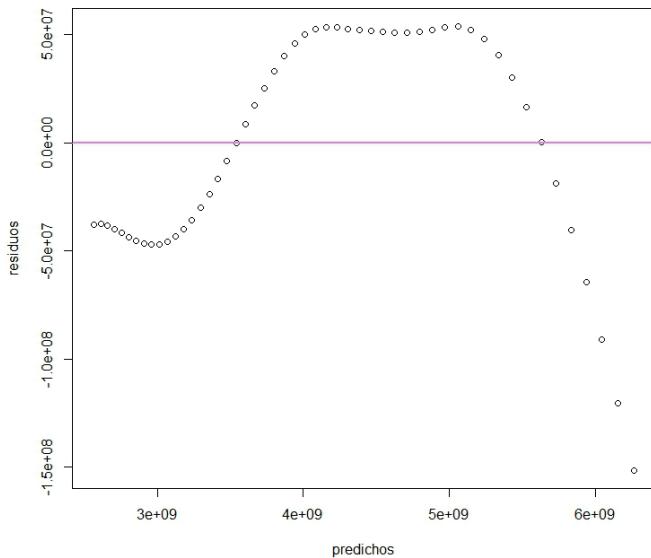
```
?SSasymp
?SSasympOff
?SSasympOrig
?SSbiexp
?SSfol
?SSfpl
?SSgompertz
?SSlogis
?SSmicmen
?SWeibull
```

## 17.4. Supuestos

Evaluemos los supuestos del primer modelo, el exponencial.  
Residuos versus predichos:

```
residuos=resid(modelo)
predichos=fitted(modelo)
plot(predichos,residuos)
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=2)
```

**Figura 17.1.** Residuos en función de predichos para el modelo exponencial.



Interprete.

Residuos versus variable independiente:

```
plot(datos$anio,residuos,xlab="año")
abline(a=0,b=0,col="orange",lw=3)
```

Observados versus predichos:

```
plot(predichos,datos$habitantes)
abline(a=0,b=1,col="blue",lw=2)
```

```
par(mfrow=c(2,1))
hist(residuos,col="yellow")
boxplot(residuos,bty="l",range=1.5,col="yellow",horizontal=T,
xlab="residuos")
```

El punto más cercano (pero sin superar)  $\llcorner 1.5 * \text{rango intercuartil} \llcorner$  es el bisonte superior o inferior.

Comparamos con una distribución normal de igual desvío estándar residual a nuestros datos:

```
par(mfrow=c(2,2))
hist(residuos,col="yellow")
```

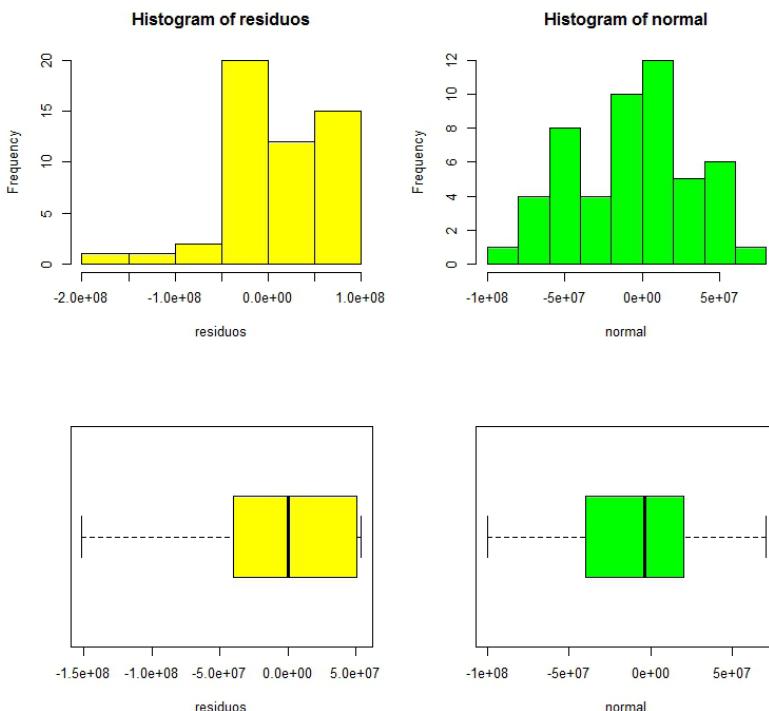
```

normal=rnorm(mean=0, sd=summary(modelo)$sigma, n=length(summary(modelo)$residuals))
hist(normal, col="green")

boxplot(residuos, bty="l", range=1.5, col="yellow", horizontal=T,
xlab="residuos")
boxplot(normal, bty="l", range=1.5, col="green", horizontal=T,
xlab="normal")

```

**Figura 17.2.** Distribución de los residuos para la muestra en estudio y una distribución normal de igual desvío estándar residual que la muestra



```

par(mfrow=c(1,1))
qqnorm(residuos)
qqline(residuos)

library(moments)
skewness(residuos) debería dar cero.
kurtosis(residuos) debería dar tres.

```

Probemos con la normal:

```
skewness(normal)  
kurtosis(normal)
```

Están estimados como el tercer y el cuarto momento estandarizados, respectivamente.

Test de Kolmogorov-Smirnov para evaluar normalidad:

```
ks.test(residuos,"pnorm",mean(residuos),sd(residuos))
```

Alternativamente, conviene usar la modificación de Lillefors a este test:

```
library(nortest)  
lillie.test(residuos)
```

Test de Shapiro-Wilk para evaluar normalidad:

```
shapiro.test(residuos)
```

Esta evaluación de los supuestos muestra claramente falta de independencia, en particular, hay un patrón de autocorrelación temporal en los residuos. Modelos de autocorrelación temporal no son discutidos en este libro. El mismo problema seguramente presentará el modelo de regresión logística. En el ejemplo del trabajo práctico 16, los residuos seguían una distribución asimétrica (es decir, distinta a la normal). En cada tema vemos ejemplos en los cuales se cumplen los supuestos y otros en los que no se cumplen para lograr una comprensión adecuada de los modelos. El próximo ejemplo será un modelo no lineal en el que se cumplen los supuestos.

## 17.5. Fórmulas en «nls»

Como en «lm», la parte izquierda de la fórmula especifica la variable de respuesta, y es seguida por «(~)» como separador que se lee habitualmente como es regresada sobre o es modelada por. La parte derecha de la fórmula para los modelos no lineales es muy diferente de los modelos «lm». En su forma más simple, para los «nls», la parte derecha es una expresión matemática que consta de constantes como el número «1»; predictores, en este caso solamente «año»; parámetros nombrados *a priori* como «theta 1», «theta 2» y «theta 3»; y operadores matemáticos como «exp» para la exponenciación; «/», para la división; y «+», para la suma. Factores, interacciones y en general la notación Wilkinson-Rogers utilizada para modelos lineales, no son utilizados para «nls». Los paréntesis son usados con las reglas de precedencia matemática, pero los corchetes «[]» y «{}» no pueden ser usados. Si los valores de los parámetros y los predictores han sido especificados, entonces la parte

derecha de la fórmula sería evaluada como un número (ver Fox y Weisberg, 2011). No podemos nombrar los parámetros con un nombre legal de «» como por ejemplo «theta 1», «alpha», «t1» o «Asymptote».

Ver:

```
?nls
```

## Trabajo práctico Nº 18. La cinética Michaelis Menten y la función self-start

### 18.1. Problema y datos

```
datos=read.csv("datos_p_18.csv")
```

Se desea estudiar cómo varían las ventas de automóviles en función del ingreso.<sup>3</sup> Para ello se relevaron las siguientes variables:

- Precio: índice del precio real de automóviles nuevos.
- Ingreso: ingreso disponible real (en miles de millones de usd).
- Autos: automóviles en circulación al principio de cada año (millones de unidades).
- Ventas: ventas de automóviles nuevos (millones de unidades).

Planteamos algunos modelos para cumplir con el objetivo del trabajo

```
modelo_lineal=nls(ventas~ a + b *ingreso, data=datos,  
start=list(a=1, b=1))  
summary(modelo_lineal)
```

Formula: ventas ~ a + b \* ingreso

Parameters:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
a	0.899249	0.483118	1.861	0.083823 .
b	0.015373	0.003142	4.892	0.000238 ***

---

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.6328 on 14 degrees of freedom

---

<sup>3</sup> Los datos fueron obtenidos de Suits (1958, p. 279).

```

Number of iterations to convergence: 1
Achieved convergence tolerance: 3.969e-07

with(datos,plot(ingreso,ventas))
curve(0.899249 + 0.015373 * x, add=T, col="red", lwd=2)

modelo_pot=nls(ventas ~ a^ingreso^b, data=datos,
               start=list(a=1, b=1), nls.control(maxiter=2000))
summary(modelo_pot)

Formula: ventas ~ a * ingreso^b

Parameters:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
a 0.10323    0.07602   1.358 0.195995
b 0.68857    0.14467   4.760 0.000305 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Residual standard error: 0.6119 on 14 degrees of freedom

```

Number of iterations to convergence: 8
Achieved convergence tolerance: 3.079e-06

```

```

with(datos,plot(ingreso,ventas))
curve(0.10323*x^0.68857, add=T, col="red", lwd=2)

```

Función de Michaelis Menten:

```

mod_MM=nls(ventas ~ (a * ingreso) / (b + ingreso), data=datos,
            start=list(a=1, b=1), nls.control(maxiter=2000))
summary(mod_MM)

Formula: ventas ~ (a * ingreso) / (b + ingreso)

Parameters:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
a     9.866      4.122   2.394   0.0313 *
b  298.287    191.533   1.557   0.1417
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Residual standard error: 0.5918 on 14 degrees of freedom

```
Number of iterations to convergence: 7  
Achieved convergence tolerance: 2.745e-06
```

Interprete el valor «p» en términos del problema.

```
with(datos,plot(ingreso,ventas))  
curve((9.866*x) / (298.287+x),add=T,col="red",lwd=2)
```

Para Michaelis-Menten podemos usar la función «self starting»:

```
?SSmicmen  
mod_SS_MM=nls(ventas~SSmicmen(ingreso,a,b),data=datos)  
summary(mod_SS_MM)
```

Obtenemos los mismos resultados que en «mod\_MM»:

```
summary(mod_MM)  
AIC(mod_SS_MM,mod_MM)  
BIC(mod_SS_MM,mod_MM)
```

```
mod_poli=nls(ventas ~ a + b*ingreso+c*ingreso^2+d*ingreso^3,  
data=datos,  
start=list(a=1, b=1, c=1,d=1), nls.control(maxiter=2000))  
summary(mod_poli)
```

Formula: ventas ~ a + b \* ingreso + c \* ingreso^2 + d \* ingreso^3

Parameters:

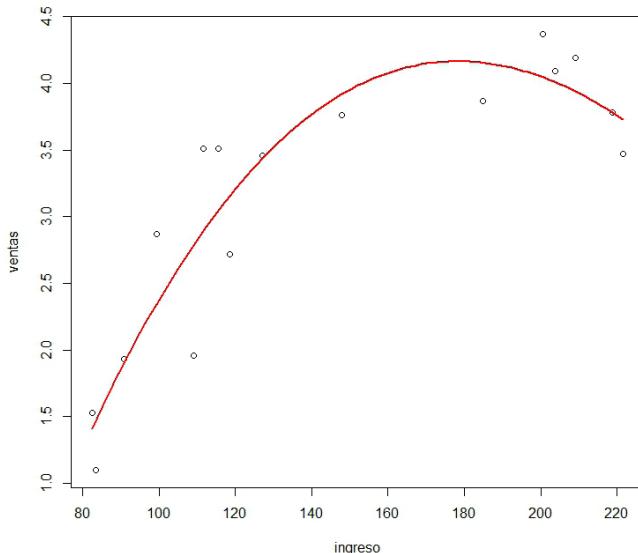
	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
a	-6.713e+00	4.995e+00	-1.344	0.204
b	1.379e-01	1.103e-01	1.251	0.235
c	-5.201e-04	7.765e-04	-0.670	0.516
d	4.985e-07	1.743e-06	0.286	0.780

Residual standard error: 0.4318 on 12 degrees of freedom

```
Number of iterations to convergence: 2  
Achieved convergence tolerance: 7.873e-08
```

```
with(datos,plot(ingreso,ventas))  
curve(-6.713e+00+ 1.379e-01*x+-5.201e-04*x^2+4.985e-07*x^3,add=T,  
col="red",lwd=2)
```

**Figura 18.1.** Ventas (en millones de unidades) en función de ingreso disponible real (en miles de millones de dólares). Curva del modelo de polinomio de grado 3.



**AIC(modelo\_lineal,modelo\_pot,mod\_MM,mod\_poly)**

	df	AIC
modelo_lineal	3	34.62445
modelo_pot	3	33.55006
mod_MM	3	32.48294
mod_poly	5	23.93124

**BIC(modelo\_lineal,modelo\_pot,mod\_MM,mod\_poly)**

	df	BIC
modelo_lineal	3	36.94222
modelo_pot	3	35.86782
mod_MM	3	34.80070
mod_poly	5	27.79418

No pueden compararse mediante un test de verosimilitud ya que no son modelos anidados.

¿Por qué el «mod\_poly» tiene menor aic pero ninguno de sus parámetros es significativamente distinto de cero? Relacione dicho aspecto con el

concepto de multi-colinealidad. Estime un polinomio de segundo grado y compare su bondad de ajuste con el «mod\_poli». Concluya.

Evalué los supuestos del modelo con mejor bondad de ajuste.

¿Cuál es la diferencia entre presentar un intervalo de confianza y presentar el intervalo que va desde la media menos un error estándar hasta la media más un error estándar?

## 18.2. Paquetes para modelos no lineales

Si el algoritmo de «Gauss-Newton» de «nls» no converge puede usarse:

- a. El paquete «nlmrt», que utiliza otro algoritmo:

```
install.packages("nlmrt")
library(nlmrt)
```

- b. Otra opción:

Aquellos que trabajan mucho con regresiones no lineales van a amar la función «nls» de R. En la mayoría de los casos funciona muy bien, pero hay algunos inconvenientes que pueden ocurrir cuando se utilizan valores iniciales malos para los parámetros. Uno de los más temidos es el «singular gradient matrix at initial parameter estimates» (matriz de gradiente singular en las estimaciones de parámetros iniciales) que frena la función porque el chequeo del gradiente en «stats:::nlsModel» se terminará si la descomposición «Q» no tiene la columna completa.

Casi todos los programas existentes para ajustes no lineales utilizan el algoritmo «Levenberg-Marquardt» para la regresión no lineal. Esto es así porque cambiar entre Gauss-Newton» y disminución del gradiente es muy robusto en comparación con valores de inicio lejanos de los óptimos. Lamentablemente, la función estándar de «nls» no tiene «LM» implementado, y, en cambio, utiliza el tipo «auss-Newton», las rutinas port y un filtro lineal secuencial. El fabuloso paquete «minipack.lm» de Katherine M. Mullen ofrece un interfaz de «» para una implementación de tipo «Fortran lm» del paquete «mnipack». La función «nls.lm» debe ser ofrecida con una función objetivo que devuelve un vector con los residuos a ser minimizados. Por otro lado, la función «nlsLM» que tiene el interfaz de la función «nls», pero responde con «LM» en vez de «Guss-Newton». Esto tiene algunas ventajas. La función devuelve el resultado usual de clase «nls», y dadas algunas modificaciones, todos los genéricos estándares

funcionan. Las modificaciones fueron hechas de manera que la fórmula es transformada en una función que devuelve un vector de residuos ponderados cuya suma cuadrada es minimizada por «nls.lm». Los parámetros optimizados son luego transferidos a «stats:::nlsModel» para obtener un objeto de clase «nlsModel».

c. Otra opción:

«nls2» es un paquete de R que agrega el «brute-force» y algoritmos relacionados, como también múltiples valores de inicio a las funciones «nls» de R.

«nls2» es un software libre con licencia general pública (glp, general public licence) y disponible desde cran (comprehensive R archive network).

Ofrece una función, «nls2», que es un superset de la función «nls» de R a la cual responde.

```
install.packages("nls2")
library(nls2)
?nls2
```

## **Lista de referencias bibliográficas**

- Fox J. y Weisberg S. (2011). Nonlinear Regression and Nonlinear Least Squares in R. An Appendix to An R Companion to Applied Regression. En J. Fox y S. Weisberg, *An R Companion to Applied Regression*. Thousand Oaks: Sage.
- Pinheiro J. C. y Bates D. M. (2000). *Mixed-effects models in S and S-plus*, capítulos 6, 7 y 8. Nueva York: Springer.
- Ritz C., Baty F., Streibig J. C. y Gerhard D. (2015). *Dose-response analysis using R*. Recuperado de <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0146021>
- Ritz C. y Streibig J. C. (2009). *Nonlinear Regression with R*. Nueva York: Springer.
- Suits, D. B. (agosto de 1958). The Demand for New Automobiles in the United States. En *The Review Economics and Statistics*, vol. xl, 279.



## Capítulo 8

# Modelos lineales generalizados

## Introducción

En este capítulo esperamos que el lector pueda interpretar los coeficientes, realizar estimaciones, inferencias y predicciones asociadas a modelos lineales generalizados. En este contexto discutiremos el análisis de *deviance* y el test de cociente de verosimilitud, para los cuales es clave comprender *null deviance*, *residual deviance* y residuos *deviance*. Al igual que en los capítulos anteriores evaluaremos los supuestos y la bondad de ajuste de los modelos mediante análisis de los residuos. Analizaremos el problema de sobredispersión. Las funciones de enlace constituyen un concepto clave para comprender cualquier modelo lineal generalizado. Además, discutiremos dos marcos de inferencia estadística, basado en el contraste de hipótesis nula y en el contraste entre múltiples modelos. Entre los modelos lineales generalizados, introduciremos aquellos con distribución binomial, binomial negativa, Poisson y gamma. Abarcaremos también la regresión logística. Algunos textos interesantes que tratan estos temas son Anderson, Sweeney y Williams (2012); Berridge y Crouchley (2011); Cayuela (2009); Garibaldi, Aristimuño, Oddi y Tíribelli (2017); Gelman y Hill (2007).

## Trabajo práctico N° 19. Distribución binomial

### 19.1. Problema y datos<sup>1</sup>

A partir de aquí comenzamos con modelos lineales generalizados: expandimos los modelos lineales generales para abarcar otras distribuciones además de la normal que pertenecen a la familia de distribuciones exponencial (por ejemplo, Poisson, binomial, gamma).

El marco conceptual de modelo lineal generalizado tuvo sus comienzos alrededor de 1970 con el artículo fundacional de Nelder y Wedderburn (1972), «Modelos lineales generalizados».

---

<sup>1</sup> Los datos fueron obtenidos de Gelman y Hill (2007).

## 19. 2. Repaso distribución binomial

Caso de estudio: en cada pueblo se encuesta a 29 personas y se les pregunta si votarán al candidato liberal o no (no votarlo incluye voto en blanco). La unidad experimental, muestra y población son los siguientes:

- Unidad experimental: cada pueblo de la Argentina
- Muestra: los pueblos evaluados de la Argentina
- Población: todos los pueblos de la Argentina.

Proponemos que:

« $Y_i$ -Binom( $p$ ,  $N'$ )»

donde:

« $Y_i$ » es el número de personas que vota al candidato liberal en el pueblo « $i$ ».

« $p$ » es la probabilidad individual de votar al candidato liberal.

« $N'$ » es 29 en este caso, utilizamos  $N'$  para diferenciarlo de  $N$ , el tamaño poblacional.

```
espacio_muestral=seq(from=0,to=29,by=1)
espacio_muestral
```

El espacio muestral son los resultados posibles para cada unidad experimental luego de cada experimento aleatorio.

Supongamos que la probabilidad individual de votar al candidato liberal es 0.9. Entonces la distribución de datos será:

```
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.9)
probabilidad
```

```
[1] 1.000000e-29 2.610000e-27 3.288600e-25 2.663766e-23 1.558303e-21
7.012364e-20 2.524451e-18 7.465162e-17
[9] 1.847628e-15 3.880018e-14 6.984033e-13 1.085700e-11 1.465694e-10
1.725010e-09 1.774296e-08 1.596866e-07
[17] 1.257532e-06 8.654779e-06 5.192868e-05 2.705757e-04 1.217591e-03
4.696422e-03 1.537011e-02 4.210073e-02
[25] 9.472664e-02 1.705080e-01 2.360879e-01 2.360879e-01 1.517708e-01
4.710129e-02
```

Corroboramos que la suma de las probabilidades sea igual a 1:

```
sum(probabilidad)
```

Vamos bien, veamos el histograma:

```
barplot(probabilidad, names.arg=espacio_muestral,  
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal")
```

Dada esta distribución, ¿cuál es la probabilidad de que en un pueblo elegido al azar se observen hasta 2 personas que voten al candidato liberal?

```
pbinom(2,size=29,prob=0.9)
```

Si lo hacemos paso por paso (recordar estudiar distribución binomial de las referencias al final del capítulo previo a la lectura del mismo):

```
P_X_0 = (factorial(29)/(factorial(29-0)*factorial(0))) ^ (0.9^0) ^ (0.1^29)
```

```
P_X_1 = (factorial(29)/(factorial(29-1)*factorial(1))) ^ (0.9^1) ^ (0.1^28)
```

```
P_X_2 = (factorial(29)/(factorial(29-2)*factorial(2))) ^ (0.9^2) ^ (0.1^27)
```

```
paso_paso=P_X_0 + P_X_1 + P_X_2
```

Comparemos:

```
c(pbinom(2,size=29,prob=0.9),paso_paso)
```

¿Y hasta 26 personas?

```
pbinom(26,size=29,prob=0.9)
```

¿Exactamente 26 personas?

```
a = pbinom(25,size=29,prob=0.9)
```

```
b = pbinom(26,size=29,prob=0.9)
```

```
b-a
```

¿Más de 26 personas?

```
1-b
```

La media de la distribución

«N' \* p»

29\*0.9

Otra manera:

```
sum(probabilidad*espacio_muestral)
```

Veamos cómo cambia la distribución para valores crecientes de probabilidad individual:

```
par(mfrow=c(3,3))
```

```
probabilidad = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.01)
```

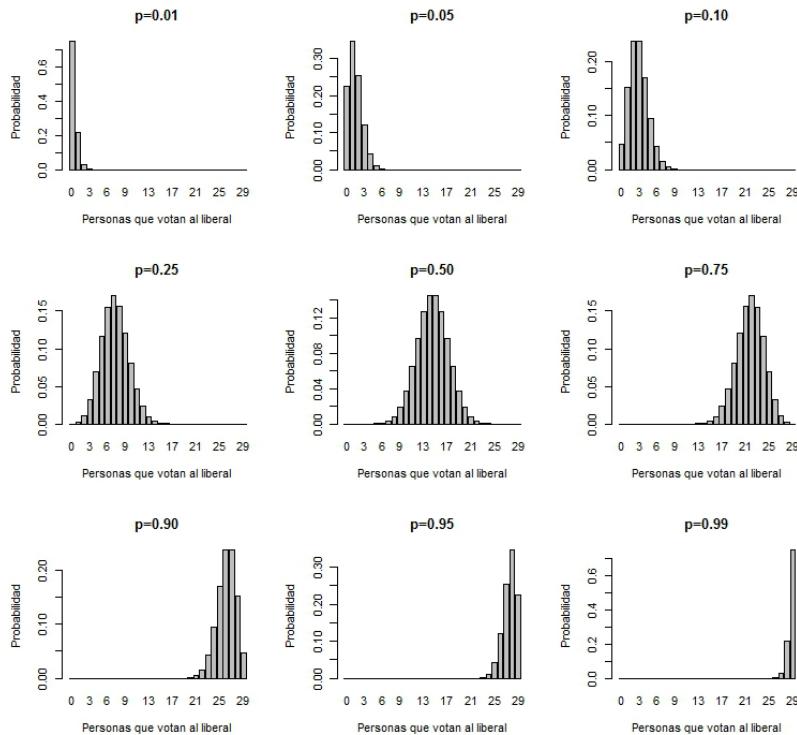
```
barplot(probabilidad, names.arg=espacio_muestral,
```

```

ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
main="p=0.01")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.05)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.05")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.10)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.10")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.25)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.25")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.50)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.50")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.75)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.75")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.90)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.90")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.95)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.95")
probabilidad=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.99)
barplot(probabilidad,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.99")

```

**Figura 19.1.** Distribución de probabilidad binomial para la cantidad de personas que vota al candidato liberal según varía la probabilidad individual de voto liberal



Es evidente que cambios en « $p$ » implican cambios en la media y en la varianza de la distribución.

Recuerden:

$$\text{«media} = N \cdot p\text{»}$$

$$\text{«varianza} = N \cdot p \cdot q\text{»}$$

Realicen gráficos similares que modifiquen « $N$ ».

Antes de continuar discutamos cómo expandir este modelo simple para reflejar que « $p$ » varía entre pueblos (unidades experimentales) y que esa variación se debe, en parte, al ingreso promedio que presentan las personas en ese pueblo.

El número de personas que vota al candidato liberal es una variable cuantitativa discreta. Recordemos que esta variable surge de otra variable

observada que es categórica con dos niveles (votar versus no votar al liberal) que representan eventos complementarios mutuamente excluyentes y colectivamente exhaustivos; que presenta un límite inferior (0) y superior (29). Por lo que suele (no siempre) presentar residuos con distribución distinta a la normal y heterogeneidad de varianzas.

La distribución binomial considera ambos aspectos ya que tiene implícitos cambios en la varianza a medida que cambia la media:

$$\text{«varianza} = N * p * q = \text{media} * q»$$

Entonces, uno de los supuestos clave de la binomial es que la varianza es menor que la media, ya que « $0 < q < 1$ ». Recordemos que « $q = 1 - p$ ».

### 19.3. Modelo con distribución de error binomial

```
datos=read.table("datos_p_19.txt")
```

En EUA se postula que las personas con mayores ingresos son más propensas a votar al partido conservador. Para evaluar esta idea en 1992 se encuestó a 861 personas y se les preguntó si votarían a George Bush (voto = 1) o a Bill Clinton (voto = 0). La unidad experimental, muestra y población son los siguientes:<sup>2</sup>

- Unidad experimental: cada persona que vota a Bush o a Clinton en EUA.
- Muestra: 861 personas que votan a Bush o a Clinton en EUA.
- Población: todas las personas que votan a Bush o a Clinton en EUA.

Respecto del ejemplo anterior, N' pasa de 29 a 1.

Además, ahora « $Y_i \sim \text{Binom}(p_i, N')$ », de modo que modelamos a « $p$ » y por eso lleva el subíndice « $i$ ».

```
modelo=glm(voto ~ ingreso, family=binomial(link="logit"),data=datos)
```

### 19.4. Estimación y análisis de la devianza

La estimación de los parámetros se realiza por el método de máxima verosimilitud. El algoritmo que usa «`glm`» se llama *iterative weighted least squares* (iwls; mínimos cuadrados ponderados iterativos) y es una implementación del *Fisher scoring algorithm* (algoritmo de puntuación de Fisher) para «`glm`».

```
summary(modelo)
```

Call:

---

<sup>2</sup> Los datos fueron obtenidos de Gelman y Hill (2007).

```
glm(formula = voto ~ ingreso, family = binomial(link = "logit"),
     data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.3543	-1.1119	-0.8911	1.2443	1.4938

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	-1.00010	0.20128	-4.969	6.74e-07 ***
ingreso	0.28138	0.06303	4.464	8.03e-06 ***
---				

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 1188.1 on 860 degrees of freedom  
Residual deviance: 1167.6 on 859 degrees of freedom  
AIC: 1171.6

Number of Fisher Scoring iterations: 4

Una diferencia que vemos entre este «summary» y el de «nls», «gls» o «lm» es que se provee el estadístico «z» en vez del estadístico «t». Esto se debe a que los estimadores de los parámetros no siguen una distribución «t», incluso en condiciones ideales, y entonces se suele utilizar «z» (aproximación asintótica de «t»).

Además este «summary» provee el número de iteraciones que fueron necesarias para la convergencia «("Number of Fisher Scoring iterations")».

«Null deviance» es conceptualmente parecido a la sctot del ANOVA (pero cuidado, recuerde que el anova supone distribución normal en los residuos, no es el caso que venimos discutiendo y, por lo tanto, no podemos usar ANOVA).  
«Null Deviance = -2 (LogLik(modelo nulo) - LogLik(modelo saturado o completo))»

«Null Deviance = -2 (LogLik(modelo nulo) - 0)»

El modelo saturado tiene un parámetro por cada observación y, por lo tanto, la bondad de ajuste (sin corregir por el número de parámetros) es máxima. Como el «Lik» del modelo saturado es «= 1, el ln(1) = 0».

«Residual deviance» es conceptualmente parecido a la SCE del ANOVA.

«Residual deviance = -2 (LogLik(modelo propuesto) - LogLik(modelo saturado o completo))»

«Residual deviance = -2 (LogLik(modelo propuesto) - 0)»

Es decir que la «residual deviance» aquí en «glm» es lo mismo que en «nls» llamábamos solo *deviance*. Comprobemos:

```
c(modelo$deviance, -2*logLik(modelo))
```

Ambos son cocientes de verosimilitudes. En general a los cocientes de verosimilitudes también se los conoce como *deviance*. En términos generales, en clases anteriores, habíamos discutido:

«Lik Ratio = -2 (LogLik(modelo reducido) - LogLik(modelo grande))»

Análisis de *deviance* secuencial:

```
anova(modelo,test="Chisq")
```

Plantee las hipótesis de interés: ¿Cuáles modelos se están comparando? ¿Son anidados?

## 19.5. Escalas de expresión del modelo

### 19.5.1. Escala variable respuesta

```
par(mfrow=c(1,1))
plot(jitter(datos$ingreso,.8), jitter(datos$voto,.8), xlim=c(-15,20),
     pch=20, cex=1, ylab="Probabilidad de votar a Bush", xlab="Ingreso")
curve((exp(-1.00010+0.28138*x))/(1+exp(-1.00010+0.28138*x)), add=T)
```

En todos los casos la probabilidad es lo que describe la línea pero los puntos son los valores de la variable «respuesta». En este caso la variable «respuesta» solo puede tomar dos valores, cero (voto a Clinton) o uno (voto a Bush). Cada punto refleja el voto de una persona.

El mismo gráfico pero solo en el rango de estudio de la variable «x»:

```
plot(jitter(datos$ingreso,.8), jitter(datos$voto,.8), pch=20, cex=1,
      ylab="Probabilidad de votar a Bush", xlab="Ingreso")
curve((exp(-1.00010+0.28138*x))/(1+exp(-1.00010+0.28138*x)),
      add=T)
```

Aquí también podemos usar la función «predict»:

```
plot(jitter(datos$ingreso,.8), jitter(datos$voto,.8), pch=20, cex=1,
      ylab="Probabilidad de votar a Bush", xlab="Ingreso")
pred_response=predict(modelo,type="response")
```

El *type* es importante aquí para que nos dé la escala de la variable respuesta.

```
points(datos$ingreso,pred_response,type="l")
```

Interprete el siguiente valor predicho:

```
newdata=data.frame(ingreso=3)  
predict(modelo,newdata, type="response")
```

### 19. 5. 2. Escala «logit»

El «glm» estimó los parámetros de un modelo lineal en escala «logit» por el método de máxima verosimilitud, es decir:

```
<logit(p) = ln(p / q) = -1.00010 + 0.28138 * ingreso>  
curve(-1.00010 + 0.28138 * x, xlim=c(-15,20),  
ylab="ln(prob votar Bush / 1 - Prob votar Bush)", xlab="Ingreso",  
col="blue")
```

Podemos agregar los valores predichos en la escala «logit»:

```
pred_logit=predict(modelo,type="link")
```

El «“link”» significa en la escala de la función de enlace, en este caso «logit»:

```
points(datos$ingreso,pred_logit,type="l", col="red", lw=4)
```

Los valores son de «logit(probabilidad)», si queremos los datos de probabilidad a secas, tenemos que usar la función «logit-1» (inversa de la función de enlace logit), es decir:

```
inv=1/(1+exp(-1*pred_logit))
```

Entonces obtuvimos con la función de arriba los valores de probabilidad, es decir, en la escala de interés o *response*. Por lo tanto es lo mismo que hicimos arriba cuando pusimos «type="response"» en lugar de «type="link"».

Veamos:

```
plot(pred_response,inv)  
abline(a=0, b=1, col="magenta", lw=3)
```

Interprete.

Interprete el intervalo de confianza para cada parámetro:

```
confint(modelo)
```

### 19. 5. 3. Escala «ODD»

Entonces « $p/q = \exp(-1.00010 + 0.28138 * \text{ingreso})$ »

```

«odd = exp(-1.00010 + 0.28138 * datos$ingreso)»
curve(exp(-1.00010 + 0.28138 * x), xlim=c(-15,20),
      ylab="prob votar Bush / 1 - Prob votar Bush", xlab="Ingreso")
«odd = 1» es equivalente a «p = 0.5» y «q = 0.5».
Ojo, recuerde que este es el «odd», no el cociente de Odds (= Odds ratio) que discuten Anderson y otros (2008) en el texto que se sugirió al principio del capítulo.

```

## 19. 6. Bondad de ajuste

```
mod_nulo = glm (voto ~ 1, family=binomial(link="logit"), data=datos)
```

```
AIC(modelo, mod_nulo)
```

	df	AIC
modelo	2	1171.593
mod_nulo	1	1190.064

```
BIC(modelo, mod_nulo)
```

	df	BIC
modelo	2	1181.109
mod_nulo	1	1194.822

```
c(logLik(modelo), logLik(mod_nulo))
```

«PseudoR2» de McFadden:

```
PseudoR2 = 1 - as.vector((logLik(modelo) / logLik(mod_nulo)))
PseudoR2
```

Alternativamente, «D2»:

```
D2 = (mod_nulo$deviance - modelo$deviance) / mod_nulo$deviance
D2
```

Esta última manera de expresarlo es todavía más parecida a la del «r2» que conocemos. Recuerde: « $r2 = (SCTOT - SCE) / SCTOT$ » Recuerde también que null deviance es conceptualmente similar a *SCTOT* y que *residual deviance* es conceptualmente similar a *SCE*.

«PseudoR2» y «D2» dan el mismo valor en una binomial con  $N=1$  pero dan valores parecidos en una binomial con  $N' > 1$ .

## Trabajo práctico N° 20: ANDEVA y otros componentes de modelos «GLM»

### 20. 1. Componentes de los modelos «GLM»

Recordamos entonces que los GLM tienen tres componentes:

- Componente aleatorio: especifica la distribución condicional de la variable respuesta en función de las variables independientes. La función «glm» de R considera distribuciones de la «familia exponencial»: binomial, Poisson, normal, gamma, normal inversa. Las últimas dos distribuciones son para variables cuantitativas asimétricas positivas (lo veremos más adelante), excepto por la normal (= gaussiana), las otras distribuciones no aceptan valores negativos.
- Componente determinista: solo se permite funciones lineales en «glm».
- Función de enlace.

### 20. 2. Problema y datos

Gráfico y modelo.

Los datos a continuación pertenecen al paquete *applied econometrics with R* (AER, econometría aplicada con R).

```
datos=read.table("datos_p_20.txt")
str(datos)
```

Este es un ejemplo de economía del trabajo que se obtuvo de Kleiber y Zeileis (2008).

Se encuestaron a 872 mujeres en Suiza. Las variables son:

- *Participation*: si la mujer encuestada trabaja.
- *Income*: ingreso.
- *Age*: edad.
- *Education*: educación.
- *Youngkids*: el número de hijos jóvenes.
- *Oldkids*: el número de hijos grandes.
- *Foreign*: si es extranjero o ciudadano suizo.

Gráfico interesante:

```
par(mfcol = c(1, 2))
plot(density(datos$income[datos$participation == "no"]),
main = "", xlab = "Ingreso", ylim=c(0,1.6), lwd = 2)
lines(density(datos$income[datos$participation == "yes"])),
```

```

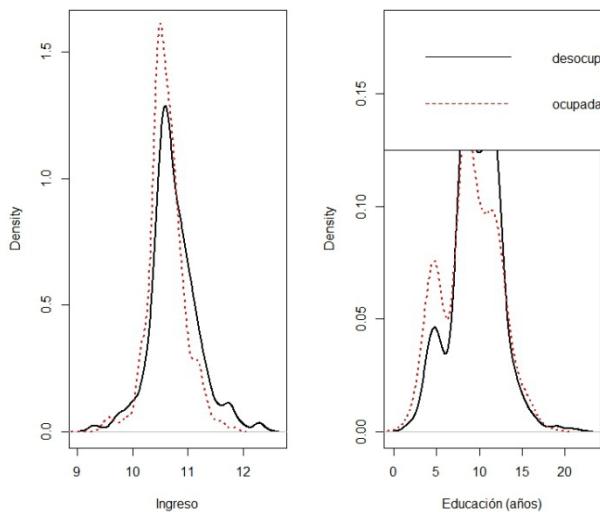
main = "", xlab = "", ylab = "", lty = 3, col="red",lwd = 2)

plot(density(datos$education[datos$participation == "no"]),
      main = "", xlab = "Educación (años)", lwd = 2, ylim=c(0,0.18))
lines(density(datos$education[datos$participation == "yes"]),
      main = "", xlab = "", ylab = "", lty = 3, col="red",lwd = 2)

legend("topright",legend=c("desocupada","ocupada"),
       col=c("black","red"),
       lty=c(1,3),lwd=2)

```

**Figura 20.1.** Densidad según ingreso y educación dependiendo de si la mujer se encuentra ocupada o desocupada



Otro gráfico interesante es:

```
plot(participation~age,data=datos)
```

Lleva el nombre de *spinogram*.

Se observa una tendencia no lineal (en particular, similar a una parábola) entre la proporción de mujeres empleadas y la edad. Por lo tanto, en el modelo convendría tener en cuenta este aspecto.

El ancho de cada barra es proporcional a la cantidad de observaciones en ese intervalo.

Modelo:

```
age2=datos$age^2  
modelo=glm(participation~income+age+age2+education+youngkids+oldkids+foreign,  
           data=datos, family = binomial(link = "logit"))
```

Call:

```
glm(formula = participation ~ income + age + age2 + education +  
     youngkids + oldkids + foreign, family = binomial(link = "logit"),  
     data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.9061	-0.9627	-0.4924	1.0171	2.3915

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	6.19639	2.38309	2.600	0.00932 **
income	-1.10409	0.22571	-4.892	1.00e-06 ***
age	3.43661	0.68789	4.996	5.86e-07 ***
age2	-0.48764	0.08519	-5.724	1.04e-08 ***
education	0.03266	0.02999	1.089	0.27611
youngkids	-1.18575	0.17202	-6.893	5.46e-12 ***
oldkids	-0.24094	0.08446	-2.853	0.00433 **
foreignyes	1.16834	0.20384	5.732	9.94e-09 ***
---				
Signif. codes:	0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1			

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 1203.2 on 871 degrees of freedom  
Residual deviance: 1017.6 on 864 degrees of freedom  
AIC: 1033.6

Number of Fisher Scoring iterations: 4

El análisis considera «yes=1» y «no=0».

```
summary(modelo)
```

Interprete el siguiente intervalo de confianza para cada parámetro:

```
confint(modelo)
```

## 20.3. ANDEVA

Análisis de *deviance* (ANDEVA) secuencial:

```
anova(modelo,test="Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: binomial, link: logit

Response: participation

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL			871	1203.2	
income	1	27.251	870	1176.0	1.786e-07 ***
age	1	7.491	869	1168.5	0.006199 **
age2	1	64.958	868	1103.5	7.652e-16 ***
education	1	1.217	867	1102.3	0.269899
youngkids	1	39.907	866	1062.4	2.663e-10 ***
oldkids	1	10.111	865	1052.3	0.001474 **
foreign	1	34.717	864	1017.6	3.813e-09 ***
---					
Signif. codes:	0	'***'	0.001	'**'	0.01
	*	'*'	0.05	.	0.1
					1

Son pruebas de cociente de verosimilitud secuenciales.

Recordemos que genéricamente:

«Deviance = Lratio= -2(logLik(mod\_simple) - logLik(mod\_completo))».

Estimemos entonces el primer término de la tabla:

```
mod_nulo=glm(participation~1,data=datos,family=binomial(link="logit"))
mod_income=glm(participation~income,data=datos,family=binomial(link="logit"))
Deviance_1=-2*(logLik(mod_nulo)-logLik(mod_income))
Deviance_1
pchisq(Deviance_1,df=1,lower.tail=F)
```

Vemos que da igual a la fila *income* del análisis de *deviance* (ANDEVA).

```
anova(modelo,test="Chisq")
```

Segundo término de la tabla de ANDEVA:

```
mod_incomemyage=glm(participation~income+age,data=datos,
```

```

family = binomial(link = "logit"))
Deviance_2=-2*(logLik(mod_income)-logLik(mod_incomenye))
Deviance_2
pchisq(Deviance_2,df=1,lower.tail=F)

```

Comparamos con:

```
anova(modelo,test="Chisq")
```

Recuerde que genéricamente «Deviance» es igual a «Lratio» pero siempre en relación al «modelo full» por eso se dice que es cuánto nos alejamos (deviance) del «modelo full».

Null deviance = -2(logLik(mod\_nulo)-logLik(mod\_full))

Residual deviance = -2(logLik(mod\_interés)-logLik(mod\_full))

Es decir que «Null» y «Residual Deviance» hacen referencia a «Lratio» específicos de interés.

## 20. 4. Bondad de ajuste

«PseudoR2» de McFadden:

```
PseudoR2=1 - as.vector(logLik(modelo) / logLik(mod_nulo))
PseudoR2
```

```
[1] 0.1542966
```

Alternativamente. «D2»:

```
D2=(mod_nulo$deviance-modelo$deviance) / mod_nulo$deviance
D2
```

Esta última manera de expresarlo es todavía más parecida a la del «r2» que conocemos. No hay aún una versión aceptada respecto de la mejor forma de obtener «(pseudo) r2 (o D2)» para modelos lineales generalizados.

Interprete el siguiente valor predicho:

```

newdata=data.frame(income=11,age=4,age2=16,education=10,
youngkids=2, oldkids=2,
foreign="yes")
predict(modelo,newdata,type="response")

```

```

1
0.2037744

```

## 20.5. Función de verosimilitud

En papel, plantee la función de verosimilitud para este ejemplo.

### Trabajo práctico Nº 21.

### Función binomial y su expresión a través de diferentes escalas

#### 21.1. Problema y datos

Se postula que en aquellos pueblos con mayores ingresos las personas son más propensas a votar al partido conservador en los EUA. Para ello, en cada uno de los 57 pueblos se encuestaron a 15 personas a las que se les preguntó su ingreso y si votarían a Bush (favor) o Clinton (contra).<sup>3</sup>

```
datos=read.table("datos_p_21.txt")
str(datos)
```

Proporción: sabemos el límite inferior (0 votos) y el límite superior (15 votos). Tradicionalmente, estos datos podrían haberse analizado utilizando una distribución normal y como variable respuesta el % de votos a Bush. Habitualmente existen tres problemas con esto:

- Los errores no están normalmente distribuidos (en parte porque la respuesta está acotada entre un límite inferior y uno superior).
- La varianza no es constante.
- Calculando el porcentaje, perdemos información sobre el tamaño de la submuestra N', a partir de la cual se estima la proporción. En este caso es 15, y es igual para todos los pueblos pero podría no serlo. La función «glm» realiza estimaciones de los parámetros ponderando por el tamaño de la submuestra de cada unidad experimental.

```
plot(datos$ingreso, (datos$favor/(datos$favor+datos$contra)))

hist(datos$favor)

modelo=glm(cbind(favor,contra)~ingreso,family=binomial(link="logit"),
           data=datos)
summary(modelo)
```

Call:

---

<sup>3</sup> Los datos fueron obtenidos de Gelman y Hill (2007).

```

glm(formula = cbind(favor, contra) ~ ingreso, family = binomial(link = "logit"),
    data = datos)

Deviance Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-2.95852 -0.64708  0.03597  0.61489  1.88819 

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)    
(Intercept) -1.5968    0.6948  -2.298   0.0216 *  
ingreso      0.4815    0.2326   2.070   0.0384 *  
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 64.572 on 56 degrees of freedom
Residual deviance: 60.258 on 55 degrees of freedom
AIC: 241.07

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

¿Qué unidades tiene el AIC?

```
anova(modelo,test="Chisq")
```

```

Analysis of Deviance Table

Model: binomial, link: logit
Response: cbind(favor, contra)
Terms added sequentially (first to last)

```

```

          Df Deviance Resid. Df Resid. Dev Pr(>Chi)    
NULL                  56      64.572
ingreso  1    4.3136       55      60.258  0.03781 *  
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Escriba el modelo.

¿Cuál es la función de enlace?

Atención: la función de enlace «(g)» se aplica solo sobre el componente determinista, no se aplica sobre el error (E):

$\langle y = g^{-1}(X^*b) + E \rangle$

En cambio una típica transformación de la variable respuesta afecta ambos componentes del modelo:

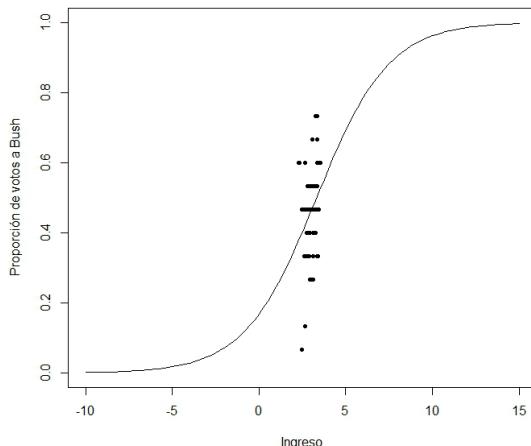
$$\text{«}g(y) = X^*b + E\text{»}$$

Es decir que función de enlace y transformación de la variable respuesta no son sinónimos.

Expresaremos este modelo estimado de tres maneras: escala, variable, respuesta.

```
par(mfcol=c(1,1))
plot(datos$ingreso, (datos$favor/(datos$favor+datos$contra)),
      xlim=c(-10,15), ylim=c(0,1), pch=20, cex=1,
      ylab="Proporción de votos a Bush", xlab="Ingreso")
curve((exp(-1.5968+0.4815*x))/(1+exp(-1.5968+0.4815*x)),
      add=T)
```

**Figura 21.1.** Proporción de votos a Bush en función del ingreso, con la correspondiente curva estimada, en escala de variable de respuesta



Considerando solo el rango de estudio (dominio del modelo):

```
plot(datos$ingreso, (datos$favor/(datos$favor+datos$contra)),
      pch=20, cex=1,
      ylab="Proporción de votos a Bush", xlab="Ingreso")
curve((exp(-1.5968+0.4815*x))/(1+exp(-1.5968+0.4815*x)),
      add=T)
```

También podemos usar la función «predict»:

```

plot(datos$ingreso, (datos$favor/(datos$favor+datos$contra)),
      pch=20, cex=1,
      ylab="Proporción de votos a Bush", xlab="Ingreso")
pred_response=predict(modelo, type="response")

```

El *type* es importante para obtener los valores predichos en la escala de la variable respuesta.

```
points(datos$ingreso,pred_response,type="l")
```

Finalmente, el gráfico para el número de votos a favor en función del ingreso:

```
plot(datos$ingres,datos$favor)
```

Como en todos los pueblos «N'=15»:

```
curve(((exp(-1.5968+0.4815*x))/(1+exp(-1.5968+0.4815*x)))^15,
      add=T, col="brown", lw=3)
```

Interprete el siguiente valor predicho:

```
newdata=data.frame(ingreso=3)
predict(modelo,newdata, type="response")
```

```
1
0.4620359
```

### Escala «logit»

La función «glm» estimó los parámetros de un modelo lineal en escala logit por el método de máxima verosimilitud, es decir que:

« $\text{logit}(p) = \ln(p / q) = -1.5968 + 0.4815 * \text{ingreso}$ ».

```
curve(-1.5968 + 0.4815 * x, xlim=c(-5,5),
      ylab="ln(prob votar Bush / 1 - Prob votar Bush)", xlab="Ingreso")
```

Podemos agregar los valores predichos en la escala *logit*:

```
pred_logit=predict(modelo,type="link")
points(datos$ingreso,pred_logit,type="l", col="red", lwd=7)
```

Interprete el siguiente intervalo de confianza para los parámetros:

```
confint(modelo)
```

### Escala «odd»

Entonces « $p/q = \exp(-1.5968 + 0.4815 * \text{ingreso})$  odd=exp(-1.5968 + 0.4815 \* datos\$ingreso)».

```
curve(exp(-1.5968 + 0.4815 * x), xlim=c(-15,20),
      ylab="prob votar Bush / 1 - Prob votar Bush", xlab="Ingreso")
```

«odd = 1» es equivalente a « $p = 0.5$ » y « $q = 0.5$ ».

Ojo, recuerde que este es el odd, no el cociente de Odds que discuten Anderson y otros (2008) en el texto sugerido para este capítulo.

Bondad de ajuste:

```
mod_nulo=glm(cbind(favor,contra) ~ 1, family=binomial(link="logit"),d
ata=datos)
```

**AIC(modelo,mod\_nulo)**

df	AIC
modelo	2 241.0685
mod_nulo	1 243.3822

**BIC(modelo,mod\_nulo)**

df	BIC
modelo	2 245.1546
mod_nulo	1 245.4252

**logLik(modelo)**

'log Lik.' -118.5343 (df=2)

**logLik(mod\_nulo)**

'log Lik.' -120.6911 (df=1)

«PseudoR2» de McFadden:

```
PseudoR2=1-as.vector(logLik(modelo)/logLik(mod_nulo))
PseudoR2
[1] 0.01787057
```

Alternativamente, «D2»:

```
D2=(mod_nulo$deviance-modelo$deviance)/mod_nulo$deviance
D2
```

```
[1] 0.06680395
```

Esta última manera de expresarlo es todavía más parecida a la del «r2» que conocemos. «D2» y «Pseudo R2» dan el mismo valor en una binomial con «N=1» sin sobredispersión, pero no en una binomial con «N>1».

Observados proporción versus predichos:

```
plot(pred_response,(datos$favor/(datos$favor+datos$contra)))  
abline(a=0,b=1,col="red",lwd=5)
```

Observados votos a favor versus predichos como «N = 15» para todos los pueblos:

```
plot(pred_response^15,datos$favor)  
abline(a=0,b=1,col="red",lwd=5)
```

Igual a:

```
plot(pred_response^15,(datos$favor/(datos$favor+datos$contra))^15)  
abline(a=0,b=1,col="red",lwd=5)
```

¿Qué información obtenemos de estos gráficos?

¿Cuál es la diferencia con el siguiente gráfico?

Observados versus variable independiente:

```
plot(datos$ingres,datos$favor)  
curve(((exp(-1.5968+0.4815*x))/(1+exp(-1.5968+0.4815*x)))^15,  
add=T,col="brown",lw=3)
```

Supuestos:

```
residuos=resid(modelo,type="deviance")
```

Importante: estos son los residuos deviance.

Ver más abajo explicación sobre residuos.

Residuos versus predichos:

```
plot(pred_response,residuos)  
abline(a=0,b=0,col="violet",lw=5)
```

## 21. 2. Sobredispersión y Chi^2

La ausencia de sobredispersión es un supuesto clave.

Antes, veamos algunos aspectos de la distribución de «Chi<sup>2</sup>» que usaremos para evaluar sobredispersión. Esta surge de sumas de normales estándar «(z)» al cuadrado y tiene un único parámetro == grados de libertad».

```
«Chi^2 con 1 gl = z^2»  
«Chi^2 con 2 gl = z^2 + z^2»  
«Chi^2 con 3 gl = z^2 + z^2 + z^2»  
«Chi^2 con 4 gl = z^2 + z^2 + z^2 + z^2».
```

```
chi_1 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2  
chi_2 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2  
chi_3 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2  
chi_4 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2
```

Comparemos gráficamente con la distribución «chi»:

```
par(mfcol=c(2,2))  
hist(chi_1, freq=F)  
lines(density(chi_1), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=1:

```
lines(density(rchisq(n=9999,df=1)), col="red")
```

```
hist(chi_2, freq=F)  
lines(density(chi_2), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=2:

```
lines(density(rchisq(n=9999,df=2)), col="red")
```

```
hist(chi_3, freq=F)  
lines(density(chi_3), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=3:

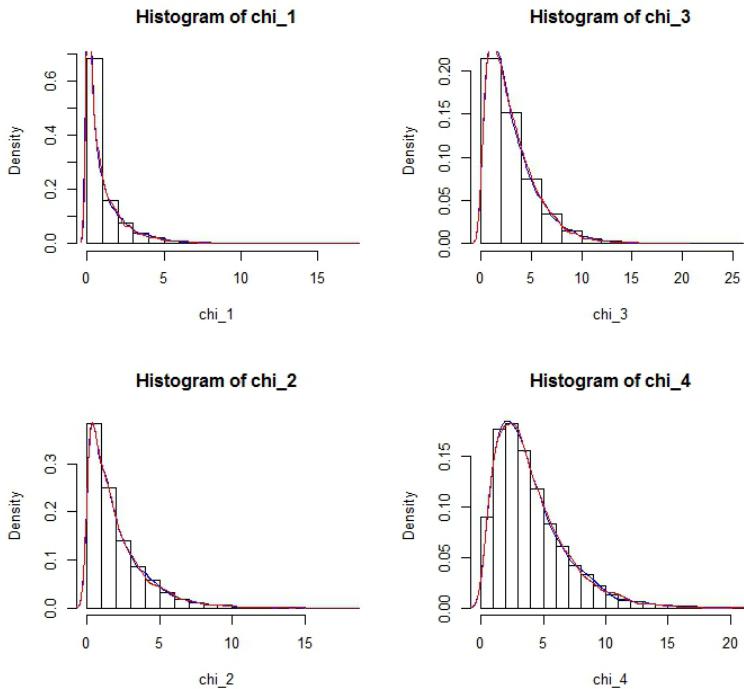
```
lines(density(rchisq(n=9999,df=3)), col="red")
```

```
hist(chi_4, freq=F)  
lines(density(chi_4), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=4:

```
lines(density(rchisq(n=99999,df=4)), col="red")
```

**Figura 21.2.** Distribución de «Chi<sup>2</sup>» con grados de libertad 1 a 4



La media de la «Chi<sup>2</sup>» es igual a los grados de libertad (el único parámetro de la distribución).

Veamos, para un grado de libertad:

```
mean(rchisq(n=999999, df=1))
```

Para dos grados de libertad:

```
mean(rchisq(n=999999, df=2))
```

Para tres grados de libertad:

```
mean(rchisq(n=999999, df=3))
```

Y ya que R hace el trabajo, veamos para cuatro grados de libertad también:

```
mean(rchisq(n=999999, df=4))
```

Luego de esta pequeña descripción de algunas características de la distribución de «Chi<sup>2</sup>», volvamos al ejemplo de la distribución binomial y la sobredispersión.

Si la especificación del modelo binomial es correcta, la devianza residual debería seguir una distribución de «Chi<sup>2</sup>» con los grados de libertad residuales (cuando N' es grande). Recordemos que la media de la «Chi<sup>2</sup>» es igual a los grados de libertad residuales, por lo tanto, se espera que la «Residual deviance» sea igual a los grados de libertad residuales.

Si la «Residual deviance» es mayor que los «residual degrees of freedom» estamos en presencia de sobredispersión. En este caso la «s2» no es igual a «N' \* p \* q».

La falta de cumplimiento en los supuestos puede deberse, por ejemplo, a que no hemos incluido los predictores adecuados en el modelo, o a que los datos no tienen distribución binomial.

```
summary(modelo)
```

En este caso, la «residual deviance» es ~60 y los grados de libertad residuales son 55:

**60.258/55**

Cercano a 1... Vamos bien.

También podemos evaluar la hipótesis nula que dice que «Residual deviance» proviene de una distribución «Chi<sup>2</sup>» con «df = grados de libertad residuales».

```
pchisq(q = deviance(modelo), df = df.residual(modelo), lower = FALSE)
```

No rechazamos la «H0». Es razonable pensar entonces que el modelo es adecuado y que no hay sobredispersión.

## 21.3. Residuos dentro del modelo glm

En el contexto de glm hay dos tipos de residuales que se utilizan comúnmente:

### 21.3.1. Residuos de Pearson

```
res_p = resid(modelo, type = "pearson")  
res_p
```

Hemos discutido estos residuos en detalle previamente cuando vimos modelos con heterogeneidad de varianzas. Se expresan como:

$$\langle(y_i - E(y_i)) / \text{sqrt}(\text{Var}(y_i))\rangle.$$

Los residuos de tipo Pearson tienen en cuenta las predicciones del modelo tanto por cambios en la media como en la varianza ante cambios en la(s) variable(s) independiente(s). Por ejemplo, modelar «*p*» en una distribución binomial ante cambios en el ingreso, implica que la media « $(p^*N)$ » y la varianza « $(p^*q^*N)$ » de la variable respuesta cambian con el ingreso.

### 21. 3. 2. Residuos *deviance*

Estos residuos también tienen en cuenta cambios en la media y en la varianza según una distribución binomial en este caso. La función utilizada para obtener los «*deviance residuals*» depende de la distribución estocástica elegida.

```
res_dev=resid(modelo,type="deviance")
res_dev
```

¿Cuántos «*deviance residuals*» = «residuos deviance» hay en este ejemplo? Atención: «residual deviance» está relacionado pero no es lo mismo que «*deviance residuals*». Así como la SCE es la suma de los residuos elevados al cuadrado, la «Residual deviance» es la suma de los «*deviance residuals*» al cuadrado.

```
sum(res_dev^2)
```

```
[1] 60.25796
```

Es igual a:

```
deviance(modelo)
```

```
[1] 60.25796
```

También reportada al final del «*summary*»:

```
summary(modelo)
```

En cambio, la suma de los cuadrados de los residuos de Pearson no es igual a la devianza:

```
sum(res_p^2)
```

Distinto a:

**deviance(modelo)**

Los residuales ordinarios (o en escala «z») no tienen sentido aquí ya que suponen homogeneidad de varianza.

« $e_i = Y_i - E(Y_i)$ »

**res\_resp=resid(modelo, type="response")**

**res\_resp**

Para el primer pueblo:

**res\_resp[1]**

Valores predichos para el primer pueblo:

**newdata=data.frame(ingreso=datos\$ingreso[1])**

**p1=predict(modelo,newdata, type="response")**

Residuales:

**(datos\$favor[1]/(datos\$favor[1]+datos\$contra[1])) - p1**

Equivalente a:

**res\_resp[1]**

Si queremos expresarlo en términos de número de votantes a favor lo multiplicamos por 15.

Es decir que en este trabajo hemos visto tres tipos de residuos: ordinarios, de Pearson, y *deviance*.

Función verosimilitud.

En papel, plantee la función de verosimilitud para este ejemplo.

## Trabajo práctico Nº 22. Distribución Gamma y Chi^2

### 22. 1. Problema y datos

Agradecemos a las personas que han trabajado y que llevan adelante el proyecto R.<sup>4</sup>

**contributors()**

**datos=read.table("datos\_p\_9.txt")**

**colnames(datos)=c("pais","vida","pbi")**

---

<sup>4</sup> Los datos fueron obtenidos de [www.gapminder.org](http://www.gapminder.org)

Estamos interesados en modelar la esperanza de vida en función del PBI entre distintos países.

Previamente habíamos observado que la relación entre ambas variables no era lineal:

```
plot(datos$pbi,datos$vida)
plot(log10(datos$pbi),datos$vida)
```

Con log 10 PBI.

También observamos luego de ajustar un número amplio de modelos que los residuos indicaban que la distribución era asimétrica.

La distribución Gamma es interesante para modelar un amplio rango de procesos en los que:

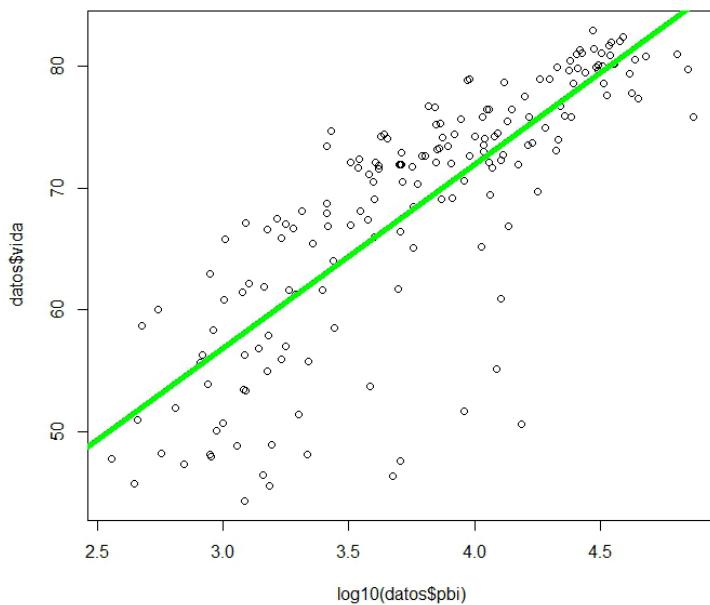
- La variable respuesta es cuantitativa continua.
- La variable respuesta toma valores mayores a cero.
- La distribución de la variable respuesta es asimétrica positiva (con una cola larga hacia la derecha, es decir, hacia valores grandes).

La varianza aumenta más que linealmente con la media. La Gamma presenta coeficiente de variación (cv) constante e igual a «sqrt("shape")». Continúe leyendo para entender.

La distribución de la variable respuesta puede tomar distintos valores de curtosis, sin embargo, según lo que vimos anteriormente la variable de respuesta (esperanza de vida) era asimétrica negativa en vez de positiva:

```
mod_normal=lm(datos$vida~log10(datos$pbi))
plot(log10(datos$pbi),datos$vida)
abline(mod_normal,col="green",lwd=5)
```

**Figura 22.1.** Esperanza de vida en función del logaritmo base 10 del PBI con recta estimada de regresión lineal simple



```
plot(predict(mod_normal),resid(mod_normal))
abline(a=0,b=0,col="green",lwd=5)

hist(resid(mod_normal))
```

Entonces sabemos que posiblemente no se cumplan los supuestos del modelo que asume distribución Gamma.

Más abajo ajustaremos un modelo con distribución Gamma y evaluaremos estos aspectos.

## 22.2. Gamma

Aquí seguimos la parametrización de Gamma según Faraway (2006), que es la utilizada en la función «glm» («dgamma» usa una parametrización ligeramente distinta). Entonces tenemos dos parámetros, la media y la «“forma (shape)”».

Varianza = «media<sup>2</sup> / forma».

Si asumimos un valor de «forma» constante. La relación entre varianza y media es:

```
curve (x^2 / 7)
```

Con otro valor de forma:

```
curve (x^2 / 3)
```

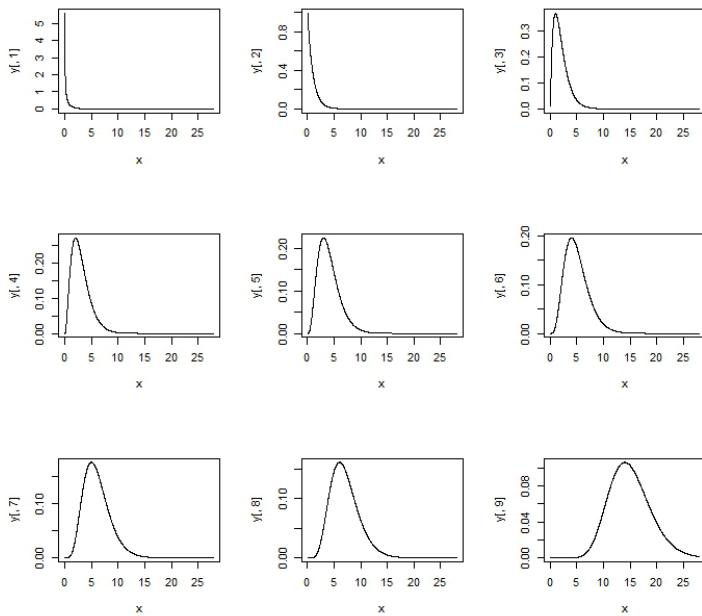
Algunas distribuciones gamma con distinta forma: para valores grandes de «forma (= shape)» la distribución gamma se vuelve simétrica y con menor curtosis.

En estos casos, una distribución normal podría ser utilizada para modelar nuestros datos.

```
x<-seq(from=0.01,to=28,by=.01)
y=matrix(ncol=9, nrow=length(x))
par(mfrow=c(3,3))
y[,1]<-dgamma(x,shape=0.5)
plot(x,y[,1],type="l")
y[,2]<-dgamma(x,shape=1)
plot(x,y[,2],type="l")
y[,3]<-dgamma(x,shape=2)
plot(x,y[,3],type="l")
y[,4]<-dgamma(x,shape=3)
plot(x,y[,4],type="l")
y[,5]<-dgamma(x,shape=4)
plot(x,y[,5],type="l")
y[,6]<-dgamma(x,shape=5)
plot(x,y[,6],type="l")
y[,7]<-dgamma(x,shape=6)
plot(x,y[,7],type="l")
y[,8]<-dgamma(x,shape=7)
plot(x,y[,8],type="l")
y[,9]<-dgamma(x,shape=15)
plot(x,y[,9],type="l")
```

La distribución gamma no acepta «y=0».

**Figura 22. 2.** Función de densidad Gamma para diferentes *shapes*



¿Qué unidades presenta el eje «y»?

```
library(moments)
kurtosis(y[1:9])
```

A medida que aumenta el «shape» (forma) también disminuye la curtosis. Esta es una propiedad interesante que usaremos proximamente. Recordemos que la curtosis de una normal es = 3.

```
skewness(y[1:9])
```

La distribución Gamma presenta asimetría positiva. A medida que aumenta el «shape» disminuye la asimetría.

¿Cuál es el valor de asimetría para una distribución normal?

### 22. 3. Chi<sup>2</sup>

Revise apartado 22 con una presentación de la distribución de «Chi<sup>2</sup>».

La distribución «Chi<sup>2</sup>» es un caso particular de la Gamma. Mientras que la Gamma tiene dos parámetros, la «Chi<sup>2</sup>» tiene un solo parámetro (por ejemplo, los grados de libertad).

Según la parametrización de «dgamma», la «Chi<sup>2</sup>» tiene un *rate* constante igual a 0.5, mientras que el *shape* son los grados de libertad dividido 2 (es decir, la media dividido 2).

Si:

$$\text{Media} = \text{shape} / \text{rate}$$

$$\text{Media} = \text{shape} / 0.5$$

$$\text{Media} = \text{shape} * 2$$

$$\text{Media} / 2 = \text{shape}$$

Veamos cómo cambia la distribución de «Chi<sup>2</sup>» para distintos grados de libertad:

```
x<-seq(from=0.01,to=80,by=.01)
y=matrix(ncol=9, nrow=length(x))
par(mfrow=c(3,3))
y[,1]<-dgamma(x,shape=1/2,rate=0.5)
plot(x,y[,1],type="l")
y[,2]<-dgamma(x,shape=5/2,rate=0.5)
plot(x,y[,2],type="l")
y[,3]<-dgamma(x,shape=10/2,rate=0.5)
plot(x,y[,3],type="l")
y[,4]<-dgamma(x,shape=15/2,rate=0.5)
plot(x,y[,4],type="l")
y[,5]<-dgamma(x,shape=20/2,rate=0.5)
plot(x,y[,5],type="l")
y[,6]<-dgamma(x,shape=25/2,rate=0.5)
plot(x,y[,6],type="l")
y[,7]<-dgamma(x,shape=30/2,rate=0.5)
plot(x,y[,7],type="l")
y[,8]<-dgamma(x,shape=35/2,rate=0.5)
plot(x,y[,8],type="l")
y[,9]<-dgamma(x,shape=40/2,rate=0.5)
plot(x,y[,9],type="l")
```

Por ejemplo, obtenemos 10000 valores aleatorios de una distribución «Chi<sup>2</sup>» con df= 20

```
a=rchisq(10000,df=20)
```

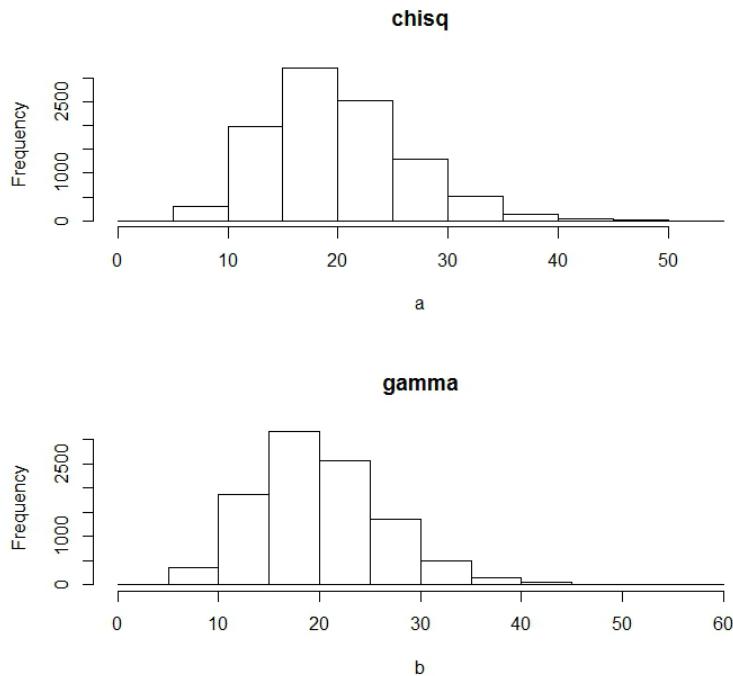
```
a
```

Nos da lo mismo que obtener 10000 valores de una distribución gamma con *shape* = 20/2 y *rate*=0.5:

```
b=rgamma(10000,shape = 20/2, rate=0.5)
b
c(mean(a),mean(b))

par(mfrow=c(2,1))
hist(a, main="chisq")
hist(b, main="gamma")
```

**Figura 22.3.** Histogramas para una distribución «Chi<sup>2</sup>» de 10 000 valores aleatorios con 20 g.l. y de una distribución gamma con *shape* 20/2 y *rate* 0,5



Finalmente, mostramos que en la distribución «Chi<sup>2</sup>» la media es igual a los grados de libertad:

```
round(mean(rchisq(1000000,df=1)))
round(mean(rchisq(1000000,df=10)))
round(mean(rchisq(1000000,df=15)))
```

```

round(mean(rchisq(1000000,df=30)))
round(mean(rchisq(1000000,df=60)))
round(mean(rchisq(1000000,df=1000)))

```

Modelo:

```

mod_gamma=glm(vida~log10(pbi),family=Gamma(link=identity),data
=datos)
summary(mod_gamma)

```

Call:

```
glm(formula = vida ~ log10(pbi), family = Gamma(link = identity),
    data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.36754	-0.03217	0.01325	0.05376	0.17282

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	9.9634	3.0826	3.232	0.00147 **
log10(pbi)	15.5153	0.8381	18.513	< 2e-16 ***
---				
Signif. codes:	0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1			

(Dispersion parameter for Gamma family taken to be 0.008722055)

Null deviance: 4.4501 on 176 degrees of freedom  
 Residual deviance: 1.6672 on 175 degrees of freedom  
 AIC: 1175.3

Number of Fisher Scoring iterations: 4

El parámetro de dispersión (lo llamaremos «pd») es la inversa de la forma (*shape*).

Habíamos dicho que «Varianza (y) = media<sup>2</sup> / forma».

Entonces «Varianza (y) = media<sup>2</sup> \* pd».

Es decir que la varianza es función de la media. A diferencia de algunos modelos con distribución normal en los que suponemos que hay una sola varianza residual.

Veamos cómo varía la varianza con la media según el modelo gamma estimado:

```
par(mfrow=c(1,1))
plot(datos$vida,datos$vida^2*0.008722055,xlab="Media",
ylab="Varianza")
```

Plantee el modelo en papel.

Plantee la función de «verosimilitud».

```
anova(mod_gamma,test="Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: Gamma, link: identity

Response: vida

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Dev	Df	Pr(>Chi)
NULL				176	4.4501
log10(pbi)	1	2.783		175	1.6672 < 2.2e-16 ***
---					

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

¿Qué indica la columna «Deviance»?

Comparamos los coeficientes con un modelo que asume distribución normal y vemos que son similares:

```
coef(mod_gamma)
```

(Intercept)	log10(pbi)
9.963426	15.515256

```
coef(mod_normal)
```

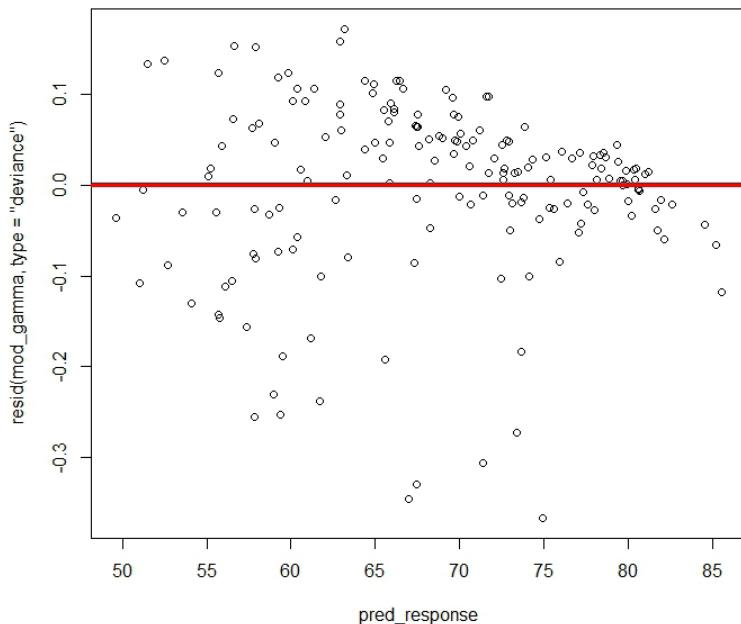
(Intercept)	log10(datos\$pbi)
11.61284	15.07488

Supuestos:

Residuos versus predichos:

```
par(mfrow=c(1,1))
pred_response=predict(mod_gamma,type="response")
plot(pred_response,resid(mod_gamma,type="deviance"))
abline(a=0,b=0,col="red",lwd=4)
```

**Figura 22. 4.** Residuos versus predichos para el modelo estimado según distribución Gamma



Observados versus variable independiente:

```
plot(log10(datos$pbi),datos$vida)
abline(mod_gamma,col="red",lwd=4)
```

Observados versus predichos:

```
plot(pred_response,datos$vida)
abline(a=0, b=1,col="red",lwd=4)
hist(resid(mod_gamma, type="deviance"))
```

Bondad de ajuste: «D2» similar a «R<sup>2</sup>»:

```
mod_nulo=glm(vida~1,family=Gamma(link=identity),data=datos)
```

D2=(mod\_nulo\$deviance-mod\_gamma\$deviance) / mod\_nulo\$deviance

D2

```
[1] 0.6253636
```

## Trabajo práctico N° 23. Funciones Gamma versus Normal

### 23.1. Problema y datos

```
datos=read.table("datos_p_23.txt")
str(datos)
colnames(datos)=c("pais","capital","PEA","fertilizante","cereal")
str(datos)
```

Se desea estimar una función de producción para cereales. Las variables bajo estudio son:<sup>5</sup>

- Cereal: producción de cereales (toneladas) en el año 2007.
- Capital: stock de capital en desarrollo de la tierra (millones de dólares).
- PEA: población económicamente activa (miles de personas).
- Fertilizante: consumo de fertilizante nitrogenado (toneladas de nutrientes).

Dado el siguiente modelo:

```
mod_normal=glm(cereal~capital+PEA+fertilizante,family=gaussian(link="identity"),data=datos)

summary(mod_normal)
Call:
glm(formula = cereal ~ capital + PEA + fertilizante, family =
gaussian(link = "identity"),
     data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-83006898	-2317292	-716837	2255558	91557589

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	7.109e+05	1.534e+06	0.463	0.644
capital	6.458e+02	6.158e+01	10.487	< 2e-16 ***
PEA	-3.181e+02	7.203e+01	-4.416	2.11e-05 ***
fertilizante	2.226e+01	1.863e+00	11.950	< 2e-16 ***
---				

<sup>5</sup> Los datos fueron obtenidos de Food and Agriculture Organization FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura) ([http://www.fao.org/index\\_es.htm](http://www.fao.org/index_es.htm)) y Banco Mundial (<http://www.worldbank.org/>).

```
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1  
(Dispersion parameter for gaussian family taken to be  
2.409032e+14)  
  
Null deviance: 4.5183e+17 on 132 degrees of freedom  
Residual deviance: 3.1077e+16 on 129 degrees of freedom  
AIC: 4787.7  
  
Number of Fisher Scoring iterations: 2
```

Como la «residual deviance» es la sce, la varianza muestral residual es:

```
mod_normal$deviance / mod_normal$df.residual
```

```
[1] 2.409032e+14
```

Vemos que es igual al mensaje del «summary»:

```
“Dispersion parameter for gaussian family taken to be 2.409032e+14”.
```

```
res_normal=resid(mod_normal,type="deviance")
```

```
hist(res_normal) Muy empinado... Colas gruesas. Continúe leyendo.
```

```
qqnorm(res_normal)
```

```
qqline(res_normal)
```

Qué feo...

Este es un típico patrón de una distribución con mayor curtosis que la normal ya que hay valores más chicos (a la izquierda del gráfico) y más grandes (a la derecha del gráfico) que lo esperado según una distribución normal.

Veamos:

```
library(moments)
```

```
kurtosis(res_normal) debería dar tres:
```

```
[1] 18.74351
```

Este valor para la curtosis excede ampliamente los límites aceptables.

Probemos con una distribución Gamma en la misma cuanto menor es el *shape* (forma) mayor es la curtosis:

```
mod_gamma=glm(cereal~capital+PEA+fertilizante,family=Gamma  
(link="identity"),data=datos)
```

```
summary(mod_gamma)
```

```
Call:  
glm(formula = cereal ~ capital + PEA + fertilizante, family =  
Gamma(link = "identity"),  
    data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.17491	-0.62380	-0.08872	0.30924	1.87582

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-9110.25	1277.48	-7.131	6.34e-11 ***
capital	96.39	39.13	2.463	0.0151 *
PEA	236.30	36.03	6.557	1.20e-09 ***
fertilizante	12.79	2.03	6.299	4.33e-09 ***
---				
Signif. codes:	0	'***'	0.001	'**'
	0.01	*	0.05	.
	0.1	'	1	

(Dispersion parameter for Gamma family taken to be 0.5280171)

Null deviance: 565.228 on 132 degrees of freedom  
Residual deviance: 82.058 on 129 degrees of freedom  
AIC: 4207.5

Number of Fisher Scoring iterations: 10

A diferencia de la normal, aquí el parámetro de dispersión (lo llamaremos «pd») es la inversa de la forma (*shape*).

Habíamos dicho que «Varianza ( $y$ ) = media $^2$  / forma».

Entonces «Varianza ( $y$ ) = media $^2$  \* pd».

No podemos dar un único valor de varianza residual (por ejemplo, varianza constante) como indicamos arriba en el modelo de distribución normal ya que la varianza aumenta con la media.

```
res_gamma=resid(mod_gamma,type="deviance")
```

```
hist(res_gamma)  
qqnorm(res_gamma)  
qqline(res_gamma)
```

kurtosis(res\_gamma) debería dar tres:

```
[1] 3.176855
```

Motivo por el cual no comparamos con AIC o BIC, ambos modelos según Faraway (2006) (aquí se está discutiendo otro ejemplo pero se aplica también al nuestro):

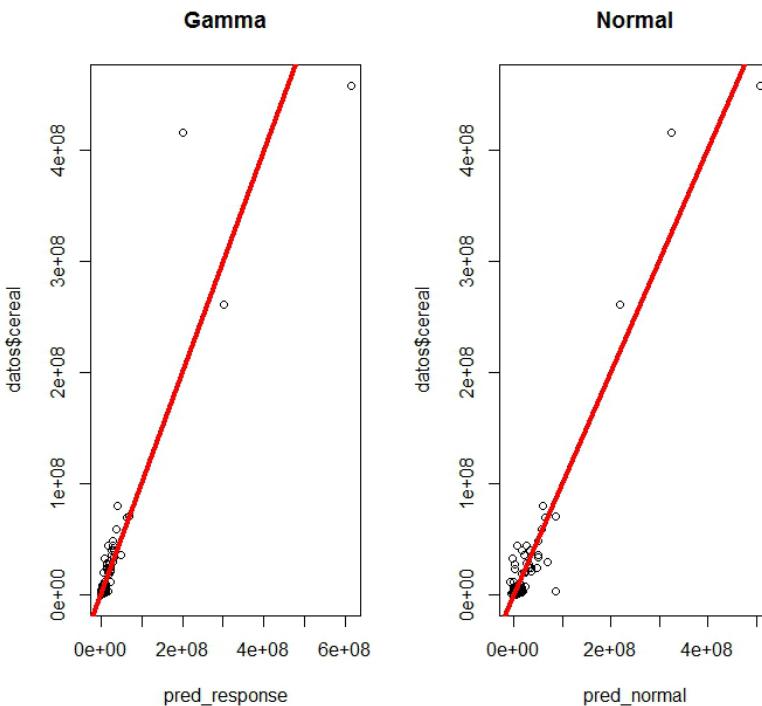
Estos dos modelos no son anidados y tienen diferentes distribuciones para la variable de respuesta, lo cual torna problemática una comparación directa. El criterio AIC, que es menos dos veces la verosimilitud maximizada, más dos veces el número de parámetros ha sido frecuentemente usado como forma de elegir entre modelos. Se prefieren valores menores. De todas maneras, cuando se computa la verosimilitud, es una práctica común descartar aquellas partes que no son funciones de los parámetros. Esto no tiene consecuencias cuando se comparan modelos con la misma distribución para la variable de respuesta ya que las partes descartadas serán iguales. Para variables de respuesta con distribuciones diferentes, es esencial preservar todas las partes de la verosimilitud. (...). Nótese que comparaciones puramente numéricas como esta son riesgosas y que es necesario prestar atención e interpretar los diagnósticos residuales y el contexto científico.

Observados versus predichos. Normal versus Gamma:

```
par(mfrow=c(1,2))
pred_gamma=predict(mod_gamma,type="response")
plot(pred_gamma,datos$cereal, main="Gamma")
abline(a=0, b=1,col="red",lwd=4)

pred_normal=predict(mod_normal,type="response")
plot(pred_normal,datos$cereal, main="Normal")
abline(a=0, b=1,col="red",lwd=4)
```

**Figura 23.1.** Observados versus predichos para el modelo ajustado a distribución normal y gamma



Hay tres países que dominan la figura, sin embargo la muestra contiene 133 países.

Ahora nos concentraremos en los valores menores a 100 000 000:

```
par(mfrow=c(1,2))
pred_response=predict(mod_gamma,type="response")
plot(pred_response,datos$cereal, main="Gamma",
      xlim=c(0,1e+08),ylim=c(0,1e+08))
abline(a=0, b=1,col="red",lwd=4)

pred_normal=predict(mod_normal,type="response")
plot(pred_normal,datos$cereal, main="Normal",
      xlim=c(0,1e+08),ylim=c(0,1e+08))
abline(a=0, b=1,col="red",lwd=4)
```

Puede observarse que en general los puntos están más alejados de la recta en el modelo con distribución normal.

## 23. 2. Consignas a resolver

Para el modelo con distribución Gamma:

1. Plantee el modelo estimado e interprétele.
2. Indique cuáles son los coeficientes de regresión parcial.
3. Interprete el valor de residual *deviance* en términos del problema.
4. Concluya sobre el problema de interés e indique la probabilidad de error asociada a sus conclusiones.
5. Estime la potencia del test estadístico «*t*» utilizado en el «*summary*» para algún efecto de interés.
6. ¿Existe multicolinealidad?
7. ¿Qué medidas tomaría desde el punto de vista del diseño del experimento (es decir previo a tomar los datos) para lograr una mayor bondad de ajuste?
8. Plantee la función de verosimilitud.
9. Interprete el siguiente modelo y evalúe los supuestos:

```
mod_gamma2=glm(cereal~capital+PEA+fertilizante + capital:PEA,  
family=Gamma (link="identity"),data=datos)  
summary(mod_gamma2)
```

Call:

```
glm(formula = cereal ~ capital + PEA + fertilizante + capital:PEA,  
family = Gamma(link = "identity"), data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.1556	-0.6452	-0.1879	0.3582	1.7809

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-8.481e+03	1.246e+03	-6.806	3.48e-10 ***
capital	4.420e+01	3.210e+01	1.377	0.1710
PEA	2.256e+02	3.469e+01	6.504	1.60e-09 ***
fertilizante	1.208e+01	2.042e+00	5.913	2.87e-08 ***
capital:PEA	7.744e-03	3.600e-03	2.151	0.0333 *
---				
Signif. codes:	0 ‘***’	0.001 ‘**’	0.01 ‘*’	0.05 ‘.’
	0.1 ‘ ’	1		

(Dispersion parameter for Gamma family taken to be 0.5352344)

Null deviance: 565.228 on 132 degrees of freedom  
Residual deviance: 79.204 on 128 degrees of freedom  
AIC: 4204.3

Number of Fisher Scoring iterations: 12

Interprete el valor de interacción.

**AIC(mod\_gamma,mod\_gamma2)**

df	AIC
mod_gamma	5 4207.464
mod_gamma2	6 4204.296

**BIC(mod\_gamma,mod\_gamma2)**

df	BIC
mod_gamma	5 4221.916
mod_gamma2	6 4221.638

**anova(mod\_gamma, mod\_gamma2, test="Chisq")**

ANALYSIS OF DEVIANCE TABLE

Model 1: cereal ~ capital + PEA + fertilizante						
Model 2: cereal ~ capital + PEA + fertilizante + capital:PEA						
	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	Pr(>Chi)	
1	129	82.058				
2	128	79.204	1	2.8538	0.02094 *	
---						
Signif. codes:	0	'***'	0.001	'**'	0.01	'*'
				0.05	'. '	0.1 ' '

```
mod_nulo=glm(cereal~1,family=Gamma(link=identity),data=datos)
D2_gamma=(mod_nulo$deviance-mod_gamma$deviance) /
mod_nulo$deviance
D2_gamma2=(mod_nulo$deviance-mod_gamma2$deviance) /
mod_nulo$deviance
D2_gamma;D2_gamma2
```

```
[1] 0.8548226  
[1] 0.8598716
```

## Trabajo práctico N° 24.

### Distribución de Poisson y binomial negativa

#### 24. 1. Problema y datos

```
datos=read.table("datos_p_24.txt")  
names(datos)
```

Se quiere comprender cómo varía la demanda de viajes en lancha (*trips*) a partir de una serie de predictores relevantes para el mercado recreacional.<sup>6</sup>

- *Trips*: número de viajes en lancha solicitados a una determinada agencia.
- *Quality*: un orden (ranking) subjetivo de la calidad de la lancha.
- *Ski*: si se contrató ski acuático.
- *Income*: el ingreso familiar.
- *Userfee*: indica si la persona tuvo que pagar un derecho de uso en el lago destino.
- CostC, costS, costH: costos de oportunidad.

#### 24. 2. Distribución Poisson

Como estamos queriendo modelar el número de viajes solicitados a cada agencia, variable cuantitativa discreta que resulta de un conteo, podríamos modelar estos datos utilizando una distribución Poisson.

Una ventaja en usar una distribución Poisson es que la probabilidad para valores negativos es cero. Además al suponer que la media es igual a la varianza permite modelar heterogeneidad de varianzas. Sin embargo, en economía muchas veces se observan datos en los que la varianza es mayor que la media y este fenómeno se llama sobredispersión.

```
mod_poisson=glm(trips~quality+ski+income+userfee+costC+costS+cos  
tH,  
data=datos,family=poisson(link="log"))  
summary(mod_poisson)
```

Call:

---

<sup>6</sup> Los datos fueron obtenidos de Gelman y Hill (2007).

```
glm(formula = trips ~ quality + ski + income + userfee + costC +
    costS + costH, family = poisson(link = "log"), data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.9471	-1.0149	-0.2532	0.8884	2.4638

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	0.8997103	0.1705453	5.275	1.32e-07 ***
quality	0.2368516	0.0356710	6.640	3.14e-11 ***
skiyes	0.3964794	0.0820709	4.831	1.36e-06 ***
income	-0.0338797	0.0246441	-1.375	0.169206
userfeeeyes	0.4868726	0.1318410	3.693	0.000222 ***
costC	-0.0005908	0.0087377	-0.068	0.946090
costS	-0.0290212	0.0044563	-6.512	7.39e-11 ***
costH	0.0252301	0.0067742	3.724	0.000196 ***
---				
Signif. codes:	0	'***'	0.001	'**'
	0.01	'*'	0.05	'. '
	0.1	' '	1	

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 311.58 on 126 degrees of freedom

Residual deviance: 168.34 on 119 degrees of freedom

AIC: 611.55

Number of Fisher Scoring iterations: 4

Estime la potencia de alguno de los tests elegidos.

Justifique el valor de la hipótesis alternativa elegida para estimar la potencia y explique su importancia en el contexto del problema.

```
anova(mod_poisson, test="Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: poisson, link: log

Response: trips

Terms added sequentially (first to last)

Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
----	----------	-----------	------------	----------

```

NULL                      126    311.58
quality     1   21.956    125    289.62 2.790e-06 ***
ski         1    3.036    124    286.58 0.0814292 .
income      1   13.279    123    273.31 0.0002684 ***
userfee     1   20.690    122    252.62 5.399e-06 ***
costC        1   13.296    121    239.32 0.0002659 ***
costS        1   57.202    120    182.12 3.932e-14 ***
costH        1   13.781    119    168.34 0.0002054 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Evaluemos la presencia de sobredispersión:

```
deviance(mod_poisson)/df.residual(mod_poisson)
```

```
[1] 1.414592
```

Recordamos que si la especificación del modelo Poisson es correcta, la Devianza residual debería seguir una distribución de «Chi<sup>2</sup>» con los grados de libertad residuales.

La media de la «Chi<sup>2</sup>» es igual a los grados de libertad residuales. Por lo tanto, se espera que la «Residual deviance» sea igual a los grados de libertad residuales.

Si la «Residual deviance» es mayor que los «residual degrees of freedom» estamos en presencia de sobredispersión. En este caso la varianza no es igual a la media, como asume una distribución Poisson.

La falta de cumplimiento en los supuestos puede deberse, por ejemplo, a que no hemos incluido los predictores adecuados en el modelo o a que los datos no tienen distribución Poisson.

También podemos evaluar la hipótesis nula que dice que el «Residual deviance» proviene de una distribución «Chi<sup>2</sup>» con «df=grados de libertad». Residuales:

```
pchisq(q = deviance(mod_poisson),df =
df.residual(mod_poisson),lower=FALSE)
```

```
[1] 0.00198
```

Plantee la hipótesis nula y la hipótesis alternativa.  
Concluya.

## 24.3. Distribución binomial negativa

La distribución binomial negativa es útil para describir variables cuantitativas discretas, por ejemplo, conteos. A diferencia de la distribución binomial, ahora sabemos el límite inferior (generalmente cero) pero no conocemos el límite superior. Es decir que no estamos trabajando con proporciones.

La distribución binomial negativa no es parte de la familia exponencial (normal, binomial, gamma, Poisson, etcétera).

La distribución binomial negativa tiene dos parámetros, la media y el parámetro de agregación (que llamaremos «Theta»).

«Theta» = media<sup>2</sup> / (varianza - media)

Reordenando:

Varianza = ((media<sup>2</sup>) / Theta) + media

Por lo tanto, cuanto mayor es «Theta» menor es la varianza (mayor es la agregación).

La distribución Poisson es un caso particular de la distribución binomial, en el que «Theta» = infinito, dado que la media es igual a la varianza.

Como a «Theta» no se le permite tomar valores negativos, la distribución binomial negativa no es adecuada para situaciones en las que la varianza es menor que la media. Esto es bien distinto a la distribución binomial en la que suponíamos que la varianza era menor que la media.

```
install.packages("MASS")
library(MASS)
mod_negbin<-glm.nb(trips~quality+ski+income+userfee+costC+costS+
costH,
                     data=datos, link=log)
```

Usamos el mismo «log» link» que en una Poisson:

```
summary(mod_negbin)
```

Call:

```
glm.nb(formula = trips ~ quality + ski + income + userfee + costC +
costS + costH, data = datos, link = log, init.theta = 14.83718619)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.7072	-0.9276	-0.2249	0.7533	1.9500

Coefficients:

```

            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.932892  0.198322  4.704 2.55e-06 ***
quality      0.224604  0.042035  5.343 9.13e-08 ***
skiyes       0.370340  0.097950  3.781 0.000156 ***
income       -0.030309  0.028859 -1.050 0.293609
userfeeyes   0.458847  0.168930  2.716 0.006604 **
costC        0.001522  0.010513  0.145 0.884874
costS        -0.028385  0.005305 -5.350 8.78e-08 ***
costH        0.022798  0.008009  2.846 0.004421 **
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(14.8372) family taken
to be 1)

```

Null deviance: 221.14 on 126 degrees of freedom  
 Residual deviance: 122.23 on 119 degrees of freedom  
 AIC: 605.87  
 Number of Fisher Scoring iterations: 1

Theta: 14.84  
 Std. Err.: 6.75

2 x log-likelihood: -587.868

El «Std. Err.: 6.75» es el error estándar asociado a «Theta». Explique qué significa este error estándar y cuál es su utilidad en el contexto del problema.

Compare e interprete:

**deviance(mod\_poisson)/df.residual(mod\_poisson)**

[1] 1.414592

**deviance(mod\_negbin)/df.residual(mod\_negbin)**

[1] 1.027125

¿Cuántos viajes realizarán en promedio familias con un ingreso de 5, que califican a su lancha con un 3, a las que no les interesa el ski acuático, no tuvieron que pagar derecho de uso en el lago, dados los costos de oportunidad promedio observados en la base de datos?

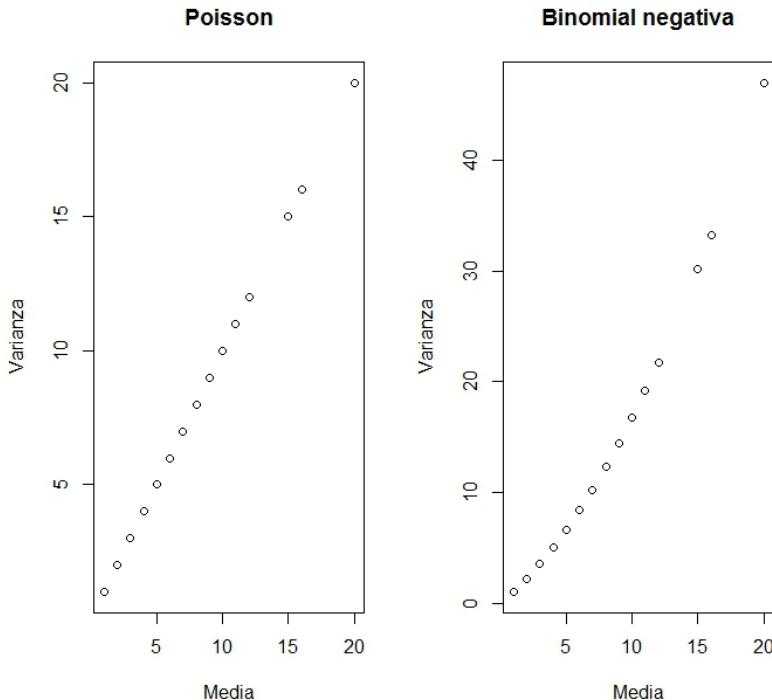
¿Cuánto es la variabilidad entre esas familias?  
¿Cuáles son las unidades del estadístico elegido?

#### 24.4. Varianza en función de la media

Grafiquemos cómo cambia la varianza con la media según el modelo estimado:

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(datos$trips,datos$trips,xlab="Media",
      ylab="Varianza",main="Poisson")
plot(datos$trips,((datos$trips^2/14.84)+datos$trips),
      xlab="Media", ylab="Varianza",main="Binomial negativa")
```

**Figura 24.1.** Evolución de la varianza en función de la media para distribuciones Poisson y binomial negativa



```
anova(mod_negbin,test="Chisq")
```

```
Analysis of Deviance Table
Model: Negative Binomial(14.8372), link: log
```

Response: trips

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid.	Df	Resid.	Dev	Pr(>Chi)
NULL				126		221.14	
quality	1	16.128		125	205.01	5.920e-05	***
ski	1	2.352		124	202.66	0.1251293	
income	1	9.802		123	192.85	0.0017430	**
userfee	1	14.233		122	178.62	0.0001615	***
costC	1	8.615		121	170.01	0.0033347	**
costS	1	39.621		120	130.39	3.084e-10	***
costH	1	8.158		119	122.23	0.0042864	**
---							
Signif. codes:	0	'***'	0.001	'**'	0.01	'*'	0.05
	.	.	0.1	.	1		

Plantee hipótesis e interprete:

¿Qué significa el valor esperado de una variable aleatoria?

Para los coeficientes de regresión parcial significativamente distintos de cero: los valores estimados por el modelo Poisson y por el modelo «negbinom» son parecidos:

`coef(mod_poisson); coef(mod_negbin)`

## 24.5. GLM y binomial negativa

La función «GLM» puede ajustar una binomial negativa.

Pero puede probarse:

```
mod_negbin_B<-glm(trips~quality+ski+income+userfee+costC+costS+costH,  
                    data=datos, family=negative.binomial(link="log"))
```

Tenemos que indicarle el valor estimado de «theta».

Demos el mismo valor que observamos arriba cuando estimamos el modelo con la función «glm.nb»:

```
mod_negbin_B<-glm(trips~quality+ski+income+userfee+costC+costS+costH,  
                    data=datos, family=negative.binomial(theta=14.84, link="log"))
```

Y ahora corre, comparemos:

```
round(coef(mod_poisson), digits =3); round(coef(mod_negbin), digits = 3); round(coef(mod_negbin_B), digits = 3)
```

¿Qué observan?

Si ponemos otro «theta»:

```
mod_negbin_C<-glm(trips~quality+ski+income+userfee+costC+costS+costH,  
data=datos, family=negative.binomial(theta=2, link="log"))
```

Naturalmente da valores distintos para los coeficientes parciales:

```
round(coef(mod_poisson), digits =3); round(coef(mod_negbin), digits = 3); round(coef(mod_negbin_B), digits = 3); round(coef(mod_negbin_C), digits = 3)
```

Concluya en función de:

```
AIC(mod_negbin,mod_negbin_B,mod_negbin_C)
```

df	AIC
mod_negbin	9 605.8684
mod_negbin_B	8 603.8684
mod_negbin_C	8 651.2831

¿Cuál es el modelo con mejor bondad de ajuste?

Aclaración: «mod\_negbin» da un valor ligeramente distinto a «mod\_negbin\_B» porque la función «glm.nb» estima un parámetro más («theta»), mientras que a «glm» le damos el valor estimado de «theta».

Entonces, la verosimilitud es la misma en ambos modelos:

```
c(logLik(mod_negbin), logLik(mod_negbin_B))
```

```
[1] -293.9342 -293.9342
```

Lo que cambia es el número de parámetros y, por lo tanto, el AIC:

```
c(AIC(mod_negbin),-2*logLik(mod_negbin)+2*9)
```

```
[1] 605.8684 605.8684
```

Distinto a:

```
c(AIC(mod_negbin_B),-2*logLik(mod_negbin)+2*8)
```

```
[1] 603.8684 603.8684
```

Por lo tanto no es muy útil utilizar la función «glm» para estimar modelos con distribución binomial negativa ya que tenemos que darle nosotros el valor estimado de «theta».

Ojo que «glm» estima binomial negativa siempre y cuando tengan el paquete *mass* instalado, el cual incopora la función binomial negativa.

Pruebe:

```
detach("package:MASS")
mod_negbin_B<-glm(trips~quality+ski+income+userfee+costC+costS+
costH,
                    data=datos, family=negative.binomial(theta=14.84, link="log"))
```

En cambio:

```
library(MASS)
mod_negbin_B<-glm(trips~quality+ski+income+userfee+costC+costS+
costH,
                    data=datos, family=negative.binomial(theta=14.84, link="log"))
```

Escala variable respuesta:

```
«mu(i)=exp (B0 + B1*quality(i) + B2*skiyes(i) + B3*income(i) +
B4*userfeeyes(i) +
+ B5*costC(i) + B6*costS(i) + B7*costH(i) )»
```

«Poisson»:

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(predict(mod_poisson, type="response"), datos$trips,
     ylab="viajes observados (número)", xlab="viajes predichos (número)",
     main="Poisson")
abline(a=0,b=1, col="green", lwd=3)

plot(predict(mod_negbin, type="response"), datos$trips,
     ylab="viajes observados (número)", xlab="viajes predichos (número)",
     main="Binomial negativa")
abline(a=0,b=1, col="green", lwd=3)
```

Escala «log»:

El «glm» estimó los parámetros de un modelo lineal en escala «log» por el método de máxima verosimilitud:

```
«log(mu(i))= B0 + B1*quality(i) + B2*skiyes(i) + B3*income(i) +
B4*userfeeyes(i) +
+ B5*costC(i) + B6*costS(i) + B7*costH(i)».
```

```
par(mfrow=c(1,2))
```

```

plot(predict(mod_poisson, type="link"),log(datos$trips),
      ylab="viajes observados (ln n\'um)", xlab="viajes predichos (ln n\'um)",
      main="Poisson")
abline(a=0,b=1,col="green", lwd=3)

plot(predict(mod_negbin, type="link"),log(datos$trips),
      ylab="viajes observados (ln n\'um)", xlab="viajes predichos (ln n\'um)",
      main="Binomial negativa")
abline(a=0,b=1,col="green", lwd=3)

```

## 24. 6. Supuestos

Residuos versus predichos:

```

par(mfrow=c(1,2))
plot(predict(mod_poisson, type="link"),resid(mod_poisson,
type="deviance"),
      ylab="residuos (ln n\'um viajes)", xlab="viajes predichos (ln n\'um)",
      main="Poisson")
abline(a=0,b=0,col="green", lwd=3)

plot(predict(mod_negbin, type="link"),resid(mod_negbin,
type="deviance"),
      ylab="residuos (ln n\'um viajes)", xlab="viajes predichos (ln n\'um)",
      main="Binomial negativa")
abline(a=0,b=0,col="green", lwd=3)

res_poisson=resid(mod_poisson, type="deviance")
hist(res_poisson)
qqnorm(res_poisson)
qqline(res_poisson)
library(moments)
kurtosis(res_poisson)
skewness(res_poisson)

res_negbin=resid(mod_negbin, type="deviance")
hist(res_negbin)
qqnorm(res_negbin)
qqline(res_negbin)
library(moments)
kurtosis(res_negbin)
skewness(res_negbin)

```

Plantee la función de verosimilitud para los dos modelos evaluados.

## 24. 6. 1. Poisson

A medida que aumenta lambda (= media = varianza) la distribución poisson se asemeja a una normal:

```
x<-seq(from=1,to=40,by=1)
par(mfrow=c(3,3))
y<-dpois(x,lambda=0.5)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=1)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=2)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=4)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=6)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=8)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=10)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=15)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=20)
plot(x,y,type="h")
```

## 24. 6. 2. Binomial Negativa

Size = «theta»:

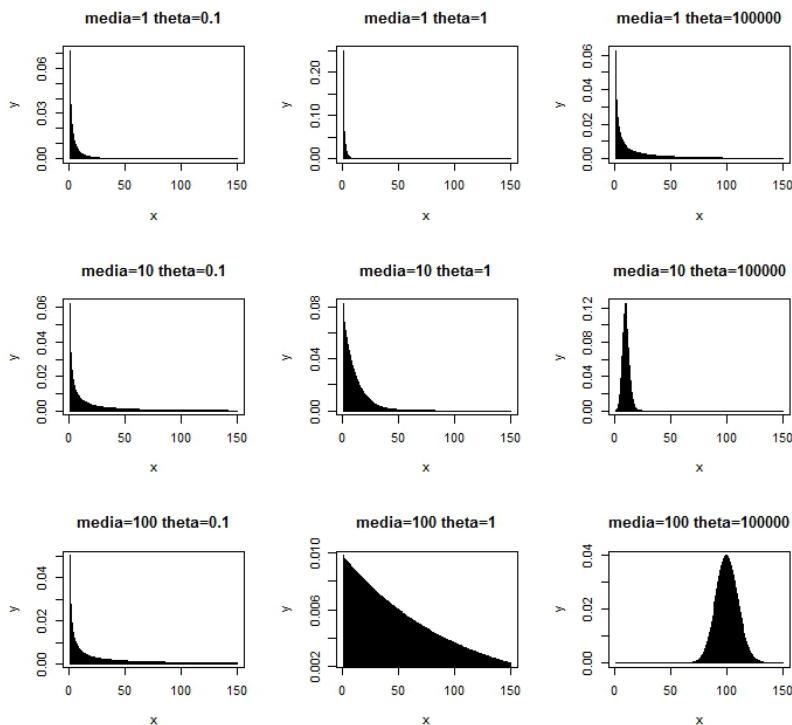
```
x<-seq(from=1,to=150,by=1)
par(mfrow=c(3,3))
y<-dnbinom(x,mu=1,size=0.1)
plot(x,y,type="h", main="media=1 theta=0.1")
y<-dnbinom(x,mu=1,size=1)
plot(x,y,type="h", main="media=1 theta=1")
y<-dnbinom(x,mu=1,size=100000)
plot(x,y,type="h", main="media=1 theta=100000")
y<-dnbinom(x,mu=10,size=0.1)
plot(x,y,type="h", main="media=10 theta=0.1")
y<-dnbinom(x,mu=10,size=1)
plot(x,y,type="h", main="media=10 theta=1")
y<-dnbinom(x,mu=10,size=100000)
```

```

plot(x,y,type="h", main="media=10 theta=100000")
y<-dnbinom(x,mu=100, size=0.1)
plot(x,y,type="h", main="media=100 theta=0.1")
y<-dnbinom(x,mu=100, size=1)
plot(x,y,type="h", main="media=100 theta=1")
y<-dnbinom(x,mu=100, size=100000)
plot(x,y,type="h", main="media=100 theta=100000")

```

**Figura 24. 2.** Función de densidad de la distribución binomial negativa para diferentes valores de la media y «theta»



Cuando «theta» es = 1 (los tres paneles del medio) la binomial negativa también es conocida como la distribución geométrica.

Cuanto mayor es la media «Y» el «theta», la binomial negativa se parece a una normal.

Cuanto mayor es «theta» la binomial negativa se parece a una distribución Poisson.

## Trabajo práctico N° 25. Ejercicios varios

### 25. 1. Problema y datos

```
datos=read.table("datos_p_25.txt", header=T, dec=",")  
str(datos)
```

### 25. 2. Primer ejercicio

Se desea comprender cómo varía la cantidad de hijos menores de un hogar en función de:<sup>7</sup>

«prom\_niveled»: el nivel educativo promedio de los habitantes mayores de edad de la casa.

Empleo: la situación laboral de la casa.

Empleado: Se encuentra trabajando.

Desempleado: no tiene trabajo pero está buscando.

Inactivo: no tiene trabajo pero tampoco está buscando ya sea porque tiene capitales invertidos u otros motivos.

ITF: ingreso total familiar.

Región

```
summary(datos)
```

Para los objetivos particulares de este problema nos interesa juntar a los desempleados y a los inactivos:

```
for (i in 1:length(datos$Cant_menores)) {  
  datos$Empleo_2[i]=if(datos$Empleo[i]=="EMP") {"SI"} else {"NO"}  
}  
datos$Empleo_2 = factor(datos$Empleo_2)
```

```
View(datos)
```

```
str(datos)
```

```
summary(datos)
```

¿Cuál es el tamaño de la muestra?

¿Cuál es la unidad experimental, la muestra y la población?

¿Es un DCA o un DBCA?

---

<sup>7</sup> Los datos fueron obtenidos de Gelman y Hill (2007).

Si un experimento es mensurativo, ¿podría ser un DBCA?

¿Cuántos hogares de los encuestados no tuvieron hijos?

```
length(subset(datos$Cant_menores, datos$Cant_menores==0))
```

```
[1] 270
```

¿Qué porcentaje representa del total?

```
length(subset(datos$Cant_menores, datos$Cant_menores==0)) /  
length(datos$Cant_menores) * 100
```

```
[1] 47.61905
```

Casi la mitad de los hogares en la Argentina no tiene hijos... Interesante.

Alternativamente:

```
par(mfrow=c(1,1))  
hist(datos$Cant_menores)  
hist(datos$Cant_menores, right= FALSE)
```

¿Cuál es la diferencia entre ambos histogramas?

```
summary(datos)
```

Antes de lanzarse a estimar un modelo:

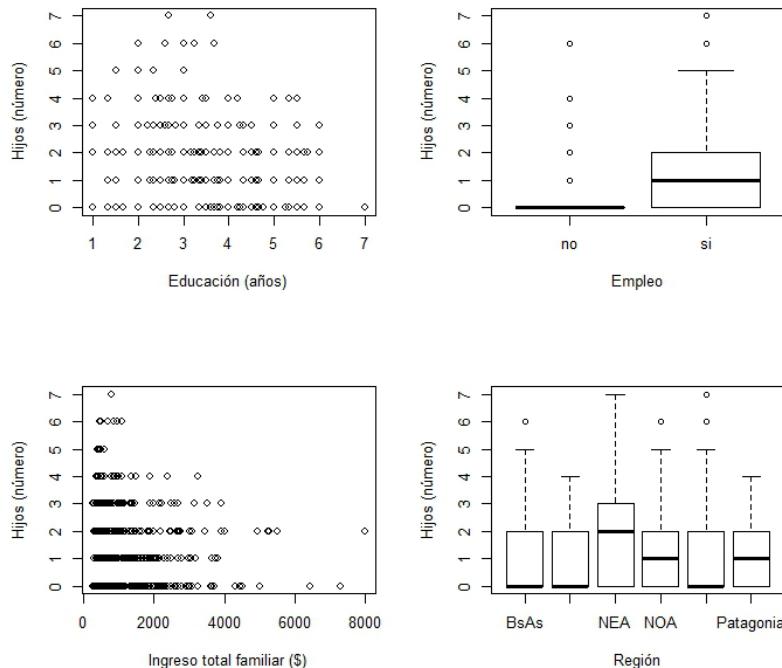
1) Ideas claras (marco conceptual) y 2) explore datos

Por ejemplo:

```
par(mfrow=c(2,2))  
plot(datos$prom_niveled,datos$Cant_menores,xlab="Educación  
(años)",ylab="Hijos (número)")  
plot(datos$Empleo_2,datos$Cant_menores,xlab="Empleo",ylab="Hijos  
(número)")  
plot(datos$ITF,datos$Cant_menores,xlab="Ingreso total familiar ($)",  
ylab="Hijos (número)")  
plot(datos$Region,datos$Cant_menores,xlab="Región",ylab="Hijos  
(número)")
```

Interprete cada uno de los gráficos en términos del problema:

**Figura 25.1.** Exploración general de los datos



**Nota:** Cantidad de hijos en función de años de educación, cantidad de hijos en función de empleado o no, cantidad de hijos en función de ingreso total familiar y cantidad de hijos según región geográfica.

Poisson

```
mod_poisson=glm(Cant_menores~prom_niveled+Empleo_2+ITF+Region,
                  data=datos,family=poisson(link="log"))
summary(mod_poisson)
```

Call:

```
glm(formula = Cant_menores ~ prom_niveled + Empleo_2 + ITF +
    Region, family = poisson(link = "log"), data = datos)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.3312	-1.4086	-0.5288	0.6337	4.9737

Coefficients:

		Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)		-9.390e-01	2.226e-01	-4.219	2.46e-05 ***
prom_niveled		-1.324e-01	3.268e-02	-4.051	5.10e-05 ***
Empleo_2si		1.678e+00	1.990e-01	8.436	< 2e-16 ***
ITF		-3.362e-05	4.523e-05	-0.743	0.45735
RegionCuyo		3.014e-02	1.712e-01	0.176	0.86022
RegionNEA		4.043e-01	1.349e-01	2.998	0.00272 **
RegionNOA		1.598e-01	1.219e-01	1.310	0.19007
RegionPampeana		-9.167e-02	1.170e-01	-0.784	0.43329
RegionPatagonia		1.440e-01	1.662e-01	0.867	0.38606
---					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 1030.5 on 566 degrees of freedom  
Residual deviance: 870.1 on 558 degrees of freedom  
AIC: 1655.8

Number of Fisher Scoring iterations: 6

**anova(mod\_poisson,test="Chisq")**

Analysis of Deviance Table

Model: poisson, link: log

Response: Cant\_menores

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL			566	1030.53	
prom_niveled	1	11.303	565	1019.22	0.0007737 ***
Empleo_2	1	130.624	564	888.60	< 2.2e-16 ***
ITF	1	1.592	563	887.01	0.2069761
Region	5	16.906	558	870.10	0.0046818 **
---					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

¿La varianza es más grande que la media?

```
deviance(mod_poisson)/df.residual(mod_poisson)
pchisq(q = deviance(mod_poisson), df =
df.residual(mod_poisson), lower=FALSE)
```

Plantee «H0» y «H1».

Entonces:

```
<install.packages("MASS")>
library(MASS)
mod_negbin<-glm.
nb(Cant_menores~prom_niveled+Empleo+ITF+Region,
  data=datos, link=log)
summary(mod_negbin)
```

Obtenga el «valor-p» que se observa en el «summary» para el efecto del nivel promedio de educación utilizando la función «pnorm»:

Compare e interprete:

```
deviance(mod_poisson)/df.residual(mod_poisson)
```

```
[1] 1.559319
```

```
deviance(mod_negbin)/df.residual(mod_negbin)
```

```
[1] 1.027125
```

Interprete los siguientes intervalos de confianza:

```
confint(mod_negbin, level=0.99)
```

Interprete:

```
predict.lm(mod_negbin,interval="confidence")
predict.lm(mod_negbin,interval="prediction")
```

Interprete el siguiente análisis de devianza:

```
anova(mod_negbin,test="Chisq")
```

```
Analysis of Deviance Table
```

```
Model: Negative Binomial(14.8372), link: log
```

```
Response: trips
```

```
Terms added sequentially (first to last)
```

```

Df Deviance Resid. Df Resid. Dev Pr(>Chi)
NULL                      126    221.14
quality      1    16.128     125    205.01 5.920e-05 ***
ski          1     2.352     124    202.66 0.1251293
income        1     9.802     123    192.85 0.0017430 **
userfee      1    14.233     122    178.62 0.0001615 ***
costC         1     8.615     121    170.01 0.0033347 **
costS         1    39.621     120    130.39 3.084e-10 ***
costH         1     8.158     119    122.23 0.0042864 **
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

```

Explique la diferencia entre este análisis de devianza y un análisis de varianza con sc-Secuencial y un análisis de varianza con sc-Parcial.

¿Cuáles son las diferencias entre el estadístico «F» y el cociente de verosimilitudes?

Plantee la función de «verosimilitud» para los dos modelos evaluados.

Se propone que el efecto del nivel de educación varía según el empleo. En particular, se propone que en hogares con desempleo el efecto de la educación sobre la cantidad de hijos es mayor.

Realice las modificaciones que considere pertinentes en el modelo para evaluar este aspecto y concluya:

- ¿Qué es la multicolinealidad y cómo afecta la estimación de los parámetros? ¿Sucede en este caso?
- ¿Cuál es la diferencia entre una pendiente y un coeficiente de regresión parcial?
- Concluya respecto de las ideas que motivaron este análisis.
- ¿Cuál es la probabilidad de error asociada a su conclusión?
- ¿Cuántos hijos menores esperaría para un hogar en el nea con empleo, con 6 años de educación promedio y \$ 4870 de ITF? ¿Cuál es la varianza en este caso?
- ¿Qué utilidad tiene conocer la varianza?
- ¿El AIC es una medida de bondad de ajuste? ¿Por qué?

Desde el punto de vista del diseño experimental:

¿Qué medidas tomaría para disminuir el AIC?

Evalué los supuestos del modelo elegido.

Aquí observamos datos para los cuales la binomial negativa (o Poisson) no es un modelo adecuado.

Del gráfico cuantil-cuantil y de los histogramas se observa que los datos tienen más ceros de lo que se espera según una Poisson o una binomial negativa.

```
hist(datos$Cant_menores)
```

Las distribuciones que habitualmente se utilizan en estos datos se llaman distribuciones infladas en cero.

Para otro libro, porque este se acaba.... Ver:

```
install.packages("pscl")
library("pscl")
?zeroinfl
zero-inflated Poisson (zip)
zero-inflated negative binomial (zinb)
zero-altered Poisson (zap)
zero-altered negative binomial (zanb)
```

### 25. 3. Segundo ejercicio

Cambiando de tema pero con los mismos datos, evalúe si el empleo difiere significativamente según regiones.

Interprete el siguiente gráfico, plantee un modelo acorde y evalúe sus supuestos:

```
par(mfrow=c(1,1))
plot(datos$Region,datos$Empleo_2,ylab="Empleo",xlab="Región")
```

Una ayuda:

```
for (i in 1:length(datos$Cant_menores)) {
  datos$Empleo_num[i]=if(datos$Empleo[i]=="emp") {"1"} else {"0"}
}
datos$Empleo_num=as.numeric(datos$Empleo_num)

str(datos)
View(datos)
```

## Trabajo práctico Nº 26. Ejemplos de diferentes distribuciones y sus relaciones varianza versus media

### 26. 1. Distribuciones

#### 26. 1. 1. Binomial

- Unidad experimental: cada pueblo de la Argentina.
- Muestra: los pueblos evaluados de la Argentina.
- Población: todos los pueblos de la Argentina.

En cada pueblo se encuesta a 29 personas y se les pregunta si votarán al candidato liberal (no votarlo incluye voto en blanco).

Proponemos que  $\langle Y_i \sim \text{Binom}(p, N) \rangle$  donde  $\langle Y_i \rangle$  es el número de personas que vota al candidato liberal en el pueblo  $\langle i \rangle$ .

$\langle p \rangle$  es la probabilidad individual de votar al candidato liberal.

$\langle N \rangle$  es 29 en este caso. Utilizamos  $\langle N \rangle$  para diferenciarlo de  $\langle N \rangle$ , el tamaño poblacional.

```
espacio_muestral=seq(from=0,to=29,by=1)
espacio_muestral
```

El espacio muestral son los resultados posibles para cada unidad experimental luego de cada experimento aleatorio.

Supongamos que la probabilidad individual de votar al candidato liberal es 0.9.

Entonces la distribución de datos será:

```
resultado=dbinom(espacio_muestral,size=29,prob=0.9)
resultado
```

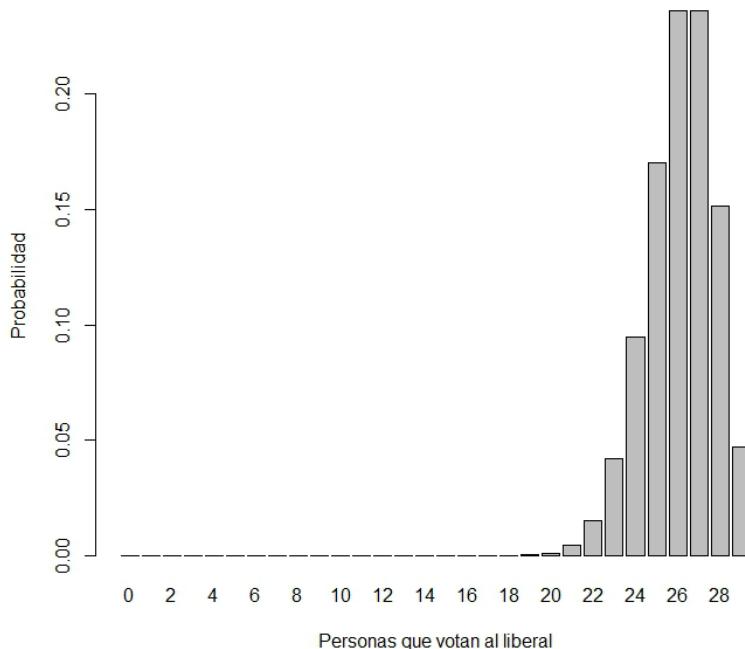
Corrobaremos que la suma de las probabilidades sea igual a 1:

```
sum(resultado)
```

Vamos bien, veamos el histograma:

```
barplot(resultado,names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad",xlab="Personas que votan al liberal")
```

**Figura 26.1.** Distribución de probabilidad de la cantidad de personas que votan al candidato liberal, de una muestra de 29 personas y una probabilidad individual de 0,9 de votar al candidato liberal



Dada esta distribución, ¿cuál es la probabilidad de que en un pueblo elegido al azar se observen hasta 2 personas que voten al candidato liberal?

**pb<sub>n</sub>om(2, size=29, prob=0.9)**

```
[1] 3.3148e-25
```

¿Y hasta 26 personas?

**pb<sub>n</sub>om(26, size=29, prob=0.9)**

```
[1] 0.56504
```

¿Exactamente 26 personas?

**a = pb<sub>n</sub>om(25, size=29, prob=0.9)**

**b = pb<sub>n</sub>om(26, size=29, prob=0.9)**

**b-a**

```
[1] 0.2360879
```

¿Más de 26 personas?

**1-b**

```
[1] 0.43496
```

La media de la distribución

«N' \* p»

**29\*0.9**

```
[1] 26.1
```

Otra manera:

```
sum(resultado*espacio_muestral)
```

Veamos cómo cambia la distribución para valores crecientes de probabilidad individual:

```
par(mfrow=c(3,3))
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.01)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.01")
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.05)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.05")
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.10)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.10")
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.25)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.25")
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.50)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.50")
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.75)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.75")
```

```

resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.90)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.90")
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.95)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.95")
resultado = dbinom(espacio_muestral, size=29, prob=0.99)
barplot(resultado, names.arg=espacio_muestral,
        ylab="Probabilidad", xlab="Personas que votan al liberal",
        main="p=0.99")

```

Es evidente que cambios en «*p*» implican cambios en la media y en la varianza de la distribución.

Recuerden:

$$\text{media} = N \cdot p$$

$$\text{varianza} = N \cdot p \cdot q$$

Realicen gráficos similares modificando *N*.

Antes de continuar discutamos cómo expandir este modelo simple para reflejar que «*p*» varía entre pueblos y que esa variación se debe en parte al ingreso promedio que presentan las personas en ese pueblo.

### 26. 1. 2. Gamma

La distribución Gamma es interesante para modelar un amplio rango de procesos en los que:

- La variable respuesta es cuantitativa continua.
- La variable respuesta toma valores mayores a cero.
- La distribución de la variable respuesta es asimétrica positiva (con una cola larga hacia la derecha, es decir hacia, valores grandes).
- La varianza aumenta más que linealmente con la media.
- La gamma presenta cv (coeficiente de variación) constante e igual a `ssqrt("shape")`. Continúe leyendo para entender.
- La distribución de la variable respuesta puede tomar distintos valores de curtosis.

Aquí seguimos la parametrización de Gamma según Faraway (2006), que es la utilizada en la función «glm» (ojo que «dgamma» usa una parametrización ligeramente distinta).

Entonces tenemos dos parámetros, la media y la «forma (shape)».

«Varianza = media<sup>2</sup> / forma».

Si asumimos un valor de forma constante. La relación entre varianza y media es:

```
curve(x^2/7)
```

Con otro valor de forma:

```
curve(x^2/3)
```

Algunas distribuciones gamma con distinta forma: para valores grandes de «forma(shape)» la distribución gamma se vuelve simétrica y con forma de campana. En estos casos una distribución normal podría ser utilizada para modelar nuestros datos.

```
x<-seq(from=0.01,to=120,by=.01)
y=matrix(ncol=27, nrow=length(x))
par(mfrow=c(3,3))
y[,1]<-dgamma(x,shape=0.5)
plot(x,y[,1],type="l")
y[,2]<-dgamma(x,shape=1)
plot(x,y[,2],type="l")
y[,3]<-dgamma(x,shape=2)
plot(x,y[,3],type="l")
y[,4]<-dgamma(x,shape=3)
plot(x,y[,4],type="l")
y[,5]<-dgamma(x,shape=4)
plot(x,y[,5],type="l")
y[,6]<-dgamma(x,shape=5)
plot(x,y[,6],type="l")
y[,7]<-dgamma(x,shape=6)
plot(x,y[,7],type="l")
y[,8]<-dgamma(x,shape=7)
plot(x,y[,8],type="l")
y[,9]<-dgamma(x,shape=15)
plot(x,y[,9],type="l")
```

La distribución gamma no acepta «y=0».

¿Que unidades presenta el eje «y»?

```
library(moments)
kurtosis(y[1:9])
```

A medida que aumenta el *shape* también disminuye la curtosis.

```
skewness(y[1:9])
```

Siempre asimetría positiva que disminuye a mayor *shape*.

La distribución Gamma no puede ser asimétrica negativa.

Probemos aumentando aún más el *shape*:

```
par(mfrow=c(3,3))
y[10]<-dgamma(x,shape=10)
plot(x,y[10],type="l")
y[11]<-dgamma(x,shape=20)
plot(x,y[11],type="l")
y[12]<-dgamma(x,shape=30)
plot(x,y[12],type="l")
y[13]<-dgamma(x,shape=40)
plot(x,y[13],type="l")
y[14]<-dgamma(x,shape=50)
plot(x,y[14],type="l")
y[15]<-dgamma(x,shape=60)
plot(x,y[15],type="l")
y[16]<-dgamma(x,shape=70)
plot(x,y[16],type="l")
y[17]<-dgamma(x,shape=80)
plot(x,y[17],type="l")
y[18]<-dgamma(x,shape=90)
plot(x,y[18],type="l")
```

```
kurtosis(y[1:18])
```

A medida que aumenta el *shape* también disminuye la curtosis.

```
skewness(y[1:18])
```

Siempre asimetría positiva.

## 26. 1. 3. Chi<sup>2</sup>

La «Chi<sup>2</sup>» surge de sumas de normales estándar (z) al cuadrado y tiene un único parámetro = grados de libertad.

Chi<sup>2</sup> con 1 gl = z<sup>2</sup>

Chi<sup>2</sup> con 2 gl = z<sup>2</sup> + z<sup>2</sup>

$\text{Chi}^2 \text{ con } 3 \text{ gl} = z^2 + z^2 + z^2$   
 $\text{Chi}^2 \text{ con } 4 \text{ gl} = z^2 + z^2 + z^2 + z^2$

```
chi_1 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2  
chi_2 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2  
chi_3 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2  
chi_4 = rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0, sd=1)^2 + rnorm(n=9999, mean=0,  
sd=1)^2
```

Comparemos gráficamente con la distribución «chi»:

```
par(mfcol=c(2,2))  
hist(chi_1, freq=F)  
lines(density(chi_1), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=1:  
`lines(density(rchisq(n=9999,df=1)), col="red")`

```
hist(chi_2, freq=F)  
lines(density(chi_2), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=2:  
`lines(density(rchisq(n=9999,df=2)), col="red")`

```
hist(chi_3, freq=F)  
lines(density(chi_3), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=3:  
`lines(density(rchisq(n=9999,df=3)), col="red")`

```
hist(chi_4, freq=F)  
lines(density(chi_4), col="blue")
```

Es igual a la distribución «chi» con grados de libertad=4:  
`lines(density(rchisq(n=9999,df=4)), col="red")`

La media de la «Chi<sup>2</sup>» es igual a los grados de libertad (el único parámetro de la distribución).

Veamos, para un grado de libertad:

```
mean(rchisq(n=99999, df=1))
```

Para dos grados de libertad:

```
mean(rchisq(n=999999, df=2))
```

Para tres grados de libertad:

```
mean(rchisq(n=999999, df=3))
```

Y ya que R hace el trabajo, veamos para cuatro grados de libertad también:

```
mean(rchisq(n=999999, df=4))
```

Para más de 10 «gl» y redondeando:

```
round(mean(rchisq(999999,df=10)))  
round(mean(rchisq(999999,df=15)))  
round(mean(rchisq(999999,df=30)))  
round(mean(rchisq(999999,df=60)))  
round(mean(rchisq(999999,df=1000)))
```

La distribución «Chi<sup>2</sup>» es un caso particular de la Gamma. Mientras que la Gamma tiene dos parámetros, la «Chi<sup>2</sup>» tiene un solo parámetro (los grados de libertad).

Según la parametrización de «dgamma», la «Chi<sup>2</sup>» tiene un *rate* constante igual a 0.5, mientras que el *shape* son los grados de libertad dividido 2, (es decir, la media dividido 2).

Si

Media = shape / rate

Media = shape / 0.5

Media = shape \* 2

Media / 2 = shape

Según la parametrización de «dgamma», la «Chi<sup>2</sup>» tiene un *rate* constante igual a 0.5, mientras que el *shape* son los grados de libertad dividido 2.

Veamos cómo cambia la distribución de «Chi<sup>2</sup>» para distintos grados de libertad:

```
x<-seq(from=0.01,to=80,by=.01)  
y=matrix(ncol=9, nrow=length(x))  
par(mfrow=c(3,3))  
y[,1]<-dgamma(x,shape=1/2,rate=0.5)  
plot(x,y[,1],type="l")  
y[,2]<-dgamma(x,shape=5/2,rate=0.5)  
plot(x,y[,2],type="l")  
y[,3]<-dgamma(x,shape=10/2,rate=0.5)  
plot(x,y[,3],type="l")
```

```

y[4]<-dgamma(x,shape=15/2,rate=0.5)
plot(x,y[4],type="l")
y[5]<-dgamma(x,shape=20/2,rate=0.5)
plot(x,y[5],type="l")
y[6]<-dgamma(x,shape=25/2,rate=0.5)
plot(x,y[6],type="l")
y[7]<-dgamma(x,shape=30/2,rate=0.5)
plot(x,y[7],type="l")
y[8]<-dgamma(x,shape=35/2,rate=0.5)
plot(x,y[8],type="l")
y[9]<-dgamma(x,shape=40/2,rate=0.5)
plot(x,y[9],type="l")

```

Por ejemplo, obtenemos 10000 valores aleatorios de una distribución «Chi<sup>2</sup>» con «df= 20»

```

a=rchisq(10000,df=20)
a

```

Nos da lo mismo que obtener 10000 valores de una distribución gamma con *shape* = 20/2 y *rate*=0.5

```

b=rgamma(10000,shape = 20/2, rate=0.5)
b
c(mean(a),mean(b))

par(mfrow=c(2,1))
hist(a, main="chisq")
hist(b, main="gamma")

```

## 26. 1. 4. Poisson

A medida que aumenta «lambda» (= media = varianza) la distribución Poisson se asemeja a una normal:

```

x<-seq(from=1,to=40,by=1)
par(mfrow=c(3,3))
y<-dpois(x,lambda=0.5)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=1)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=2)
plot(x,y,type="h")

```

```

y<-dpois(x,lambda=4)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=6)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=8)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=10)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=15)
plot(x,y,type="h")
y<-dpois(x,lambda=20)
plot(x,y,type="h")

```

## 26. 1. 5. Binomial negativa

*Size = «theta»*

```

x<-seq(from=1,to=150,by=1)
par(mfrow=c(3,3))
y<-dnbinom(x,mu=1,size=0.1)
plot(x,y,type="h", main="media=1 theta=0.1")
y<-dnbinom(x,mu=1, size=1)
plot(x,y,type="h", main="media=1 theta=1")
y<-dnbinom(x,mu=1, size=100000)
plot(x,y,type="h", main="media=1 theta=100000")
y<-dnbinom(x,mu=10, size=0.1)
plot(x,y,type="h", main="media=10 theta=0.1")
y<-dnbinom(x,mu=10, size=1)
plot(x,y,type="h", main="media=10 theta=1")
y<-dnbinom(x,mu=10, size=100000)
plot(x,y,type="h", main="media=10 theta=100000")
y<-dnbinom(x,mu=100, size=0.1)
plot(x,y,type="h", main="media=100 theta=0.1")
y<-dnbinom(x,mu=100, size=1)
plot(x,y,type="h", main="media=100 theta=1")
y<-dnbinom(x,mu=100, size=100000)
plot(x,y,type="h", main="media=100 theta=100000")

```

## 26. 2. Relación varianza versus media para las distribuciones

```

x=c(1:100)
par(mfrow=c(2,3))

```

Binomial

Varianza =  $n \cdot p \cdot q$

```
p=seq(from = 0, to = 1, by = 0.01)
q=1 - p
plot(100*p,100*p*q,type = "l",col = "orange",lwd = 5,
      xlab="Media",ylab="Varianza",main="Binomial")
text(x=17,y=24,"Var < Media",cex=1.2)
```

Poisson

Varianza = media

```
plot(x,x,type = "l",col = "orange",lwd = 5,
      xlab="Media",ylab="Varianza",main="Poisson")
text(x=18,y=95,"Var = Media",cex=1.2)
```

Binomial negativa

Varianza =  $((\text{media}^2) / \Theta) + \text{media}$

```
plot(x,((x^2/10)+x),type = "l",col = "orange",lwd = 5,
      xlab="Media",ylab="Varianza",main="Binomial negativa")
text(x=19,y=1000,"Var > Media",cex=1.2)
```

Normal

Homogeneidad de varianzas = la varianza no cambia con la media:

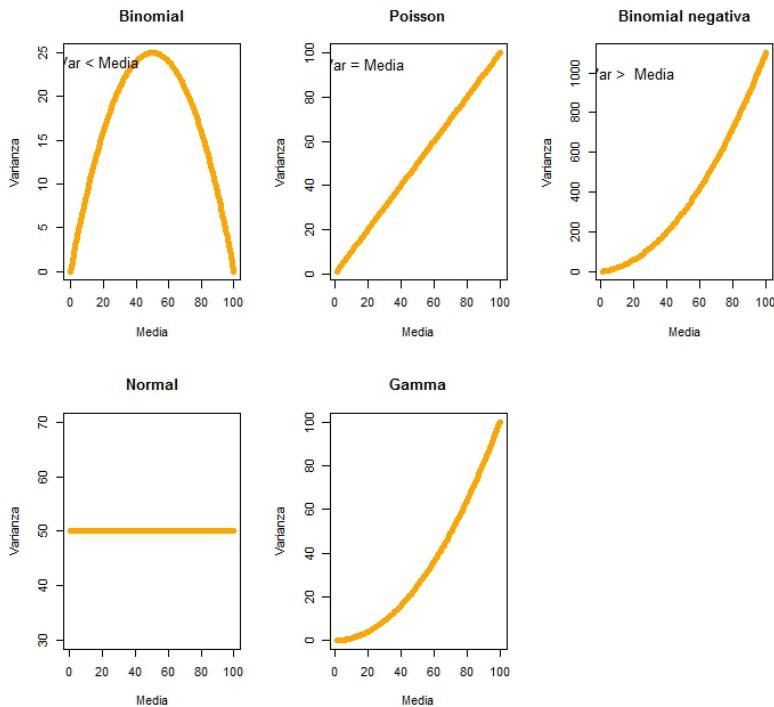
```
plot(x,(x-x+50),type = "l",col = "orange",lwd = 5,
      xlab="Media",ylab="Varianza",main="Normal")
```

Gamma

Varianza =  $\text{media}^2 / \text{forma}$

```
plot(x,(x^2/100),type = "l",col = "orange",lwd = 5,
      xlab="Media",ylab="Varianza",main="Gamma")
```

**Figura 26.2.** Varianza en función de media para las distribuciones binomial, Poisson, binomial negativa, normal y gamma



## Lista de referencias bibliográficas

- Anderson D.R., Sweeney D. J. y Williams T. A. (2008). *Estadística para administración y economía*. 10ma edición. México DF: Cengage Learning.
- Berridge D. M. y Crouchley R. (2011). *Multivariate Generalized Linear Mixed Models Using R*. Boca Raton, EUA: CRC Press
- Cayuela L (2009). *Modelos lineales generalizados*. Granada: Universidad de Granada.
- Fox J. y Weisberg S. (2010). Nonlinear Regression and Nonlinear Least Squares in R. An Appendix to An R Companion to Applied Regression. En J. Fox y S. Weisberg (2011). *An R Companion to Applied Regression*. Thousand Oaks, CA: Sage.
- Garibaldi L. A., Aristimuño, F. J., Oddi, F. J. y Tiribelli, F. (2017). Inferencia multimodelo en ciencias sociales y ambientales. *Ecología Austral*, 27, 348-363.
- Gelman, A. y Hill, J. (2007). *Data analysis using regression and multilevel/hierarchical models*. Cambridge, UK: Cambridge University Press.
- Kleiber, C. y Zeileis, A. (2008). *Applied Econometrics with R*. Springer-Verlag: New York.

- Nelder J. A. y Wedderburn R. W. M. (1972). Generalized Linear Models. *Journal of the Royal Statistical Society, Series A*, 135, 370–384.
- Pinheiro J. C. y Bates D. M. (2000). *Mixed-effects models in S and S-plus*. Nueva York, EUA: Springer.
- Webster, A. L. (2000). *Estadística aplicada a los negocios y la economía*. 3era edición. Bogotá, Colombia: Irwin MacGraw-Hill.

## **Autorías y colaboraciones**

### **Lucas Alejandro Garibaldi**

Ingeniero agrónomo y doctor en Ciencias Agropecuarias de la Facultad de Agronomía de la Universidad de Buenos Aires (UBA). Es investigador del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET) y profesor de la Universidad Nacional de Río Negro (UNRN). Desarrolla investigación para fomentar la sostenibilidad ecológica, social y económica de los sistemas agropecuarios y forestales. Sus estudios tratan sobre agroecología, apicultura, biodiversidad, interacciones entre plantas e insectos (herbivoría, polinización, plagas), servicios ambientales y su contribución al bienestar humano. Sus trabajos han tenido un fuerte énfasis cuantitativo, desarrollando y aplicando nuevos modelos estadísticos. Ha trabajado fuertemente en la creación del Instituto de Investigaciones en Recursos Naturales, Agroecología y Desarrollo Rural (IRNAD) de la Sede Andina de la UNRN, el cual aborda temáticas relevantes y novedosas a nivel local y global, acoplado a la actividad docente y de vinculación con distintos sectores de la sociedad.

### **Facundo Oddi**

Ingeniero forestal por la Universidad Nacional de La Plata (UNLP) y doctor en Biología por la Universidad Nacional del Comahue (UNCO). Es investigador del conicet y desarrolla sus actividades académicas en el IRNAD de la UNRN. Estudia procesos ecológicos y socio-productivos a diferentes escalas, desde la parcela al paisaje y la región, vinculando herramientas de modelado estadístico con tecnologías de información geográfica (sig, teledetección). Es docente de la UNRN donde dicta cursos de grado y de posgrado en estadística aplicada.

### **Francisco Aristimuño**

Doctorando en Ciencias Económicas y magister en Ciencia, Tecnología e Innovación. Se desempeña como becario doctoral del CONICET en el Centro de Estudios en Ciencia, Tecnología, Cultura y Desarrollo (CITECDE) de la Sede Andina de la UNRN. A su vez, es docente de Estadística e Historia del Pensamiento Económico en la licenciatura en Ciencias Económicas de

la UNRN. Sus líneas de investigación abarcan el análisis de las políticas de ciencia, tecnología e innovación argentinas desde el retorno de la democracia y el estudio de la historia de las doctrinas económicas y el pensamiento probabilístico y estadístico.

### **Aliosha Nicolás Behnisch**

Licenciado en Economía por la UNRN. Participó como ayudante de cátedra en materias de estadística aplicada a la economía y fue becario de grado CIN en el CIETES, donde colaboró en proyectos vinculados a temáticas de desarrollo productivo y territorial en la ciudad de San Carlos de Bariloche.

## **Modelos estadísticos en lenguaje R**

Lucas A. Garibaldi y otros

Primera edición . - Viedma : Universidad Nacional de Río Negro, 2019.

262 p. ; 23 x 15 cm. Lecturas de Cátedra

**ISBN 978-987-4960-05-4**

1. Análisis de Datos. 2. Análisis Estadístico. 3. Econometría.

I. Garibaldi, Lucas Alejandro. II. Título

CDD 519.5071



© Universidad Nacional de Río Negro, 2019.  
[editorial.unrn.edu.ar](http://editorial.unrn.edu.ar)

© Lucas Alejandro Garibaldi, Facundo José Oddi,  
Francisco Javier Aristimuño, Aliosha Nicolás Behnisch, 2019.

Queda hecho el depósito que dispone la Ley 11.723.

Diseño de colección: Dirección de Publicaciones-Editorial de la UNRN

Dirección editorial: Ignacio Artola

Coordinación de edición: Natalia Barrio

Edición de textos: Diego Martín Salinas

Corrección de textos: Cecilia Soto

Diagramación y diseño: Sergio Campozano

Imagen de tapa: Editorial UNRN, 2019.



**Licencia Creative Commons**

Usted es libre de: compartir-copiar, distribuir, ejecutar y comunicar públicamente esta obra bajo las condiciones de:

**Atribución – No comercial – Sin obra derivada**

**MODELOS ESTADÍSTICOS EN LENGUAJE R**

fue compuesto con la familia tipográfica Alegreya en sus diferentes variables.  
Se editó en febrero de 2019 en la Dirección de Publicaciones-Editorial de la UNRN.

Impreso en La Imprenta Ya s.A.,  
provincia de Buenos Aires, República Argentina.



## **Modelos estadísticos en lenguaje R**

**Esta guía práctica les permitirá a los lectores interesados en el análisis estadístico una completa inmersión en el programa R de análisis de datos. Orientada a estudiantes y profesionales de las ciencias económicas y ambientales, la obra ofrece las técnicas necesarias para resolver, a partir de esta herramienta, problemas inherentes al procesamiento y el análisis de información.**

Para ello, ofrece ejercicios pensados para responder a las preguntas sobre cómo colectar datos, modelarlos y analizarlos y, a partir de problemas reales, proporciona escenarios similares a los que debe enfrentar un profesional en su ámbito de trabajo.

El libro sigue el recorrido del curso de postgrado «Modelos generalizados aplicados a la economía en el lenguaje R» y de la asignatura Estadísticas II de la Licenciatura en Economía de la Universidad Nacional de Río Negro; en consecuencia, su lectura presupone alguna familiaridad con los conceptos básicos de estadísticas y probabilidad.



EDITORIAL  
UNRN

The logo features a stylized 'E' composed of vertical lines and dots, followed by the text 'EDITORIAL UNRN'.

RIO NEGRO  
UNIVERSIDAD  
NACIONAL

The logo consists of a stylized 'U' shape with a dot, followed by the text 'RIO NEGRO', 'UNIVERSIDAD', and 'NACIONAL' stacked vertically.