

Examen

Métodos Estadísticos Avanzados en Ecología y Evolución

Federico Ciolfi

Marzo del 2020

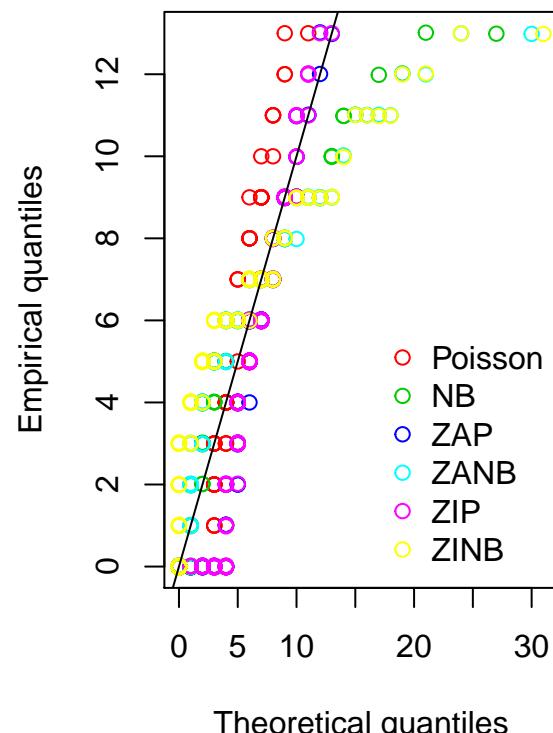
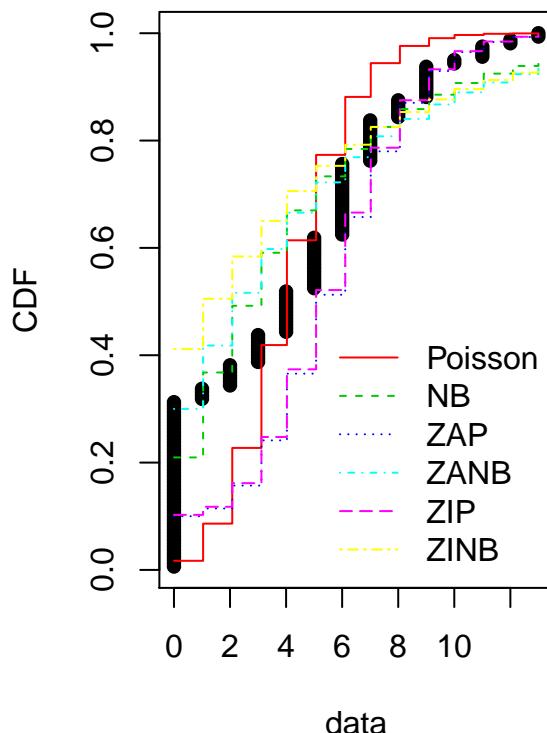
PREGUNTA 1

a)

La variable respuesta corresponde a un conteo, por lo cual es una variable numérica.

Sus posibles distribuciones de probabilidades son: Poisson, Binomial Negativa (BiNeg), Poisson Zero Inflated (zip), BiNeg Zero Inflated (zinb), Poisson Zero Augmented (zap) y BiNeg Zero Augmented (zamb). La importancia de seleccionar una correcta distribución de probabilidades reside en minimizar la dispersión de los residuos y definir la función del enlace.

Se observa no solo por las gráficas de CDF y QQPLOT, sino también por los resultados del AIC, que la distribución de probabilidades que mejor se ajusta es la de zip (también zap ajusta muy bien). Existen dos variables explicativas en este ejemplo, una categórica (sitio) con 4 niveles(a, b, c y d) y una numérica (humedad), por lo cual se trata de un caso de covarianza.

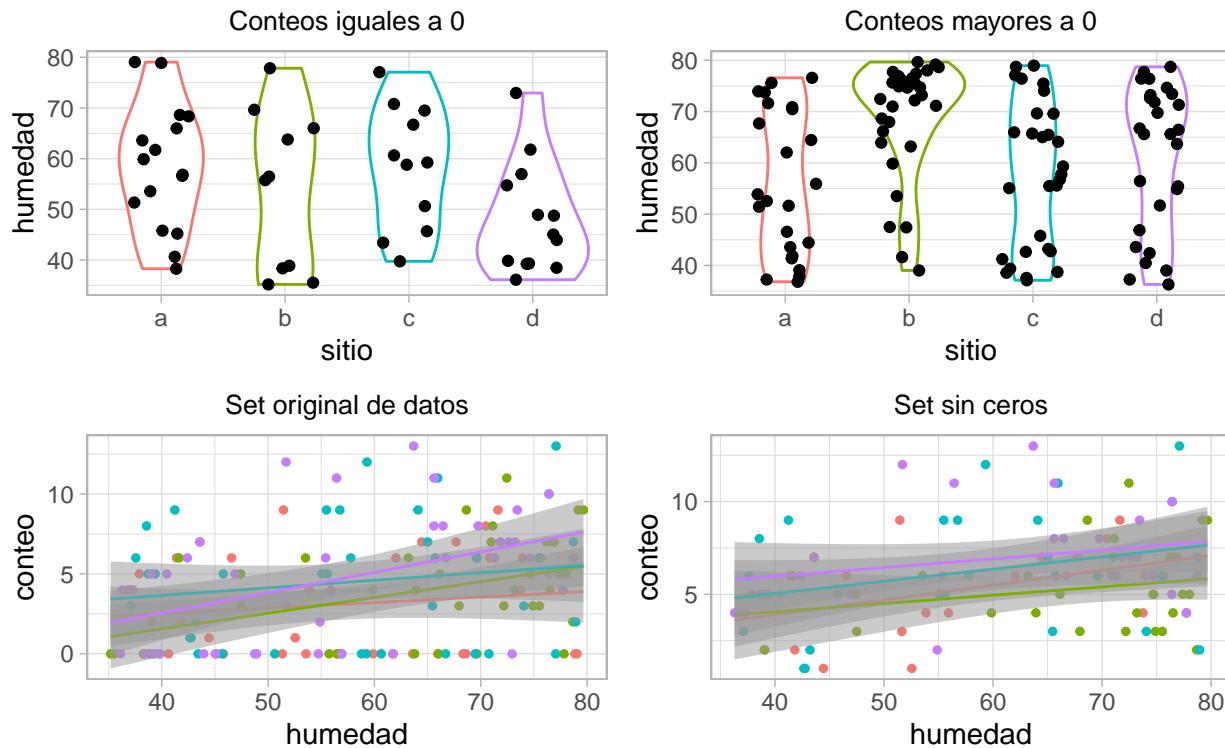


ANÁLISIS DEL AIC

	AIC
1-mle-pois	1016.8601
2-mle-nbinom	809.7602
3-mle-ZAP	781.1057
4-mle-ZANBI	792.6699
5-mle-ZIP	779.2485
6-mle-ZINBI	799.6638

b)

- 1) La variable respuesta contiene una considerable cantidad de ceros (31%).
- 2) En el sitio b, las muestras están des-balanceadas, agrupándose mayoritariamente en altas concentraciones de humedad.
- 3) En altas concentraciones de humedad (>70), hay una menor cantidad de conteos iguales a cero, en relación a los conteos mayores a cero, principalmente en los sitios b y d.
- 4) El número de conteos tiende a aumentar en relación a la humedad.

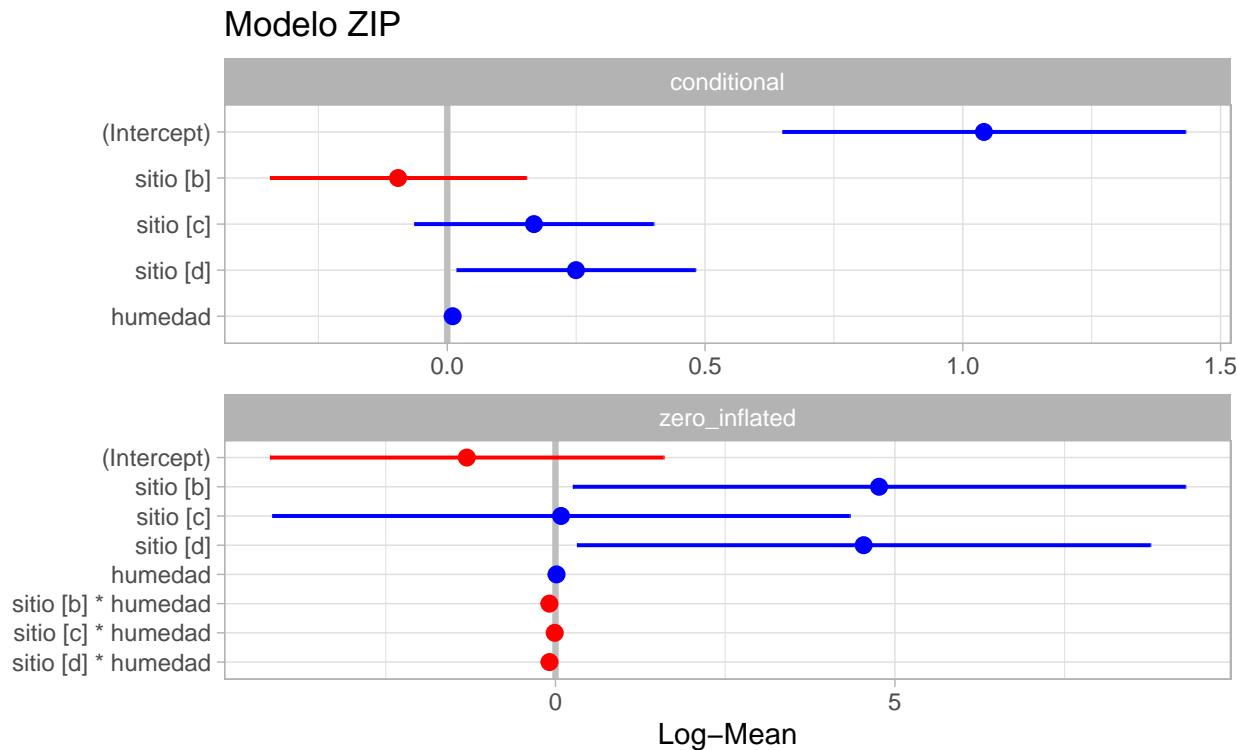


c)

El modelo a utilizar será modelo de mezcla para conteos inflados en ceros (Zero Inflated), ya que la variable respuesta son conteos con una considerable cantidad de ceros.

e)

A continuación se presentan las gráficas correspondiente a los estimados y sus intervalos de confianza, tanto para la parte codicional (PC) como para la parte inflada en ceros (ZI).



Por lo tanto, en PC, las ecuaciones que describen los conteos en relación a la humedad son las siguientes (considerando que la función de enlace se encuentra en escala log, al ser una distribución de probabilidades de Poisson):

Para el sitio A:

$$e^{[1,04 + (0,01 * \text{humedad})]}$$

Para el sitio B:

$$e^{[(1,04 - 0,09) + (0,01 * \text{humedad})]}$$

Para el sitio C:

$$e^{[(1,04 + 0,17) + (0,01 * \text{humedad})]}$$

Para el sitio D:

$$e^{[(1,04 + 0,25) + (0,01 * \text{humedad})]}$$

Para ZI, las ecuaciones que describen los conteos en ceros en relación con la humedad son las siguientes (considerando que la función de enlace se encuentra en escala logit, al ser una distribución de probabilidades de Binomial):

Para el sitio A:

$$\frac{e^{[-1.31+(0.01*humedad)]}}{1 + e^{[-1.31+(0.01*humedad)]}}$$

Para el sitio B:

$$\frac{e^{[-1.31+4.77+((0.01-0.09)*humedad)]}}{1 + e^{[-1.31+4.77+((0.01-0.09)*humedad)]}}$$

Para el sitio C:

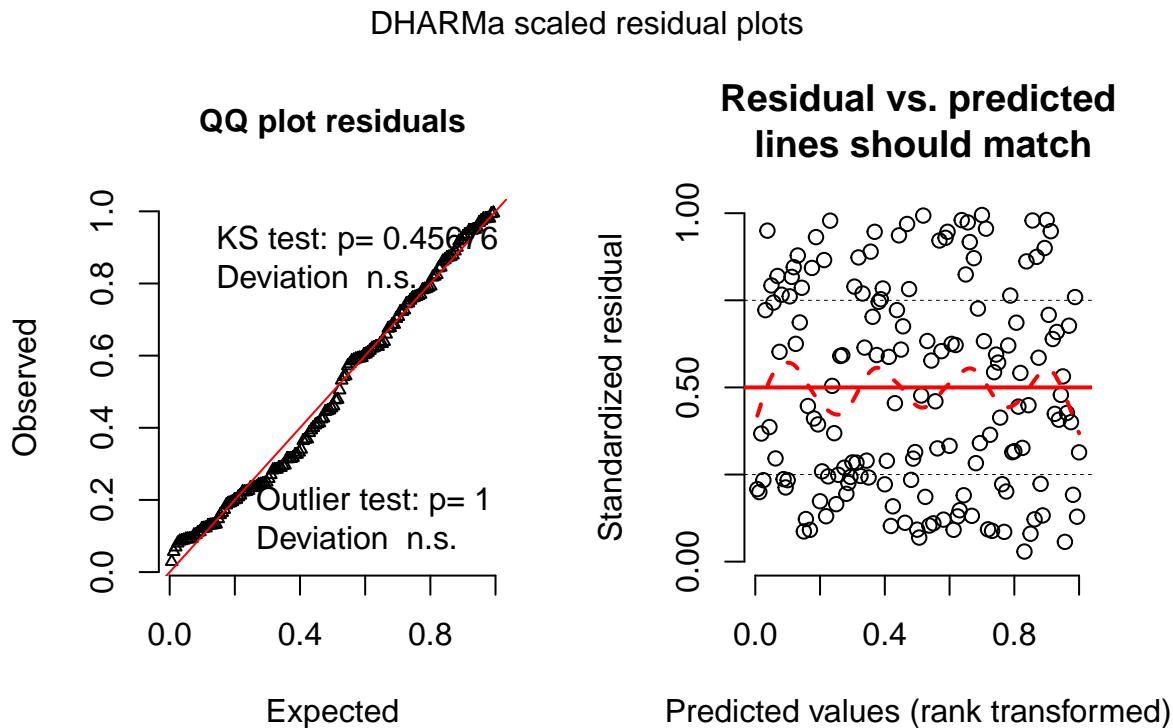
$$\frac{e^{[-1.31+0.08+((0.01-0.01)*humedad)]}}{1 + e^{[-1.31+0.08+((0.01-0.01)*humedad)]}}$$

Para el sitio D:

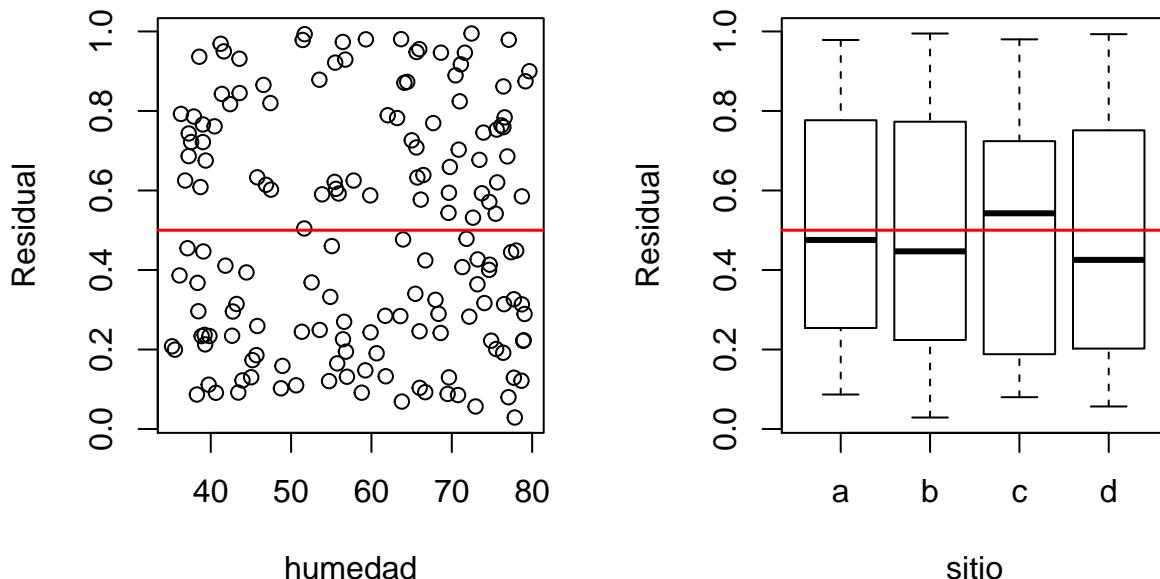
$$\frac{e^{[-1.31+4.54+((0.01-0.09)*humedad)]}}{1 + e^{[-1.31+4.54+((0.01-0.09)*humedad)]}}$$

f)

Se observa un buen ajuste del modelo en los residuos obtenidos por simulación, ya que no es evidente alguna tendencia en su distribución. Como indicador adicional, la prueba KS (Kolmogórov-Smirnov) que retorna el gráfico, fue no significativa.



RESIDUOS PARA LAS VARIABLES HUMEDAD Y SITIO



g)

Inicialmente incluí en el modelo, tanto para PC, como para ZI, las dos variables explicativas y sus interacciones (m.zip0). Como no obtuve interacción entre las variables en PC, pero si en ZI, eliminé la interacción en PC, generando un nuevo modelo (m.zip). Los comparé por AIC y máximo de verosimilitud y no mostraron diferencias significativas, por lo cual me quedo con el más simple (m.zip).

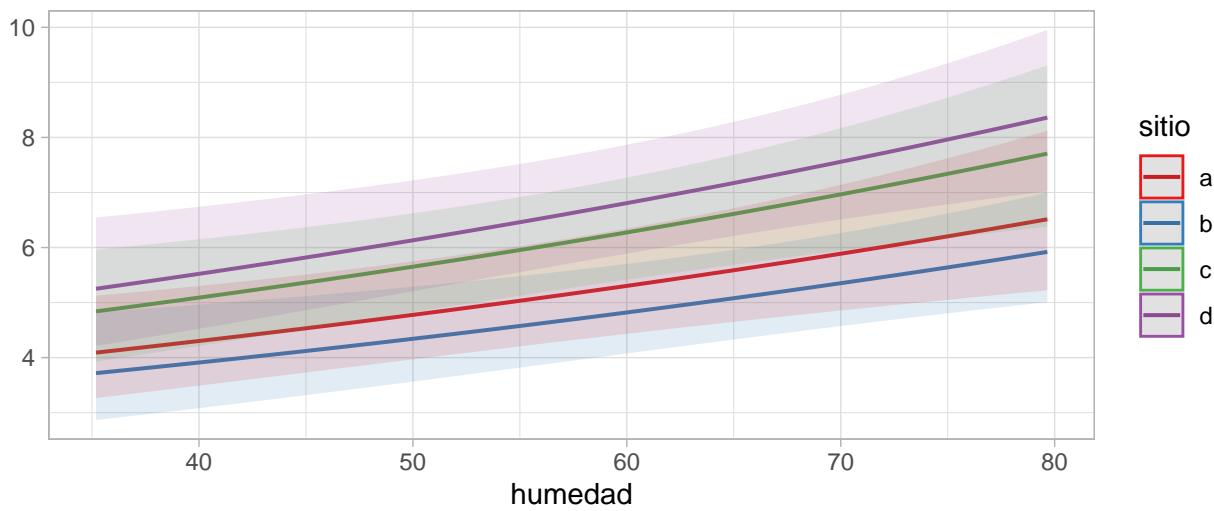
Luego, quité la interacción en ZI para intentar simplificarlo (m.zip1), pero al evaluar por máximo de verosimilitud y AIC, se obtienen diferencias significativas, por lo cual decidí quedarme con el modelo más general, o sea m.zip.

h)

En PC, la concentración de humedad influye en el conteo de artrópodos, aumentando su número con la humedad. Sin embargo no se observa interacción entre los distintos sitios y la humedad, por lo cual el efecto de la humedad en el conteo de artrópodos sería similar en todos sitios.

En ZI, hay interacción entre sitios y la humedad, por lo cual el efecto de esta variable sobre los conteos iguales a ceros de artrópodos, difiere en los distintos sitios. Por ejemplo, en B y D, a medida que aumenta la humedad disminuye la probabilidad de obtener conteos iguales a cero, mientras que en A y C, la probabilidad de encontrar conteos iguales a cero es similar en todo el rango de humedad.

PC



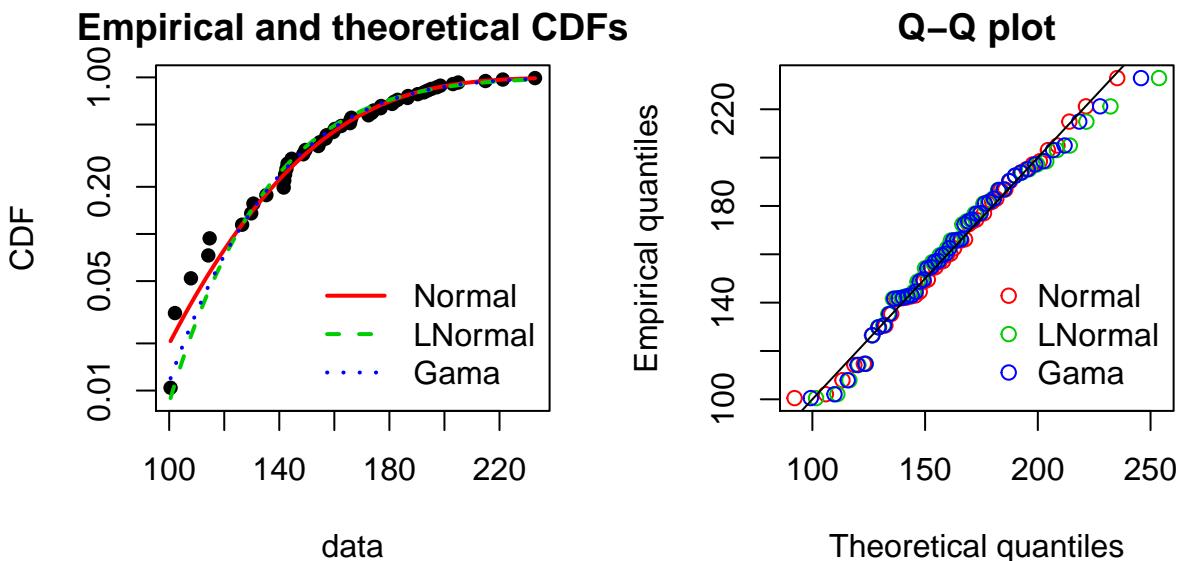
PREGUNTA 2

a)

La variable respuesta es una variable numérica. Sus posibles distribuciones de probabilidades son: Normal, LogNormal y Gamma.

El diseño experimental corresponde a un diseño de bloques aleatorizados. La variable block tiene solo cuatro niveles (<5), por lo cual podría no ser considerada como una variable aleatoria, y considerar al diseño como factorial de 3 factores (block, geno y fert). Sin embargo, en este ejemplo decidí tomar (a modo de ejercicio de interpretación del modelo) a la variable block como aleatoria. Las variables explicativas con efectos fijos son geno (categórica de 3 niveles) y fert (numérica).

Se observa no solo por las gráficas de CDF y QQPLOT, sino también por los resultados del AIC, que la distribución de probabilidades que mejor se ajusta es normal (aunque las tres ajustan bien).



ANÁLISIS DEL AIC

AIC	
1-mle-norm	469.7788
2-mle-lnorm	472.3108
3-mle-gamma	470.9485

b)

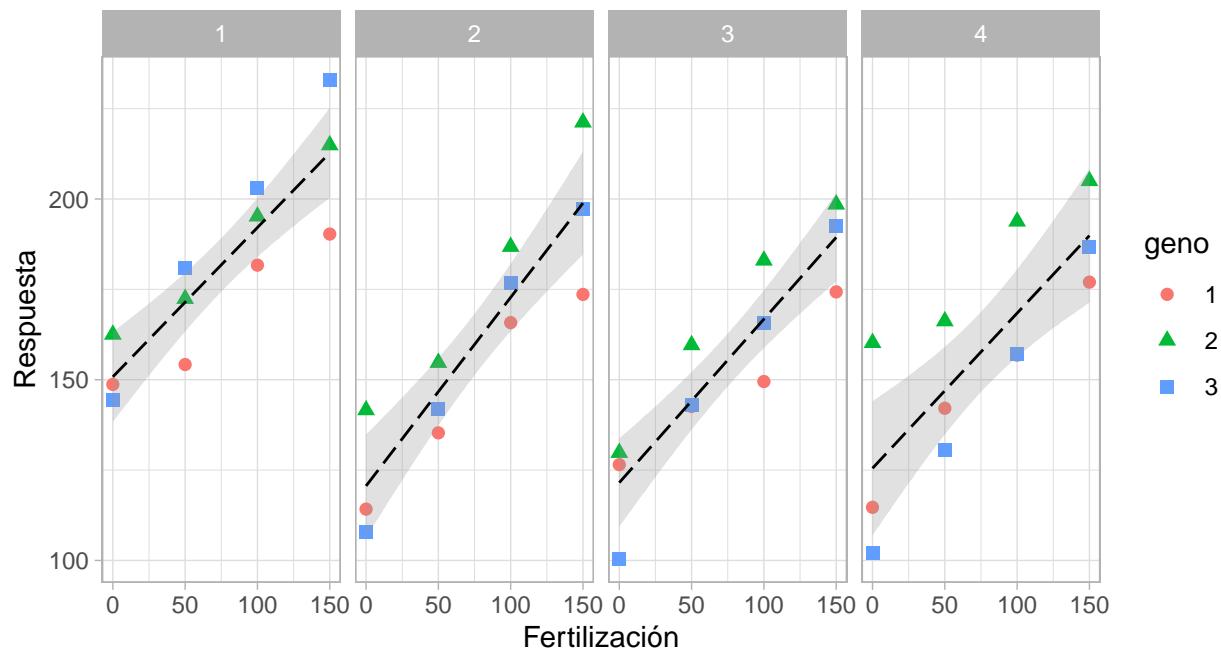
- 1) En el bloque 1, la variable respuesta es diferente a los otros 3 bloques, la media es mayor. En este aumento no pareciera verse afectada la pendiente (al evaluar respuesta sobre fertilidad), pero si un incremento en el intercepto (el genotipo 2 fue el menos afectado por el cambio en bloque 1 y el genotipo 3 el más afectado).
- 2) El genotipo 2 pareciera tener una mejor respuesta (peso de las semillas) en los todos los niveles de fertilización, en los bloques 2, 3 y 4.
- 3) A medida que aumenta la fertilización aumenta la variable respuesta.

TABLAS EXPLORATORIAS

geno	y.mean	y.sd	y.length
1	152.9563	23.22972	16
2	177.8375	26.18134	16
3	160.2125	38.65612	16

fert	y.mean	y.sd	y.length
0	129.4333	21.93384	12
50	151.9583	15.48292	12
100	176.2833	17.19449	12
150	197.0000	18.82286	12

block	y.mean	y.sd	y.length
1	181.7833	27.17364	12
2	159.7417	33.66626	12
3	155.4583	29.12929	12
4	157.6917	31.25538	12



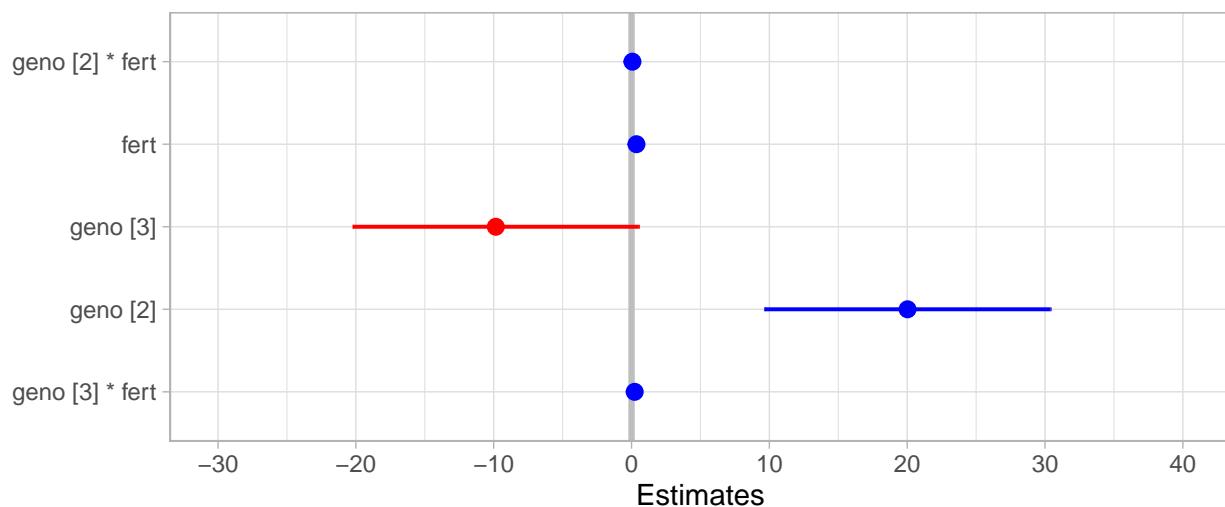
c)

Es un modelo mixto, donde la variable bloque es modelada como efecto aleatorio (ya que no deseo estimar su efecto, sino controlarlo experimentalmente y eliminarlo del análisis para detectar el efecto de los efectos fijos).

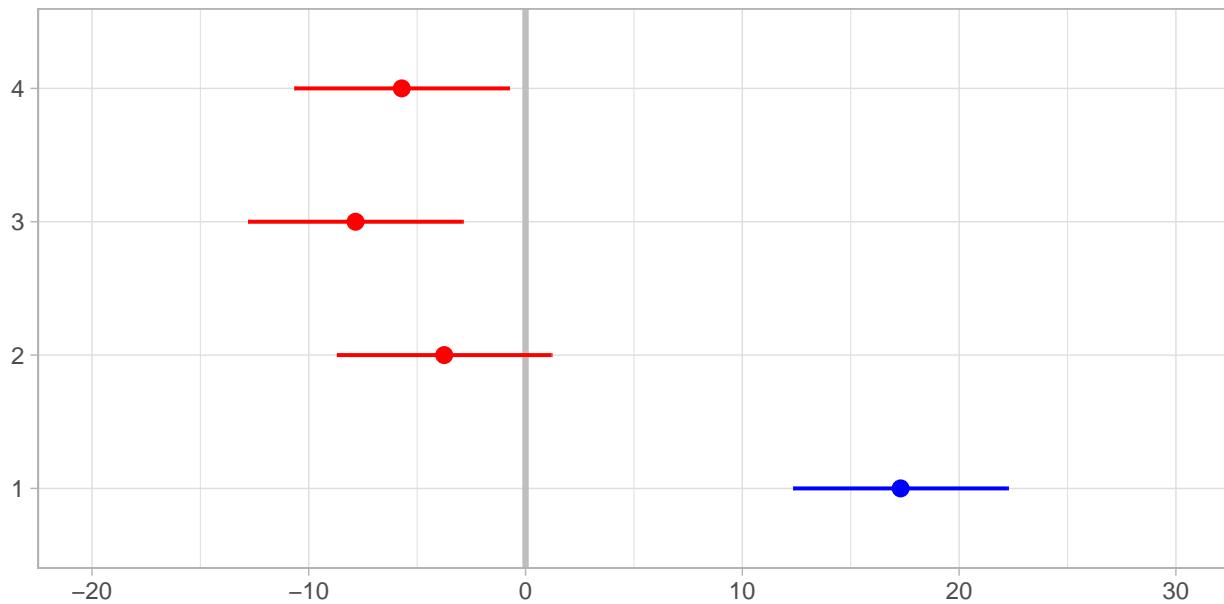
e)

A continuación se presentan las gráficas correspondientes a los estimados y sus intervalos de confianza, tanto para los efectos fijos como aleatorios.

Efectos fijos



Efectos aleatorios

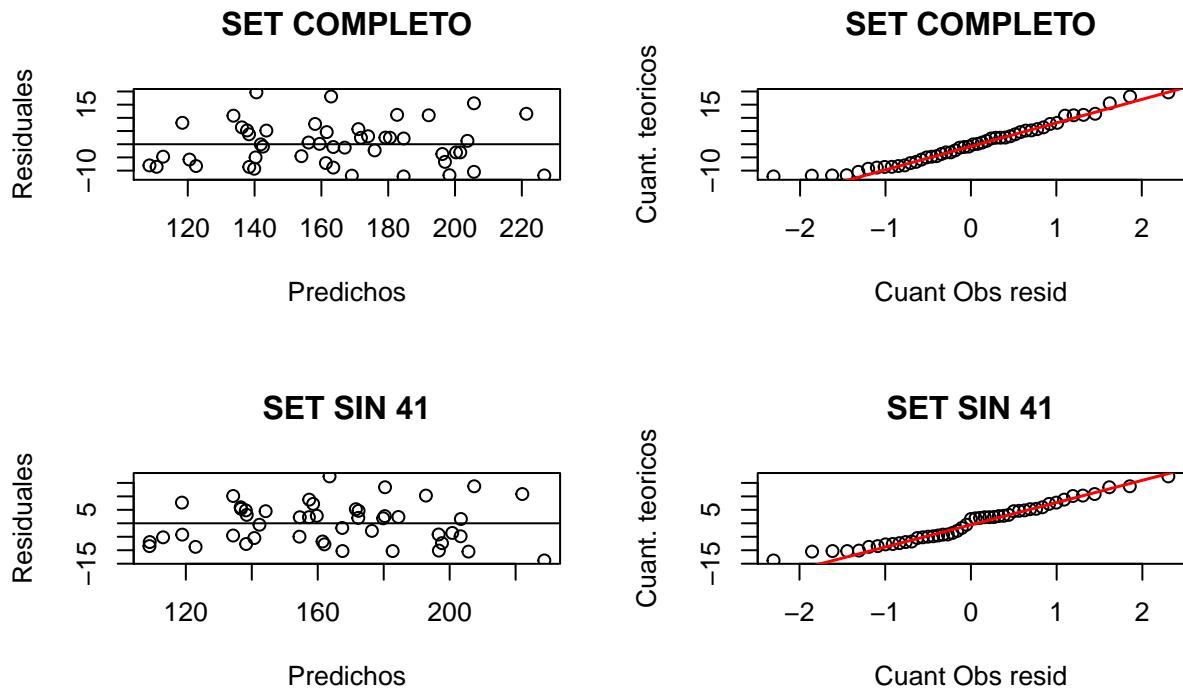


f y g)

Inicialmente incluí en el modelo, la variable geno, fert y su interacción como efectos fijos y solo el intercepto como efecto aleatorio (m1.1). Luego probé quitar la interacción de los efectos fijos (m1.2), pero al compararlos por bootstrap paramétrico mostraron diferencias significativas (p valor de LRT < 0.001 y el test de PB = 0.002), por lo tanto me quedé con el modelo más general m1.1.

Luego intenté incluir la pendiente a los efectos aleatorios (m1.3), los evalué nuevamente por bootstrap paramétrico y no mostraron diferencias significativas (p valor de LRT = 0.64, y el test PB = 0.42), por lo cual elegí el modelo más sencillo, nuevamente m1.1. Además comprobé por cAIC como medida de calidad relativa, que el mejor modelo es m1.1 (Valores de cAIC para m1.1=356, para m1.2=368, para m1.3=358). Para validar el modelo entonces, realicé un grafico de residuos que fue aceptable y un gráfico QQPLOT que también resultó aceptable, aunque con un poco de dispersión en la cola inferior.

Para detectar datos atípicos evalué la distancia de Cook, y la que contuvo una mayor distancia fue la muestra 41 (resultó ser un dato con una variable respuesta muy alta, para la fertilidad 0 en el bloque 4). Quite ese dato del set, y volví a generar al mismo modelo sin ese dato (m1.1b) para comprobar si mejoraba la cola inferior en el gráfico QQPLOT, y no obtuve un resultado satisfactorio, por lo cual volví a quedarme con el modelo original (m1.1).



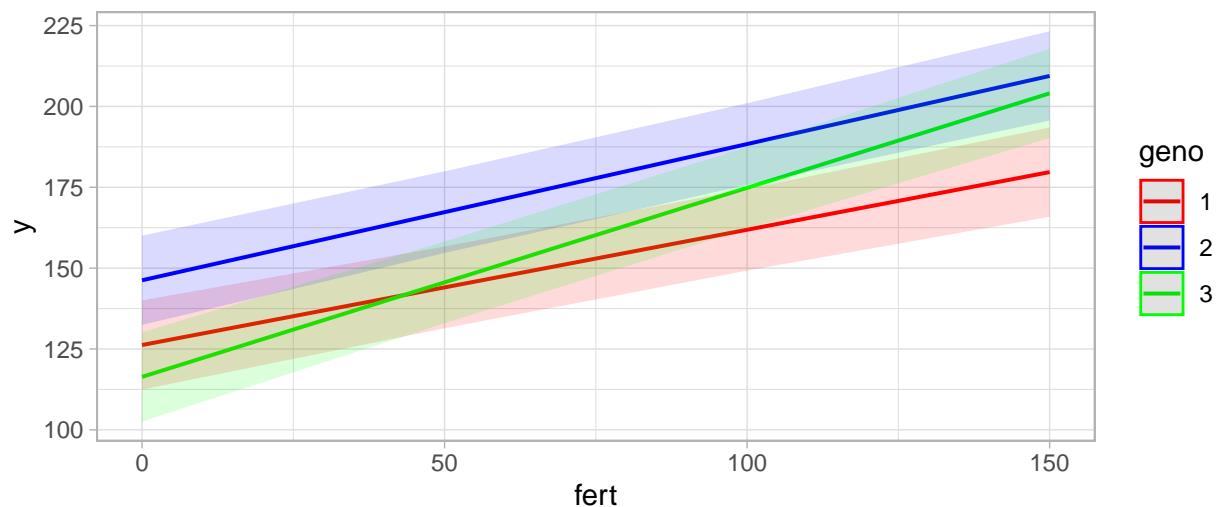
Para obtener los p valores del modelo, utilicé la corrección de Satterwhaite y todos los parámetros resultaron ser significativos ($p < 0.05$). También calculé el R² del modelo y obtuve que la deviancia explicada es del 92%, de los cuales un 78% es explicado por los efectos fijos y un 14% por los efectos aleatorios.

h)

Una de las primeras observaciones es el notorio efecto del bloque 1, respecto los otros 3 (los cuales tienen una respuesta similar entre ellos). Se observa que el intercepto es mucho mayor en este bloque, mientras que no hay efecto significativo en la pendiente.

El genotipo 2, tiene diferencias significativas en el intercepto respecto a los otros genotipos (o sea, una mejor respuesta de base), sin embargo el genotipo 3 tiene una mayor pendiente, para lo cual en el modelo, a altos niveles de fertilización el bloque 3 tendría una respuesta similar a la del genotipo 2.

Modelo final



Entonces, por ejemplo si quisieramos estimar cuales serían los pesos de las semillas fertilizando con 120, en el genotipo 3, en los bloques 1 y 2:

$$BLOQUE\ 1 = 204.5$$

$$(126.2 - 9.8 + 17.3) + [(0.36 + 0.23) * 120]$$

$$BLOQUE\ 2 = 183.5$$

$$(126.2 - 9.8 - 3.75) + [(0.36 + 0.23) * 120]$$

PREGUNTA 3

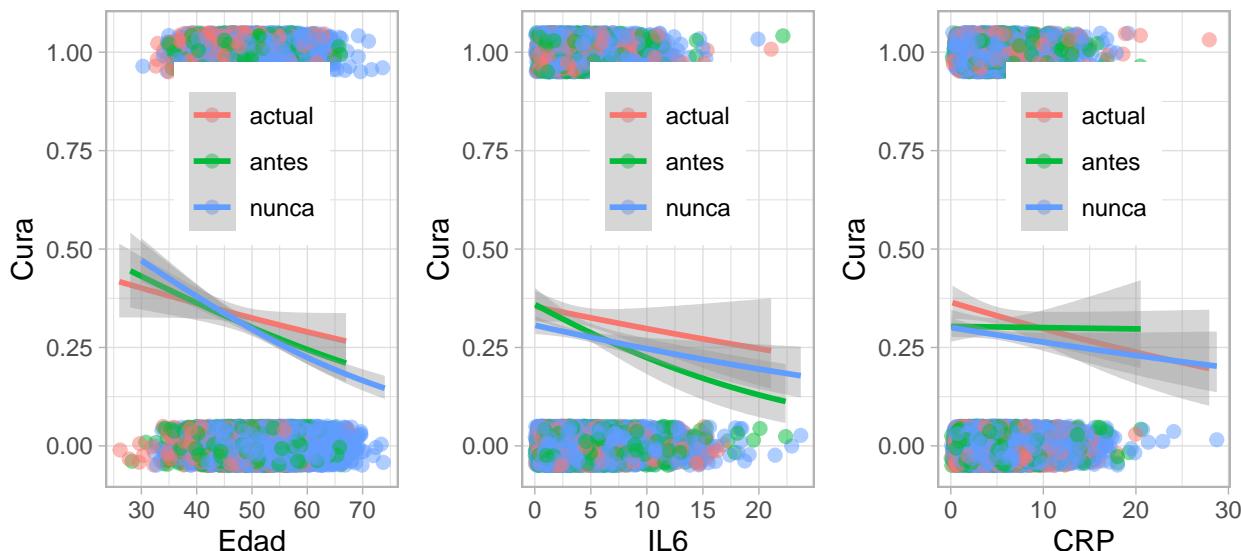
NOTA: Asumo en este ejercicio como Cura = 0 a quienes no fueron curados, y Cura = 1 a quienes si fueron curados.

a)

En este caso, la variable Cura es la variable respuesta y es binaria cuya distribución es binomial. Hay variables explicativas con efectos fijos (Edad, Fuma, IL6 y CRP) y variables con efectos aleatorios (HospitalID y DoctorID). Dentro de las variables explicativas numéricas se incluye Edad, IL6 y CRP, mientras que la variable explicativa categórica es solo una: Fuma (con tres niveles: antes, actual, nunca). Las variables aleatorias se encuentran anidadas, doctorID dentro de HospitalID.

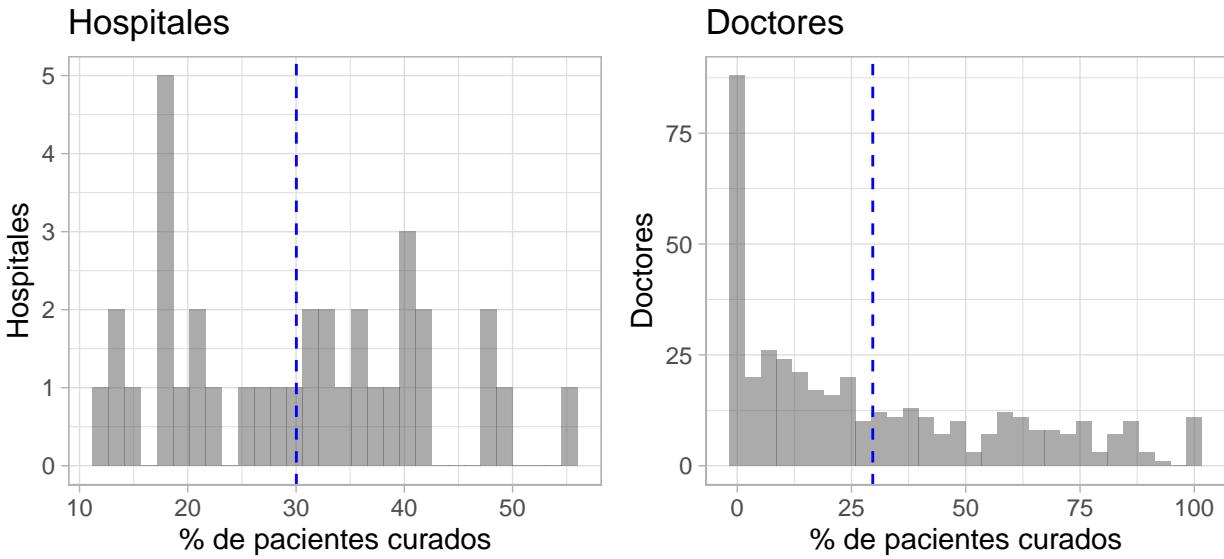
b)

- 1) Se observa para los 3 niveles de fumadores una mayor posibilidad de curarse a menores edades. Hay una mayor cantidad de muestras para mayores de 60 correspondientes a quienes nunca fumaron.
- 2) A medida que aumentan las concentraciones de IL6, disminuye la probabilidad de curarse, para todos los tipos de fumadores.
- 3) A media que aumentan las concentraciones de CRP, disminuye la probabilidad de curarse.

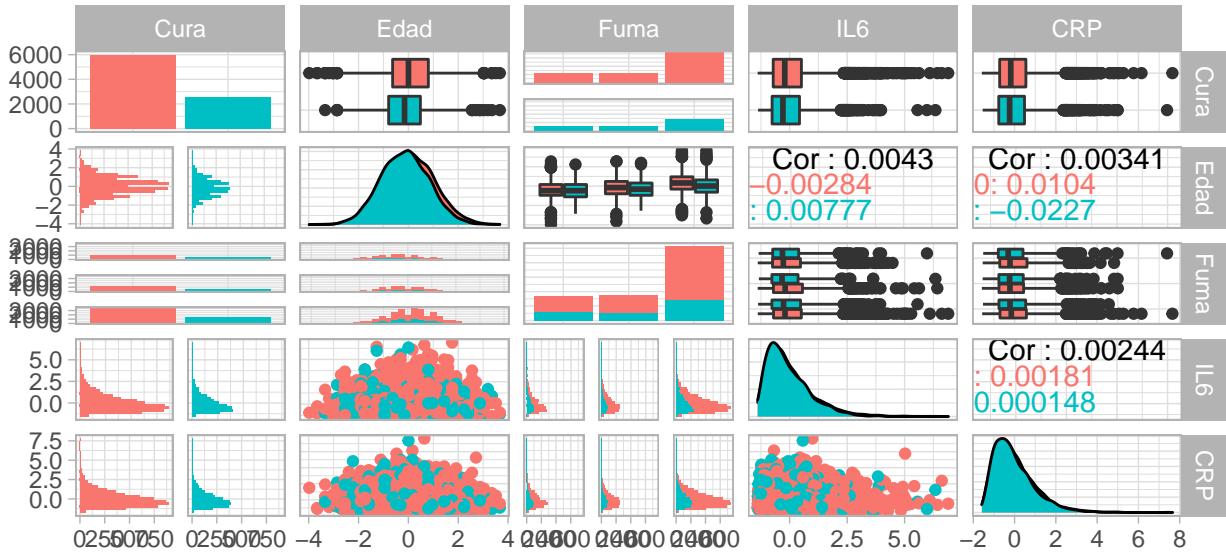


- 4) La probabilidad de curarse pareciera estar influenciada por el hospital y los doctores. Hay casos en que los doctores (11 de ellos) curan el 100% de los afectados que atienden y muchos casos en que los doctores

(88 de ellos) no logran curar a ning n afectado. Tambi n hay hospitales en los que el porcentaje de pacientes curados es muy bajo (<10%), y otros en los que supera el 40%.



5) No se observa correlaci n entre las variables explicativas



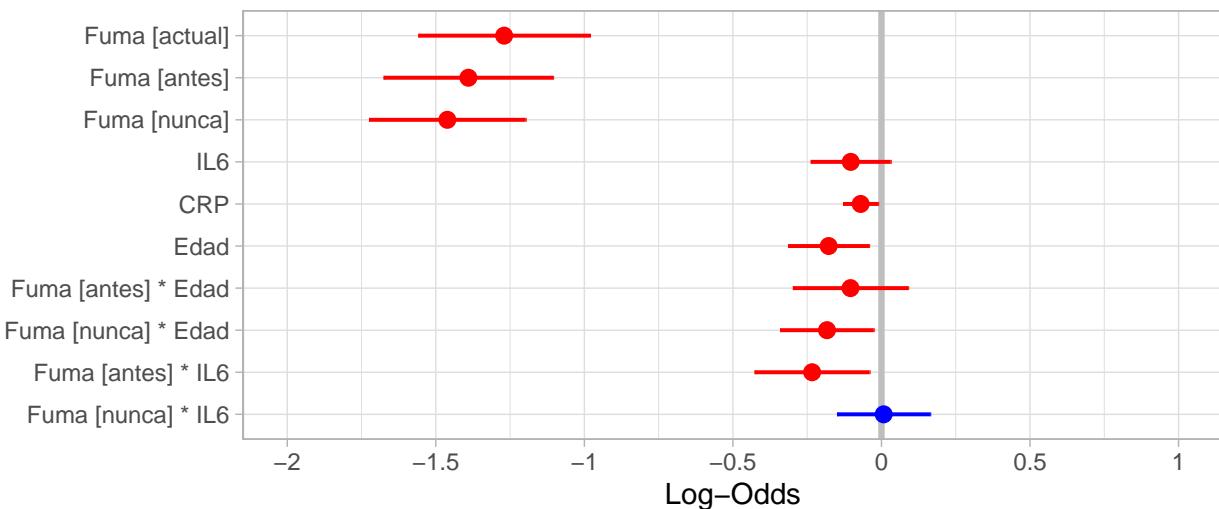
c)

Se trata de un Modelo Lineal Mixto Generalizado, ya que su variable respuesta tiene distribuci n binomial (distinta a normal) y contiene variables fijas y aleatorias. Como las variables aleatorias se encuentran anidadas (doctorID dentro de HospitalID), considere el ejemplo con un dise o experimental de Modelo Anidado.

e)

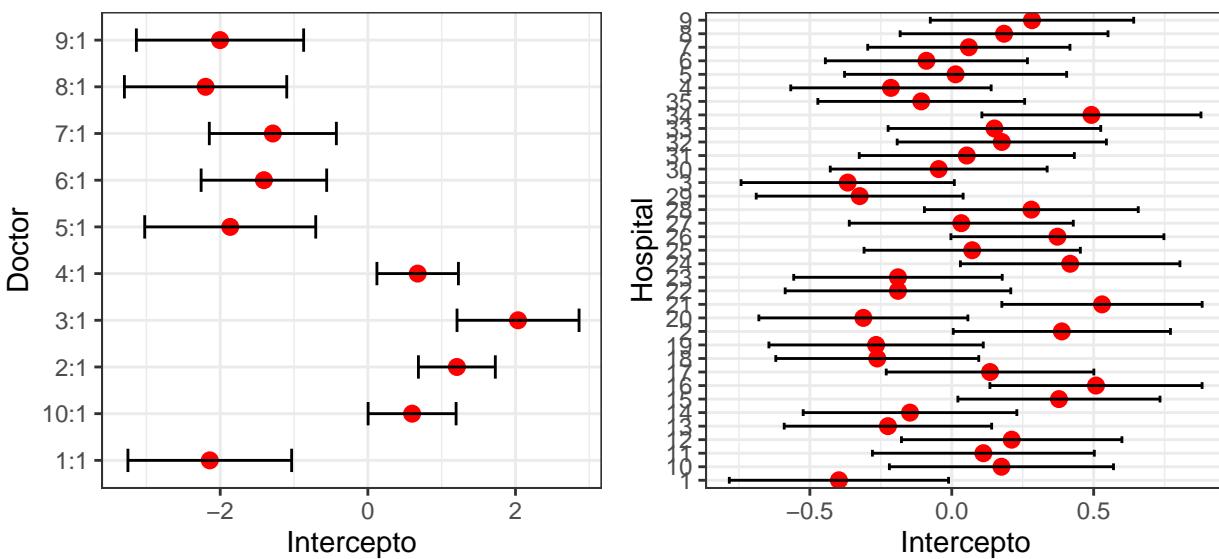
A continuaci n se presentan las gr ficas correspondiente a los estimados y sus intervalos de confianza, tanto para los efectos fijos como aleatorios.

Efectos fijos



EFFECTOS ALEATORIOS

En doctores solo se muestran los 10 primeros.



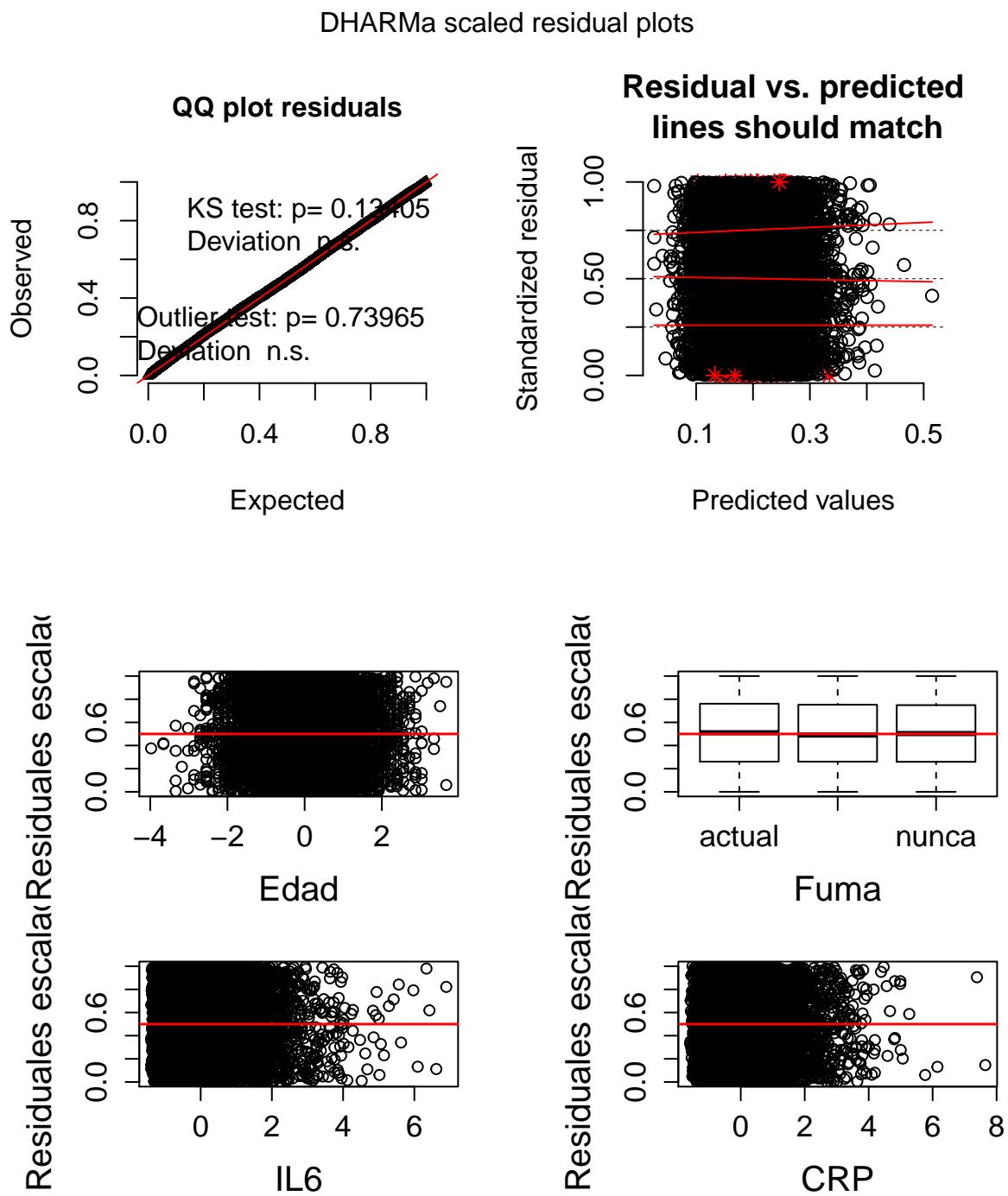
f y g)

En la selección de modelos, ninguno de los que propuse inicialmente variaba en sus efectos aleatorios, por lo cual utilicé el LRT para compararlos. Alternativamente utilicé bootstrap paramétrico (PBTest), pero con un número de simulaciones extremadamente bajo (50 simulaciones), si las aumentaba, el script demoraba demasiado y mi PC sobrecalentaba. Intenté ademas calcular los cAIC, pero al igual que con el bootstrap el scrip demoraba demasiado y tuve que dethenerlo.

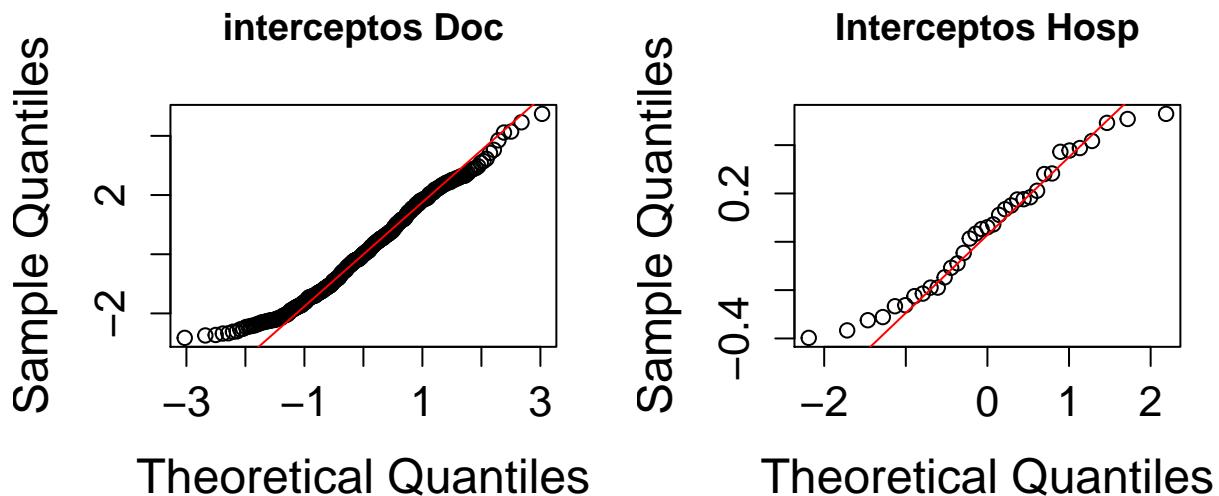
En el primer modelo (m1), incluí las variables con efectos fijos Fuma, IL6, CRP, Edad, y la interacción entre Fuma:Edad, Fuma:IL6, Fuma:CRP y las variables aleatorias anidadas HospitalID y doctorID (HospitalID/doctorID). Como la interacción Fuma:CRP no fue significativa, la quité, generando un nuevo modelo (m1.1), que al compararlo con el modelo anterior no mostraban diferencias significativas (p valor de LRT = 0.156 y el test de PB = 0.276), por lo tanto me quedo con el más simple m1.1.

Luego quité la interacción entre Fuma:IL6 (m1.3) pero al compararlo con m1.1 si había diferencias significativas por lo cual decidí quedarme con el más general m1.1 (p valor de LRT = 0.011 y el test de PB = 0.021). Por

último probé quitar CRP (m1.2), pero al compararlo con m1.1 había diferencias significativas por lo me quedo nuevamente con el más general m1.1 (p valor de LRT = 0.022 y el test de PB = 0.065).

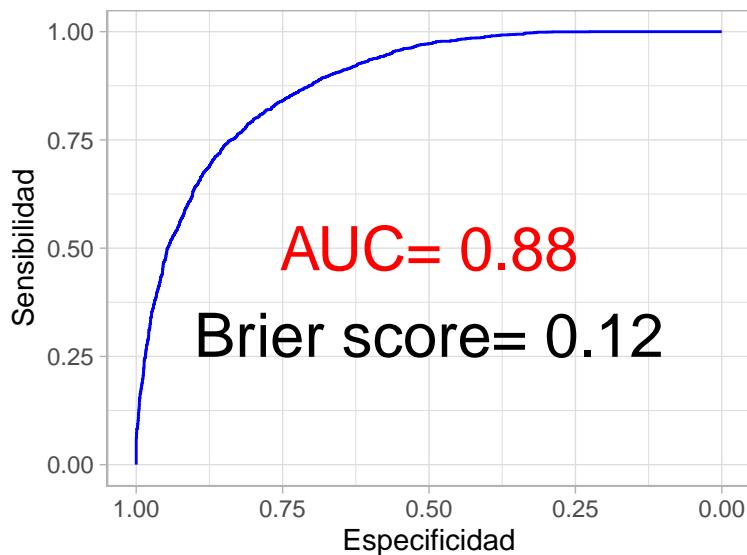


RESIDUOS DE LOS EFECTOS ALEATORIOS



Validé el modelo utilizando los residuales obtenidos por simulación. Quise calcular las distancias de Cook utilizando la librería influence.ME, pero demoraba mucho tiempo. Los residuos de los efectos fijos se ajustan muy bien al modelo, y los residuos de los efectos aleatorios son aceptables, con algo de dispersión sobre la cola inferior.

Adicionalmente como es un Modelo Lineal Mixto Generalizado cuya variable respuesta es binomial, utilicé las curvas ROC y AUC. El AUC resultante fue del 88,4%, lo cual se explica como porcentaje en el cual el modelo predice bien. El brier score, que puede interpretarse como qué tan cerca está la predicción del caso real resultó de 0.12.



h)

Se puede concluir entonces que la edad es un factor influyente en la probabilidad de curarse (a mayor edad menor es la probabilidad de curarse) y que el hecho de ser, haber sido o nunca haber sido fumador también afecta a dicha probabilidad. Además, se puede concluir que cuando los niveles de los bioindicadores (IL6 y CRP) aumentan, disminuye la probabilidad de curarse. En el caso de IL6 hay una interacción

significativa entre los distintos tipos de fumadores, quienes hubieran fumado “antes”, a medida que aumenta la concentración del bioindicador, con mayor intensidad disminuye la probabilidad de curarse.

También se concluye que hay efectos aleatorios entre los distintos doctores y también entre los distintos hospitales. Mientras hay doctores que curan el 100% de los pacientes, hay otros que no logran curar a sus pacientes. Algo similar sucede con los hospitales, donde en algunos se curan más del 40% de los pacientes, en otros menos del 10%.

Por ejemplo, tenemos un paciente de 50 años, con niveles de 5 unidades para IL6, 9 unidades para CRP y nunca fumo. Se quiere conocer la probabilidad de curarse si se atiende con el doctor 1 en el hospital 1, y con el doctor 177 del hospital 16.

A tener en cuenta:

1) Las variables numéricas para realizar el modelo fueron centradas y estandarizadas, por ello se escalan las variables para edad (-0.15, en vez de 50), IL6 (-0.8 en vez de 5) y CRP (1.29 en vez de 9).

2) El modelo es lineal en la función de enlace LOGIT, por ser su distribución binomial.

3) Los efectos aleatorios en los interceptos son para:

El doctor 1 = -2,14 y para el hospital 1 = -0,40.

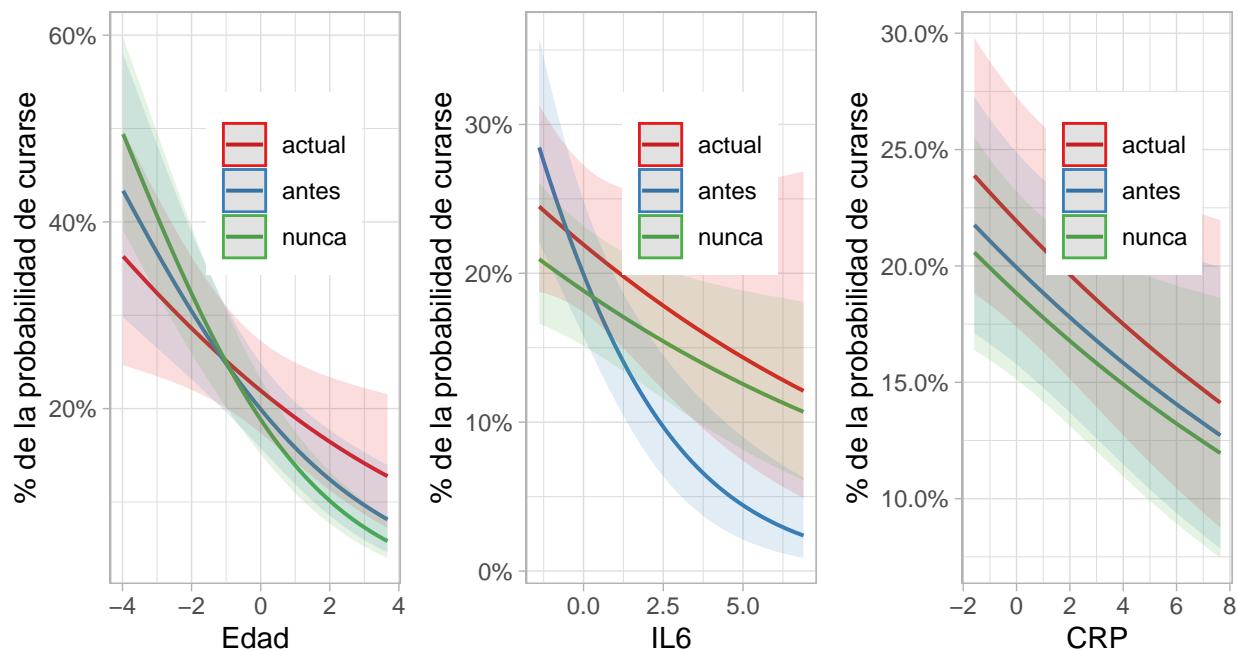
Para el doctor 177 = 2,65 y para el hospital 16 = 0,51.

Para el H1 D1 = 1.8% de curarse

$$\frac{e^{[-1.46-2.14-0.40+(-0.10-0.1)*IL6]+(-0.07*CRP)+((-0.18-0.18)*EDAD)}}{1 + e^{[-1.46-2.14-0.40+(-0.10-0.1)*IL6]+(-0.07*CRP)+((-0.18-0.18)*EDAD)}}$$

Para el H16 D177 = 85% de curarse

$$\frac{e^{[-1.46+2.65+0.51+(-0.10-0.1)*IL6]+(-0.07*CRP)+((-0.18-0.18)*EDAD)}}{1 + e^{[-1.46+2.65+0.51+(-0.10-0.1)*IL6]+(-0.07*CRP)+((-0.18-0.18)*EDAD)}}$$



ANEXOS

PREGUNTA 1:

Resumen del modelo

```
## Family: poisson  ( log )
## Formula:         conteo ~ sitio + humedad
## Zero inflation: ~sitio * humedad
## Data: DF
##
##      AIC      BIC  logLik deviance df.resid
##    710.5    750.4   -342.2     684.5      147
##
## 
## Conditional model:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) 1.040954  0.199293  5.223 1.76e-07 ***
## sitiob     -0.095400  0.126794 -0.752 0.451810
## sitioc      0.168177  0.118313  1.421 0.155185
## sitiod      0.249638  0.118040  2.115 0.034441 *
## humedad     0.010456  0.003053  3.425 0.000615 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Zero-inflation model:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -1.30613   1.47943 -0.883  0.3773
## sitiob      4.76655   2.30134  2.071  0.0383 *
## sitioc       0.08198   2.16963  0.038  0.9699
## sitiod       4.53903   2.15449  2.107  0.0351 *
## humedad      0.01545   0.02506  0.616  0.5377
## sitiob:humedad -0.08969   0.03816 -2.350  0.0188 *
## sitioc:humedad -0.01123   0.03649 -0.308  0.7583
## sitiod:humedad -0.08852   0.03856 -2.295  0.0217 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Intervalos de confianza

component	term	conf.low	conf.high
cond	(Intercept)	0.650345679	1.43156137
cond	sitiob	-0.343911959	0.15311207
cond	sitioc	-0.063712974	0.40006646
cond	sitiod	0.018284795	0.48099138
cond	humedad	0.004472386	0.01643962
zi	(Intercept)	-4.205750154	1.59349989
zi	sitiob	0.256008330	9.27709460
zi	sitioc	-4.170414160	4.33437485
zi	sitiod	0.316315956	8.76175033
zi	humedad	-0.033671559	0.06456503
zi	sitiob:humedad	-0.164492271	-0.01489729

component	term	conf.low	conf.high
zi	sitioc:humedad	-0.082744552	0.06028876
zi	sitioc:humedad	-0.164099485	-0.01293225

PREGUNTA 2:

Resumen del modelo

```
## Linear mixed model fit by maximum likelihood . t-tests use Satterthwaite's
##   method [lmerModLmerTest]
## Formula: y ~ geno + fert + geno:fert + (1 | block)
##   Data: DF3
##
##      AIC      BIC logLik deviance df.resid
## 368.6    383.6  -176.3    352.6      40
##
## Scaled residuals:
##    Min     1Q Median     3Q    Max
## -1.43127 -0.79007 -0.05833  0.61848  2.32724
##
## Random effects:
##   Groups   Name        Variance Std.Dev.
##   block    (Intercept) 105.76   10.284
##   Residual           71.02    8.427
## Number of obs: 48, groups: block, 4
##
## Fixed effects:
##             Estimate Std. Error       df t value Pr(>|t|)    
## (Intercept) 126.22250  6.23441 7.64585 20.246 6.42e-08 ***
## geno2       20.02500  4.98578 44.00000  4.016 0.000227 ***
## geno3      -9.84750  4.98578 44.00000 -1.975 0.054549 .
## fert        0.35645  0.03769 44.00000  9.458 3.62e-12 ***
## geno2:fert  0.06475  0.05330 44.00000  1.215 0.230915  
## geno3:fert  0.22805  0.05330 44.00000  4.279 9.99e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
##          (Intr) geno2  geno3  fert   gn2:fr
## geno2    -0.400
## geno3    -0.400  0.500
## fert     -0.453  0.567  0.567
## geno2:fert 0.321 -0.802 -0.401 -0.707
## geno3:fert 0.321 -0.401 -0.802 -0.707  0.500
```

Error Estándar para los efectos aleatorios

bloque	int	SE.int
1	17.302237	2.525452
2	-3.750974	2.525452
3	-7.842221	2.525452

bloque	int	SE.int
4	-5.709042	2.525452

PREGUNTA 3:

Resumen del modelo

```

## Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace
## Approximation) [glmerMod]
## Family: binomial ( logit )
## Formula: Cura ~ Fuma + IL6 + CRP + Edad + Fuma:Edad + Fuma:IL6 - 1 + (1 |
##           HospitalID/doctorID)
## Data: DF4
## Control: glmerControl(optimizer = c("bobyqa"))
##
##      AIC      BIC  logLik deviance df.resid
## 77477.8 7832.4 -3861.9   7723.8     8513
##
## Scaled residuals:
##    Min     1Q Median     3Q    Max
## -3.2001 -0.4718 -0.2219  0.4560  5.2820
##
## Random effects:
## Groups            Name        Variance Std.Dev.
## doctorID:HospitalID (Intercept) 3.5909   1.8950
## HospitalID          (Intercept) 0.2236   0.4728
## Number of obs: 8525, groups: doctorID:HospitalID, 407; HospitalID, 35
##
## Fixed effects:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## Fumaactual -1.270017  0.147421 -8.615 <2e-16 ***
## Fumaantes   -1.390378  0.145549 -9.553 <2e-16 ***
## Fumanunca  -1.461161  0.134530 -10.861 <2e-16 ***
## IL6        -0.103364  0.068716 -1.504 0.1325
## CRP        -0.070037  0.030101 -2.327 0.0200 *
## Edad       -0.177761  0.069524 -2.557 0.0106 *
## Fumaantes:Edad -0.104179  0.098996 -1.052 0.2926
## Fumanunca:Edad -0.183344  0.080337 -2.282 0.0225 *
## Fumaantes:IL6 -0.233395  0.098773 -2.363 0.0181 *
## Fumanunca:IL6  0.007473  0.079932  0.093 0.9255
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
##          Fumctl Fumnts Fumnnnc IL6      CRP      Edad   Fmnt:E Fmnn:E Fmnt:IL6
## Fumaantes   0.769
## Fumanunca  0.832  0.844
## IL6        0.027 -0.001 -0.002
## CRP        0.011  0.011  0.000  0.002
## Edad       0.221  0.008  0.007 -0.016  0.000
## Fumants:Edd -0.151  0.073  0.000  0.014  0.003 -0.704
## Fumannc:Edd -0.186 -0.001 -0.019  0.016  0.011 -0.861  0.608

```

```

## Fumants:IL6 -0.012  0.025  0.009 -0.696  0.006  0.013 -0.001 -0.009
## Fumannc:IL6 -0.021  0.002  0.007 -0.860 -0.005  0.015 -0.013 -0.016  0.598

```

Intervalos de confianza para los efectos fijos

term	conf.low	conf.high
Fumaactual	-1.5589576	-0.98107731
Fumaantes	-1.6756496	-1.10510632
Fumanunca	-1.7248345	-1.19748837
IL6	-0.2380450	0.03131772
CRP	-0.1290346	-0.01103928
Edad	-0.3140252	-0.04149614
Fumaantes:Edad	-0.2982081	0.08985064
Fumanunca:Edad	-0.3408013	-0.02588604
Fumaantes:IL6	-0.4269855	-0.03980371
Fumanunca:IL6	-0.1491915	0.16413649

Error Estándar para los efectos aleatorios

Se muestra a modo de ejemplo los primeros 10 hospitales y los primeros 10 doctores, para que no se haga tan extensa la tabla.

	doctor	int	SE.int
1:1	1	-2.1412489	1.1089757
2:1	2	1.2060191	0.5208507
3:1	3	2.0347363	0.8265185
4:1	4	0.6749693	0.5521453
5:1	5	-1.8643698	1.1585244
6:1	6	-1.4079340	0.8504665
7:1	7	-1.2870187	0.8603971
8:1	8	-2.1982007	1.0997693
9:1	9	-2.0026670	1.1328578
10:1	10	0.5996407	0.5959910

hospital	int	SE.int
1	-0.39761397	0.3862805
2	0.38785972	0.3827433
3	-0.36667346	0.3757884
4	-0.21435398	0.3530976
5	0.01347456	0.3913587
6	-0.08938881	0.3560257
7	0.06014796	0.3562924
8	0.18428198	0.3662642
9	0.28269838	0.3583872
10	0.17506054	0.3948950