

Software R: curso avançado

Felipe Micail da Silva Smolski

Iara Denise Endruweit Battisti

2018-09-25

Sumário

Prefácio	2
Introdução	3
1 Delineamentos Experimentais	4
1.1 Princípios básicos da Experimentação	5
1.2 Análise de Variância	5
1.3 Hipóteses estatísticas	6
1.4 Delineamento Inteiramente Causalizado (DIC)	6
1.5 Delineamento Blocos Casualizados (DBC)	12
2 Análise Fatorial	18
2.1 Pressupostos	19
2.2 Estatísticas Associadas a Análise Fatorial	20
2.3 Passos da Análise Fatorial	21
3 Regressão Múltipla	33
3.1 Modelo geral	33
3.2 Variável dummy	33
3.3 Interação entre variáveis preditoras	38
3.4 Métodos seleção de variáveis na regressão múltipla	40
3.5 Roteiro para o diagnóstico do modelo de regressão múltipla ajustado	43
4 Regressão Logística	44
4.1 O modelo	44
4.2 Regressão Logística Simples	47
4.3 Regressão Logística Múltipla	58
4.4 Regressão Logística Múltipla com variável categórica	63
4.5 Exercícios	68
5 Regressão de Poisson	70
5.1 O modelo	70
5.2 Estimando os parâmetros do modelo	71
Referências	81

Prefácio

Esta é a estrutura provisória de capítulos do **Curso Avançado em Estatística com R da UFFS**:

- Delineamentos Experimentais
- Análise Fatorial
- Regressão Múltipla
- Regressão Logística
- Regressão de Poisson

Introdução

Capítulo 1

Delineamentos Experimentais

A experimentação é uma parte da estatística probabilística que estuda o planejamento, execução, coleta de dados, análise de dados e interpretação dos resultados provenientes de um experimento.

Um experimento é um procedimento planejado com base em uma hipótese, que tem por objetivo provocar fenômenos (tratamentos) de forma controlada, analisando e interpretando os resultados obtidos.

O tratamento é o método, elemento ou material cujo efeito desejamos avaliar em um experimento. Por exemplo: formas de preparo de solo, diferentes cultivares, doses de adubação, controle de insetos e outras pragas, controle de uma doença. Num experimento, somente o tratamento varia de uma unidade experimental para outra, as demais condições são mantidas constantes, salvo erros não controláveis.

E alguns experimentos, utiliza-se a testemunha (nas ciências agrárias e ambientais) ou placebo (na saúde), que são as unidades experimentais que não recebem tratamento.

A unidade experimental é a unidade que recebe o tratamento uma vez e, normalmente são chamadas de parcelas. A escolha da unidade experimental depende dos tipos de tratamentos que serão avaliados. Podem ser: uma área de campo, um vaso com solo, um animal, uma placa de Petri, uma planta. Em áreas de campo, normalmente utiliza-se a bordadura. Num experimento, recomenda-se, no mínimo, a utilização de 20 UEs.

Em um experimento, a variável a ser avaliada chamamos de variável resposta. Por exemplo, número de grãos por planta, número de folhas por planta, altura das plantas.

1.1 Princípios básicos da Experimentação

1.1.1 Repetição

A repetição consiste na aplicação do mesmo tratamento sobre duas ou mais unidades experimentais. Permite estimar o erro experimental e avaliar de forma mais precisa o efeito de cada tratamento.

O erro experimental é caracterizado pela variância entre as unidades experimentais que receberam o mesmo tratamento.

1.1.2 Casualização

A casualização consiste na aplicação dos tratamentos aleatoriamente (sorteio) sobre as unidades experimentais. A casualização é usada para obter a independência dos erros, ou seja, evitar que determinados tratamentos sejam favorecidos.

1.1.3 Controle local

Quando tiver heterogeneidade no material experimental: plantas de diferentes alturas, animais de diferentes idades, solo com declividade, deve-se separar o material em grupos homogêneos e aplicar o tratamento uma vez dentro de cada grupo (blocos). A homogeneidade ou não do material dá origem aos tipos de delineamentos:

- Delineamento Inteiramente Casualizado (DIC): material experimental homogêneo;
- Delineamento Blocos Casualizados (DBC): material experimental com uma fonte de heterogeneidade;
- Delineamento Quadrado Latino (DQL): material experimental com duas fontes de heterogeneidade.

1.2 Análise de Variância

Para saber se existe diferença significativa entre as médias resultados dos efeitos de tratamentos, realiza-se a Análise de Variância (ANOVA).

Tabela 1.1: Nome da Tabela

Fonte de Variação	Graus de Liberdade (GL)	Soma de Quadrados (SQ)	Quadrado Médio (QM)	Falc	P
Tratamento	I-1	SQtrat	QMat	QMatr/QMerro	P

Fonte de Variação	Graus de Liberdade (GL)	Soma de Quadrados (SQ)	Quadrado Médio (QM)	Falc	P
Erro Total	GLerro IJ-1	SQerro SQtotal	QMerro		

1.3 Hipóteses estatísticas

- H0: Não existe diferença entre as médias dos tratamentos
- H1: Existe, pelo menos, uma diferença entre as médias dos tratamentos

1.4 Delineamento Inteiramente Casualizado (DIC)

É utilizado quando as unidades experimentais são homogêneas. É o mais simples dos delineamentos e os tratamentos são designados às unidades experimentais de forma casualizada, por meio de um único sorteio. Usado principalmente em pequenos animais, casas de vegetação e em laboratórios.

Exemplo: Um produtor deseja avaliar 4 variedades de pera (A, B, C e D). Para tanto, instalou um experimento no delineamento inteiramente casualizado, utilizando 5 repetições por variedade. Os resultados, peso médio do fruto, estão apresentados a seguir:

	A	B	C
1	Variedade	<u>Repeticao</u>	Peso
2	A	1	78
3	A	2	88
4	A	3	72
5	A	4	74
6	A	5	98
7	B	1	79
8	B	2	56
9	B	3	71
10	B	4	96
11	B	5	55
12	C	1	63
13	C	2	68
14	C	3	58
15	C	4	79
16	C	5	59
17	D	1	60
18	D	2	65
19	D	3	59
20	D	4	54
21	D	5	58

Figura 1.1: Variedades de pera separadas por grupos em faixas de peso e repetição

Existe diferença significativa entre as variedades de pera, considerando o peso médio dos frutos de cada variedade?

Para responder esta pergunta, utilizamos a Análise de Variância (ANOVA).

No software RStudio:

Criar o arquivo acima em planilha eletrônica. Nomear como DIC e salvar em formato .xls.

Importar no RStudio:

```
require(readxl)
url <- "https://github.com/Smolski/softwarelivrer/raw/master/avancado/dic.xls"
destfile <- "dic.xls"
curl::curl_download(url, destfile)
DIC <- read_excel(destfile)
attach(DIC)
```


O comando que gera a análise de variância é o `aov()` e o comando que exibe o quadro da ANOVA é o `anova`. Então, podemos gerar o quadro da análise de uma só vez associando os dois comandos.

```
anova=aov(Peso~Variedade)
summary(anova)
```

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Variedade   3   1414     471   3.78  0.032 *
Residuals  16   1997     125
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Hipóteses estatísticas:

- $H_0: \mu_i = 0$ (as médias dos tratamentos não diferem entre si)
- $H_1: \mu_i \neq 0$ (existe, no mínimo, uma diferença entre as médias dos tratamentos)

Como $p = 0,0319$ ($0,01 \leq p$ “menor ou igual a” 0,05), rejeita-se H_0 com nível de significância de 5% e conclui-se que existe diferença significativa entre as médias dos tratamentos.

Para saber quais as médias que diferem, utilizamos o teste de Tukey.

```
attach(DIC)
```

The following objects are masked from DIC (pos = 3):

Peso, Repeticao, Variedade

```
TukeyHSD(anova,as.factor("Variedade"),ordered=TRUE)
```

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
factor levels have been ordered
```

```
Fit: aov(formula = Peso ~ Variedade)
```

```
$Variedade
      diff      lwr      upr    p adj
C-D   6.2 -14.016  26.42  0.8164
B-D  12.2  -8.016  32.42  0.3429
A-D  22.8   2.584  43.02  0.0245
B-C   6.0 -14.216  26.22  0.8303
A-C  16.6  -3.616  36.82  0.1282
A-B  10.6  -9.616  30.82  0.4602
```

Para que o RStudio apresente uma tabela com as médias e letras indicando quais as médias que diferiram, devemos instalar o pacote `agricolae`.

```
library(agricolae)
HSD.test(anova,as.factor("Variedade"),console=TRUE)
```

```
Study: anova ~ as.factor("Variedade")
```

```
HSD Test for Peso
```

```
Mean Square Error: 124.8
```

```
Variedade, means
```

	Peso	std	r	Min	Max
A	82.0	10.863	5	72	98
B	71.4	17.097	5	55	96
C	65.4	8.562	5	58	79
D	59.2	3.962	5	54	65

```
Alpha: 0.05 ; DF Error: 16
```

```
Critical Value of Studentized Range: 4.046
```

```
Minimum Significant Difference: 20.22
```

```
Treatments with the same letter are not significantly different.
```

	Peso	groups
A	82.0	a
B	71.4	ab
C	65.4	ab
D	59.2	b

*Médias dos tratamentos não seguidas por mesma letra diferem pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de significância.

Conclusão: A variedade de pera A apresentou o maior peso médio dos frutos, que não diferiu significativamente do peso médio das variedades B e C. A variedade de pera D apresentou o menor peso médio dos frutos, que não diferiu significativamente do peso médio das variedades B e C. As variedades B e C apresentaram peso médio dos frutos intermediário.

```
attach(DIC)
```

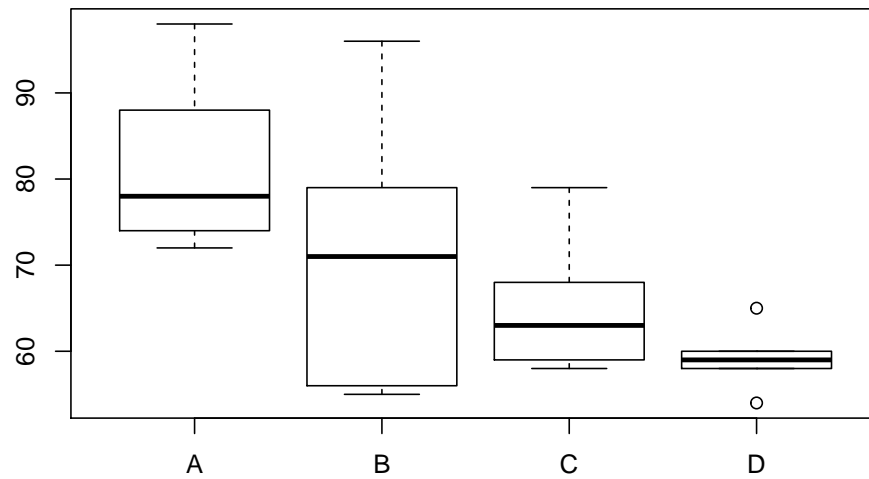
```
The following objects are masked from DIC (pos = 4):
```

```
Peso, Repeticao, Variedade
```

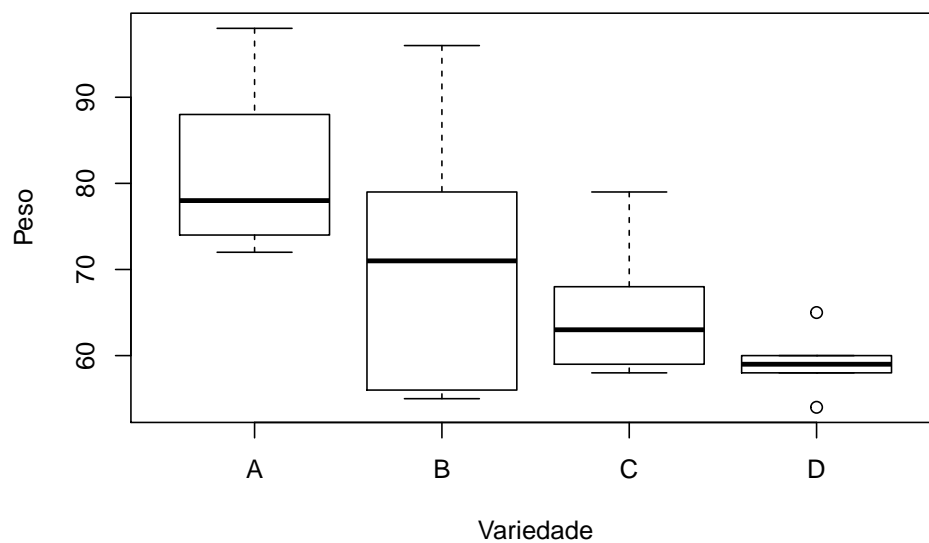
```
The following objects are masked from DIC (pos = 5):
```

Peso, Repeticao, Variedade

```
boxplot(Peso~Variedade)
```



```
boxplot(Peso~Variedade,xlab="Variedade",ylab="Peso")
```



```
tapply(Peso,Variedade,mean)
```

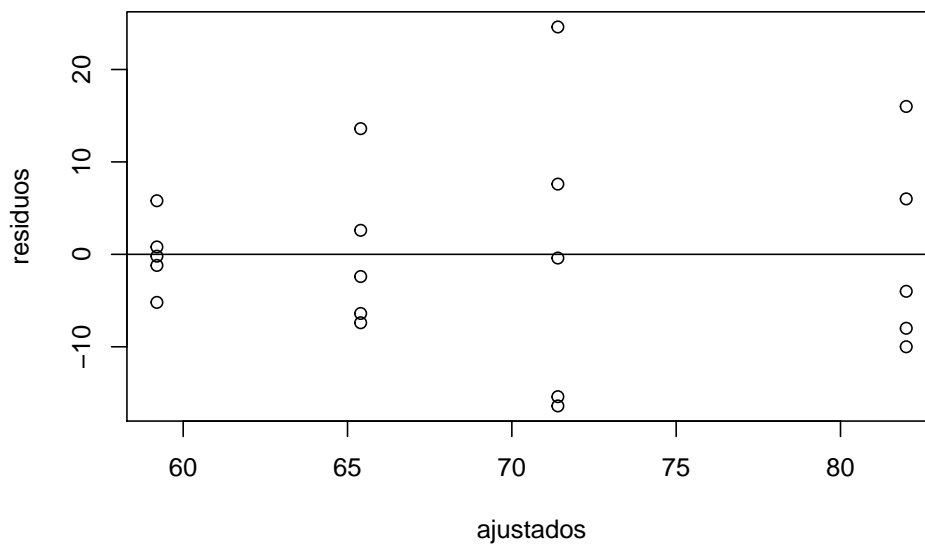
A B C D

82.0 71.4 65.4 59.2

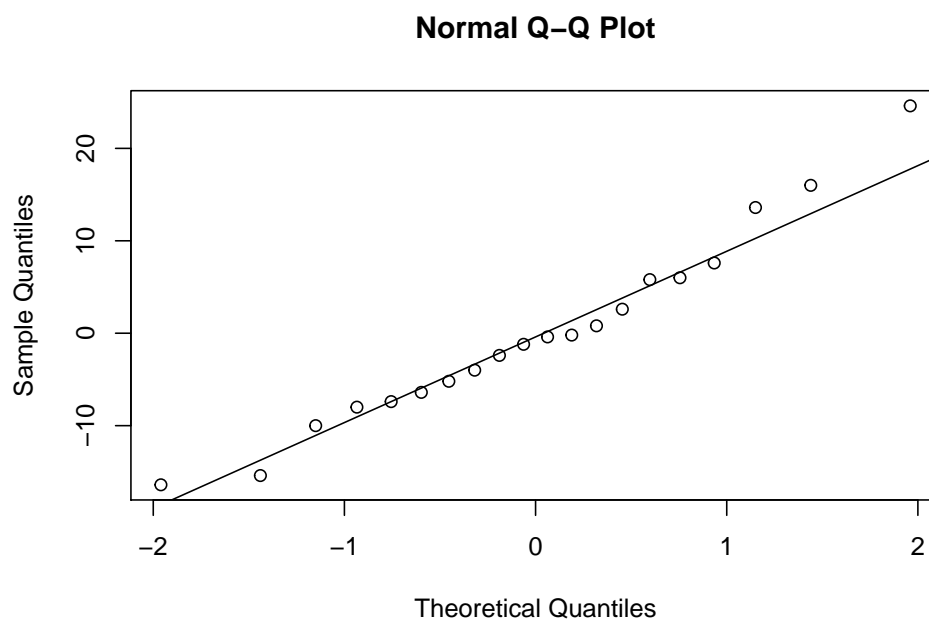
```
tapply(Peso,Variedade,sd)
```

	A	B	C	D
	10.863	17.097	8.562	3.962

```
residuos=residuals(anova)
ajustados=fitted(anova)
plot(ajustados,residuos)
abline(h=0)
```



```
qqnorm(residuos)
qqline(residuos)
```



1.5 Delineamento Blocos Casualizados (DBC)

É utilizado quando as unidades experimentais são heterogêneas. Os tratamentos são designados às unidades experimentais de forma casualizada, por meio de sorteio por blocos. Na área agrícola, é usado principalmente em áreas de campo e grandes animais.

Exemplo: Uma Nutricionista elaborou 4 dietas e quer aplicá-las em 20 pessoas a fim de testar suas eficiências quanto à perda de peso. Porém ela notou que entre essas 20 pessoas existem 5 grupos de faixas iniciais de peso. Então, para aumentar a eficácia do teste ela separou os 20 indivíduos em 5 grupos de faixas de peso.

	A	B	C
1	Tratamentos	Blocos	Perda
2	Dieta 1	peso A	2
3	Dieta 2	peso A	5
4	Dieta 3	peso A	2
5	Dieta 4	peso A	5
6	Dieta 1	peso B	3
7	Dieta 2	peso B	7
8	Dieta 3	peso B	4
9	Dieta 4	peso B	3
10	Dieta 1	peso C	2
11	Dieta 2	peso C	6
12	Dieta 3	peso C	5
13	Dieta 4	peso C	4
14	Dieta 1	peso D	4
15	Dieta 2	peso D	5
16	Dieta 3	peso D	1
17	Dieta 4	peso D	3
18	Dieta 1	peso E	2
19	Dieta 2	peso E	5
20	Dieta 3	peso E	4
21	Dieta 4	peso E	4

Figura 1.2: Indivíduos separados por grupos em faixas de peso

Criar o arquivo acima em planilha eletrônica. Nomear como DBC e salvar em formato .xls.

Importar no RStudio:

```
require(readxl)
url <- "https://github.com/Smolski/softwarelivrer/raw/master/avancado/dbc.xls"
destfile <- "dbc.xls"
curl::curl_download(url, destfile)
DBC <- read_excel(destfile)

attach(DBC)
anova=aov(Perda~Tratamentos+Blocos)
summary(anova)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Tratamentos	3	25.2	8.4	6.00	0.0097 **
Blocos	4	3.2	0.8	0.57	0.6885
Residuals	12	16.8	1.4		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Hipóteses estatísticas:

- $H_0: \mu_i = 0$ (as médias dos tratamentos não diferem entre si)
- $H_1: \mu_i \neq 0$ (existe, no mínimo, uma diferença entre as médias dos tratamentos)

Como $p = 0,00973$ ($p \leq 0,01$), rejeita-se H_0 com nível de significância de 1% e conclui-se que existe diferença significativa entre as médias dos tratamentos.

- $H_0: \sigma^2 \text{ blocos} = 0$
- $H_1: \sigma^2 \text{ blocos} \leq 0$

Como $p = 0,68854$ ($p \leq 0,05$), não rejeita-se H_0 e conclui-se que a variância entre os blocos não é significativa.

```
attach(DBC)
HSD.test(anova,as.factor("Tratamentos"),console=TRUE)
```

```
Study: anova ~ as.factor("Tratamentos")
```

```
HSD Test for Perda
```

```
Mean Square Error: 1.4
```

```
Tratamentos, means
```

	Perda	std	r	Min	Max
Dieta 1	2.6	0.8944	5	2	4
Dieta 2	5.6	0.8944	5	5	7
Dieta 3	3.2	1.6432	5	1	5
Dieta 4	3.8	0.8367	5	3	5

```
Alpha: 0.05 ; DF Error: 12
```

```
Critical Value of Studentized Range: 4.199
```

```
Minimun Significant Difference: 2.222
```

```
Treatments with the same letter are not significantly different.
```

	Perda	groups
Dieta 2	5.6	a

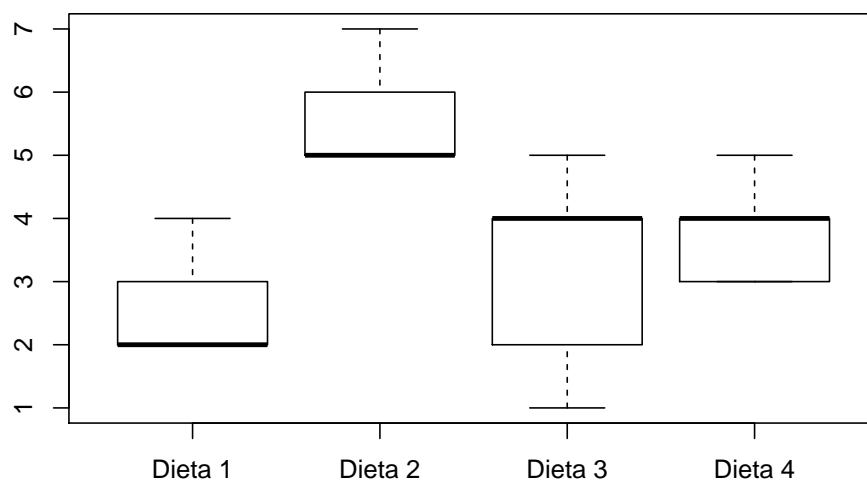
Dieta 4	3.8	ab
Dieta 3	3.2	b
Dieta 1	2.6	b

Médias dos tratamentos não seguidas por mesma letra diferem pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de significância.

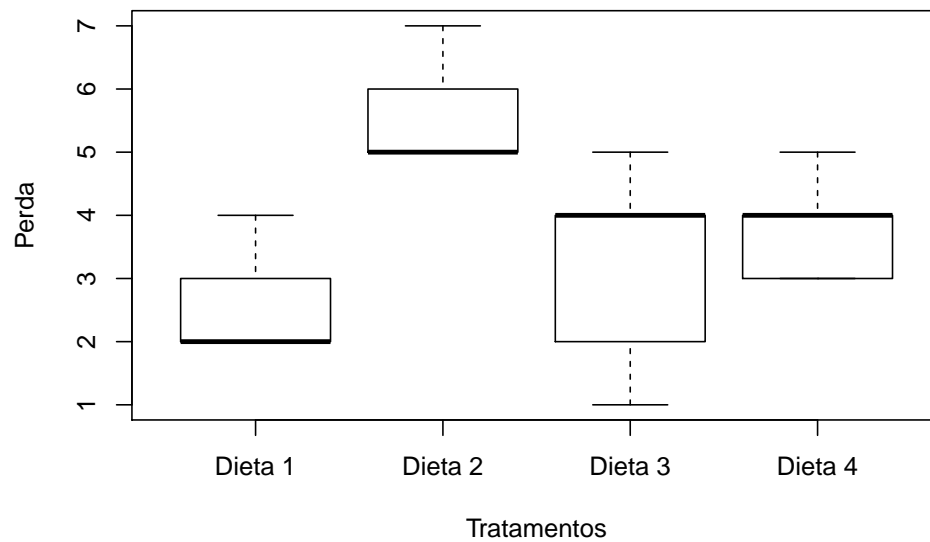
Conclusão: A dieta que resultou na maior perda de peso foi a dieta 2, que não diferiu da dieta 4. A dieta que resultou na menor perda de peso foi a dieta 1, que não diferiu das dietas 3 e 4.

Medidas descritivas com a variável resposta:

```
boxplot(Perda~Tratamentos)
```



```
boxplot(Perda~Tratamentos,xlab="Tratamentos",ylab="Perda")
```

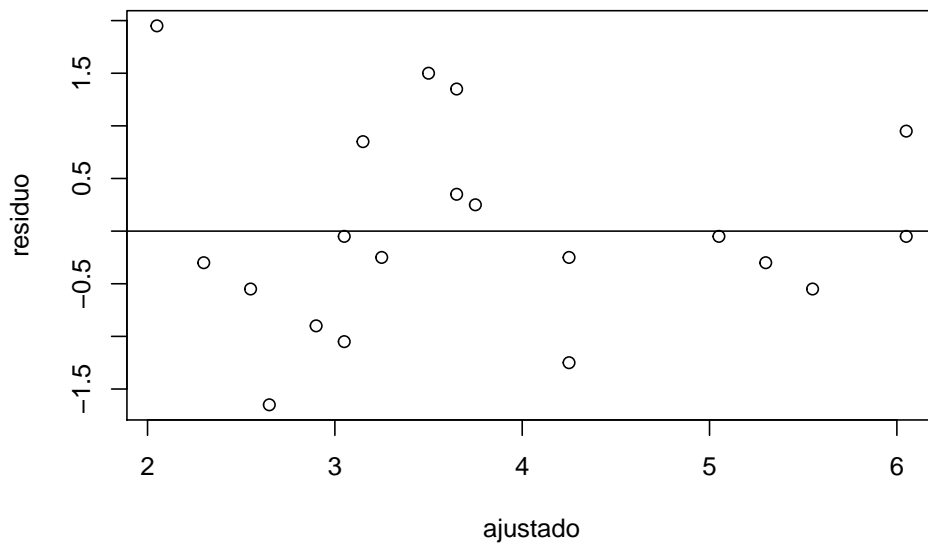
```
tapply(Perda,Tratamentos,mean)
```

```
Dieta 1 Dieta 2 Dieta 3 Dieta 4
      2.6      5.6      3.2      3.8
```

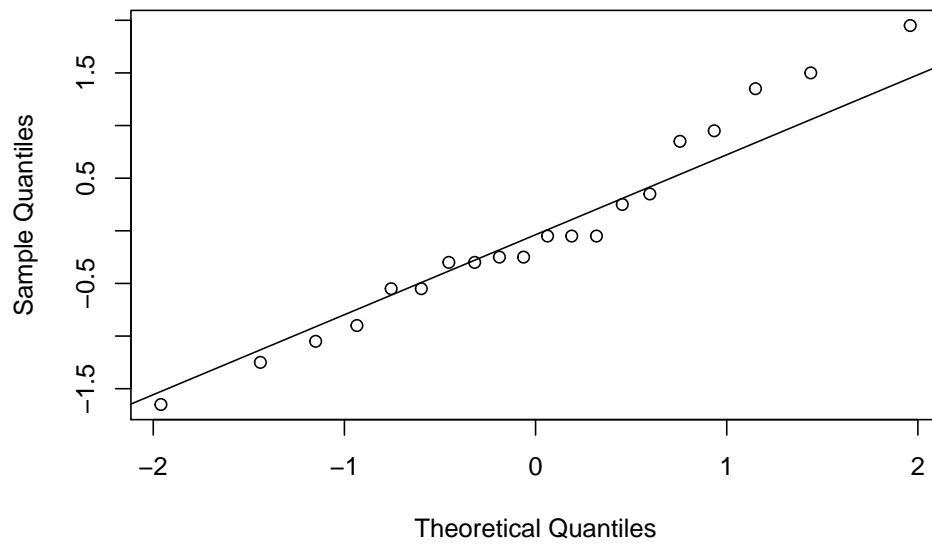
```
tapply(Perda,Tratamentos,sd)
```

```
Dieta 1 Dieta 2 Dieta 3 Dieta 4
 0.8944  0.8944  1.6432  0.8367
```

```
residuo=residuals(anova)
ajustado=fitted(anova)
plot(ajustado,residuo)
abline(h=0)
```



```
qqnorm(residuo)  
qqline(residuo)
```

Normal Q-Q Plot

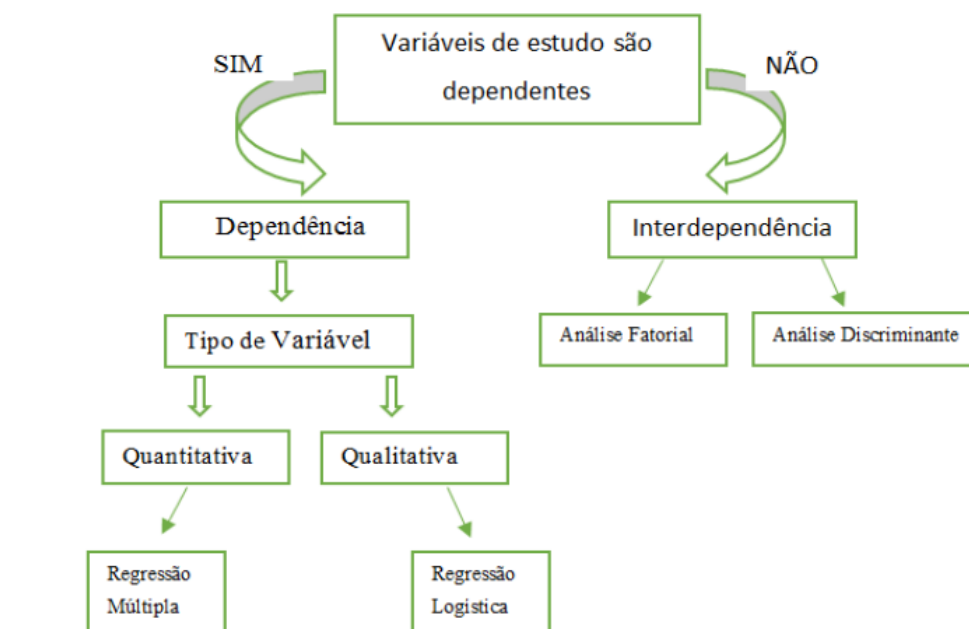
Capítulo 2

Análise Fatorial

A análise fatorial é um método estatístico utilizado para descrever a variabilidade entre variáveis observadas e possivelmente correlacionadas em termos de um número potencialmente menor de variáveis não observadas chamadas fatores.

Assim, é possível que as variações de três ou quatro variáveis observadas possam ser explicadas por somente um fator, o que evidencia a utilidade da análise fatorial para descrever um conjunto de dados utilizando para isso apenas alguns fatores.

Diferentemente da análise de variância, regressão e análise discriminante, onde uma das variáveis é identificada como a variável dependente, examina-se todo o conjunto de relações interdependentes entre variáveis.



Fonte: Azevedo, R. Métodos Quantitativos: Análise multivariada.

Figura 2.1: Processo de análise de variáveis

A análise fatorial aborda o problema de analisar a estrutura das inter-relações (correlações) entre um grande número de variáveis (escores de testes, itens de testes, respostas de questionários), definindo um conjunto de dimensões latentes comuns, chamados fatores. Então, a análise fatorial, permite primeiro identificar as dimensões separadas da estrutura e então determinar o grau em que cada variável é explicada por cada dimensão. Uma vez que essas dimensões e a explicação da cada variável estejam determinadas, os dois principais usos da análise fatorial podem ser conseguidos:

- **Resumo:** ao resumir os dados, a análise fatorial obtém dimensões latentes que, quando interpretadas e compreendidas, descrevem os dados em um número muito menor de conceitos do que as variáveis individuais originais.
- **Redução de dados:** pode ser obtida calculando escores para cada dimensão latente e substituindo as variáveis originais pelos mesmos.

As técnicas analíticas fatoriais podem ser classificadas quanto aos seus objetivos como **exploratória** ou **confirmatória**. Exploratória, útil na busca da estrutura em um conjunto de variáveis ou como um método de redução de dados. Sob esta perspectiva, as técnicas analíticas fatoriais “consideram o que os dados oferecem” e não estabelecem restrições *a priori* sobre o número de componentes a serem extraídos. O uso da análise fatorial em situações, que se deseja testar hipóteses envolvendo questões sobre, quais variáveis deveriam ser agrupadas em fator ou número exato de fatores, por exemplo, a análise fatorial desempenha um papel confirmatório, ou seja, avalia o grau em que os dados satisfazem a estrutura esperada.

Exemplo: em marketing, fatores associados às características do produto, clientes e até mesmo da organização.

Em estudos visando analisar o inter-relacionamento e o agrupamento de indivíduos, cidade ou regiões em grupos homogêneos em relação à mobilidade, preferências pessoais, condições de desenvolvimento, entre outras variáveis.

2.1 Pressupostos

A análise fatorial clássica exige que alguns pressupostos sejam satisfeitos, quais sejam (MALHOTRA, 2001):

- a. Normalidade dos dados: apesar deste pressuposto não ser crítico quando a estimação é realizada por mínimos quadrados ordinários, a exigência de normalidade auxilia na análise, evitando possíveis assimetrias e a presença de *outliers*.
- b. Variáveis quantitativas medidas em escala Intervalar ou de Razão. Esse pressuposto é crítico, pois a análise deve ser realizada com variáveis quantitativas e, frequentemente, alguns estudos são realizados utilizando variáveis ordinais (as quais são qualitativas) na análise fatorial clássica (o que é errado de muitas maneiras).
- c. Como diretriz inicial deve haver ao menos quatro a cinco vezes mais observações do que variáveis.

2.2 Estatísticas Associadas a Análise Fatorial

Em geral, as estatísticas utilizadas no processo de análise fatorial são (AAKER-KUMARDAY, 2001):

- Teste de esfericidade de Bartlett: estatística de teste usada para examinar a hipótese de que as variáveis não sejam correlacionadas na população, ou seja, a matriz de correlação da população é uma matriz identidade onde cada variável se correlaciona perfeitamente com ela própria ($r=1$), mas não apresenta correlação com as outras variáveis ($r=0$).
- Matriz de correlação: o triângulo inferior da matriz exibe as correlações simples, r , entre todos os pares possíveis de variáveis incluídas na análise, enquanto os elementos da diagonal, que são todos iguais a 1, em geral são omitidos.
- Comunalidade: porção da variância que uma variável compartilha com todas as outras variáveis consideradas, sendo também a proporção de variância explicada pelos fatores comuns.
- Autovalor: representa a variância total explicada por cada fator.
- Cargas fatoriais: correlação simples entre as variáveis e os fatores.
- Gráfico das cargas dos fatores: gráfico das variáveis originais utilizando as cargas fatoriais como ordenadas.
- Matriz de fatores ou matriz principal: contém as cargas fatoriais de todas as variáveis em todos os fatores extraídos.
- Escores fatoriais: escores compostos estimados para cada entrevistado nos fatores derivados.
- Medida de adequacidade da amostra de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO): é o índice usado para avaliar a adequacidade da análise fatorial. Valores altos (entre 0,5 e 1,0) indicam que a análise fatorial é apropriada. Valores abaixo de 0,5 indicam que a análise fatorial pode ser inadequada.
- Percentagem de variância: percentagem da variância total atribuída a cada fator.
- Resíduos: diferenças entre as correlações observadas, dadas na matriz de correlação de entrada (input) e as correlações reproduzidas, conforme estimadas pela matriz de fatores.
- Scree plot: gráfico dos autovalores versus número de fatores por ordem de extração.

Exemplo 1:

(MALHOTRA, 2001) Suponhamos que um pesquisador queira avaliar os benefícios que os consumidores esperam de um dentífrico. Foi entrevistada uma amostra de 30 pessoas em um supermercado, para que indicassem seu grau de concordância com as seguintes afirmações, utilizando uma escala de 7 pontos (1= discordância total, 7 =concordância total).

- V1: É importante comprar um creme dental que evite cáries.

- V2: Gosto de um creme dental que clareie os dentes.
- V3: Um creme dental deve fortificar as gengivas.
- V4: Prefiro um creme dental que refresque o hálito.
- V5: Manter os dentes saudáveis não é uma vantagem importante de um creme dental.
- V6: O aspecto mais importante na compra de um creme dental é tornar os dentes atraentes.

Inicialmente podemos explorar algumas estatísticas descritivas relacionadas às variáveis pesquisadas, utilizando a função `summary`:

```
require(readxl)

url <- "https://github.com/Smolski/softwarelivrer/raw/master/avancado/creme_dental_exemplo1.xlsx"
destfile <- "creme_dental_exemplo1.xlsx"
curl::curl_download(url, destfile)
creme_dental_exemplo1 <- read_excel(destfile)

attach(creme_dental_exemplo1)
summary(creme_dental_exemplo1)
```

	v1		v2		v3		v4		v5
Min.	:1.00	Min.	:2.0	Min.	:1.0	Min.	:2.0	Min.	:1.0
1st Qu.	:2.00	1st Qu.	:3.0	1st Qu.	:2.0	1st Qu.	:3.0	1st Qu.	:2.0
Median	:4.00	Median	:4.0	Median	:4.0	Median	:4.0	Median	:3.5
Mean	:3.93	Mean	:3.9	Mean	:4.1	Mean	:4.1	Mean	:3.5
3rd Qu.	:6.00	3rd Qu.	:5.0	3rd Qu.	:6.0	3rd Qu.	:5.0	3rd Qu.	:5.0
Max.	:7.00	Max.	:7.0	Max.	:7.0	Max.	:7.0	Max.	:7.0

	v6
Min.	:2.00
1st Qu.	:3.00
Median	:4.00
Mean	:4.17
3rd Qu.	:4.75
Max.	:7.00

2.3 Passos da Análise Fatorial

Basicamente, os seguintes passos conduzem a análise fatorial: entrada de dados, cálculo das correlações entre as variáveis, extração inicial dos fatores e a rotação da matriz.

2.3.1 Construção da Matriz de Correlação

Entrada de Dados (BASE): os dados de entrada da análise fatorial geralmente tomam a forma de um conjunto de valores de variáveis para cada objeto ou indivíduo na amostra. Toda matriz, cujos componentes ofereçam uma medida de similaridade entre variáveis, pode ser passível de análise fatorial. A medida de similaridade não precisa ser uma correlação, embora, geralmente, ou seja:

Para que a análise fatorial seja adequada, as variáveis devem ser correlacionadas. Espera-se também que as variáveis altamente correlacionadas umas com as outras se correlacionem também com o(s) mesmo(s) fator(s).

Note que existem correlações amostrais positivas e negativas relativamente elevadas entre V1 (prevenção de cáries), V3 (gengivas fortes) e V5 (dentes sadios). Espera-se que essas variáveis se relacionem com o mesmo conjunto de fatores. Verificam-se também correlações relativamente elevadas entre V2 (clareie os dentes), V4 (hálito puro) e V6 (dentes atraentes). Essas variáveis também devem correlacionar-se com os mesmos fatores.

```
matcor <- cor(creme_dental_exemplo1)
print(matcor, digits = 2)
```

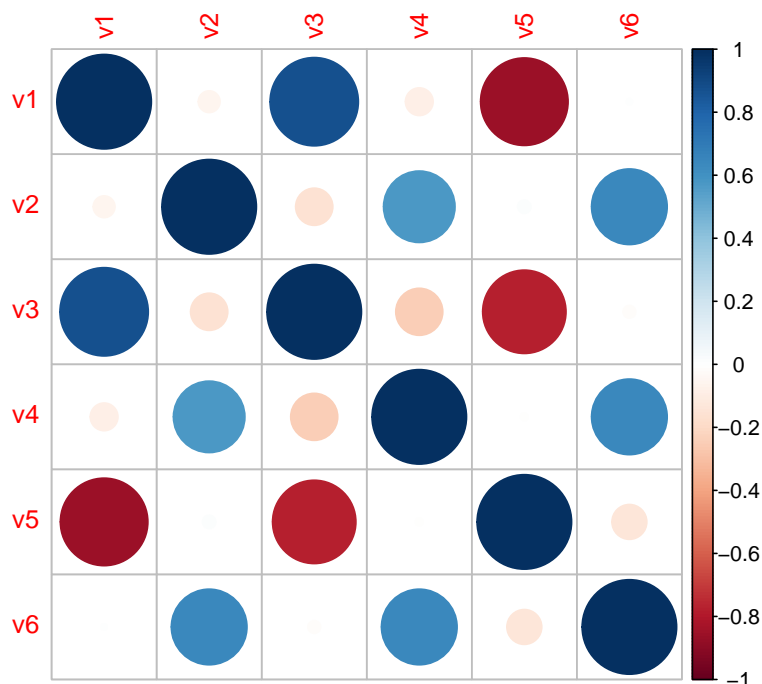
	v1	v2	v3	v4	v5	v6
v1	1.0000	-0.053	0.873	-0.0862	-0.8576	0.0042
v2	-0.0532	1.000	-0.155	0.5722	0.0197	0.6405
v3	0.8731	-0.155	1.000	-0.2478	-0.7778	-0.0181
v4	-0.0862	0.572	-0.248	1.0000	-0.0066	0.6405
v5	-0.8576	0.020	-0.778	-0.0066	1.0000	-0.1364
v6	0.0042	0.640	-0.018	0.6405	-0.1364	1.0000

```
require(corrplot)
```

```
Carregando pacotes exigidos: corrplot
```

```
corrplot 0.84 loaded
```

```
corrplot(matcor, method="circle")
```



Na figura acima, as correlações estão em cor azul porque são positivas, com tons mais fortes para as correlações mais altas.

Para testar a conveniência do modelo fatorial pode-se aplicar o teste de esfericidade de Bartlett para testar a hipótese nula, de que as variáveis não sejam correlacionadas na população. Um valor elevado da estatística de teste favorece a rejeição da hipótese nula.

Também, a medida de adequacidade da amostra de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) compara as magnitudes dos coeficientes de correlação observados com as magnitudes dos coeficientes de correlação parcial. Pequenos valores de KMO indicam que as correlações entre os pares de variáveis não podem ser explicadas por outras variáveis, indicando que a análise fatorial não é adequada.

Hipóteses:

Ho: A matriz de correlação da população é uma matriz identidade, ou seja as variáveis não são correlacionadas na população.

H1: A matriz de correlação da população não é uma matriz identidade, ou seja as variáveis são correlacionadas na população.

```
#install.packages("psych")
require(psych)
```

Carregando pacotes exigidos: psych

```
cortest.bartlett(creme_dental_exemplo1)
```

R was not square, finding R from data


```
$chisq
[1] 111.3

$p.value
[1] 9.017e-17

$df
[1] 15
```

Veja que a hipótese nula de que a matriz de correlação da população seja uma matriz identidade é rejeitada pelo teste de esfericidade de Bartlett. A estatística qui-quadrado aproximada é 111,314, com 15 graus de liberdade, significativa ao nível de 0,05.

```
KMO(creme_dental_exemplo1)
```

```
Kaiser-Meyer-Olkin factor adequacy
Call: KMO(r = creme_dental_exemplo1)
Overall MSA = 0.66
MSA for each item =
  v1  v2  v3  v4  v5  v6
0.62 0.70 0.68 0.64 0.77 0.56
```

A estatística KMO maior que 0,5 também concorda quanto ao fato de que a análise fatorial pode ser considerada uma técnica apropriada para analisar a matriz de correlação.

2.3.2 Método de Análise Fatorial

As duas abordagens básicas são a análise de componentes principais (ACP) e a análise fatorial (AFC) comum ou análise fatorial exploratória (AFE), embora existam diferentes métodos de extração de fatores da matriz de correlações, que de forma geral, são métodos numericamente complexos. Na análise de componentes principais, o objetivo da extração de fatores é encontrar um conjunto de fatores que formem uma combinação linear das variáveis originais ou da matriz de correlações. Assim, se as variáveis X_1 , X_2 , X_3 , ..., X_n são altamente correlacionadas entre si, elas serão combinadas para formar um fator, e assim, sucessivamente, com todas as demais variáveis da matriz de correlação.

A análise fatorial exploratória pode trazer informações importantes sobre a estrutura multivariada de um instrumento de mensuração, identificando os construtos teóricos.

O segundo objetivo da análise fatorial exploratória está relacionado à redução de dados e descoberta de ponderações ótimas para as variáveis mensuradas, de forma que um grande conjunto de variáveis possa ser reduzido a um conjunto menor de índices sumários que tenham máxima variabilidade e fidedignidade. A redução de dados é especialmente possível pela aplicação da Análise dos Componentes Principais (ACP) e não pelo uso da análise fatorial comum (AFC), havendo uma diferença fundamental entre os dois métodos: a ACP trabalha com a variância total observada, enquanto a AFC trabalha somente com

a variância partilhada dos itens (variância erro e variância única são excluídas) (LAROS, 2012).

Na AFC, os fatores são estimados para explicar as covariâncias entre as variáveis observadas, portanto os fatores são considerados como as causas das variáveis observadas. Já na ACP, os componentes são estimados para representar a variância das variáveis observadas de uma maneira tão econômica quanto possível. Os componentes principais são somas otimamente ponderadas das variáveis observadas, neste sentido, as variáveis observadas são consideradas as causas dos componentes principais (LAROS, 2012).

Assim, recomenda-se a ACP, quando o objetivo é determinar o número mínimo de fatores que respondem pela máxima variância nos dados, sendo os fatores chamados componentes principais (MALHOTRA, 2001).

Obs.:

cor = TRUE: as componentes principais serão geradas a partir da matriz de correlação.

cor = FALSE: as componentes principais serão geradas a partir da matriz de covariância.

```
fit<-princomp(creme_dental_exemplo1,cor=TRUE)
fit
```

Call:

```
princomp(x = creme_dental_exemplo1, cor = TRUE)
```

Standard deviations:

Comp.1	Comp.2	Comp.3	Comp.4	Comp.5	Comp.6
1.6526	1.4893	0.6645	0.5842	0.4274	0.2919

6 variables and 30 observations.

```
summary(fit)
```

Importance of components:

	Comp.1	Comp.2	Comp.3	Comp.4	Comp.5	Comp.6
Standard deviation	1.6526	1.4893	0.6645	0.58417	0.42735	0.2919
Proportion of Variance	0.4552	0.3697	0.0736	0.05688	0.03044	0.0142
Cumulative Proportion	0.4552	0.8249	0.8985	0.95536	0.98580	1.0000

A função `summary(fit)` mostra a aplicação da análise de componentes principais. O fator 1 responde por 45,52% da variância total. Da mesma forma, o segundo fator responde por 36,97% da variância total, sendo que os dois primeiros fatores respondem por 82,49% da variância total. Várias considerações devem integrar a análise do número de fatores que devem ser usados na análise.

2.3.3 Determinação do número de fatores

A fim de reduzir as informações presentes nas variáveis originais, deve-se reduzir o número de fatores. Na literatura, diversos processos são sugeridos: determinação a priori, observação dos autovalores, representação gráfica (**scree plot**), testes de significância entre outros.

2.3.3.1 Determinação a priori

Quando o pesquisador, com base na experiência que apresentação em relação ao assunto, decide quantos fatores deseja utilizar.

2.3.3.2 Autovalores

Como o autovalor representa a quantidade de variância associada ao fator, incluem-se apenas os fatores com variância maior que 1.

2.3.3.3 Gráfico de declive (scree plot)

Trata-se de uma representação gráfica dos autovalores associada ao número de fatores na ordem de extração. O ponto em que a inclinação suaviza indica o número de fatores a ser usados, que em geral é superior ao revelado pelos autovalores.

2.3.3.4 Percentagem da variância

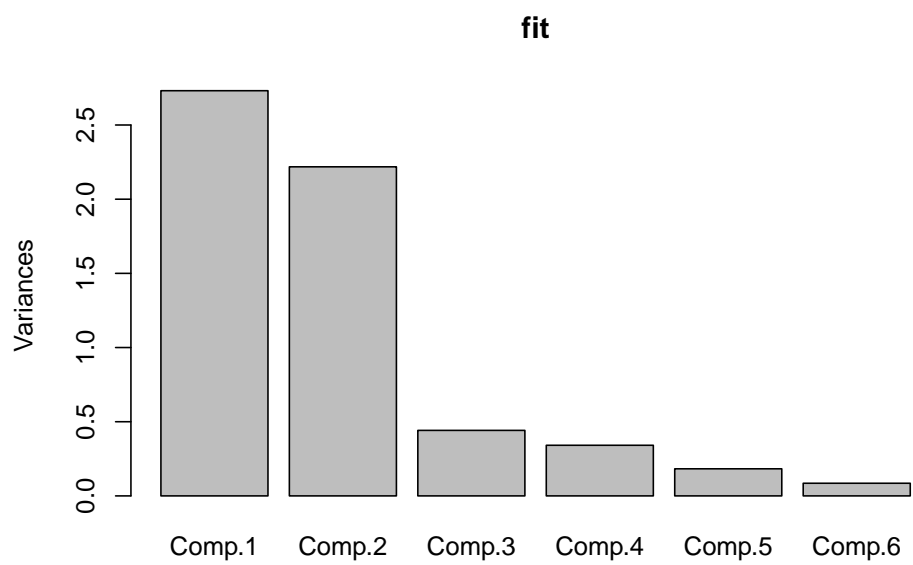
Determina que o número de fatores extraídos seja de no mínimo 60% da variância.

2.3.3.5 Teste de significância

É possível reter apenas os fatores estatisticamente significativos com base na significância estatística dos autovalores separados.

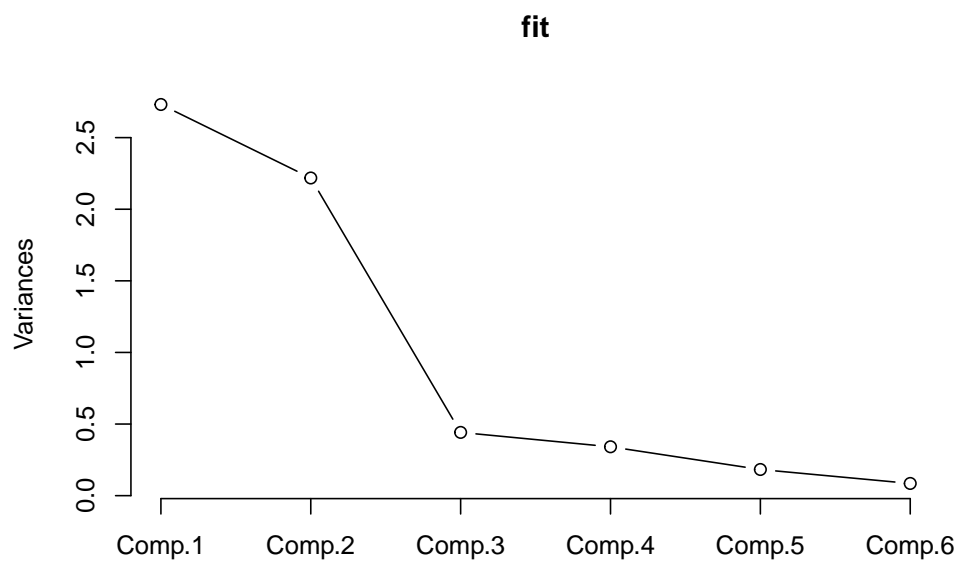
Abaixo vamos apresentar o **scree-plot**, em formato do gráfico de barras para o nosso exemplo

```
screeplot(fit)
```



Note que as duas primeiras componentes, aparecem em destaque, ocorrendo uma ligeira suavização das alturas nas demais colunas.

```
plot(fit,type="lines")
```



2.3.4 Análise de Componentes Principais

Rodando a Análise de Componentes Principais no R, temos:

```
PCAdente<-principal(creme_dental_exemplo1, nfactors=2,
                    n.obs=30,rotate="none", scores=TRUE)
```

PCAdente

Principal Components Analysis

Call: principal(r = creme_dental_exemplo1, nfactors = 2, rotate = "none",
n.obs = 30, scores = TRUE)

Standardized loadings (pattern matrix) based upon correlation matrix

	PC1	PC2	h2	u2	com
v1	0.93	0.25	0.93	0.074	1.1
v2	-0.30	0.80	0.72	0.277	1.3
v3	0.94	0.13	0.89	0.106	1.0
v4	-0.34	0.79	0.74	0.261	1.4
v5	-0.87	-0.35	0.88	0.122	1.3
v6	-0.18	0.87	0.79	0.210	1.1

	PC1	PC2
SS loadings	2.73	2.22
Proportion Var	0.46	0.37
Cumulative Var	0.46	0.82
Proportion Explained	0.55	0.45
Cumulative Proportion	0.55	1.00

Mean item complexity = 1.2

Test of the hypothesis that 2 components are sufficient.

The root mean square of the residuals (RMSR) is 0.07
with the empirical chi square 3.94 with prob < 0.41

Fit based upon off diagonal values = 0.98

A matriz de fatores acima, resultante da análise de componentes principais, é composta pelos coeficientes (cargas fatoriais) que expressam as variáveis padronizadas em termos dos fatores. Valores altos das cargas fatoriais, representam boa relação entre a variável e o fator. Essa matriz não rotada, apresenta dificuldades para ser interpretada pelo fato de que, em geral os fatores são correlacionados com muitas variáveis.

Com o processo da rotação, a matriz de fatores resulta numa matriz mais simples, sendo que a rotação não afeta as communalidades e a porcentagem da variância explicada. No entanto, a porcentagem da variância explicada por cada fator varia, sendo redistribuída por rotação (MALHOTRA, 2001).

Obs. communalidades (*communalities*) são quantidades das variâncias (correlações) de

cada variável explicada pelos fatores.

2.3.5 Matriz Rotada do Fator

Com o objetivo de possibilitar uma melhor interpretação dos fatores, é prática comum fazer uma rotação ou uma transformação dos fatores.

O conjunto de cargas fatoriais, obtidas por qualquer método de solução fatorial, quando o número de fatores comuns é maior do que um, não é único, pois outros conjuntos equivalentes podem ser encontrados, por transformações ortogonais de cargas.

Na rotação ortogonal, os eixos são mantidos em ângulo reto, sendo o método mais utilizado o processo varimax. Esse método ortogonal de rotação minimiza o número de variáveis com altas cargas sobre um fator afim de permitir a interpretação dos fatores. A rotação ortogonal resulta em fatores não correlacionados ao passo que a rotação oblíqua não mantém os eixos em ângulo reto e os fatores são correlacionados (MALHOTRA, 2001).

```
PCAdentevarimax<-principal(creme_dental_exemplo1, nfactors=2,
                             n.obs=30,rotate="varimax",scores=TRUE)
PCAdentevarimax
```

Principal Components Analysis

Call: principal(r = creme_dental_exemplo1, nfactors = 2, rotate = "varimax",
n.obs = 30, scores = TRUE)

Standardized loadings (pattern matrix) based upon correlation matrix

	RC1	RC2	h2	u2	com
v1	0.96	-0.03	0.93	0.074	1.0
v2	-0.05	0.85	0.72	0.277	1.0
v3	0.93	-0.15	0.89	0.106	1.1
v4	-0.09	0.85	0.74	0.261	1.0
v5	-0.93	-0.08	0.88	0.122	1.0
v6	0.09	0.88	0.79	0.210	1.0

	RC1	RC2
SS loadings	2.69	2.26
Proportion Var	0.45	0.38
Cumulative Var	0.45	0.82
Proportion Explained	0.54	0.46
Cumulative Proportion	0.54	1.00

Mean item complexity = 1

Test of the hypothesis that 2 components are sufficient.

The root mean square of the residuals (RMSR) is 0.07
with the empirical chi square 3.94 with prob < 0.41

Fit based upon off diagonal values = 0.98

Veja que na matriz rotada, o Fator 1 apresenta altos coeficientes para as variáveis V1 (prevenção de cáries), V3 (gengivas fortes) e coeficiente negativo para V5 (dentes sadios não é importante). O Fator 2 apresenta forte relação com V2 (clareie os dentes), V4 (hálito puro) e V6 (dentes atraentes).

Rotulando:

Nesta fase é usual tentar dar nomes aos fatores. Em muitos casos, isto requer um certo grau de imaginação:

Fator 1: Fator de benefício para a saúde.

Fator 2: Fator de benefício social.

Com os dois fatores acima, podemos concluir sobre o que o consumidor espera de um creme dental.

2.3.6 Autovalores

Para acessar os eigenvalues (autovalores):

```
PCAdentevarimax$values
```

```
[1] 2.73119 2.21812 0.44160 0.34126 0.18263 0.08521
```

Confirmando, temos autovalores acima de 1, nos dois primeiros casos.

Para visualizar melhor a contribuição de cada variável (peso):

```
PCAdentevarimax$loadings
```

Loadings:

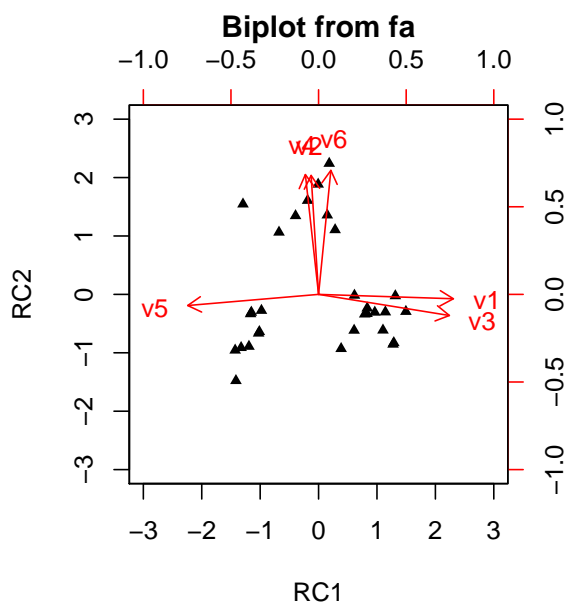
	RC1	RC2
v1	0.962	
v2		0.848
v3	0.933	-0.151
v4		0.855
v5	-0.934	
v6		0.885

	RC1	RC2
SS loadings	2.687	2.263
Proportion Var	0.448	0.377
Cumulative Var	0.448	0.825

Recurso importante na interpretação dos fatores, o gráfico das variáveis, apresenta ao final do eixo, as variáveis que com cargas mais altas sobre aquele fator. Quanto mais próximas

da origem menores as cargas destas variáveis sobre aquele fator. Variáveis distantes dos dois eixos, estão relacionadas a ambos os fatores.

```
biplot(PCAdentevarimax)
```



Os valores dos fatores obtidos para os 30 entrevistados encontram-se na matriz de coeficiente de escore do componente mostrada abaixo. Esta ajuda a entender como cada variável se relaciona aos escores dos componentes calculados para cada participante. Para melhor compreensão da análise dos escores dos entrevistados é importante especificar e comentar o significado de cada fator:

Fator 1: Fator de benefício para a saúde.

Fator 2: Fator de benefício social.

Analisando os escores fatoriais dos entrevistados, destacamos a seguir alguns entrevistados e seus respectivos resultados:

Entrevistado 18: 1.494934982

Este entrevistado se destacou como o primeiro colocado no ranqueamento, obtendo o maior escore ponderado, demonstrando ser bastante atento à prevenção de cáries, gengivas fortes e dentes saudáveis.

Entrevistado 29: 2.24121650

Este entrevistado se destacou em primeiro no segundo fator, apresentando preocupação quanto ao benefício social da dentição: boa aparência dos dentes, hálito puro e boa aparência dos dentes.

Destacando-se os entrevistados de interesse, verifica-se:

[8,]	1.314326185	-0.02535258
[9,]	-1.013720900	-0.63921247
[10,]	-1.294148852	1.54533311
[11,]	1.102641284	-0.61319753
[12,]	-1.150922200	-0.30734835
[13,]	1.288271583	-0.82866966
[14,]	0.148988842	1.35740692
[15,]	-1.326348572	-0.91233215
[16,]	0.789822075	-0.33831055
[17,]	0.608638252	-0.61593673
[18,]	1.494934982	-0.29386303
[19,]	-1.026914833	-0.66541567
[20,]	-0.394466651	1.34560335
[21,]	-1.192010691	-0.89125450
[22,]	0.614234778	-0.01676177
[23,]	-0.978198322	-0.27595537
[24,]	-0.006906942	1.88496785
[25,]	0.833064467	-0.23598682
[26,]	-0.188090764	1.60734167
[27,]	0.828974634	-0.32986524
[28,]	-0.677614532	1.06323436
[29,]	0.182192413	2.24121650
[30,]	-1.428147525	-0.95604502

Figura 2.2: Principais resultados

Capítulo 3

Regressão Múltipla

3.1 Modelo geral

Um modelo de regressão múltipla é expresso como:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \cdots + \beta_k x_{ki} + \varepsilon_i$$

em que:

- y_i : valores da variável resposta, $i = 1, 2, \dots, n$ observações;
- x : valores das variáveis explicativas, $k = 1, 2, \dots, K$ variáveis;
- β_k : parâmetros do modelo;
- ε_i : erro aleatório.

A equação estimada para este modelo é definida como:

$$y_i = b_0 + b_1 x_{1i} + b_2 x_{2i} + \cdots + b_k x_{ki}$$

em que:

- b_k : coeficientes estimados.

3.2 Variável dummy

Em algumas situações é necessário introduzir, como variável preditora (independente), uma variável categórica no modelo de regressão linear simples ou múltiplo, como por exemplo, local (urbano ou rural), área (preservada ou degradada), etc, podendo ter mais que duas categorias. Essa variável terá que ser codificada, utilizando somente códigos 0 e 1, assim chamada variável dummy.

O número de variáveis dummy no modelo será sempre igual ao número de categorias da variável preditora original menos 1. Por exemplo:

- Para a variável preditora “local” que assume valores - urbano ou rural, então têm-se a variável dummy `local_dummy` assumindo 0 para rural e 1 para urbano; também, poderia ser utilizado 1 para rural e 0 para urbano. Uma indicação é que a categoria que assume o valor 0 seja a categoria de referência.
- Para a variável preditora “grau de escolaridade” que assume valores – ensino fundamental, ensino médio, ensino superior, então têm-se as variáveis dummy: `escola1` e `escola2`, assim definido:
 - a. `escola1=0` e `escola2=0` para ensino fundamental;
 - b. `escola1=1` e `escola2=0` para ensino médio;
 - c. `escola1=0` e `escola2=1` para ensino superior.

Exercício:

- 1) Utilizando o banco de dados `ARVORE2`, ajuste um modelo de regressão linear simples para prever a altura das árvores em função do diâmetro. Veja essa relação no diagrama de dispersão. Interprete os resultados.

Relembrando Modelos de Regressão Linear Simples – Curso Básico do Software R:

- 1.1 Ajustar a equação de regressão. Interpretá-la.
- 1.2 Encontrar e interpretar a significância da equação.
- 1.3 Encontrar e interpretar o coeficiente de determinação.
- 1.4 Analisar graficamente os resíduos.
- 1.5 Testar a normalidade dos resíduos.

Adicionalmente - Curso Avançado do Software R:

- 1.6 Analisar pontos *outliers* nos resíduos.

Para análise dos valores *outliers* nos resíduos (*residuals standard* e *residuals studentized*), utilizam-se os seguintes comandos:

```
rstudent(regressao)
```

```
rstandard(regressao)
```

E o gráfico para verificar valores outliers nos resíduos:

```
plot(rstudent(regressao))
```

```
plot(rstandard(regressao))
```

Aqueles valores maiores que $|2|$ são possíveis outliers. Incluir uma linha $y = 2$ e $y = -2$, para facilitar a visualização de outliers.

- 1.7 Analisar pontos influentes nos resíduos.

Para análise dos valores influentes, utiliza-se:

```
dffits(regressao)
```

Aqueles valores maiores que $2 \cdot (p/n)^{(1/2)}$ são possíveis pontos influentes. Em que, p = número de parâmetros do modelo e n = tamanho da amostra. O gráfico para detectar pontos influentes pode ser elaborado pelo comando:

```
plot(dffits(regressao))
```

Aqueles valores maiores, em módulo, são possíveis influentes. Incluir linhas para facilitar a visualização de pontos influentes.

Ainda, pode-se utilizar o comando `plot(regressao)` elabora diferentes gráficos para o diagnóstico do modelo.

- 2) Ajuste um segundo modelo de regressão linear simples para prever a altura das árvores em função da espécie. Veja essa relação no diagrama de dispersão. Interprete os resultados.
- 3) Ajuste um terceiro modelo de regressão múltipla para prever a altura das árvores em função do diâmetro e da espécie. Interprete os resultados.

```
library(readxl)
url <- "https://github.com/Smolski/softwarelivrer/raw/master/avancado/arvore2.xlsx"
destfile <- "arvore2.xlsx"
curl::curl_download(url, destfile)
arvore2 <- read_excel(destfile)
attach(arvore2)
head(arvore2)
```

```
# A tibble: 6 x 4
  Nomecientifico      diametro_cm altura_m especie
  <chr>              <dbl>      <dbl>   <dbl>
1 Sebastiania commersoniana    52.2    15.2     0
2 Sebastiania commersoniana    95      17.3     0
3 Sebastiania commersoniana    67.3    16.3     0
4 Sebastiania commersoniana    46.3    14      0
5 Sebastiania commersoniana    64.1    15      0
6 Sebastiania commersoniana   122     22      0
```

```
modelom=lm(altura_m~diametro_cm+especie)
modelom
```

Call:

```
lm(formula = altura_m ~ diametro_cm + especie)
```

Coefficients:

```
(Intercept)  diametro_cm      especie
    12.6959      0.0571    -1.6252
```

Modelo:

$$Y = 12,328 + 0,0576x_1 + 1,423x_2$$

Ou

$$\text{Altura} = 12,328 + 0,0576\text{diâmetro} + 1,423\text{espécie}$$

Verificando a significância de cada coeficiente do modelo de regressão múltipla:

```
summary(modelom)
```

Call:

```
lm(formula = altura_m ~ diametro_cm + especie)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.269	-0.766	-0.124	0.813	2.873

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	12.69592	0.38639	32.86	< 2e-16 ***
diámetro_cm	0.05713	0.00445	12.84	< 2e-16 ***
especie	-1.62517	0.24459	-6.64	1.5e-09 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.19 on 102 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.7, Adjusted R-squared: 0.694

F-statistic: 119 on 2 and 102 DF, p-value: <2e-16

Verificar a significância do modelo completo.

Verificar o coeficiente de determinação do modelo.

Realizar análise dos resíduos.

- gráfico dos resíduos com cada variável preditora
- resíduos padronizados para verificar outlier
- verificar pontos infuents

A interpretação dos termos de regressão é um pouco mais complicada. Em geral, um modelo com múltiplos preditores indica a diferença média na variável desfecho quando mudamos o valor de uma variável e mantemos a outra constante.

Nesse caso, entre árvores de mesmo diâmetro (x_1), a diferença média esperada da altura (y) para a espécie *Syphoneugena reitzii* em relação a espécie *Sebastiania commersoniana* é de cerca de 1,42m a menos (pois $b_3 = -1,42$).

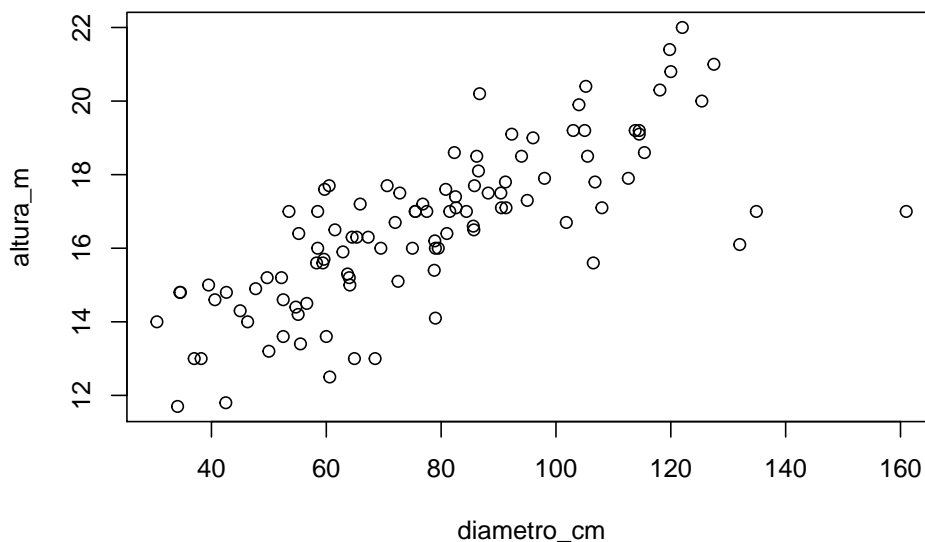
Da mesma forma, árvores da mesma espécie têm, em média, 0,05758m (pois $b_2=0,05758$) a mais a cada 1 cm de diâmetro.

Como envolvem mais variáveis, não é possível resolver o modelo inteiro num único gráfico. Como alternativa, pode-se plotar a reta para cada espécie (variável categórica).

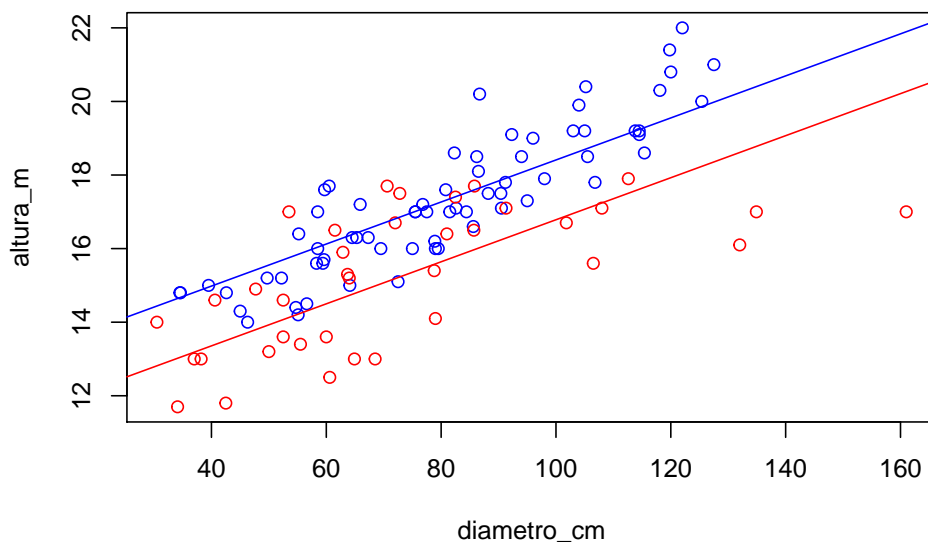
Primeiro, os pontos são plotados. O argumento `type='n'` indica que não é para acrescentar nenhum ponto ao gráfico. Em seguida, os pontos são acrescentados separadamente, com a função `points`, a qual acrescenta pontos ao gráfico, sendo que o colchete `[espécie==0]` seleciona somente os casos desejados.

Por fim, acrescentamos as retas de regressão para cada resposta a variável independente espécie. Usamos a função `coef` para extrair os coeficientes de interesse.

```
plot(diametro_cm,altura_m)
```



```
# Gera o gráfico sem pontos
plot(diametro_cm,altura_m,type='n')
# Acrescenta os pontos
points(diametro_cm[espécie==0],altura_m[espécie==0],col='blue')
points(diametro_cm[espécie==1],altura_m[espécie==1],col='red')
# Acrescenta as linhas
abline(coef(modelom)[1], coef(modelom)[2], col='blue')
abline(coef(modelom)[1]+coef(modelom)[3], coef(modelom)[2], col='red')
```



3.3 Interação entre variáveis preditoras

Quando suspeita-se que os coeficientes de inclinação podem variar entre as categorias da variável preditora então aconselha-se testar a interação entre as duas variáveis. No software R utiliza-se ‘:’ para indicar a interação entre as duas variáveis. Se a interação for significativa ($P < 0,05$), então conclui-se que os coeficientes de inclinação diferem entre si.

O modelo de regressão múltipla apresentando anteriormente pressupõe que a inclinação da reta de regressão é igual para os dois grupos considerados, espécie *Syphoneugena reitzii* e espécie *Sebastiania commersoniana* espécie. Se existem motivos para acreditar que a inclinação pode variar de um grupo para o outro, pode-se acrescentar um termo de interação (interação entre variáveis) (Kaszubowski, 2016).

A interação, neste caso, nada mais é do que o acréscimo de uma nova variável preditora ao modelo. Essa nova variável preditora é o produto das duas variáveis que já constam no modelo. Para acrescentar um termo de interação no R, basta utilizar dois pontos ‘:’ entre o nome das duas variáveis para as quais se deseja criar o termo de interação.

```
modelom=lm(`altura_m`~`diâmetro_cm`+especie+`diâmetro_cm`:especie, data = arvore2)
modelom
```

Call:

```
lm(formula = altura_m ~ diâmetro_cm + especie + diâmetro_cm:especie,
    data = arvore2)
```

Coefficients:

(Intercept)	diametro_cm	especie
11.5480	0.0714	0.7863
diametro_cm:especie		
-0.0316		

`summary(modelom)`

Call:

```
lm(formula = altura_m ~ diametro_cm + especie + diametro_cm:especie,
    data = arvore2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.2460	-0.8545	0.0632	0.7552	2.5561

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	11.54805	0.47544	24.29	< 2e-16 ***
diametro_cm	0.07137	0.00566	12.62	< 2e-16 ***
especie	0.78630	0.68304	1.15	0.25237
diametro_cm:especie	-0.03158	0.00842	-3.75	0.00029 ***

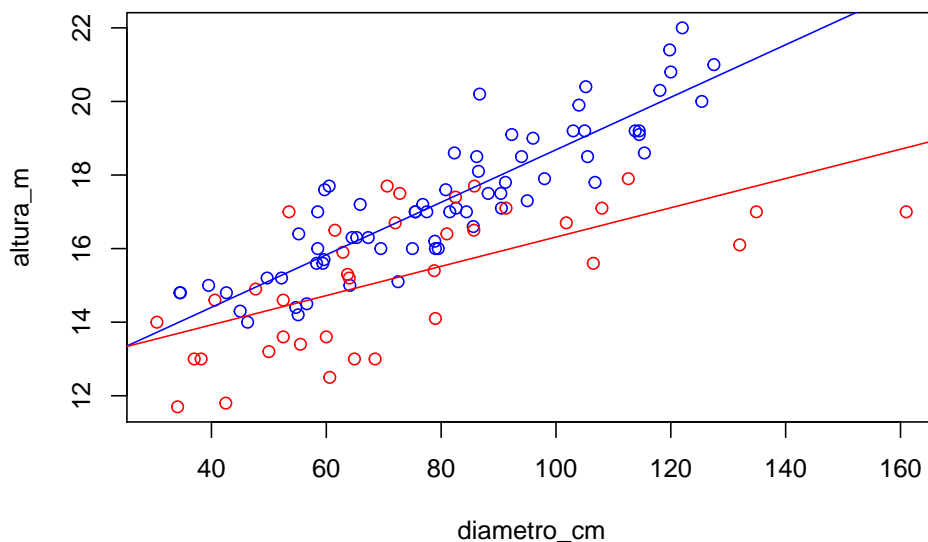
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.12 on 101 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.736, Adjusted R-squared: 0.728

F-statistic: 94 on 3 and 101 DF, p-value: <2e-16

`plot(diametro_cm,altura_m,type='n')``points(diametro_cm[especie==0],altura_m[especie==0],col='blue')``points(diametro_cm[especie==1],altura_m[especie==1],col='red')``abline(coef(modelom)[1],coef(modelom)[2], col='blue')``abline(coef(modelom)[1]+coef(modelom)[3],coef(modelom)[2]+coef(modelom)[4], col='red')`



3.4 Métodos seleção de variáveis na regressão múltipla

3.4.1 Full model – Modelo completo

Sintaxe no software R para um modelo de regressão múltipla com três variáveis preditivas:

```
regressao=lm(y~x1+x2+x3)
summary(regressao)
```

Existem três métodos de seleção de variáveis para modelos de regressão múltipla: *backward*, *forward* e *stepwise*.

```
regressao=step(lm(y~x1+x2+x3),direction = 'método')
```

3.4.2 Procedimento backward

Considera todas as variáveis inicialmente, testando posteriormente, a permanência de cada uma no modelo. Se $p \leq 15\%$, permanece no modelo (saiu do modelo não entra mais) (Riboldi, 2005).

Passo 1) Ajustar o modelo completo de m variáveis e obter SQR_{eg}^c e σ^2 ;

Passo 2) Para cada uma das m variáveis do modelo completo do passo 1, considerar o modelo reduzido – retirando esta variável – e calcular SQR_{eg}^r para obter o valor da estatística (slide 24);

Passo 3) Achar o mínimo dos m valores da estatística obtidos no passo 2, denotado por F_{\min} ;

Passo 4) Seja F_{out} o valor da distribuição F com 1 e $(n-m-1)$ gl;

- Se $F_{\min} > F_{\text{out}}$: interromper o processo e optar pelo modelo completo desta etapa;
- Se $F_{\min} < F_{\text{out}}$: voltar ao passo 1, iniciando nova etapa em que o modelo completo tem $(m-1)$ variáveis – dada a eliminação da variável cuja estatística é igual a F_{\min} .

3.4.3 Procedimento forward

Inclui uma variável de cada vez, se $p \leq 20\%$, entra no modelo. Este método não testa a permanência da variável (entrou no modelo não sai mais) RIBOLDI (2005).

Passo 1) Ajustar o modelo reduzido de m variáveis e obter SQR_{eg}^c ;

Passo 2) Para cada variável não pertencente ao modelo do passo 1, considerar o modelo completo com adição desta variável extra e calcular SQR_{eg}^r e σ^2 para obter o valor da estatística (slide 26);

Passo 3) Achar o máximo dos valores da estatística obtidos no passo 2, denotado por F_{\max} ;

Passo 4) Seja F_{in} o valor da distribuição F com 1 e $(n-m)$ gl;

- Se $F_{\max} > F_{\text{in}}$: voltar ao passo 1, iniciando nova etapa em que o modelo reduzido tem $(m+1)$ variáveis – dada a inclusão da variável cuja estatística é igual a F_{\max} .
- Se $F_{\max} < F_{\text{in}}$: interromper o processo e optar pelo modelo reduzido desta etapa;

3.4.4 Procedimento stepwise

Inclui as variáveis passo-a-passo e testa a permanência (as variáveis podem entrar e sair do modelo) (Riboldi, 2005).

Passo 1) Ajustar o modelo reduzido de m variáveis e obter SQR_{eg}^r ;

Passo 2) Para cada variável não pertencente ao modelo do passo 1, considerar o modelo completo - com adição desta variável extra - e calcular SQR_{eg}^c e σ^2 para obter o valor da estatística (slide 26);

Passo 3) Achar o máximo dos valores da estatística obtidos no passo 2, denotado por F_{\max} ;

Passo 4) Seja F_{in} o valor da distribuição F com 1 e $(n-m)$ gl;

- Se $F_{\max} > F_{\min}$ -> passar ao passo 5, com modelo completo composto por $(m+1)$ variáveis – as m variáveis do modelo do passo 1 e a variável cuja estatística é igual a F_{\max} .
- Se $F_{\max} < F_{\min}$ -> passar ao passo 5, com modelo completo igual ao modelo do passo 1 ou encerrar o processo se no passo 8 da etapa anterior, nenhuma variável tiver sido eliminada;

Passo 5) Ajustar o modelo completo de k variáveis – sendo k igual a m ou $(m+1)$, e obter SQR_{eg}^c e σ^2 ;

Passo 6) Para cada uma das k variáveis do modelo completo do passo 5, considerar o modelo reduzido – retirando esta variável – e calcular SQR_{eg}^r para obter o valor da estatística;

Passo 7) Achar o mínimo dos k valores da estatística obtidos no passo 6, denotado por F_{\min} ;

Passo 8) Seja F_{out} o valor da distribuição F com 1 e $(n-k-1)$ gl;

- Se $F_{\min} > F_{\text{out}}$: não eliminar nenhuma variável e voltar ao passo 1, iniciando nova etapa com modelo reduzido com k variáveis ou encerrar o processo de no passo 4 nenhuma variável tiver sido anexada;
- Se $F_{\min} < F_{\text{out}}$: eliminar a variável cuja estatística é igual a F_{\min} e voltar ao passo 1 iniciando nova etapa com modelo reduzido com $(k-1)$ variáveis.

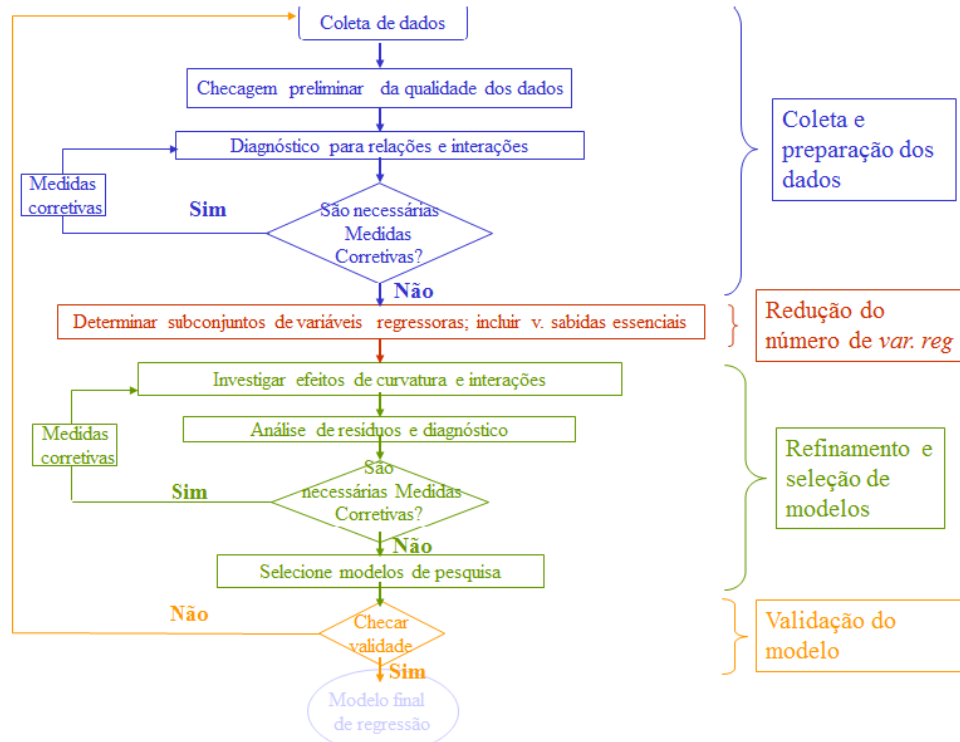


Figura 3.1: Modelagem estatística

Fonte: RIBOLDI (2005)

3.5 Roteiro para o diagnóstico do modelo de regressão múltipla ajustado

Identificação de observações destoantes para Y

- Resíduo studentizado externamente – `r_student` (studentized residual with current observation deleted)
- Resíduo studentizado internamente – `student` (studentized residual)
- Identificação de observações destoantes com base nos resíduos – `residual`

Identificação de observações destoantes para X

- Matriz H
- Alavanca (Leverage =)

Identificação de casos de influência

- DFFITS (standard influence of observation on predict values)
- Distância de Cook (`_cookd`)
- DFBetas

Verificação da existência de multicolinearidade (correlação entre os X's)

- Matriz de correlação das variáveis
- Análise de estrutura k (condition index)
- Fator de inflação de variância – VIF (variance inflation)
- Teste de Durbin-Watson pra autocorrelação

Capítulo 4

Regressão Logística

A técnica de regressão logística é uma ferramenta estatística utilizada nas análises preditivas. O interesse em mensurar a probabilidade de um evento ocorrer é extremamente relevante em diversas áreas, como por exemplo em Marketing, Propaganda e Internet, na Aplicação da Lei e Detecção de Fraude, na Assistência Médica, com relação aos Riscos Financeiros e Seguros ou mesmo estudando a Força de Trabalho. É imprescindível elevar o conhecimento sobre quais clientes possuem maior propensão à responder o contato de marketing, quais transações serão fraudulentas, quais e-mails são *spam*, quem efetivamente fará o pagamento de uma obrigação ou mesmo qual criminoso reincidirá.¹

4.1 O modelo

O modelo de regressão logística é utilizado quando a variável dependente é binária, categórica ordenada ou mesmo categórica desordenada (quando não há relação hierárquica entre elas). Abaixo exemplificam-se algumas perguntas que podem levar a estes três tipos de variáveis.

Tabela 4.1: Tipos de variáveis

Variável dependente binária:	Você votou na última eleição?	0 - Não; 1 - Sim
Variável dependente categórica ordenada:	Você concorda ou discorda com o presidente?	1 - Disconcordo; 2 - Neutro; 3 - Concordo
Variável dependente categórica não ordenada:	Se as eleições fossem hoje, em que partido você votaria?	1 - Democratas; 2 - Qualquer um; 3 - Republicanos

¹Para mais exemplos como estes sobre análises preditivas, ver SIEGEL (2017).

Fonte: Adaptado de TORRES-REYNA (2014).

Nota-se primeiramente que em sendo somente a variável dependente **binária** (0 e 1), é detectada a presença ou não de determinada característica da variável a ser estudada pelo pesquisador. Outros exemplos abrangem a qualificação dos indivíduos estudadados em sendo do sexo feminino (1) ou do sexo masculino (0), se a empresa analisada está inadimplente (1) ou não (0) no mês de referência, etc. Por outro lado, quando a variável dependente é **categórica ordenada**, há uma hierarquia determinada entre as variáveis resposta (neste caso entre Disconcordo, Neutro e Concordo). No terceiro exemplo, a variável resposta é **categórica não ordenada** não possuindo nenhuma relação de ordem entre elas (Democratas, Qualquer um, Republicanos).

A regressão logística a ser estudada neste capítulo será com a variável resposta dependente binária, portanto, tratando os grupos de interesse (variável dependente) com valores de 0 e 1. Sua funcionalidade se ocupa de prever a probabilidade de uma observação estar no grupo igual a 1 (“eventos”), em relação ao grupo igual a zero (“não eventos”).

A previsão da variável dependente depende dos coeficientes logísticos e das variáveis independentes escolhidas ao modelo, lembrando que os valores sempre estarão entre 0 e 1. Convencionou-se que valores de probabilidade acima de 0,50 sejam classificados como pertencendo ao grupo de “eventos”, o que pode distinguir a os resultados preditos e avaliando a precisão preditiva. Utiliza-se a razão de desigualdades - a razão entre as probabilidades dos dois resultados ou eventos: $\text{Prob}_i/(1-\text{Prob}_i)$.

Para a estimação dos coeficientes das variáveis independentes, são utilizados o valor logit ou a razão de desigualdades (HAIR et al., 2009):

$$\text{Logit}_i = \ln \left(\frac{\text{prob}_{\text{eventos}}}{1 - \text{prob}_{\text{eventos}}} \right) = b_0 + b_1 X_1 + \dots + b_n X_n$$

ou

$$\text{Logit}_i = \left(\frac{\text{prob}_{\text{eventos}}}{1 - \text{prob}_{\text{eventos}}} \right) = e^{b_0 + b_1 X_1 + \dots + b_n X_n}$$

Algumas características importantes da regressão logística: a análise é semelhante à regressão linear simples/múltipla (possui a relação entre a variável dependente e a(s) variável(is) independente(s)); possui testes estatísticos diretos, incorporando variáveis métricas e não-métricas, com efeitos não-lineares; é menos afetada pela não satisfação de normalidade dos dados (pois o termo de erro da variável discreta segue a distribuição binomial) e; foi elaborada para que seja prevista a probabilidade de determinado evento ocorrer (HAIR et al., 2009).

A regressão logística utiliza a **curva logística** para assim representar a relação entre a variável dependente e as independentes. Os valores previstos portanto permanecem entre 0 e 1, sendo definidos pelos coeficientes estimados. A Figura 4.1a demonstra a relação da

curva logística geral, enquanto a Figura 4.1b mostra uma relação pobremente ajustada dos dados reais e a Figura 4.1c demonstra um bom ajuste na relação entre as variáveis.

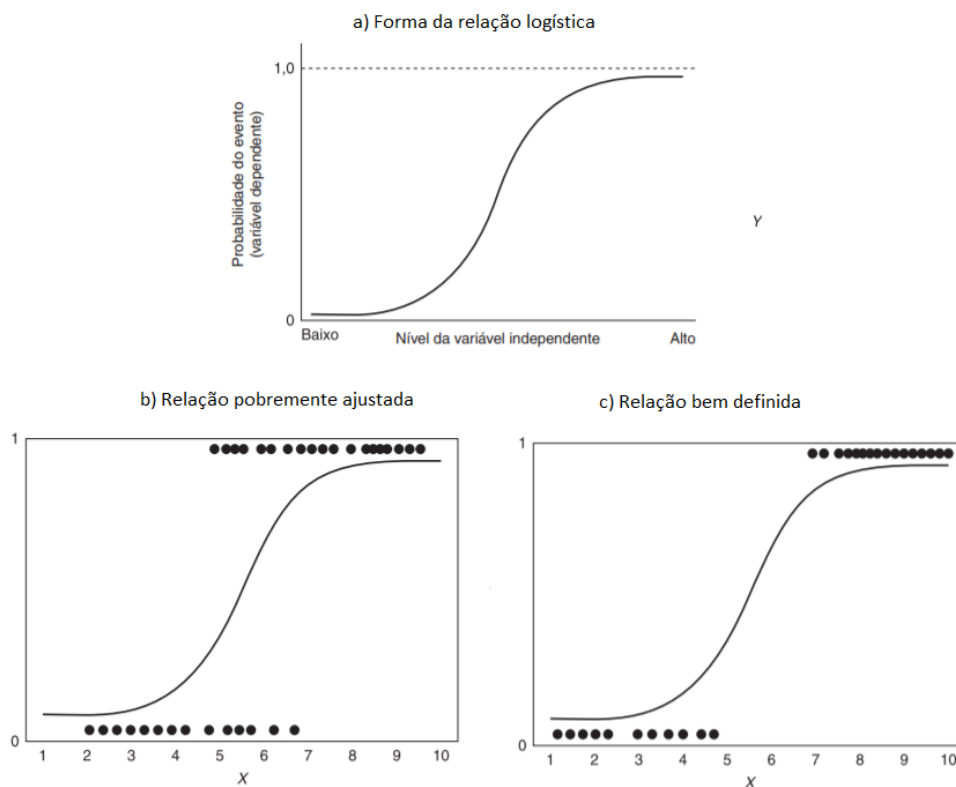


Figura 4.1: Curva logística

Fonte: Adaptado de HAIR et al. (2009).

A estimação dos coeficientes da regressão logística, ao contrário da regressão múltipla que utiliza o método dos mínimos quadrados, é efetuada pelo uso da **máxima verossimilhança**. Esta, por sua vez, busca encontrar as estimativas mais prováveis dos coeficientes e maximizar a probabilidade de que um evento ocorra. A qualidade do ajuste do modelo é avaliada pelo “pseudo” R^2 e pelo exame da precisão preditiva (matriz de confusão).

O valor de verossimilhança é parecido com o procedimento das somas dos quadrados da regressão múltipla, estimando o quão bem o procedimento de máxima verossimilhança se ajusta ao modelo. O ajuste da estimação do modelo dá-se pelo valor -2 vezes o logaritmo da verossimilhança (-2LL), sendo que quando menor este valor, melhor o modelo (HAIR et al., 2009).

Para otimizar o tempo do estudante, é recomendada a instalação prévia dos pacotes no RStudio a serem utilizados neste capítulo. Segue abaixo o comando a ser efetuado no console do RStudio:

```
install.packages(c("readr", "mfx", "caret", "pRoc",
```

```
"ResourceSelection","modEvA","foreign","stargazer"))
```

4.2 Regressão Logística Simples

Este primeiro exemplo tratará da regressão logística simples, portanto, utilizando somente uma variável independente, neste caso numérica. Os dados são originados do livro de HOSMER; LEMESCHOW (2000), tratando-se de uma amostra com 100 pessoas. A variável dependente é a ocorrência ou não (1 ou 0) de doença coronária cardíaca (CHD), associando-se com a idade (AGE) dos indivíduos, criando assim um modelo de regressão logística.

```
require(readr)
```

Carregando pacotes exigidos: readr

```
chd <- read_delim("https://goo.gl/uDAAHv",
  ";;", escape_double = FALSE, col_types = cols(CHD = col_factor(levels = c()))),
  trim_ws = TRUE)
```

```
summary(chd)
```

	AGE	AGRP	CHD
Min.	:20.0	Min. :1.00	0:57
1st Qu.	:34.8	1st Qu.:2.75	1:43
Median	:44.0	Median :4.00	
Mean	:44.4	Mean :4.48	
3rd Qu.	:55.0	3rd Qu.:7.00	
Max.	:69.0	Max. :8.00	

Observa-se na figura abaixo a dispersão dos “eventos” e dos “nao-eventos” da CHD relacionando-se com a variável idade (AGE).

```
require(ggplot2)
```

```
ggplot(chd, aes(x=AGE, y=CHD)) +
  geom_point() +
  stat_smooth(method="glm", method.args=list(family="binomial"), se=FALSE)
```

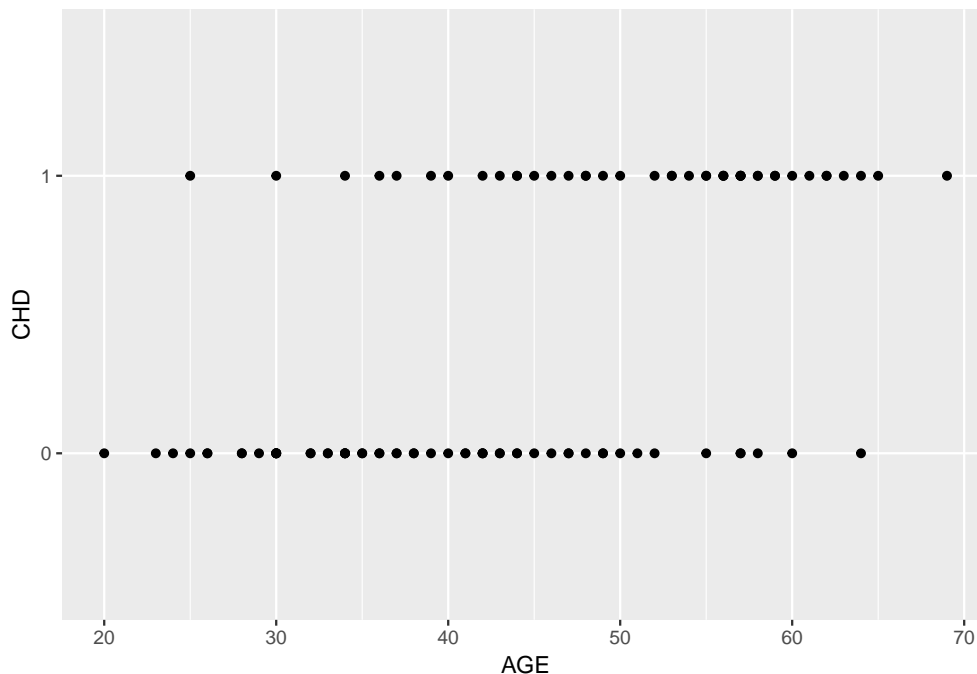



Figura 4.2: Dispersão de eventos e não-eventos

Monta-se então o modelo de regressão logística com a variável dependente CHD e a variável independente AGE. Abaixo é demonstrada a descrição da equação utilizando o comando `summary()` para o modelo `m1` com a sintaxe básica:

```
glm(Y~modelo, family=binomial(link="logit"))
```

Assim é obtida a função de ligação estimada do modelo:

$$\ln \left(\frac{\text{prob}_{CHD}}{1 - \text{prob}_{CHD}} \right) = -5,309 + 0,1109AGE$$

```
m1=glm(CHD~AGE, family = binomial(link="logit"), data = chd)
summary(m1)
```

Call:

```
glm(formula = CHD ~ AGE, family = binomial(link = "logit"), data = chd)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.972	-0.846	-0.458	0.825	2.286

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-5.3095	1.1337	-4.68	2.8e-06 ***

```
AGE          0.1109      0.0241      4.61  4.0e-06 ***
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
```

```
Null deviance: 136.66  on 99  degrees of freedom
```

```
Residual deviance: 107.35  on 98  degrees of freedom
```

```
AIC: 111.4
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Se observa o intercepto com o valor de -5,309, sendo que para a análise aqui proposta da relação entre CHD e AGE não obtém-se um significado prático para este resultado. No entanto, a variável de interesse é idade, que no modelo de regressão obteve o coeficiente de 0,1109. Pelo fato de ser positivo informa que quando a idade (AGE) se eleva, elevam-se as chances de ocorrência de CHD. De igual forma, nota-se que há significância estatística a $p = 0,001$ na utilização da variável AGE para o modelo, mostrando que possui importância ao modelo de regressão proposto.

Por fim, o modelo é utilizado para construção da predição de todos os valores das idades de todos os indivíduos desta amostra. Para isto, será criada um novo objeto contendo somente a variável dependente do modelo (AGE) e em seguida, é criada nova coluna constando os valores preditos. Assim, pode ser plotado um gráfico completo com todas as probabilidades desta base de dados:

```
# Filtrando a idade dos indivíduos
IDADE<-chd[,1]

# Criando campo de predição para cada idade dos indivíduos
chd$PRED=predict(m1, newdata=IDADE, type="response")

# Plotando a probabilidade predita pelo modelo
require(ggplot2)
ggplot(chd, aes(x=AGE, y=PRED)) +
  geom_point()
```

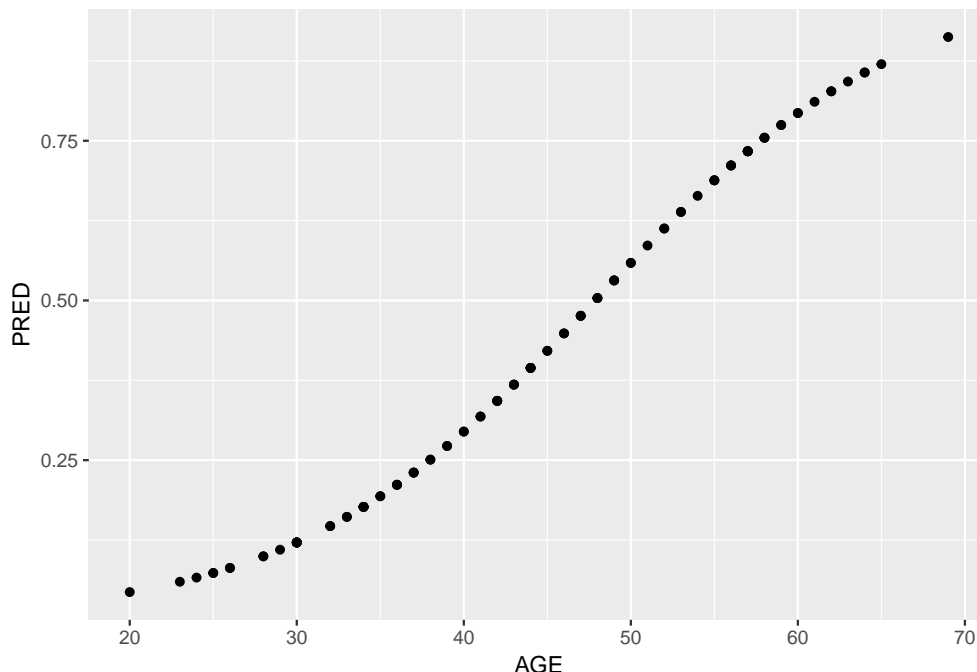


Figura 4.3: Distribuição das probabilidades previstas

4.2.1 Estimando a Razão de Chances

O modelo de regressão logística, porém, traz os resultados dos estimadores na forma logarítma, ou seja, o log das chances da variável idade no modelo é 0,1109. No entanto, para uma interpretação mais enriquecida da relação da idade com o CHD é necessária a transformação deste coeficiente, ou seja, que seja efetuada a exponenciação da(s) variável(eis) da regressão. Assim, obtém-se a razão das chances (OR - Odds Ratio em inglês) para as variáveis independentes.

Uma maneira prática de se obter a razão de chances no RStudio é utilizando o pacote *mfx*. Novamente o intercepto não nos interessa nesta análise mas sim a variável AGE. Como demonstrado abaixo, o resultado da razão de chances da variável AGE foi de 1,1173, o que pode assim ser interpretado: para cada variação unitária na idade (AGE), as chances de ocorrência de CHD aumentam 1,1173 vezes. Dito de outra forma, para cada variação unitária em AGE, aumentam-se 11,73% $((1,1173-1)*100)$ as chances da ocorrência de CHD.

```
require(mfx)
logitor(CHD~AGE,data = chd)
```

Call:

```
logitor(formula = CHD ~ AGE, data = chd)
```

Odds Ratio:

OddsRatio	Std. Err.	z	P> z
-----------	-----------	---	------

```
AGE      1.1173      0.0269 4.61 4e-06 ***
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

4.2.2 Determinando o Intervalo de Confiança

A determinação do intervalo de confiança do modelo proposto é relevante para que seja analisada a estimativa do intervalo de predição do coeficiente da variável independente, a um nível de confiança de 95%. Desta forma, em 95% dos casos, o parâmetro dos coeficientes estará dentro deste intervalo.

De forma prática é possível determinar os intervalos de confiança com o comando `confint()` como observado abaixo, sendo que o coeficiente AGE toma o valor de 1,1173, podendo variar de 1,0692 a 1,1758.

```
exp(cbind(OR=coef(m1), confint(m1)))
```

```

              OR      2.5 %  97.5 %
(Intercept) 0.004945 0.0004413 0.03892
AGE          1.117307 1.0692223 1.17587
```

4.2.3 Predição de Probabilidades

A partir dos coeficientes do modelo de regressão logística é possível, portanto, efetuar a predição da variável categórica CHD, ou seja, saber a chance de ocorrer CHD com relação à uma determinada idade (AGE). No exemplo abaixo, primeiramente utilizamos a idade média das observações (44,38 anos), criando assim um novo `data.frame` chamado `media`. Para utilizar o valor da idade média na função de regressão obtida (`m1`), utiliza-se a função `predict()`, de acordo com valor da média encontrada (`data.frame media`). O resultado mostra que para a idade média da amostra, 44,38 anos, há uma probabilidade de 40,44% na ocorrência da doença CHD. Esta ferramenta permite também a comparação pelo pesquisador das diferentes probabilidades entre as diversas idades (variável AGE).

```
media = data.frame(AGE=mean(chd$AGE))
media
```

```

  AGE
1 44.38
```

```
media$pred.prob = predict(m1, newdata=media, type="response")
media
```

```

  AGE pred.prob
1 44.38      0.4045
```

4.2.4 Matriz de Confusão

Uma maneira prática de qualificar o ajuste do modelo de regressão logística é pela projeção do modelo na tabela de classificação (ou Matriz de Confusão). Para isto, precisa-se criar uma tabela com o resultado da classificação cruzada da variável resposta, de acordo com uma variável dicotômica em que os valores se derivam das probabilidades logísticas estimadas na regressão (HOSMER; LEMESCHOW, 2000). No entanto, é preciso definir uma regra de predição, que dirá se houve acerto ou não da probabilidade estimada com os valores reais, pois as probabilidades variam de 0 a 1 enquanto os valores reais binários possuem valores fixos de 0 “ou” 1.

É intuitivo supor que se as probabilidades aproximam-se de 1 o indivíduo estimado pode ser classificado como $\hat{Y}_i = 1$, bem como de forma contrária, se o modelo estimar probabilidades perto de 0, classificá-la como $\hat{Y}_i = 0$. Mas qual nível utilizar? Para resolver este problema, é preciso em primeiro lugar determinar um ponto de corte para classificar a estimação como 0 ou 1. Usualmente na literatura se utiliza o valor de 0,5 mas dependendo do estudo proposto pode não ser limitado a este nível (HOSMER; LEMESCHOW, 2000).

Após determinado o ponto de corte, é importante avaliar o poder de discriminação do modelo, pelo seu desempenho portanto em classificar os “eventos” dos “não eventos”. Cria-se a Matriz de Confusão (vide Tabela 4.2) com as observações de Verdadeiro Positivo (VP), Falso Positivo (FP), Falso Negativo (FN) e Verdadeiro Negativo (VN) e em seguida determinam-se alguns parâmetros numéricos, a serem descritos abaixo:

Precisão: representa a proporção das predições corretas do modelo sobre o total:

$$ACC = \frac{VP + VN}{P + N}$$

onde P representa o total de “eventos” positivos ($Y=1$) e N é o total de “não eventos” ($Y=0$, ou negativo).

Sensibilidade: representa a proporção de verdadeiros positivos, ou seja, a capacidade do modelo em avaliar o evento como $\hat{Y} = 1$ (estimado) dado que ele é evento real $Y = 1$:

$$SENS = \frac{VP}{FN}$$

Especificidade: a proporção apresentada dos verdadeiros negativos, ou seja, o poder de predição do modelo em avaliar como “não evento” $\hat{Y} = 0$ sendo que ele não é evento $Y = 0$:

$$SENS = \frac{VN}{VN + FP}$$

Verdadeiro Preditivo Positivo: se caracteriza como proporção de verdadeiros positivos com relação ao total de predições positivas, ou seja, se o evento é real $Y = 1$ dada a classificação do modelo $\hat{Y} = 1$:

$$VPP = \frac{VPP}{VN + FP}$$

Verdadeiro Preditivo Negativo: se caracteriza pela proporção de verdadeiros negativos comparando-se com o total de predições negativas, ou seja, o indivíduo não ser evento $Y = 0$ dada classificação do modelo como “não evento” $\hat{Y} = 0$:

$$VPN = \frac{VN}{VN + FN}$$

Tabela 4.2: Matriz de confusão.

		Valor Observado	
		$Y = 1$	$Y = 0$
Valor Estimado	$\hat{Y}=1$	VP	FP
	$\hat{Y}=0$	FN	VN

Fonte: Adaptado de FAWCETT (2006).

```
require(caret)
```

Carregando pacotes exigidos: caret

Carregando pacotes exigidos: lattice

```
chd$pdata <- as.factor(
  ifelse(
    predict(m1,
      newdata = chd,
      type = "response")
    > 0.5, "1", "0"))

confusionMatrix(chd$pdata, chd$CHD, positive="1")
```

Confusion Matrix and Statistics

```

      Reference
Prediction 0  1
      0 45 14
      1 12 29
```

```

Accuracy : 0.74
 95% CI : (0.643, 0.823)
No Information Rate : 0.57
P-Value [Acc > NIR] : 0.000319
```

Kappa : 0.467
McNemar's Test P-Value : 0.844519

Sensitivity : 0.674
Specificity : 0.789
Pos Pred Value : 0.707
Neg Pred Value : 0.763
Prevalence : 0.430
Detection Rate : 0.290
Detection Prevalence : 0.410
Balanced Accuracy : 0.732

'Positive' Class : 1

A matriz de confusão retoma uma excelente acurácia total do modelo em 74%, sendo que o modelo consegue acertos de 70,7% na predição de valores positivos ou dos “eventos” (29/41) e 76,3% na predição de valores negativos ou os “não eventos” (45/59).

4.2.5 Curva ROC

A Curva ROC (Receiver Operating Characteristic Curve) associada ao modelo logístico mensura a capacidade de predição do modelo proposto, através das predições da sensibilidade e da especificidade. Segundo FAWCETT (2006) esta técnica serve para visualizar, organizar e classificar o modelo com base na performance preditiva.

A curva ROC é produzida bi-dimensionalmente como mostra a Figura 4.4a, pela obtenção da relação entre a taxa dos verdadeiros positivos do modelo e da taxa dos falsos positivos preditos. Desta forma, o ponto inferior esquerdo (0,0) significa que não é predita uma classificação positiva; no canto oposto do gráfico (1,1) classifica os resultados incondicionalmente positivos e; o ponto (0,1) representa uma excelente classificação. Quanto mais ao noroeste do gráfico o ponto estiver melhor, assim sendo o ponto B da Figura 4.4a classifica melhor os resultados que o ponto C.

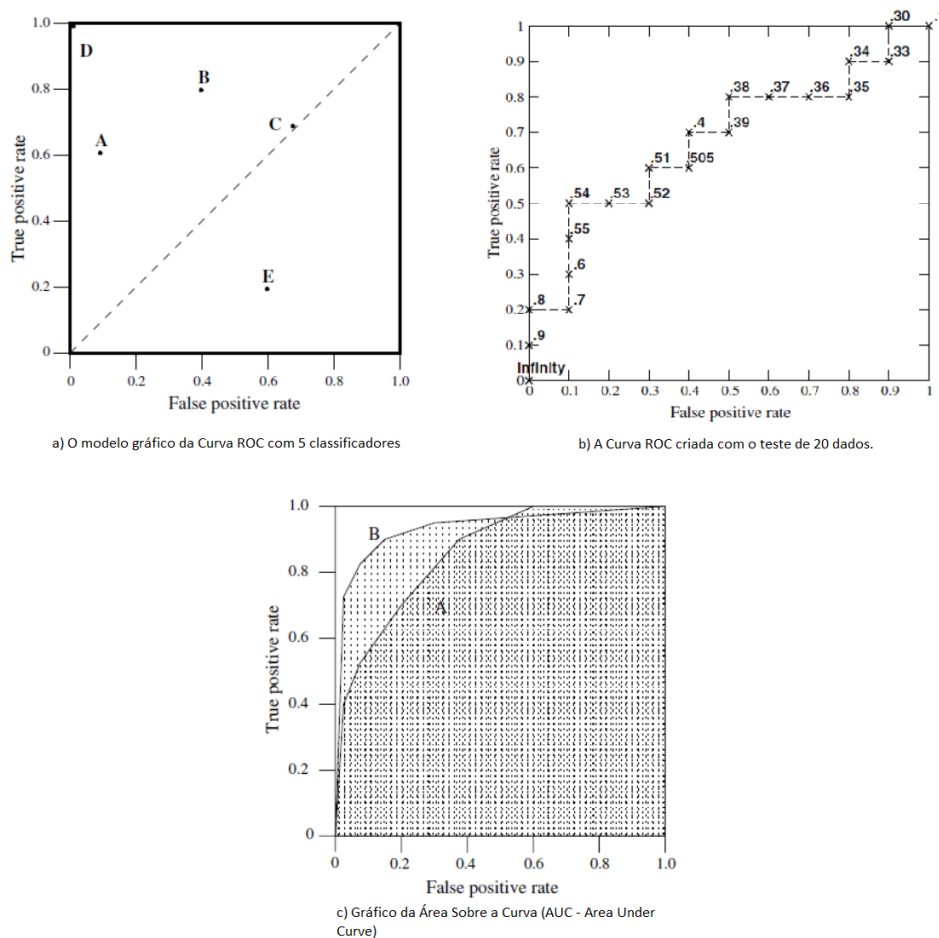


Figura 4.4: Curva ROC

Fonte: Adaptado de FAWCETT (2006).

A Figura 4.4b mostra a formação da curva ROC para um teste com 20 instâncias, uma amostra pequena servindo portanto de exemplificação da sua criação. Para isto, o modelo de regressão logística é rodado randomicamente e a predição resultante é comparada com o valor real da variável dependente. O ponto de corte padrão, como visto anteriormente, é o valor de 0,5: acima deste valor, a predição é classificada como 1 e, abaixo dele 0. Na Figura 4.4b, a primeira predição foi 0,9 e a segunda 0,8 sendo que como estão mais perto do eixo X do gráfico, representam predições acertadas. Já para predições que não foram acertadas (como no exemplo as predições 0,7 e 0,54 por exemplo) a curva caminha para a direita. A lógica se mantém até o final da elaboração da curva.

Já na Figura 4.4c é demonstrada a elaboração do conceito da Área sobre a Curva ROC (AUC - Area Under the ROC Curve), que objetiva comparar os classificadores a partir da performance da curva em um único valor escalar (FAWCETT, 2006). Este indicador representa a probabilidade de que o classificador efetue predições randômicas na instância positiva melhor do que na instância negativa. O indicador AUC sempre terá seu valor

entre 0 e 1, sendo que quanto maior, melhor e nunca um classificador realístico deve estar abaixo de 0,5. HOSMER; LEMESCHOW (2000) sugere a utilização de AUC acima de 0,7 como aceitável. Como exemplo, a Figura 4.4c mostra que a curva ROC B tem uma melhor capacidade preditiva que a curva A.

Seguem os passos para elaboração da curva ROC.

- Passo 1:

```
require(pROC)
```

```
roc1=plot.roc(chd$CHD,fitted(m1))
```

- Passo 2:

```
plot(roc1,
     print.auc=TRUE,
     auc.polygon=TRUE,
     grid=c(0.1,0.2),
     grid.col=c("green","red"),
     max.auc.polygon=TRUE,
     auc.polygon.col="lightgreen",
     print.thres=TRUE)
```

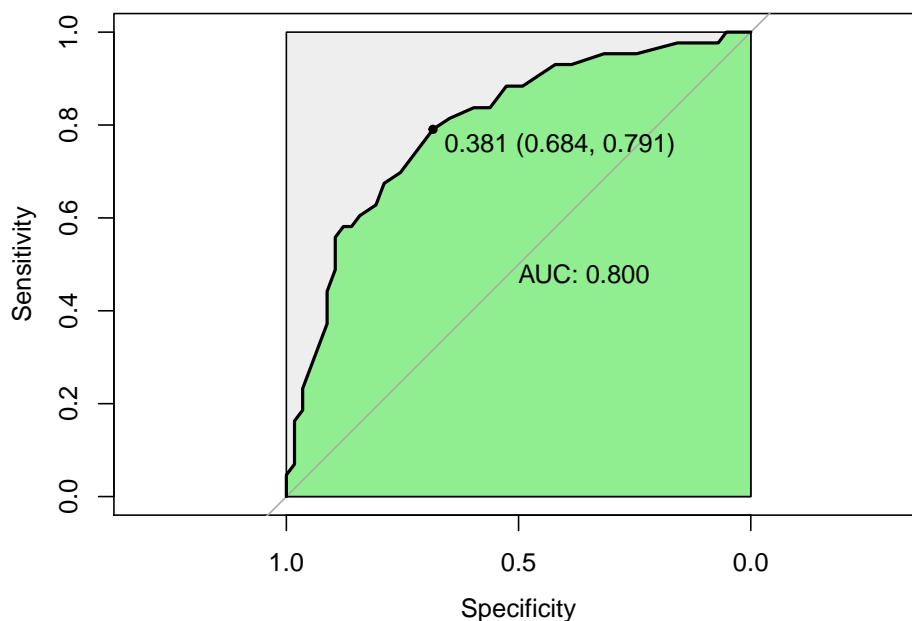


Figura 4.5: Curva Roc

4.2.6 O teste Hosmer e Lemeshow

O teste de Hosmer e Lemeshow é utilizado para demonstrar a qualidade do ajuste do modelo, ou seja, se o modelo pode explicar os dados observados. Para este teste, os dados são divididos de acordo com as probabilidades previstas em 10 grupos iguais, sendo que os números previstos e os reais são comparados com a estatística do qui-quadrado. HAIR et al. (2009) sugerem um tamanho de amostra de pelo menos 50 casos para a realização deste teste.

A hipótese nula H_0 do qui-quadrado ($p=0,05$) deste teste é a de que as proporções observadas e esperadas são as mesmas ao longo da amostra. Abaixo segue a estrutura do teste, sendo que o modelo apresenta dificuldade de ajuste em função de que rejeita a hipótese nula a $p=0,05$.

```
require(ResourceSelection)
hl=hoslem.test(chd$CHD,fitted(m1),g=10)
hl
```

Hosmer and Lemeshow goodness of fit (GOF) test

```
data: chd$CHD, fitted(m1)
X-squared = 100, df = 8, p-value <2e-16
```

4.2.7 Pseudo R^2

Semelhante ao coeficiente de determinação R^2 da regressão múltipla, a medida de pseudo R^2 representam o ajuste geral do modelo proposto. Sua interpretação, portanto, é semelhante à regressão múltipla. Abaixo segue o cálculo do pseudo R^2 :

$$R^2_{LOGIT} = \frac{-2LL_{nulo} - (-2LL_{modelo})}{-2LL_{nulo}}$$

Lembrando que o valor $-2LL$ representa -2 vezes o logaritmo do valor de verossimilhança, onde a verossimilhança do modelo nulo é comparado com o modelo completo. Abaixo mostra-se o código para calcular os indicadores, sendo que constam as medidas de pseudo R^2 estipuladas por Cox e Snell, Nagelkerke e McFadden.

```
require(modEvA)
RsqGLM(m1)
```

```
$CoxSnell
[1] 0.2541
```

```
$Nagelkerke
[1] 0.341
```

```
$McFadden
[1] 0.2145
```

```
$Tjur
[1] 0.2706
```

```
$sqPearson
[1] 0.2726
```

4.3 Regressão Logística Múltipla

O exemplo abaixo abordado foi extraído de TORRES-REYNA (2014), onde observa-se o banco de dados criado chamado `mydata`, possuindo as variáveis `country`, `year`, `y`, `y_bin`, `x1`, `x2`, `x3` e `opinion`. A variável dependente é `y_bin`, da qual foi categorizada entre 0 e 1 conforme a ocorrência de valores negativos em `y`. As variáveis independentes do modelo serão `x1`, `x2` e `x3`.

```
require(haven)
```

Carregando pacotes exigidos: haven

```
mydata <- read_dta("http://dss.princeton.edu/training/Panel101.dta")
summary(mydata)
```

country	year	y	y_bin	x1
Min. :1	Min. :1990	Min. : -7.86e+09	Min. :0.0	Min. : -0.568
1st Qu.:2	1st Qu.:1992	1st Qu.: 2.47e+08	1st Qu.:1.0	1st Qu.: 0.329
Median :4	Median :1994	Median : 1.90e+09	Median :1.0	Median : 0.641
Mean :4	Mean :1994	Mean : 1.85e+09	Mean :0.8	Mean : 0.648
3rd Qu.:6	3rd Qu.:1997	3rd Qu.: 3.37e+09	3rd Qu.:1.0	3rd Qu.: 1.096
Max. :7	Max. :1999	Max. : 8.94e+09	Max. :1.0	Max. : 1.446

x2	x3	opinion
Min. : -1.622	Min. : -1.165	Min. :1.00
1st Qu.: -1.216	1st Qu.: -0.079	1st Qu.:1.00
Median : -0.462	Median : 0.514	Median :2.50
Mean : 0.134	Mean : 0.762	Mean :2.44
3rd Qu.: 1.608	3rd Qu.: 1.155	3rd Qu.:3.00
Max. : 2.530	Max. : 7.169	Max. :4.00

Utiliza-se uma função para Modelos Lineares Generalizados (`glm` - em inglês Generalized Linear Models), determinando a variável dependente (`y_bin`), as variáveis independentes (`x1+x2+x3`), a base de dados a ser utilizada (`data=mydata`) e a família dos modelos (`family = binomial(link="logit")`).

Abaixo os resultados da estimação do modelo utilizando o comando `summary`. Observa-se que os valores `estimados` mostram os coeficientes em formato logarítimo de chances. Assim,

quando x_3 eleva-se em 1 (uma) unidade, o log das chances esperado para x_3 altera-se em 0,7512. Neste ponto, observa-se que as três variáveis independentes possuem efeitos positivos para determinação das chances do preditor ser igual a 1, caso contrário constariam com sinal negativo. A coluna $Pr(> |z|)$ traz os p-valores das variáveis indicando o teste da hipótese nula. Como resultado a variável x_3 revelou significância estatística a 10% ($\alpha = 0,10$), no entanto o valor usual para considerá-la estatisticamente significativa é 5% (0,05). Para fins de explanação do modelo, neste trabalho, serão efetuadas as demais análises do modelo de forma explicativa.

```
logit=glm(y_bin~x1+x2+x3, data=mydata, family = binomial(link="logit"))
summary(logit)
```

Call:

```
glm(formula = y_bin ~ x1 + x2 + x3, family = binomial(link = "logit"),
    data = mydata)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.028	0.235	0.554	0.702	1.084

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	0.426	0.639	0.67	0.505
x1	0.862	0.784	1.10	0.272
x2	0.367	0.308	1.19	0.234
x3	0.751	0.455	1.65	0.099 .

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 70.056 on 69 degrees of freedom
 Residual deviance: 65.512 on 66 degrees of freedom
 AIC: 73.51

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```
require(stargazer)
stargazer(logit, title="Resultados",type = "text")
```

Resultados

=====

Dependent variable:

	y_bin
x1	0.862 (0.784)
x2	0.367 (0.308)
x3	0.751* (0.455)
Constant	0.426 (0.639)

```
-----
Observations          70
Log Likelihood        -32.760
Akaike Inf. Crit.     73.510
=====
```

Note: *p<0.1; **p<0.05; ***p<0.01

A razão de chances (OR - odds ratio em inglês) estimada no modelo terá de ser transformada por estar apresentada na forma logarítma conforme o modelo de regressão logística o estima. Assim, utiliza-se o pacote `mfx` para efetuar esta transformação para todo o modelo de forma automatizada (`logitor(y_bin~x1+x2+x3,data=mydata)`):

```
require(mfx)
logitor(y_bin~x1+x2+x3,data=mydata)
```

Call:

```
logitor(formula = y_bin ~ x1 + x2 + x3, data = mydata)
```

Odds Ratio:

	OddsRatio	Std. Err.	z	P> z
x1	2.367	1.856	1.10	0.272
x2	1.443	0.445	1.19	0.234
x3	2.120	0.964	1.65	0.099 .

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

O resultado acima evidencia que para uma alteração em 1 (uma) unidade em x_3 , a chance de que y seja igual a 1 aumenta em 112% $((2,12-1)*100)$. Dito de outra forma, a chance de $y=1$ é 2,12 vezes maior quando x_3 aumenta em uma unidade (sendo que aqui mantêm-se as demais variáveis independentes constantes).

Como visto, para cada variação unitária em x_3 o log das chances varia 0,7512. É possível estimar, portanto, a alteração das chances em função das médias dos valores de

cada variável x_1 e x_2 , e utilizar como exemplo os valores de 1, 2 e 3 para x_3 , para assim alcançar os preditores do log das chances nesta simulação, como segue abaixo:

Para facilitar a interpretação do modelo, se torna mais fácil depois de transformado a sua exponenciação dos coeficientes logísticos utilizando o comando `exp(coef(logit))`. Desta forma, para cada incremento unitário em x_2 e mantendo as demais variáveis constantes, conclui-se que é 1,443 vezes provável que y seja igual a 1 em oposição a não ser (igual a zero), ou seja, as chances aumentam em 44,30%.

```
exp(coef(logit))
```

(Intercept)	x_1	x_2	x_3
1.531	2.367	1.443	2.120

O **intervalo de confiança** do modelo pode ser exposto utilizando o comando `confint` para os coeficientes estimados, como segue abaixo:

```
exp(cbind(OR=coef(logit), confint(logit)))
```

	OR	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	1.531	0.4387	5.625
x_1	2.367	0.5129	11.675
x_2	1.443	0.8041	2.738
x_3	2.120	1.0039	5.719

A partir do modelo logístico, podemos realizar **predições das probabilidades** de se encontrar o resultado $y=1$ conforme visto acima. Para isto, como exercício utilizaremos as médias das observações de cada variável independente do modelo. Em primeiro lugar deve ser criado um `data.frame` com os valores médios, como segue:

```
allmean = data.frame(x1=mean(mydata$x1),
                      x2=mean(mydata$x2),
                      x3=mean(mydata$x3))
allmean
```

	x_1	x_2	x_3
1	0.648	0.1339	0.7619

Utiliza-se o comando `predict()` para predição do modelo, como segue abaixo, informando o objeto criado com a equação do modelo (`logit`), a base de dados com as condições dos valores médios (`allmean`) e o tipo de teste requerido (“response”) para predizer as probabilidades. Como resultado, o modelo informa que constando os valores médios das variáveis independentes, obtêm-se a probabilidade de 83% em y se constituir igual a 1.

```
allmean$pred.prob = predict(logit, newdata=allmean, type="response")
allmean
```

	x_1	x_2	x_3	pred.prob
1	0.648	0.1339	0.7619	0.8329

4.3.1 Método Stepwise

O método Stepwise auxilia o pesquisador em selecionar as variáveis importantes ao modelo, sendo que podem ser utilizadas nas direções “both”, “backward”, “forward”. Este método, por sua vez, utiliza o Critério de Informação de Akaike (AIC - Akaike Information Criterion) na combinação das variáveis dos diversos modelos simulados para selecionar o modelo mais ajustado. Quanto menor o AIC, melhor o ajuste do modelo. O AIC é calculado da seguinte forma:

$$AIC = -2\log(L_p) + 2[(p + 1) + 1]$$

onde L_p é a função de máxima verossimilhança e p é o número de variáveis explicativas do modelo. Segue o código para execução no console:

```
step(logit, direction = 'both')
```

```
Start:  AIC=73.51
```

```
y_bin ~ x1 + x2 + x3
```

	Df	Deviance	AIC
- x1	1	66.7	72.7
- x2	1	67.0	73.0
<none>		65.5	73.5
- x3	1	69.4	75.4

```
Step:  AIC=72.74
```

```
y_bin ~ x2 + x3
```

	Df	Deviance	AIC
- x2	1	67.3	71.3
<none>		66.7	72.7
+ x1	1	65.5	73.5
- x3	1	70.0	74.0

```
Step:  AIC=71.33
```

```
y_bin ~ x3
```

	Df	Deviance	AIC
<none>		67.3	71.3
- x3	1	70.1	72.1
+ x2	1	66.7	72.7
+ x1	1	67.0	73.0

```
Call:  glm(formula = y_bin ~ x3, family = binomial(link = "logit"),
           data = mydata)
```

Coefficients:

(Intercept)	x3
1.134	0.487

Degrees of Freedom: 69 Total (i.e. Null); 68 Residual

Null Deviance: 70.1

Residual Deviance: 67.3 AIC: 71.3

4.3.2 VIF - Variance Inflation Factor

Os problemas de multicolinearidade nos modelos de regressão, ou seja, as relações entre as variáveis do modelo, podem prejudicar a capacidade preditiva do mesmo. Nas palavras de HAIR et al. (2009, p. 191), “multicolinearidade cria variância “compartilhada” entre variáveis, diminuindo assim a capacidade de prever a medida dependente, bem como averiguar os papéis relativos de cada variável independente”. Para resolver esta questão, utiliza-se o teste do fator de inflação da variância (VIF - Variance Inflation Factor), índice o qual não deve ficar abaixo de 10 para representar baixo problema de multicolinearidade segundo RAWLINGS; PANTULA; DICKEY (1998).

```
require(faraway)
vif(logit)
```

x1	x2	x3
9.292	12.318	29.860

4.4 Regressão Logística Múltipla com variável categórica

Agora segue um exemplo de regressão logística utilizando uma variável dependente categórica juntamente com variáveis numéricas. Trata-se de uma base de dados em que o interesse é descobrir a probabilidade de um aluno ser admitido no vestibular com base no ranqueamento de escola em que estudou no ensino médio, bem como nas notas do aluno nas provas do Gpa (Grade Point Average - uma nota de performance dos alunos nos Estados Unidos) e do Gre (Graduate Record Examinations - exame padrão que qualifica o estudante para o ensino superior nos Estados Unidos). Seguem as variáveis.

- **admin:** Variável dependente = 0 (não admitido) e 1 (admitido)
- **Rank:** Variável independente = ranking da escola de proveniência do candidato
- **Gre:** Variável independente = exames prévios do candidato.
- **Gpa:** Variável independente = exames prévios do candidato.

Abaixo seguem os resultados do modelo, partindo-se do carregamento dos dados. É

observado que as variáveis **gre** e **gpa** obtiveram significância estatística em 10%, bem como rank2, já rank3 e rank4 obtiveram $p=0,001$. A variância do modelo nulo ficou em 499,98 e com a inclusão das variáveis ao modelo baixou para 458,52, o que mostra que contribuíram para explicação da variável dependente.

```
# Carregando o arquivo
require(readr)
binary <- read_csv("http://www.karlin.mff.cuni.cz/~pesta/prednasky/NMFM404/Data/binary.csv")

# Transformando a variável rank em categórica
binary$rank <- factor(binary$rank)

# Determinando a regressão
mylogit <- glm(admit ~ gre + gpa + rank, data = binary,
               family = binomial(link="logit"))

# Resultado
summary(mylogit)
```

Call:

```
glm(formula = admit ~ gre + gpa + rank, family = binomial(link = "logit"),
    data = binary)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.627	-0.866	-0.639	1.149	2.079

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-3.98998	1.13995	-3.50	0.00047	***
gre	0.00226	0.00109	2.07	0.03847	*
gpa	0.80404	0.33182	2.42	0.01539	*
rank2	-0.67544	0.31649	-2.13	0.03283	*
rank3	-1.34020	0.34531	-3.88	0.00010	***
rank4	-1.55146	0.41783	-3.71	0.00020	***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 499.98 on 399 degrees of freedom
 Residual deviance: 458.52 on 394 degrees of freedom
 AIC: 470.5

Number of Fisher Scoring iterations: 4

Utilizando o teste de análise de variância `anova` pode-se observar a variância com o modelo nulo (500) e à medida que as variáveis explicativas foram sendo incluídas, estas reduziram a variância do modelo para 459, contribuindo para o modelo.

```
anova(mylogit, test = "Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: binomial, link: logit

Response: admit

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL			399	500	
gre 1	13.92	398	486	0.00019 ***	
gpa 1	5.71	397	480	0.01685 *	
rank 3	21.83	394	459	7.1e-05 ***	

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Caso seja interessante comparar diversos modelos de regressão com variáveis explicativas distintas, estes podem ser comparados no teste de variância `anova`. Utilizando a função `update` pode ser criada uma nova regressão com base na regressão anterior (`mylogit`) e é excluído do modelo a variável `gre` para exemplificar. Após, é efetuado novamente o teste `anova`, agora comparando os dois modelos, como segue abaixo. Evidencia-se que a exclusão da variável `gre` causou elevação da variância do modelo para 463, piorando portanto a capacidade do modelo pois espera-se sempre reduções na sua variância.

```
# Criação de novo modelo com base no anterior
mylogit2=update(mylogit,~. - gre)
#
anova(mylogit,mylogit2, test = "Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model 1: admit ~ gre + gpa + rank

Model 2: admit ~ gpa + rank

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	Pr(>Chi)
1	394	459			
2	395	463	-1	-4.36	0.037 *

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Voltando ao modelo determinado anteriormente (`mylogit`), observa-se que os parâme-

tros da regressão logística proposta utilizando todas as variáveis foram assim determinados:

$$\ln(P = Y) = -3,98998 + 0.00226gre + 0,80404gpa - 0,67544rank2 - 1,34020rank3 - 1,55146rank4$$

Determinam-se os coeficientes exponenciados (as razões de chance) para cada variável do modelo, bem como seus intervalos de confiança:

```
exp(cbind(OR = coef(mylogit), confint(mylogit)))
```

	OR	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	0.0185	0.001889	0.1665
gre	1.0023	1.000138	1.0044
gpa	2.2345	1.173858	4.3238
rank2	0.5089	0.272290	0.9448
rank3	0.2618	0.131642	0.5115
rank4	0.2119	0.090716	0.4707

A leitura dos resultados, para as variáveis numéricas continua sendo a mesma. Com relação ao resultado para a variável **gre**, para cada aumento unitário nesta variável, mantendo-se as demais constantes, elevam-se em 0,23% $((1,0023-1)*100)$ as chances de que o aluno seja aprovado no vestibular. Já para a cada variação unitária na variável **gpa**, aumentam em 123,45% $((2,2345-1)*100)$. Dito de outra forma, para cada elevação em **gpa** aumentam 2,2345 vezes as chances em ser aprovado no vestibular. Tais resultados vão de encontro ao conceito teórico de que quanto melhor a nota do aluno em exame prévios maiores as chances de este aluno passar no vestibular.

Outra questão é sobre o *ranking* das escolas que os alunos estudaram. Será que aqueles que estudaram em escolas melhores ranqueadas possuem mais chances de passar no vestibular? A variável **rank** traz esta análise, sendo que como é uma variável categórica (pois retoma as categorias de 1 a 4), as comparações das chances de que o aluno passe no vestibular são comparadas com a escola de *ranking* 1.

Desta forma, em sendo o aluno proveniente de uma escola de *ranking* 2, diminuem-se as chances em 49,11% $((0,5089-1)*100)$ de que o aluno passe no vestibular. Já para os alunos que estudaram em uma escola de *ranking* 3 tem 73,82% $((0,2618-1)*100)$ menos chances de passar no vestibular. Pioram ainda mais as chances de passar no vestibular daqueles alunos que estudaram em uma escola de *ranking* 4: diminuem-se em 78,81% as chances de que estes aluno passe no vestibular, mantidas as demais variáveis.

Predição das probabilidades: a partir da equação de regressão logística auferida neste exemplo, qual é a probabilidade de que um aluno que tirou nota no **gre** de 700, no **gpa** de 3,67 e estudou em uma escola de *ranking* 1 passe no vestibular? Nota-se que a probabilidade de que este aluno passe no vestibular é de 63,32%. Segue a predição para estas variáveis:

```
pred=data.frame(gre=700,
                gpa=3.67,
                rank=factor(1)
                )
pred$prob=predict(mylogit, newdata=pred, type="response")
pred
```

```
   gre  gpa rank  prob
1  700 3.67   1 0.6332
```

Comparando com um aluno que tirou as mesmas notas no **gre** e **gpa**, mas que estudou em uma escola *ranking* 4:

```
pred=data.frame(gre=700,
                gpa=3.67,
                rank=factor(4)
                )
pred$prob=predict(mylogit, newdata=pred, type="response")
pred
```

```
   gre  gpa rank  prob
1  700 3.67   4 0.2679
```

Agora será efetuada a predição comparando-se os *rankings* das escolas. No exemplo abaixo, é criada uma base de dados com as notas médias dos alunos nas variáveis **gre** e **gpa**, intercalando com todos os *rankings* das escolas onde estudaram. Após criar a tabela, esta é unida com as colunas de predição dos valores da equação. São renomeadas as variáveis de *fit* para *prob* e *se.fit* para *se.prob*, no primeiro caso pois obtiveram-se as probabilidades de cada caso e no segundo caso incluiu-se o erro padrão (*se: standart error*) desta probabilidade. Com este erro padrão calculou-se os limites inferior (*LL: low level*) e superior (*UL: upper level*) no intervalo de confiança de 95%.

```
# Criação da tabela
novosdados=with(binary,
                 data.frame(gre=mean(gre),
                           gpa=mean(gpa),
                           rank=factor(1:4)))

# Incluindo a predição dos valores
novosdados=cbind(novosdados,predict(mylogit,
                                    newdata=novosdados,
                                    type="response",
                                    se.fit=TRUE))

# Renomeando as variáveis
names(novosdados)[names(novosdados)=='fit']="prob"
names(novosdados)[names(novosdados)=='se.fit']="se.prob"
```

```
# Estimando os intervalos de confiança
```

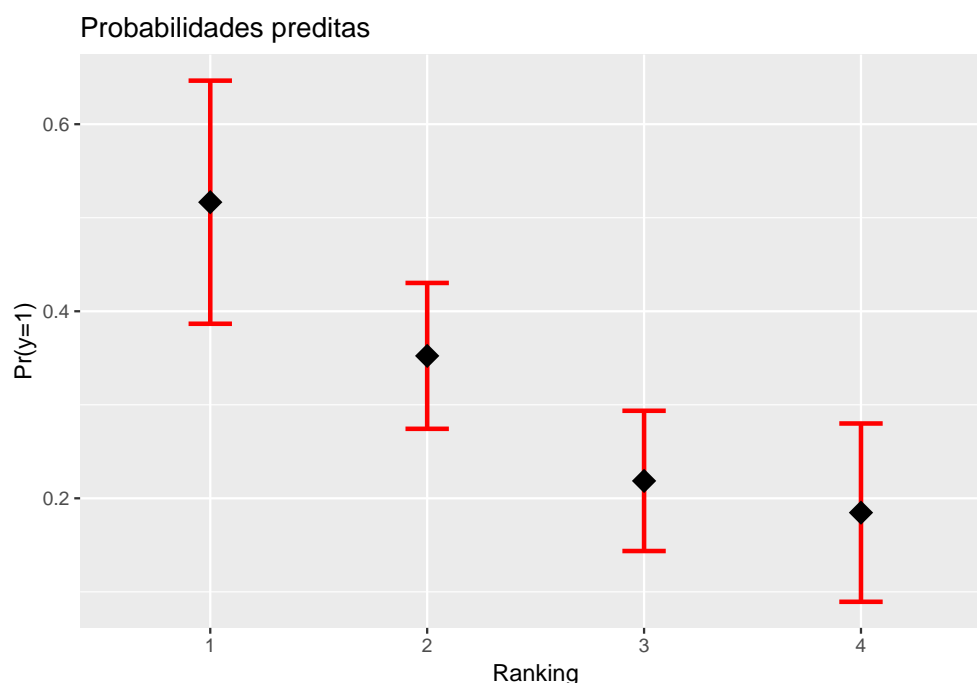
```
novosdados$LL=novosdados$prob-1.96*novosdados$se.prob
novosdados$UL=novosdados$prob+1.96*novosdados$se.prob
```

```
# Visualização dos dados
```

```
novosdados
```

	gre	gpa	rank	prob	se.prob	residual.scale	LL	UL
1	587.7	3.39	1	0.5166	0.06632	1	0.38662	0.6466
2	587.7	3.39	2	0.3523	0.03978	1	0.27431	0.4303
3	587.7	3.39	3	0.2186	0.03825	1	0.14364	0.2936
4	587.7	3.39	4	0.1847	0.04864	1	0.08934	0.2800

```
require(ggplot2)
ggplot(novosdados, aes(x=rank,y=prob))+
  geom_errorbar(aes(ymin=LL, ymax=UL), width=0.2,lty=1,lwd=1,col="red")+
  geom_point(shape=18, size=5, fill="black")+
  scale_x_discrete(limits=c("1","2","3","4"))+
  labs(title="Probabilidades preditas", x="Ranking",y="Pr(y=1)")
```



4.5 Exercícios

1. O Titanic foi um famoso navio britânico construído a partir de março de 1909 e lançado ao mar em maio de 1911. Em sua viagem inaugural em 10 de abril de 1912,

cujo objetivo era partir de Southampton para Nova Iorque passando pela França e Irlanda, colidiu com um iceberg às 23h40min do dia 14 de abril. Baixe os dados do acidente em <https://vincentarelbundock.github.io/Rdatasets/csv/COUNT/titanic.csv>. Esta base de dados possui as seguintes informações:

- **survived**: informa se o tripulante sobreviveu ou não (“yes”, “no”);
- **class**: representa a classe em que viajavam os tripulantes (“1st class”, “2nd class” e “3rd class”).
- **age**: variável que separa entre as crianças (“child”) e adultos (“adults”)
- **sex**: fator com o sexo do tripulante (“women”, “man”)

1.1. Importe os dados para um objeto denominado *titanic* (lembre-se de determinar que as variáveis sejam fatores).

1.2 Crie uma nova variável *sobreviveu* a partir de *survived* com fatores binários 0 e 1 (1 para os sobreviventes).

1.3 Crie um modelo de regressão logística para descobrir a probabilidade de sobrevivência dos tripulantes (variável dependente **sobreviveu**) em relação às variáveis **class**, **age**, **sex**. Utilize o comando **summary** com o modelo. Declare a significância estatística das variáveis.

1.4 Com base na resposta anterior, disserte sobre a direção do sinal do *log* da probabilidade de sobrevivência com relação à cada variável independente do modelo. Quem estava na primeira classe tinha maiores chances de sobrevivência, ou na terceira? Adultos ou crianças tinham melhores chances de sobreviver, homens ou mulheres?

1.5 Transforme os coeficientes encontrados em Razão de Chances (OR - Odds Ratio), bem como verifique os intervalos de confiança.

1.6 Com base na resposta anterior, disserte sobre a razão das chances (OR) de cada variável independente do modelo.

1.7 Efetue a predição da probabilidade de sobrevivência de uma tripulante do sexo feminino, adulta e que viajava na primeira classe do navio.

1.8 Efetue a predição da probabilidade de sobrevivência de um tripulante do sexo masculino, adulto e que viajava na terceira classe do navio.

1.9 Crie a matriz de confusão e a Curva ROC para o modelo, avaliando seus dados.

1.10 Efetue o teste de Hosmer e Lemeshow para o modelo.

1.11 Encontre as medidas de pseudo R^2 .

1.12 Utilize o método **Stepwise** (*direction* = “both”) no modelo completo e avalie se as variáveis devem permanecer no modelo ou alguma deve sair.

Capítulo 5

Regressão de Poisson

O modelo de Regressão de Poisson é aquele mais adequado quando os dados das variáveis dependentes são contáveis. Em muitos casos é de interesse do pesquisador modelar e estimar tais episódios. O número de alunos matriculados, a quantidade de visitantes de um parque, o número de multas efetuadas em determinado ano, o número de produtos registrados em determinado ano, etc. Em todos estes casos, a variável resposta é discreta e assume um número finito de valores.

5.1 O modelo

A distribuição de *Poisson* é dada por (GUJARATI; PORTER, 2011):

$$f(Y_i) = \frac{\mu^{Y_i} e^{-\mu}}{Y_i!}$$

sendo $Y = 0, 1, 2, \dots$ e $f(Y)$ é a probabilidade de Y assumir valores inteiros não negativos e $Y!$ (fatorial de Y) representa $Y! = Y \times (Y - 1) \times (Y - 2) \times \dots \times 2 \times 1$. Ainda:

$$E(Y) = \mu$$

$$var(Y) = \mu$$

A distribuição de Poisson tem a variância igual à sua média. O modelo de regressão de Poisson, portanto, é dado por:

$$Y_i = E(Y_i) + \mu_i = \mu_i + u_i$$

assim os Y se distribuem independentemente como variáveis de Poisson aleatórias com média μ_i para cada indivíduo (GUJARATI; PORTER, 2011) expresso:

$$\mu_i = E(Y_i) = \beta_i + \beta_2 X_{2i} + \beta_3 X_{3i} + \cdots + \beta_k X_{ki}$$

onde X são as variáveis que podem afetar o valor médio. Para que a equação seja estimada, representa-se o modelo:

$$Y_i = \frac{\mu^Y e^{-\mu}}{Y!} + u_i$$

Assim, o modelo de regressão resultante não será linear nos parâmetros.

5.2 Estimando os parâmetros do modelo

No exemplo abaixo consta uma base de dados que será denominada `caranguejo`, derivada de PENNSTATE (2018). Este estudo buscou investigar os fatores que afetam a quantidade de caranguejos machos (satélites) residindo perto dos caranguejos fêmeas. As variáveis explicativas:

- (Sa) número de satélites (variável dependente);
- (C) cor do caranguejo fêmea;
- (S) condição da coluna;
- (Wt) peso;
- (W) largura da carapaça.

Seguem os procedimentos para importação da base de dados do exemplo:

```
library(readr)
caranguejo <- read_table2("https://goo.gl/Wvvnrf",
  col_names = FALSE)
colnames(caranguejo)=c("Obs", "C", "S", "W", "Wt", "Sa")
summary(caranguejo)
```

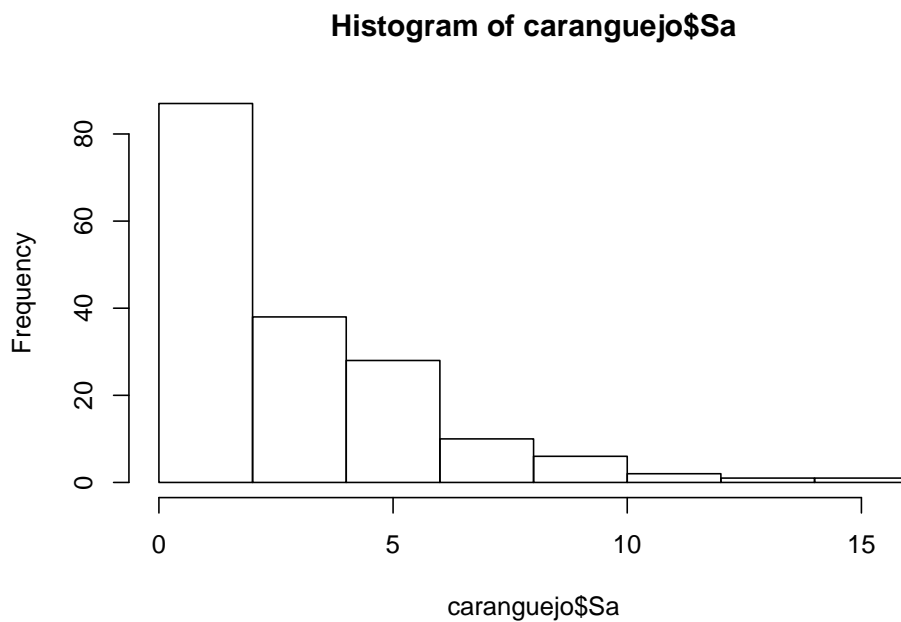
Obs	C	S	W	Wt
Min. : 1	Min. :1.00	Min. :1.00	Min. :21.0	Min. :1.20
1st Qu.: 44	1st Qu.:2.00	1st Qu.:2.00	1st Qu.:24.9	1st Qu.:2.00
Median : 87	Median :2.00	Median :3.00	Median :26.1	Median :2.35
Mean : 87	Mean :2.44	Mean :2.49	Mean :26.3	Mean :2.44
3rd Qu.:130	3rd Qu.:3.00	3rd Qu.:3.00	3rd Qu.:27.7	3rd Qu.:2.85
Max. :173	Max. :4.00	Max. :3.00	Max. :33.5	Max. :5.20

Sa
Min. : 0.00
1st Qu.: 0.00
Median : 2.00
Mean : 2.92
3rd Qu.: 5.00

Max. :15.00

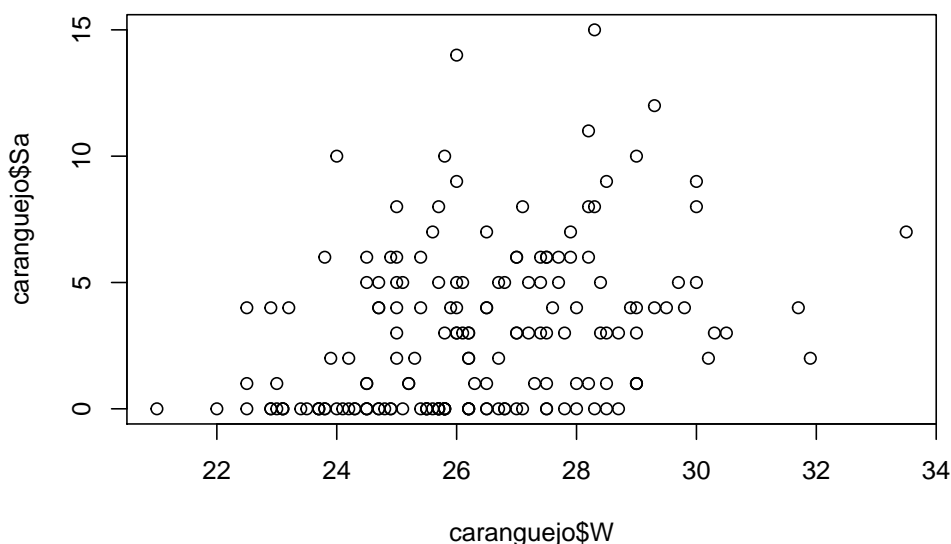
Abaixo o histograma da distribuição do número de satélites (variável dependente) da base de dados:

```
hist(caranguejo$Sa)
```



Relacionando a quantidade de satélites (Sa) com a largura da carapaça:

```
plot(caranguejo$W, caranguejo$Sa)
```



Para criação da regressão de Poisson utiliza-se a função já conhecida `glm()`, sendo que em `family` é determinado o tipo de análise desejada (“poisson”):

```
regpoisson=glm(Sa~W, family="poisson", data=caranguejo)
summary(regpoisson)
```

Call:

```
glm(formula = Sa ~ W, family = "poisson", data = caranguejo)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.853	-1.988	-0.493	1.097	4.922

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-3.305	0.542	-6.09	1.1e-09 ***
W	0.164	0.020	8.22	< 2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 632.79 on 172 degrees of freedom
 Residual deviance: 567.88 on 171 degrees of freedom
 AIC: 927.2

Number of Fisher Scoring iterations: 6

O modelo estimado:

$$\log(\hat{\mu}/t) = -3.30476 + 0,16405W_i$$

ou

$$E(Y) = e^{-3.30476} + e^{0,16405W_i}$$

A leitura do resultado da regressão em geral se assemelha com os modelos de regressão linear e múltipla. Os resultados mostram que a largura da carapaça (W) tem relação positiva com o número de satélites (Sa) em volta do caranguejo fêmea, possuindo significância estatística a $p = 0,001$.

A interpretação do parâmetro $0,16405W_i$:

- (a) como o parâmetro β_1 é positivo, há uma relação positiva entre a largura da carapaça (W) e o número de satélites (sa) esperados.
- (b) $\exp(0,16405) = 1,178273$. Logo, para cada elevação unitária na largura da carapaça (W) dos caranguejos, eleva-se em 1,178273 vezes o número de satélites (Sa).

Teste de dispersão:

```
require(AER)
```

```
Carregando pacotes exigidos: AER
```

```
Carregando pacotes exigidos: car
```

```
Carregando pacotes exigidos: carData
```

```
Attaching package: 'car'
```

```
The following objects are masked from 'package:faraway':
```

```
logit, vif
```

```
The following object is masked from 'package:psych':
```

```
logit
```

```
Carregando pacotes exigidos: survival
```

```
Attaching package: 'survival'
```

```
The following objects are masked from 'package:faraway':
```

```
rats, solder
```

The following object is masked from 'package:caret':

```
cluster
dispersiontest(regpoisson)
```

Overdispersion test

```
data: regpoisson
z = 5.6, p-value = 1e-08
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1
sample estimates:
dispersion
3.157
```

- (c) O parâmetro de super-dispersão para esta equação é maior que 1. Sempre que for muito superior a 1 há vestígios de super-disposição no modelo.

Abaixo a análise de variância.

```
anova(regpoisson, test="Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: poisson, link: log

Response: Sa

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL			172	633	
W 1	64.9	171	568	7.8e-16 ***	

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Abaixo são incluídos os valores preditos `regpoisson$fitted.values` juntamente com os dados originais.

```
print=data.frame(caranguejo, pred=(regpoisson$fitted.values))
head(print)
```

	Obs	C	S	W	Wt	Sa	pred
1	1	2	3	28.3	3.05	8	3.810
2	2	3	3	26.0	2.60	4	2.613
3	3	3	3	25.6	2.15	0	2.447
4	4	4	2	21.0	1.85	0	1.150

```
5  5 2 3 29.0 3.00  1 4.274
6  6 1 2 25.0 2.30  3 2.217
```

É possível comparar a distribuição dos valores preditos decorrentes da utilização do modelo de regressão de Poisson com a amostra inicial da base de dados analisada:

```
plot(caranguejo$W, caranguejo$Sa)
points(regpoisson$fitted.values, col='red', type = "l")
```

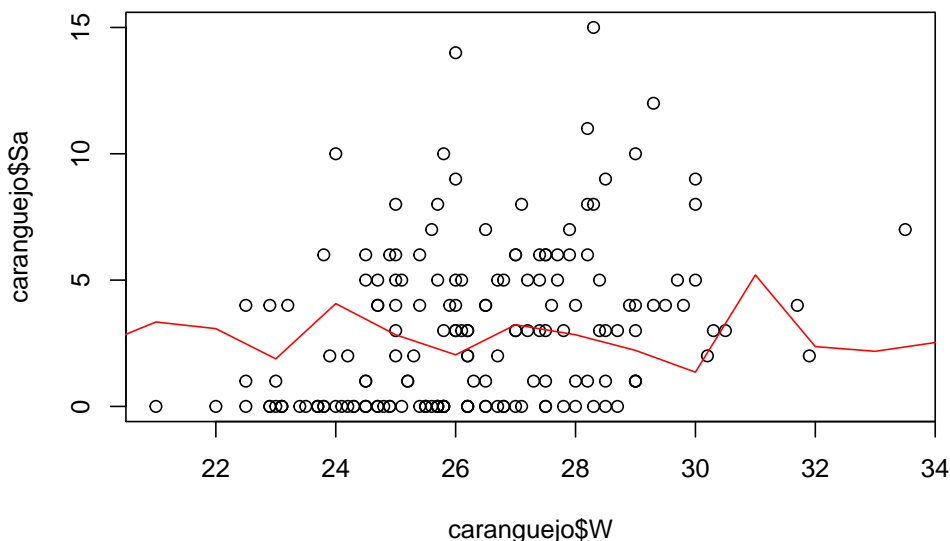


Figura 5.1: Valores ajustados e preditos do número de satélites (Sa) em função do tamanho da carapaça (W)

No entanto, é possível melhorar a precisão do modelo de regressão utilizado, uma vez que os dados iniciais apresentam os casos individuais da amostra de cada caranguejo observado com suas respectivas características das variáveis independentes. Uma forma é agrupar os dados em intervalos da variável independente, contando os o número de casos (variável dependente) em cada intervalo.

Foram determinados 8 intervalos (“Intervalo”) conforme o tamanho da carapaça dos caranguejos. Contou-se o número de casos (variável “numcasos”) de caranguejos em cada intervalo de tamanho da carapaça; o camanho médio da carapaça (“width”) em cada intervalo e; o número total de satélites (“satotal”) esperados em cada intervalo:

```
Intervalo=c("<23,25", "23,25-24,25", "24,25-25,25", "25,25-26,25",
            "26,25-27,25", "27,25-28,25", "28,25-29,25", ">29,25")
attach(caranguejo)
numcasos=list(length(subset(W, W <23.25)),
```

```

length(subset(W, W >23.25 & W <24.25)),
length(subset(W, W >24.25 & W <25.25)),
length(subset(W, W >25.25 & W <26.25)),
length(subset(W, W >26.25 & W <27.25)),
length(subset(W, W >27.25 & W <28.25)),
length(subset(W, W >28.25 & W <29.25)),
length(subset(W, W >29.25)))
width=list(mean(subset(W, W <23.25)),
           mean(subset(W, W >23.25 & W <24.25)),
           mean(subset(W, W >24.25 & W <25.25)),
           mean(subset(W, W >25.25 & W <26.25)),
           mean(subset(W, W >26.25 & W <27.25)),
           mean(subset(W, W >27.25 & W <28.25)),
           mean(subset(W, W >28.25 & W <29.25)),
           mean(subset(W, W >29.25)))
satotal=list(sum(subset(Sa, W <23.25)),
             sum(subset(Sa, W >23.25 & W <24.25)),
             sum(subset(Sa, W >24.25 & W <25.25)),
             sum(subset(Sa, W >25.25 & W <26.25)),
             sum(subset(Sa, W >26.25 & W <27.25)),
             sum(subset(Sa, W >27.25 & W <28.25)),
             sum(subset(Sa, W >28.25 & W <29.25)),
             sum(subset(Sa, W >29.25)))
numcasos <- data.frame(matrix(unlist(numcasos), nrow=8, byrow=T),
                          stringsAsFactors=FALSE)
width <- data.frame(matrix(unlist(width), nrow=8, byrow=T),
                     stringsAsFactors=FALSE)
satotal <- data.frame(matrix(unlist(satotal), nrow=8, byrow=T),
                      stringsAsFactors=FALSE)

novosdados=data.frame(Intervalo,numcasos,round(width,2),satotal)

names(novosdados)=c("Intervalo","numcasos","width","satotal")
novosdados

```

	Intervalo	numcasos	width	satotal
1	<23,25	14	22.69	14
2	23,25-24,25	14	23.84	20
3	24,25-25,25	28	24.77	67
4	25,25-26,25	39	25.84	105
5	26,25-27,25	22	26.79	63
6	27,25-28,25	24	27.74	93
7	28,25-29,25	18	28.67	71
8	>29,25	14	30.41	72

Segue a especificação deste novo modelo agrupado. Segundo PENNSTATE (2018), utilizou-se o componente de ajuste da equação (`offset`) como o logaritmo do número de casos (“`lcases`”), como “o valor de ajuste ‘`t`’ no modelo que representa o espaço fixo, neste caso o grupo (caranguejos com largura similar)”. O resultado da nova regressão se mostra melhor ajustado, com redução do índice AIC:

```
# Log do Número de Casos
lcases=log(numcasos)
# Incluir a variável anterior no objeto novosdados
novosdados=data.frame(novosdados,lcases)
names(novosdados)[5]="lcases"
model=glm(sattotal~width, offset=lcases, family="poisson", data=novosdados)
summary(model)
```

Call:

```
glm(formula = sattotal ~ width, family = "poisson", data = novosdados,
     offset = lcases)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.533	-0.773	-0.345	0.712	1.039

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-3.5355	0.5760	-6.14	8.4e-10 ***
width	0.1727	0.0212	8.13	4.1e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 72.3772 on 7 degrees of freedom
 Residual deviance: 6.5168 on 6 degrees of freedom
 AIC: 56.96

Number of Fisher Scoring iterations: 4

A fórmula para esta nova regressão:

$$\log(\hat{\mu}/t) = -3.535 + 0,1727width_i + \log(t)$$

Desta forma:

- (a) em conformidade com a equação anterior, o número esperado de satélites (`sattotal`) cresce de acordo com o tamanho médio da carapaça dos caranguejos (`width`), pois o coeficiente é positivo.

- (b) como $\exp(0,1727)=1,188509$, espera-se que para cada alteração unitária no tamanho médio da carapaça dos caranguejos (*width*) eleve-se em 1,188509 vezes o número esperado de satélites (*satotal*).

Teste de super-dispersão:

```
require(AER)
dispersiontest(model)
```

Overdispersion test

```
data: model
z = -0.66, p-value = 0.7
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1
sample estimates:
dispersion
0.8273
```

- (c) o teste de superdispersão aprovou a hipótese nula ($p > 0,05$) de que não há problemas de super-dispersão no modelo.

Abaixo a análise de variância:

```
anova(model, test="Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: poisson, link: log

Response: satotal

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL			7	72.4	
width 1	1	65.9	6	6.5	4.8e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Abaixo demonstra-se a plotagem dos valores originais e preditos com a regressão de Poisson:

```
plot(novosdados$satotal, pch="o", col="blue", xlab="Width (grupos)",
     ylab="Número de satélites")
points(model$fitted.values, pch="p", col="red")
legend(6,30,c("obs","pred"), pch=c("o","p"), col=c("blue","red"))
```

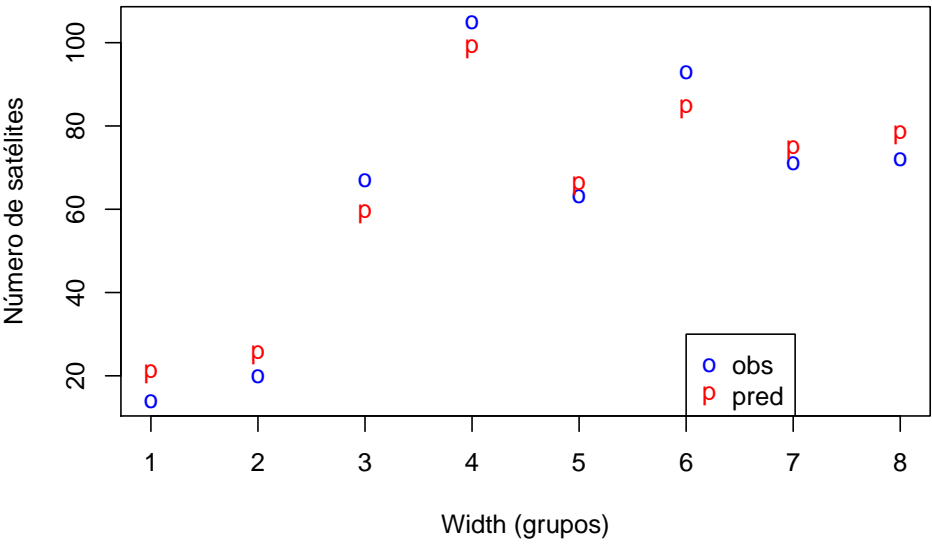



Figura 5.2: Valores observados e preditos

Fonte: Adaptado de PENNSTATE (2018).

```
novosdados$pred=model$fitted.values
head(novosdados)
```

	Intervalo	numcasos	width	satotal	lcases	pred
1	<23,25	14	22.69	14	2.639	20.54
2	23,25-24,25	14	23.84	20	2.639	25.06
3	24,25-25,25	28	24.77	67	3.332	58.85
4	25,25-26,25	39	25.84	105	3.664	98.61
5	26,25-27,25	22	26.79	63	3.091	65.54
6	27,25-28,25	24	27.74	93	3.178	84.25

Alguns procedimentos usuais para avaliar a qualidade do modelo e ajuste dos dados da regressão de Poisson:

- Análise de resíduos;
- Análise de pontos influentes;
- Análise de variância;
- Indicador AIC;
- Análise de super-dispersão do modelo (quando $\text{Var}(Y) > E(Y)$). Neste caso, pode ocorrer por três motivos: a) função de ligação inadequada: talvez outras funções além da logarítmica se ajustem melhor; b) não inclusão de variáveis relevantes ao modelo; c) excessos de zeros.

Referências

FAWCETT, T. **An introduction to ROC analysis.** *Pattern Recognition Letters*, [s.l.], 2006.

GUJARATI, D. N.; PORTER, D. C. **Econometria básica.** New York: Mc Graw Hill, 2011.

HAIR, J. F. et al. **Análise Multivariada de Dados.** São Paulo: Bookman, 2009.

HOSMER, D. W.; LEMESCHOW, S. **Applied Logistic Regression.** New York: Wiley, 2000.

RAWLINGS, J. O.; PANTULA, S. G.; DICKEY, D. A. **Applied Regression Analysis: A Research Tool.** New York: Springer, 1998.

RIBOLDI, J. **Modelos Lineares: notas de aula.** UFRGS: Programa de Pós-Graduação em Epidemiologia. Faculdade de Medicina, 2005.

SIEGEL, E. **Análise Preditiva: O poder de prever quem vai clicar, comprar, mentir ou morrer.** Rio de Janeiro: Alta Books, 2017.