

Regresion Logistica

Cargar los datos

Cargamos los datos que se usaron durante el análisis descriptivo de los datos y mostramos las variables a usar.

```
datos_it0 <- read.csv("../data/bd_trabajo.csv")
names(datos_it0)

## [1] "id"
## [2] "diagnostico"
## [3] "d1"
## [4] "d2"
## [5] "d3"
## [6] "d4"
## [7] "d5"
## [8] "healthCode1"
## [9] "punto_medicacion"
## [10] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_amean"
## [11] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_stddevNorm"
## [12] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_percentile20.0"
## [13] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_percentile50.0"
## [14] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_percentile80.0"
## [15] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_pctlrange0.2"
## [16] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_meanRisingSlope"
## [17] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_stddevRisingSlope"
## [18] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_meanFallingSlope"
## [19] "F0semitoneFrom27.5Hz_sma3nz_stddevFallingSlope"
## [20] "jitterLocal_sma3nz_amean"
## [21] "jitterLocal_sma3nz_stddevNorm"
## [22] "shimmerLocaldB_sma3nz_amean"
## [23] "shimmerLocaldB_sma3nz_stddevNorm"
## [24] "edad"
## [25] "cuidado"
## [26] "estimulacion_cerebral"
## [27] "anio_diagnostico"
## [28] "educacion"
## [29] "trabajo"
## [30] "genero"
## [31] "estado_civil"
## [32] "anio_medicacion"
## [33] "anio_enfermedad"
## [34] "facilidad_celular"
## [35] "fumo"
## [36] "cirugias"
```

```
## [37] "anios_fumo"
## [38] "healthCode"
```

No vamos a mostrar las medidas resumenes o los gráficos de todas las variables ya que lo hicimos durante el análisis descriptivo. A lo largo del trabajo solo mostraremos los gráficos pertinentes.

Regresión Logística

En esta regresión vamos a utilizar como variable respuesta a **diagnostico**, usando las variables **d1**, **d2**, **d3**, **d4**, **d5** y **edad**. Para trabajar vamos a quedarnos únicamente con estas variables en el dataset.

```
datos_it1 <- datos_it0 %>%
  select(diagnostico, d1, d2, d3, d4, d5, edad)
names(datos_it1)
```

```
## [1] "diagnostico" "d1"          "d2"          "d3"          "d4"
## [6] "d5"          "edad"
```

Comenzamos realizando el modelo 0, donde se incluyen todas las variables posibles

```
modelo_it0 <- glm(diagnostico ~ ., data = datos_it1, family = "binomial")
summary(modelo_it0)
##
## Call:
## glm(formula = diagnostico ~ ., family = "binomial", data = datos_it1)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5698  -0.7436  -0.4146   0.8531   2.3973
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -8.513620   0.437964 -19.439  < 2e-16 ***
## d1           0.087467   0.012478   7.009 2.39e-12 ***
## d2          -0.003792   0.002220  -1.708  0.0876 .
## d3           0.220782   0.398317   0.554  0.5794
## d4           0.111645   2.591415   0.043  0.9656
## d5           0.757470   2.769715   0.273  0.7845
## edad        0.103631   0.004972  20.843  < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 3023.1  on 2217  degrees of freedom
## Residual deviance: 2261.8  on 2211  degrees of freedom
## AIC: 2275.8
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4

r2 <- calcular_pseudo_R2(modelo_it0)
```

```
r2
## pseudo_R2    p_valor
## 0.2518205 0.0000000
```

Observamos que las variables **d1**, **d2** y **edad** resultan significativas, pero **d3**, **d4** y **d5** no.

Además, armaremos una tabla donde se especificara el AIC, R2 y alguna de observación de cada modelo armado, a manera comparación.

```
tabla_resumen_modelos <- data.frame(Nombre = "modelo_it0",
                                     AIC = modelo_it0$aic,
                                     R2 = r2[1],
                                     Observacion = "Todas las variables",
                                     row.names = NULL)

rm(r2)
```

Usamos la función `step()` para seleccionar aquellas variables más importantes.

```
step(modelo_it0, direction = "both")
```

```
## Start:  AIC=2275.82
## diagnostico ~ d1 + d2 + d3 + d4 + d5 + edad
##
##           Df Deviance    AIC
## - d4       1   2261.8 2273.8
## - d5       1   2261.9 2273.9
## - d3       1   2262.1 2274.1
## <none>      2261.8 2275.8
## - d2       1   2264.8 2276.8
## - d1       1   2312.7 2324.7
## - edad     1   2844.0 2856.0
##
## Step:  AIC=2273.82
## diagnostico ~ d1 + d2 + d3 + d5 + edad
##
##           Df Deviance    AIC
## - d5       1   2261.9 2271.9
## - d3       1   2262.1 2272.1
## <none>      2261.8 2273.8
## - d2       1   2264.9 2274.9
## + d4       1   2261.8 2275.8
## - d1       1   2324.0 2334.0
## - edad     1   2847.3 2857.3
##
## Step:  AIC=2271.89
## diagnostico ~ d1 + d2 + d3 + edad
##
##           Df Deviance    AIC
## - d3       1   2262.2 2270.2
## <none>      2261.9 2271.9
## - d2       1   2265.6 2273.6
## + d5       1   2261.8 2273.8
## + d4       1   2261.9 2273.9
```

```
## - d1      1    2327.4 2335.4
## - edad    1    2853.4 2861.4
##
## Step: AIC=2270.25
## diagnostico ~ d1 + d2 + edad
##
##           Df Deviance   AIC
## <none>      2262.2 2270.2
## + d3        1    2261.9 2271.9
## + d5        1    2262.1 2272.1
## + d4        1    2262.2 2272.2
## - d2        1    2266.5 2272.5
## - d1        1    2327.4 2333.4
## - edad      1    2863.8 2869.8

##
## Call: glm(formula = diagnostico ~ d1 + d2 + edad, family = "binomial",
##           data = datos_it1)
##
## Coefficients:
## (Intercept)          d1          d2          edad
## -8.434462      0.086348     -0.004163     0.104027
##
## Degrees of Freedom: 2217 Total (i.e. Null);  2214 Residual
## Null Deviance:      3023
## Residual Deviance: 2262 AIC: 2270
```

A partir del resultado creamos el primer modelo

```
modelo_it1 <- glm(formula = diagnostico ~ d1 + d2 + edad, family = "binomial",
                  data = datos_it1)
summary(modelo_it1)
##
## Call:
## glm(formula = diagnostico ~ d1 + d2 + edad, family = "binomial",
##      data = datos_it1)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5670  -0.7448  -0.4159   0.8455   2.4236
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -8.434462   0.414288 -20.359 < 2e-16 ***
## d1           0.086348   0.010898   7.924 2.31e-15 ***
## d2          -0.004163   0.002031  -2.050  0.0404 *
## edad         0.104027   0.004927  21.113 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 3023.1 on 2217 degrees of freedom
```

```
## Residual deviance: 2262.3 on 2214 degrees of freedom
## AIC: 2270.3
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4

r2 <- calcular_pseudo_R2(modelo_it1)
r2
## pseudo_R2    p_valor
## 0.2516767 0.0000000
```

Todas las variables resultan significativas. El AIC es de 2270.25, que es levemente mejor al modelo 0. De aquí notamos que:

- Por cada incremento de una unidad en **d1**, los odds de tener un diagnóstico positivo se incrementan en 109.02%, manteniendo el resto de variables constantes.
- Por cada incremento de una unidad de **d2**, los odds de tener un diagnóstico positivo se reducen en 0.42%, manteniendo el resto de variables constantes.
- Por cada incremento de un año en la **edad**, los odds de tener un diagnóstico positivo se incrementan en 110.96%, manteniendo el resto de variables constantes.

```
tabla_resumen_modelos <- tabla_resumen_modelos %>%
  add_row(Nombre = "modeo_it1", AIC = modelo_it1$aic, R2 = r2[1], Observacion = "Primer modelo con sele
rm(r2)
```

Puntos Influyentes

Empezamos buscando los puntos influyentes con la distancia_cook

```
puntos_influyentes <- data.frame(d_cook = cooks.distance(modelo_it1)) %>% arrange(-d_cook)
head(puntos_influyentes, n = 15)
```

```
##          d_cook
## 368 0.027452786
## 125 0.009969629
## 2    0.009638075
## 331 0.008439323
## 4    0.006828532
## 89   0.006617408
## 620 0.006537773
## 44   0.006285796
## 76   0.006222473
## 45   0.006130574
## 1628 0.006084733
## 36   0.005943072
## 628 0.005482373
## 23   0.005304204
## 186 0.005144823
```

En general, las distancias son menores a uno por lo que no se consideran influyentes. Sin embargo, analizamos la observación nro 368 por se la que presta una distancia de cook mucho mayor al resto.

```
datos_it1[368,]
```

```
##      diagnostico      d1      d2      d3      d4      d5 edad
## 368           0 25.10758 -196.4837 0.330796 0.107532 0.16903   68
```

Esta observación presenta un valor de d2 muy bajo. Vamos a calcular los hatvalues para saber si es un outlier

```
puntos_outliers <- data.frame(v_hat = hatvalues(modelo_it1)) %>% arrange(-v_hat)
head(puntos_outliers, n = 15)
```

```
##      v_hat
## 4  0.03378426
## 44 0.03149630
## 793 0.03141961
## 618 0.02839346
## 6   0.02836559
## 2   0.02642262
## 683 0.02414641
## 368 0.02073041
## 9   0.01763512
## 329 0.01672922
## 289 0.01618907
## 37  0.01618695
## 56  0.01505227
## 10  0.01502092
## 7   0.01376218
```

Como la observación tiene un hatvalue de 0.02414641, que es mayor a 0.0027051 lo consideramos atípico.

```
datos_it2 <- datos_it1[-368,]
```

Volvemos a realizar los modelos para observar si conseguimos una mejoría excluyendo estos modelos.