Análisis Estadístico con R

Técnicas de Análisis Mutivariante

Víctor Morales-Oñate

15 de enero de 2020

Contents

Los contenidos de este material se basa principalemente en Schumacker (2015). Las referencias o extensiones necesarias se citarán conforme se desarrolla el material.

Supuestos de RLM

Librerías usadas en esta sección

```
library(AER)
library(sandwich)
library(lmtest)
library(lmSupport)
```

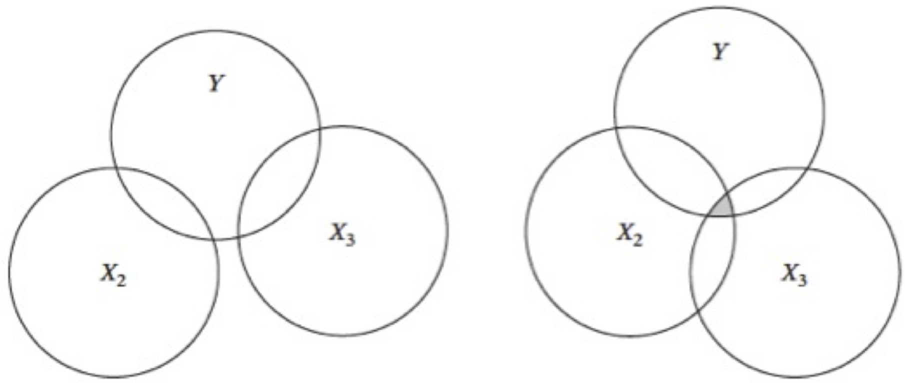
Multicolinealidad

El problema:

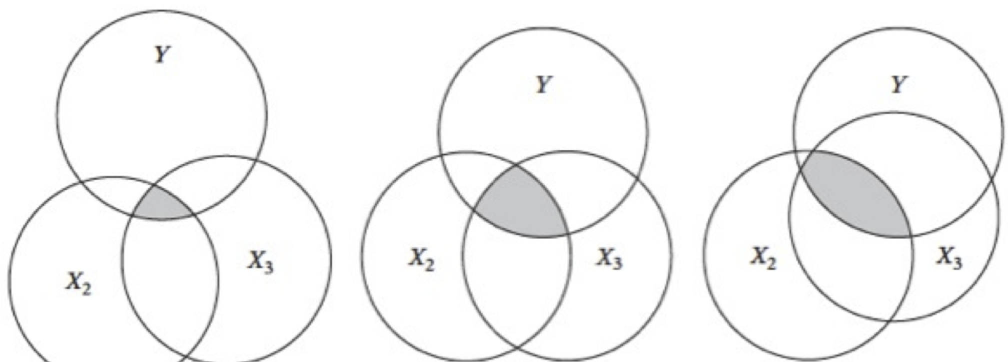
$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'Y$$

- Se tiene un problema en cuanto a la transpuesta de la matriz $(X'X)$

- Perfecta: Si se tiene este tipo, el modelo simplemente no toma en cuenta esta variable
- Imperfecta: El cáclulo de la inversa es computacionalmente exigente



a) No existe colinealidad   *b*) Colinealidad baja



c) Colinealidad moderada   *d*) Colinealidad alta   *e*) Colinealidad muy alta

Posibles causas

- El método de recolección de información
- Restricciones en el modelo o en la población objeto de muestreo
- Especificación del modelo
- Un modelo sobredetermindado
- Series de tiempo

¿Cuál es la naturaleza de la multicolinealidad?

Causas - ¿Cuáles son sus consecuencias prácticas?

Incidencia en los errores estándar y sensibilidad

- ¿Cómo se detecta?

Pruebas

¿Qué medidas pueden tomarse para aliviar el problema de multicolinealidad?

- No hacer nada
- Eliminar variables
- Transformación de variables
- Añadir datos a la muestra

- Componentes principales, factores, entre otros

¿Cómo se detecta?

- Un R^2 elevado pero con pocas razones t significativas
- Regresiones auxiliares (Pruebas de Klein)
- Factor de inflación de la varianza

$$VIF = \frac{1}{(1 - R^2)}$$

Ejemplo 1

- Haremos uso del paquete AER
- Abrir la tabla 10.8
- Ajusta el modelo

donde

- X_1 índice implícito de deflación de precios para el PIB,
- X_2 es el PIB (en millones de dólares),
- X_3 número de desempleados (en miles),
- X_4 número de personas enlistadas en las fuerzas armadas,
- X_5 población no institucionalizada mayor de 14 años de edad
- X_6 año (igual a 1 para 1947, 2 para 1948 y 16 para 1962).

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_3 X_3 + \beta_4 X_4 + \beta_5 X_5 + u_i$$

- Analice los resultados

```
uu <- "https://raw.githubusercontent.com/vmoprojs/DataLectures/master/tabla10_8.csv"
datos<- read.csv(url(uu),sep=";",header=TRUE)
```

Agreguemos el tiempo: - Las correlaciones muy altas también suelen ser síntoma de multicolinealidad

```
ajuste.2 <- lm(Y~X1+X2+X3+X4+X5+TIME,data = datos)
summary(ajuste.2)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Y ~ X1 + X2 + X3 + X4 + X5 + TIME, data = datos)
##
## Residuals:
##    Min     1Q Median     3Q    Max
## -381.7 -167.6   13.7  105.5  488.9
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  6.727e+04  2.324e+04   2.895  0.02005 *
## X1          -2.051e+00  8.710e+00  -0.235  0.81974
## X2          -2.733e-02  3.317e-02  -0.824  0.43385
## X3          -1.952e+00  4.767e-01  -4.095  0.00346 **
## X4          -9.582e-01  2.162e-01  -4.432  0.00219 **
## X5           5.134e-02  2.340e-01   0.219  0.83181
## TIME         1.585e+03  4.827e+02   3.284  0.01112 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
```

```
## Residual standard error: 295.6 on 8 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9955, Adjusted R-squared:  0.9921
## F-statistic: 295.8 on 6 and 8 DF,  p-value: 6.041e-09
```

```r
with(datos,cor(cbind(X1,X2,X3,X4,X5,TIME)))
```

```
##             X1        X2         X3         X4        X5      TIME
## X1   1.0000000 0.9936689  0.5917342  0.4689737 0.9833160 0.9908435
## X2   0.9936689 1.0000000  0.5752804  0.4587780 0.9896976 0.9947890
## X3   0.5917342 0.5752804  1.0000000 -0.2032852 0.6747642 0.6465669
## X4   0.4689737 0.4587780 -0.2032852  1.0000000 0.3712428 0.4222098
## X5   0.9833160 0.9896976  0.6747642  0.3712428 1.0000000 0.9957420
## TIME 0.9908435 0.9947890  0.6465669  0.4222098 0.9957420 1.0000000
```

- Prueba de Klein: Se basa en realizar regresiones auxiliares de *todas contra todas* las variables regresoras.
- Si el R^2 de la regresión aux es mayor que la global, esa variable regresora podría ser la que genera multicolinealidad
- ¿Cuántas regresiones auxiliares se tiene en un modelo en general?

Regresemos una de las variables

```r
ajuste.3<- lm(X1~X2+X3+X4+X5+TIME,data = datos)
summary(ajuste.3)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = X1 ~ X2 + X3 + X4 + X5 + TIME, data = datos)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -18.8602  -4.3277  -0.3175   4.3726  14.8438
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  1.529e+03  7.288e+02   2.098   0.0653 .
## X2           2.543e-03  9.453e-04   2.690   0.0248 *
## X3           3.056e-02  1.514e-02   2.019   0.0742 .
## X4           1.011e-02  7.559e-03   1.337   0.2140
## X5          -1.263e-02  7.903e-03  -1.598   0.1445
## TIME        -1.621e+01  1.766e+01  -0.918   0.3826
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 11.31 on 9 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9923, Adjusted R-squared:  0.9881
## F-statistic: 232.5 on 5 and 9 DF,  p-value: 3.127e-09
```

```r
tolerancia<-1-0.9923
```

Factor de inflación de la varianza

Si este valor es mucho mayor que 10 y se podría concluir que si hay multicolinealidad

```r
vif <- 1/tolerancia
vif
```

```
## [1] 129.8701
```

Ahora vamos a usar el paquete `AER`:

```r
library(AER)
```

```r
vif1 <- vif(ajuste.2)
Raux <- (vif1-1)/vif1
Rglobal <- 0.9955

Rglobal-Raux
```

```
##           X1           X2           X3           X4           X5
##  0.003181137 -0.003829181  0.026533869  0.254649059 -0.001623122
##         TIME
## -0.003160352
```

Se podría no hacer nada ante este problema. O se puede tratar con transformaciones. Deflactamos el PIB: `PIB_REAL <- X2/X1`

```r
# La variable X5 (población)
# esta correlacionada con el tiempo
PIB_REAL <- datos$X2/datos$X1
ajuste.4<-lm(Y~PIB_REAL+X3+X4, data = datos)
summary(ajuste.4)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Y ~ PIB_REAL + X3 + X4, data = datos)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -760.29 -197.71  -53.69  234.77  603.15
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 42716.5646   710.1206  60.154 3.31e-15 ***
## PIB_REAL       72.0074     3.3286  21.633 2.30e-10 ***
## X3             -0.6810     0.1693  -4.023  0.00201 **
## X4             -0.8392     0.2206  -3.805  0.00292 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 389 on 11 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9893, Adjusted R-squared:  0.9864
## F-statistic: 339.5 on 3 and 11 DF,  p-value: 4.045e-11
```

```r
vif(ajuste.4)
```

```
## PIB_REAL       X3       X4
## 3.054580 2.346489 2.318500
```

```r
ajuste.5<-lm(Y~PIB_REAL+X3+X4,data = datos)
summary(ajuste.5)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Y ~ PIB_REAL + X3 + X4, data = datos)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
```

```
## -760.29 -197.71  -53.69  234.77  603.15
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 42716.5646   710.1206  60.154 3.31e-15 ***
## PIB_REAL       72.0074     3.3286  21.633 2.30e-10 ***
## X3             -0.6810     0.1693  -4.023  0.00201 **
## X4             -0.8392     0.2206  -3.805  0.00292 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 389 on 11 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9893, Adjusted R-squared:  0.9864
## F-statistic: 339.5 on 3 and 11 DF,  p-value: 4.045e-11
```

```
vif(ajuste.5)
```

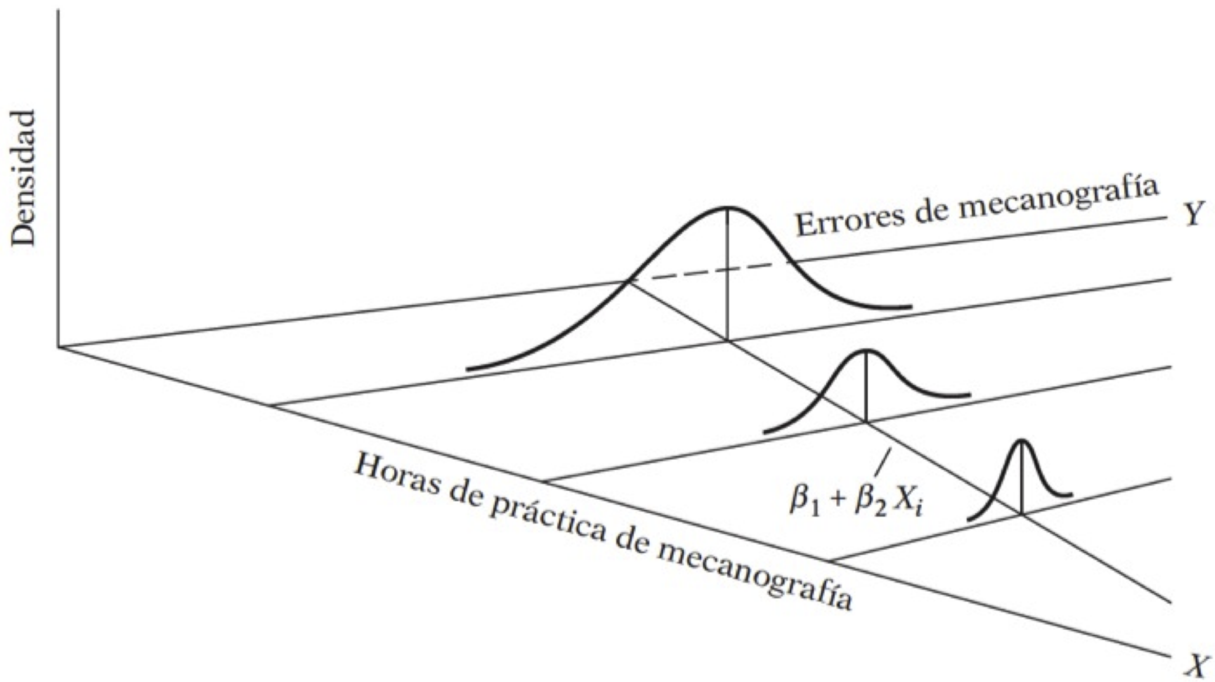
```
## PIB_REAL       X3       X4
## 3.054580 2.346489 2.318500
```

Heterocedasticidad

Ocurre cuando la varianza no es constante.

¿Cuál es la naturaleza de la heterocedasticidad?

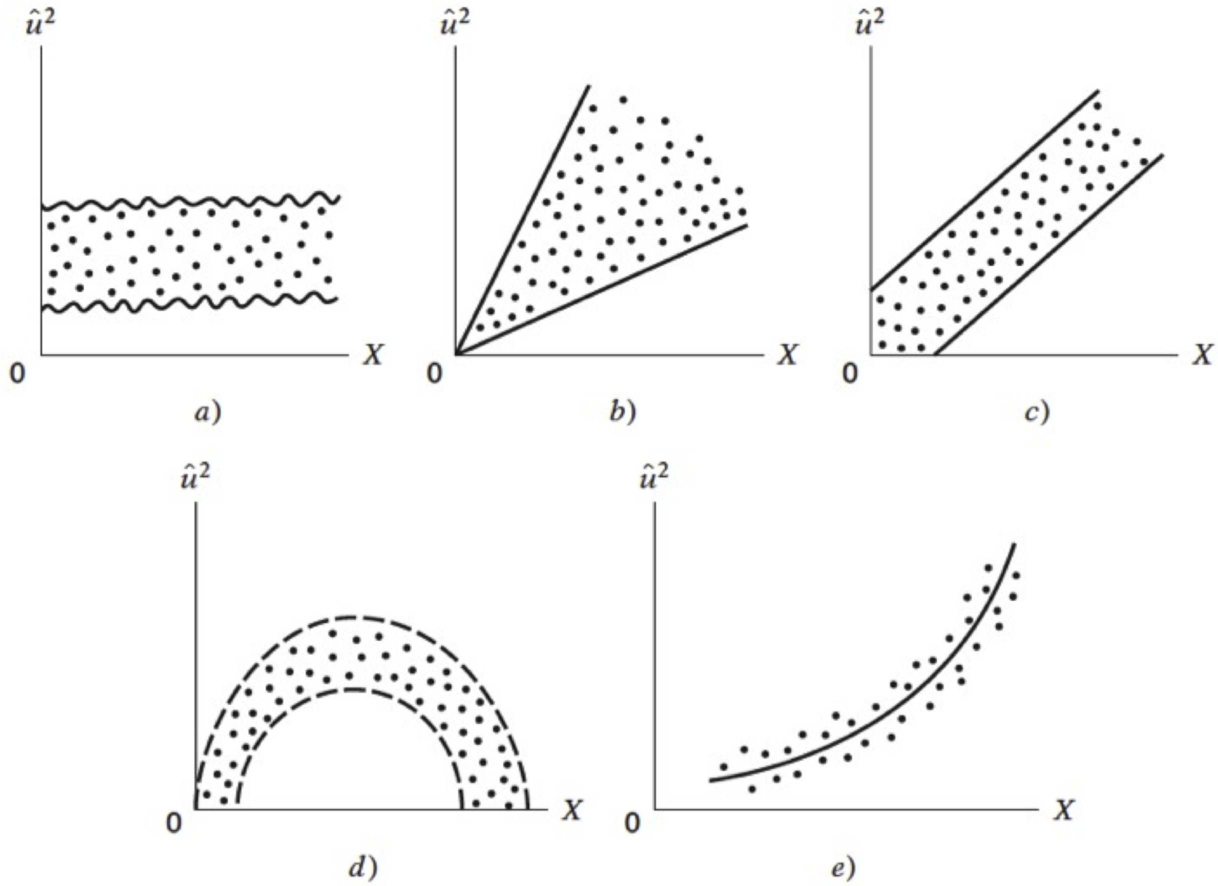
- Modelos de aprendizaje de los errores: con el paso del tiempo, las personas cometen menos errores de comportamiento. Es decir que la varianza disminuye.
- Ingreso direccional: Es probable que la varianza aumente con el ingreso dado que el aumento del ingreso se tiene más opciones del cómo disponer de él.



- Técnicas de recolección de datos: si la técnica mejora, es probable que la varianza se reduzca.
- Datos atípicos o aberrantes: Sensibilidad en las estimaciones
- Especificaciones del modelo: Omisión de variables importantes en el modelo.
- Asimentría: Surge a partir de la distribución de una o más regresoras en el modelo. Ejemplo: Distribución del ingreso *generalmente inequitativo*

¿Cómo detectarla?

Método gráfico



Veamos las pruebas de detección en un ejemplo

- Abrir la base de datos *wage1* de Wooldrigde

```
uu <- "https://raw.githubusercontent.com/vmoprojs/DataLectures/master/wage1.csv"
datos <- read.csv(url(uu),header=FALSE)
names(datos) <- c("wage",  "educ",  "exper",  "tenure",
               "nonwhite",  "female",   "married",
               "numdep",    "smsa", "northcen", "south",
               "west",  "construc", "ndurman",  "trcommpu",
               "trade", "services", "profserv", "profocc",
               "clerocc",   "servocc",  "lwage",    "expersq",
               "tenursq")

casados <- (1-datos$female)*datos$married  # female 1=mujer  married=1 casado
casadas <- (datos$female)*datos$married
solteras <- (datos$female)*(1-datos$married)
solteros <- (1-datos$female)*(1-datos$married)
```

- Correr el modelo

  $$lwage = \beta_0+\beta_1 casados+\beta_2 casadas+\beta_3 solteras+\beta_4 educ+\beta_5 exper+\beta_6 expersq+\beta_7 tenure+\beta_8 tenuresq+u_i$$

- Hacer un gráfico de los valores estimados y los residuos al cuadrado

Prueba de Breusch Pagan

- Correr un modelo de los residuos al cuadrado regresado en las variables explicativas del modelo global.

  $sqresid = \beta_0 + \beta_1 casados + \beta_2 casadas + \beta_3 solteras + \beta_4 educ + \beta_5 exper + \beta_6 expersq + \beta_7 tenure + \beta_8 tenuresq + u_i$

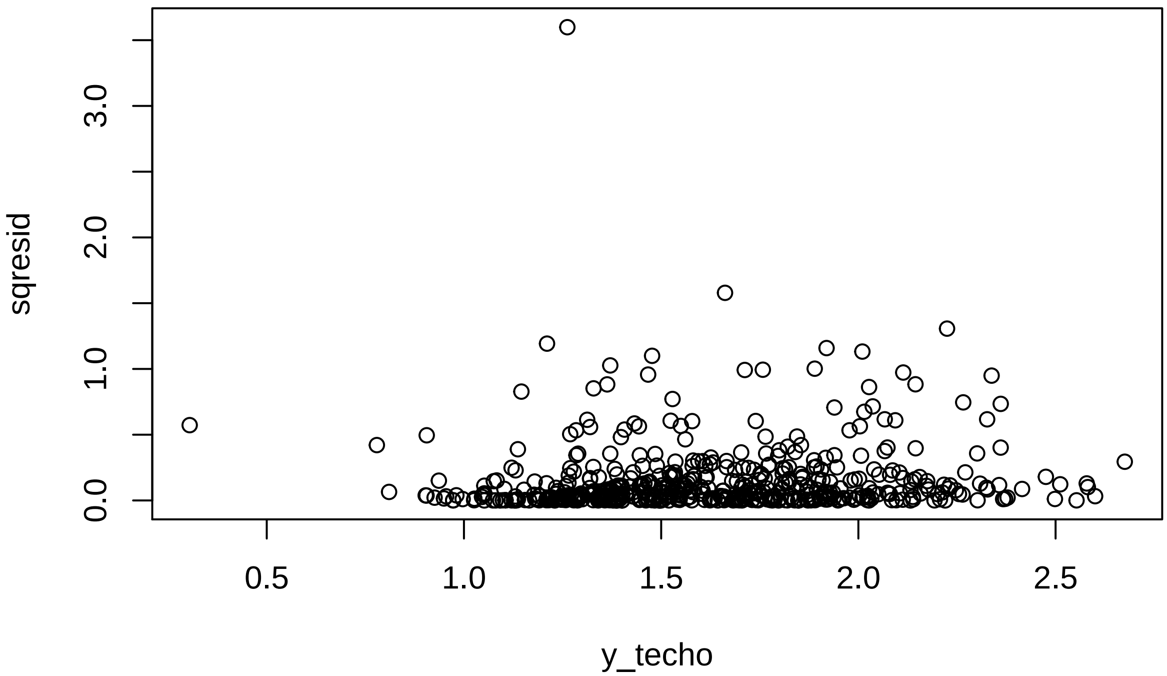
- `bptest(objeto)`: si el pvalor es inferior a 0.05, `Ho: Homocedasticidad`

El códgio en `R` es:

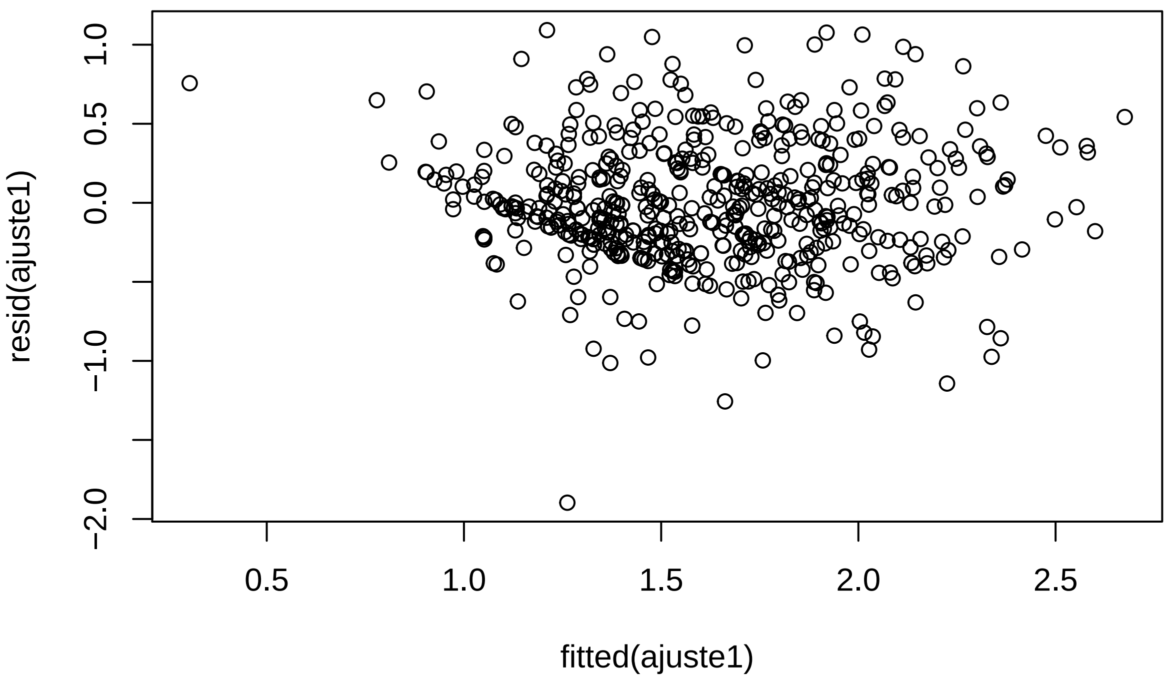
```r
ajuste1 <- lm(lwage~casados+casadas+solteras+educ+exper+
                  expersq+tenure+tenursq,data = datos)

summary(ajuste1)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = lwage ~ casados + casadas + solteras + educ + exper +
##     expersq + tenure + tenursq, data = datos)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.89697 -0.24060 -0.02689  0.23144  1.09197
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  0.3213780  0.1000090   3.213 0.001393 **
## casados      0.2126756  0.0553572   3.842 0.000137 ***
## casadas     -0.1982677  0.0578355  -3.428 0.000656 ***
## solteras    -0.1103502  0.0557421  -1.980 0.048272 *
## educ         0.0789103  0.0066945  11.787  < 2e-16 ***
## exper        0.0268006  0.0052428   5.112 4.50e-07 ***
## expersq     -0.0005352  0.0001104  -4.847 1.66e-06 ***
## tenure       0.0290875  0.0067620   4.302 2.03e-05 ***
## tenursq     -0.0005331  0.0002312  -2.306 0.021531 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.3933 on 517 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4609, Adjusted R-squared:  0.4525
## F-statistic: 55.25 on 8 and 517 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

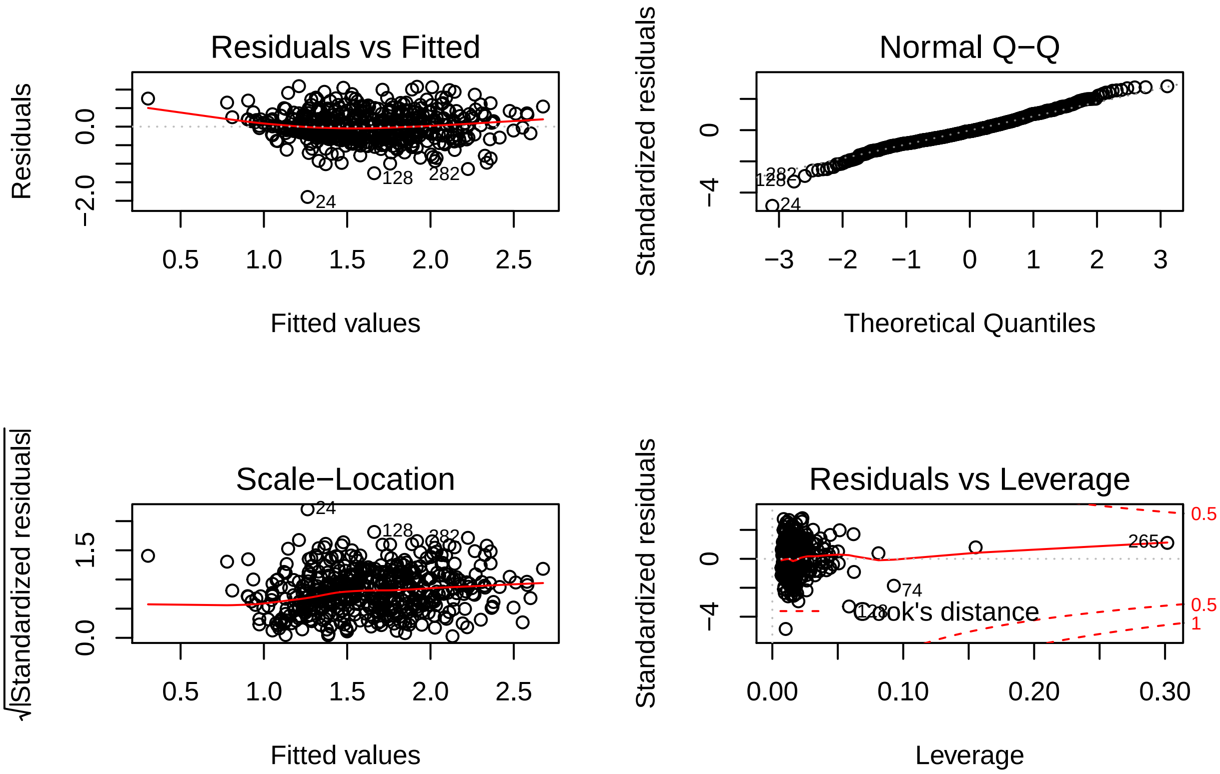
```r
residuos <- resid(ajuste1)
sqresid <- residuos^2
y_techo <- fitted(ajuste1)
plot(y_techo,sqresid)
```




```
plot(fitted(ajuste1),resid(ajuste1))
```




```
# Usando el "default" de R:
par(mfrow=c(2,2))
plot(ajuste1)
```




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


library(sandwich)
library(lmtest)
#install.packages("lmSupport")
library(lmSupport)

# Test para ver si hay heterocedasticidad
residuos <- resid(ajuste1)
sqresid <- (residuos)^2
ajuste2 <- lm(sqresid~casados+casadas+solteras+educ+exper+expersq+tenure+tenursq,data = datos)
summary(ajuste2)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = sqresid ~ casados + casadas + solteras + educ +
##     exper + expersq + tenure + tenursq, data = datos)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -0.2346 -0.1237 -0.0887  0.0202  3.4689
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  5.029e-02  6.893e-02   0.729  0.46603
## casados     -4.870e-02  3.816e-02  -1.276  0.20241
## casadas     -5.147e-02  3.986e-02  -1.291  0.19727
## solteras     4.162e-03  3.842e-02   0.108  0.91379
```

```
## educ         3.849e-03  4.614e-03   0.834  0.40462
## exper        1.008e-02  3.614e-03   2.790  0.00546 **
## expersq     -2.071e-04  7.611e-05  -2.720  0.00674 **
## tenure       4.763e-04  4.661e-03   0.102  0.91864
## tenursq      8.670e-05  1.594e-04   0.544  0.58672
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.2711 on 517 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.02507,    Adjusted R-squared:  0.009989
## F-statistic: 1.662 on 8 and 517 DF,  p-value: 0.105
```

```
# F =1.662 y pvalue=0.105 NO EXISTE HETEROCEDASTICIDAD
#Breusch-Pagan test

'bptest es igual a hettest en STATA'
```

```
## [1] "bptest es igual a hettest en STATA"
```

```
bptest(ajuste1)
```

```
##
##  studentized Breusch-Pagan test
##
## data:  ajuste1
## BP = 13.189, df = 8, p-value = 0.1055
```

Para estimar errores robustos (como `robust` en stata):

```
coeftest(ajuste1, vcovHC(ajuste1,"HC0"))
```

```
##
## t test of coefficients:
##
##                Estimate  Std. Error t value  Pr(>|t|)
## (Intercept)  0.32137805  0.10852844  2.9612 0.0032049 **
## casados      0.21267564  0.05665095  3.7541 0.0001937 ***
## casadas     -0.19826765  0.05826506 -3.4029 0.0007186 ***
## solteras    -0.11035021  0.05662552 -1.9488 0.0518632 .
## educ         0.07891029  0.00735096 10.7347 < 2.2e-16 ***
## exper        0.02680057  0.00509497  5.2602 2.111e-07 ***
## expersq     -0.00053525  0.00010543 -5.0770 5.360e-07 ***
## tenure       0.02908752  0.00688128  4.2270 2.800e-05 ***
## tenursq     -0.00053314  0.00024159 -2.2068 0.0277671 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Autocorrelación

- ¿Cuál es la naturaleza de la autocorrelación?
- ¿Cuáles son las consecuencias teóricas y prácticas de la autocorrelación?
- ¿Cómo remediar el problema de la autocorrelación?

  Autocorrelación: correlación entre miembros de series de observaciones ordenadas en el tiempo [como en datos de series de tiempo] o en el espacio [como en datos de corte transversal]:

$$E(u_i, u_j) \neq 0 i \neq j$$

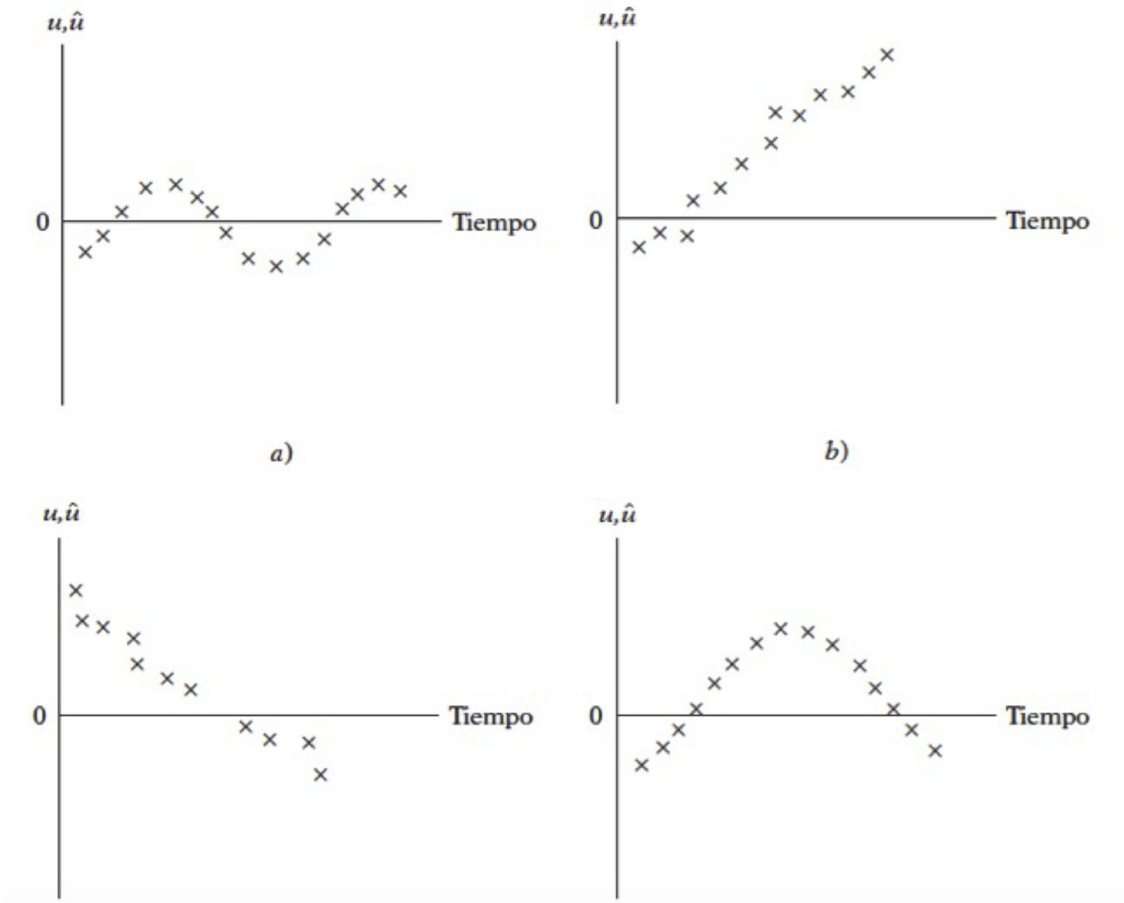
El supuesto es:

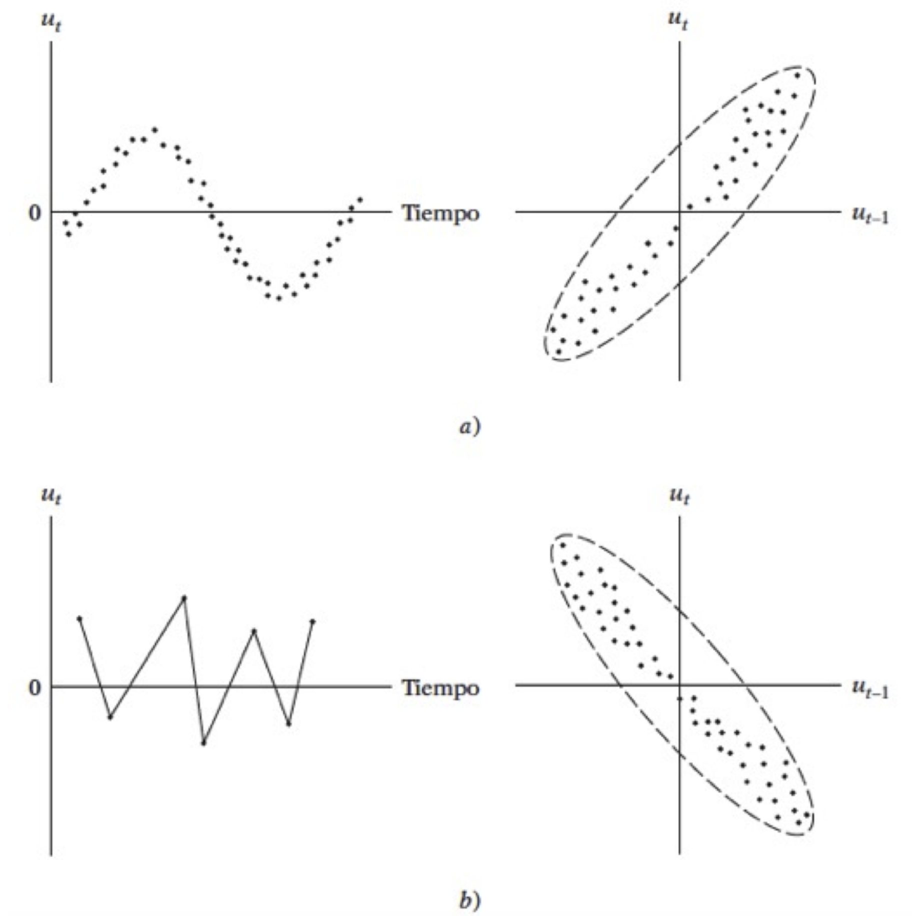
$$cov(u_i, u_j | x_i, x_j) = E(u_i, u_j) = 0 i \neq j$$

- Datos atípicos o aberrantes: Sensibilidad en las estimaciones
- Especificaciones del modelo: Omisión de variables importantes en el modelo.
- Asimentría: Surge a partir de la distribución de una o más regresoras en el modelo. Ejemplo: Distribución del ingreso *generalmente inequitativo*

Cómo detectarla sesgos de especificación

Método gráfico





Veamos las pruebas de detección en un ejemplo

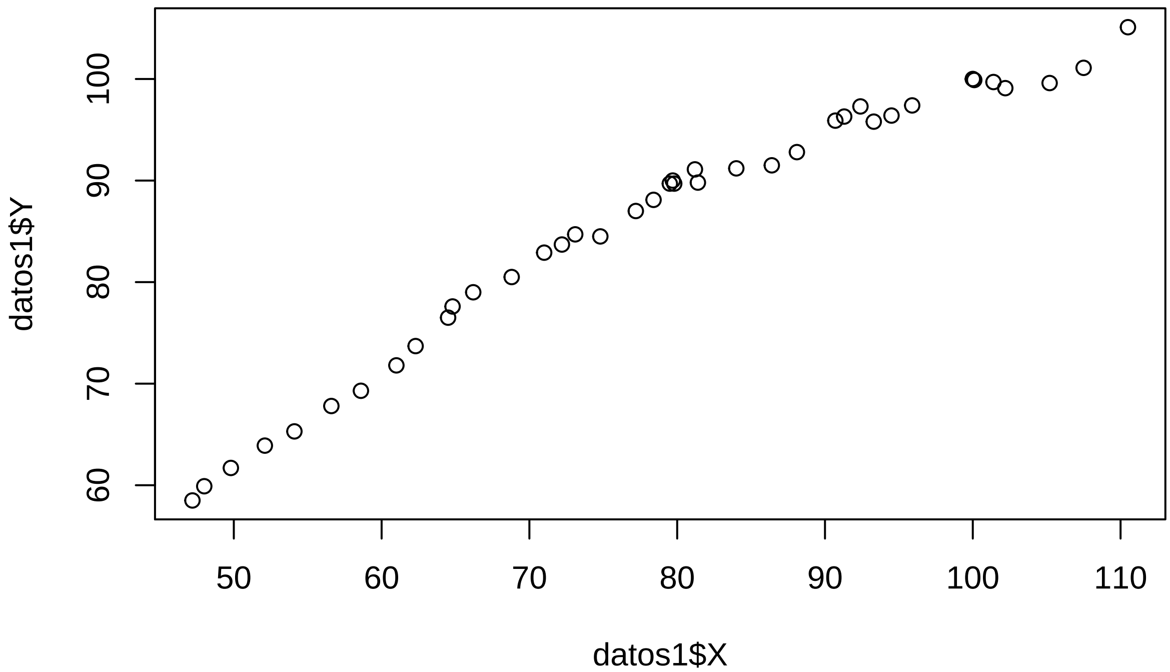
Ejemplo

Abrir la `tabla 12.4`. Veamos los datos en forma gráfica, y corramos el modelo:

- Y, índices de remuneración real por hora
- X, producción por hora X

```
uu <- "https://raw.githubusercontent.com/vmoprojs/DataLectures/master/tabla12_4.csv"
datos1<- read.csv(url(uu), sep=";",dec=".", header=T)
```

```
#Indice de compensacion real (salario real)
plot(datos1$X,datos1$Y)
```

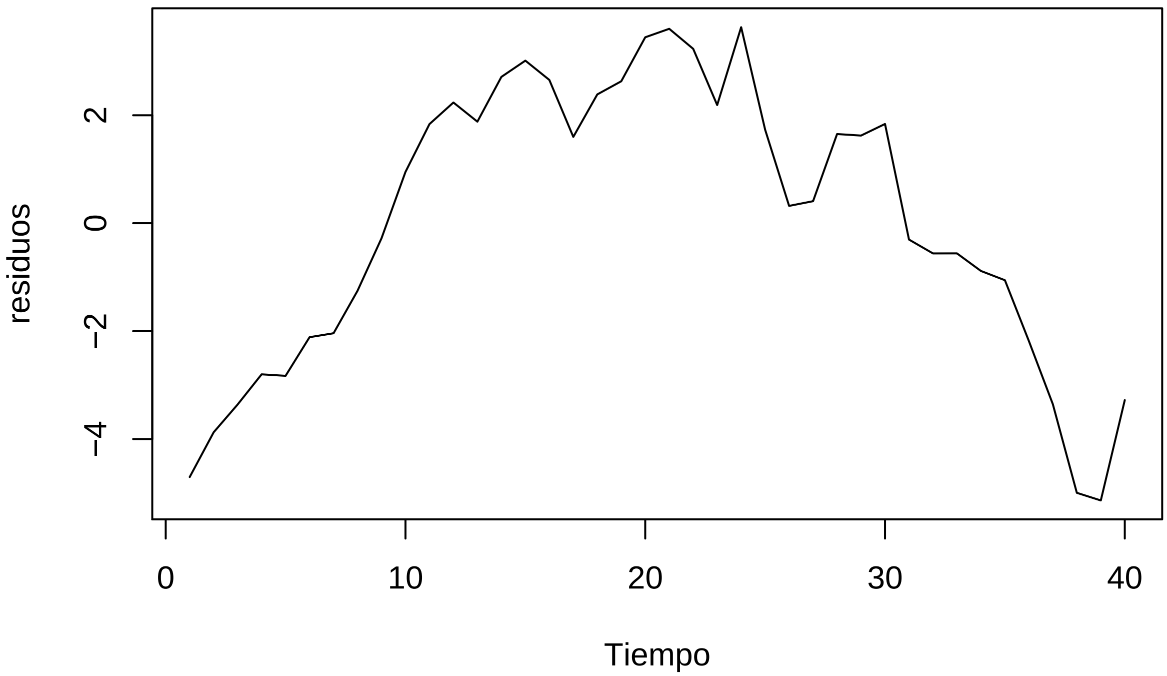



```r
ajuste.indice<-lm(Y~X,data = datos1)
summary(ajuste.indice)
```

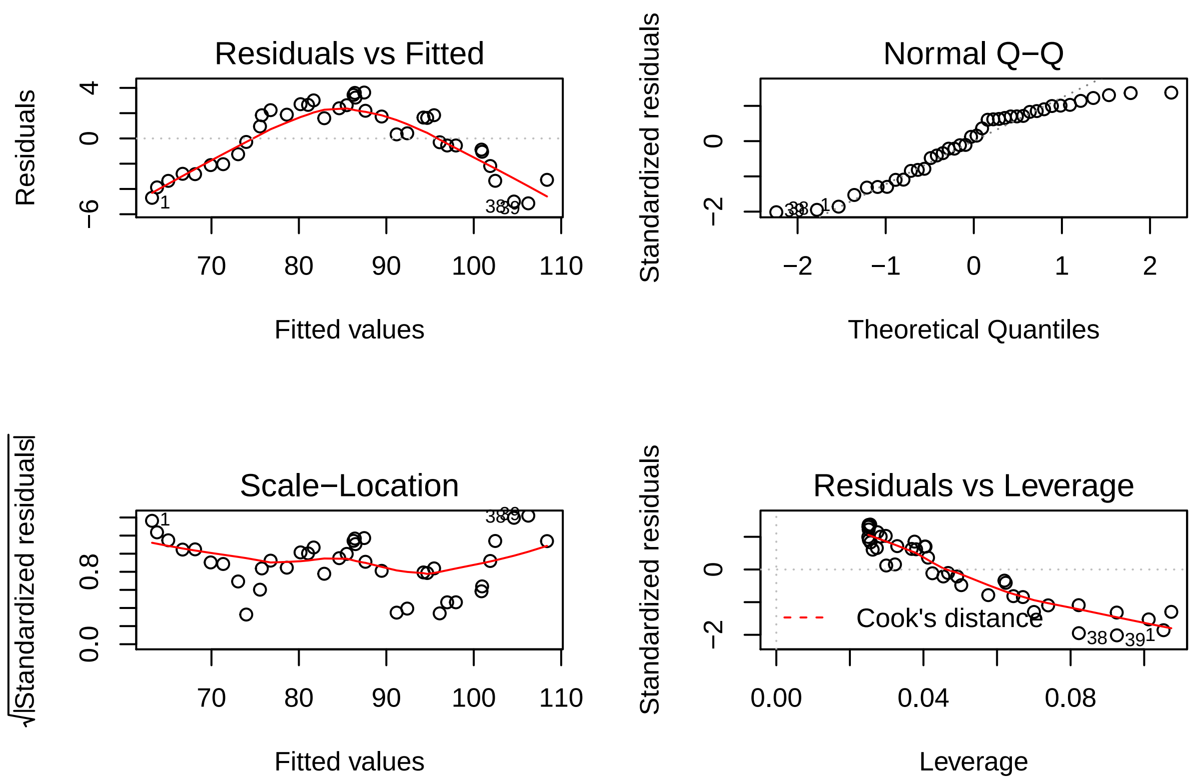
```
##
## Call:
## lm(formula = Y ~ X, data = datos1)
##
## Residuals:
##    Min     1Q Median     3Q    Max
## -5.138 -2.130  0.364  2.201  3.632
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  29.5192     1.9424   15.20   <2e-16 ***
## X             0.7137     0.0241   29.61   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 2.676 on 38 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9584, Adjusted R-squared:  0.9574
## F-statistic: 876.5 on 1 and 38 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Revisemos si hay autocorelación:

```r
residuos<- resid(ajuste.indice)
plot(residuos,t="l",xlab="Tiempo")
```




```r
par(mfrow = c(2,2))
plot(ajuste.indice)
```




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

- Los datos NO DEBEN TENER UN PATRON (si tienen patron, algo anda mal)
- En este caso se tiene un curva cuadrática, el modelo podría estar mal especificado.
- Podría ser que el modelo no se lineal o estar correlacionado

Veamos si se trata de una función cuadrática y cúbica

```
ajuste2 <- lm(Y~X+I(X^2),data = datos1)
summary(ajuste2)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Y ~ X + I(X^2), data = datos1)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.58580 -0.76248  0.09209  0.68442  2.63570
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -1.622e+01  2.955e+00  -5.489 3.09e-06 ***
## X            1.949e+00  7.799e-02  24.987  < 2e-16 ***
## I(X^2)      -7.917e-03  4.968e-04 -15.936  < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.9669 on 37 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9947, Adjusted R-squared:  0.9944
## F-statistic:  3483 on 2 and 37 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

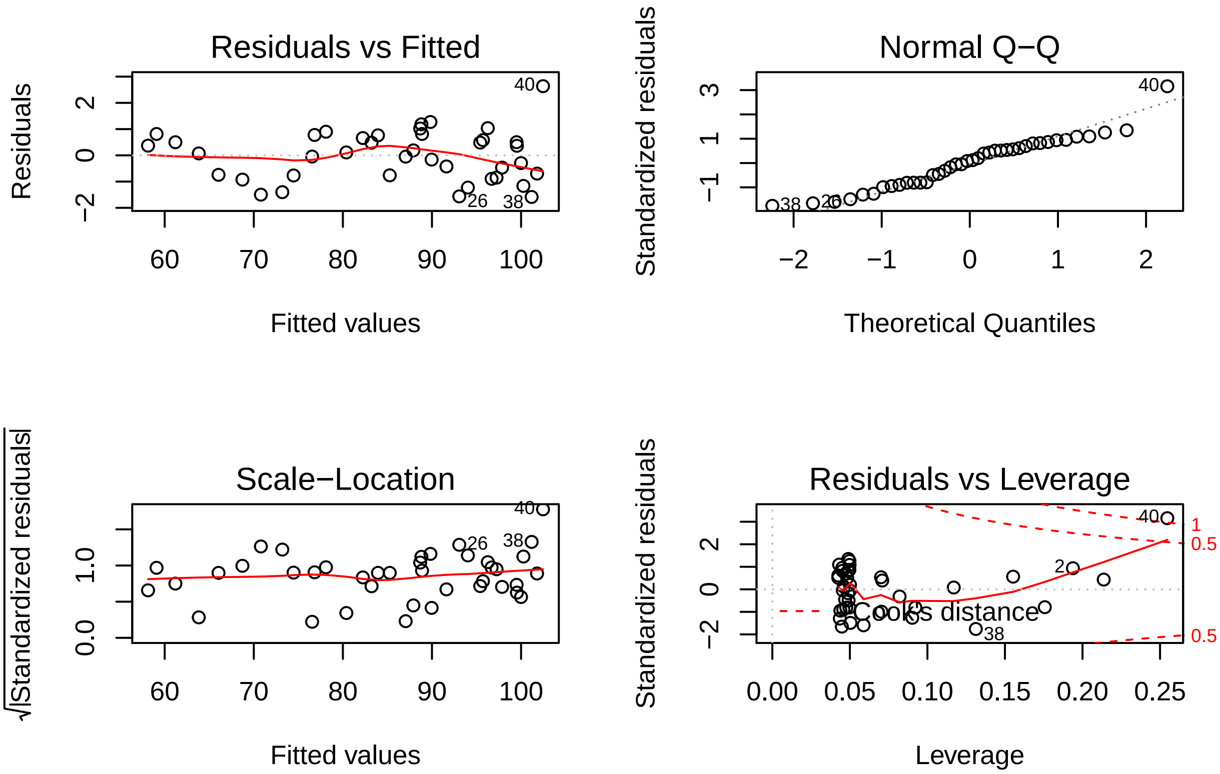
```
ajuste3 <- lm(Y~X+I(X^2)+I(X^3),data = datos1)
summary(ajuste3)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Y ~ X + I(X^2) + I(X^3), data = datos1)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.63265 -0.79419  0.06568  0.66627  2.43810
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -2.222e+01  1.344e+01  -1.653 0.107060
## X            2.196e+00  5.466e-01   4.018 0.000286 ***
## I(X^2)      -1.119e-02  7.178e-03  -1.559 0.127658
## I(X^3)       1.398e-05  3.054e-05   0.458 0.649958
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.9774 on 36 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9947, Adjusted R-squared:  0.9943
## F-statistic:  2272 on 3 and 36 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

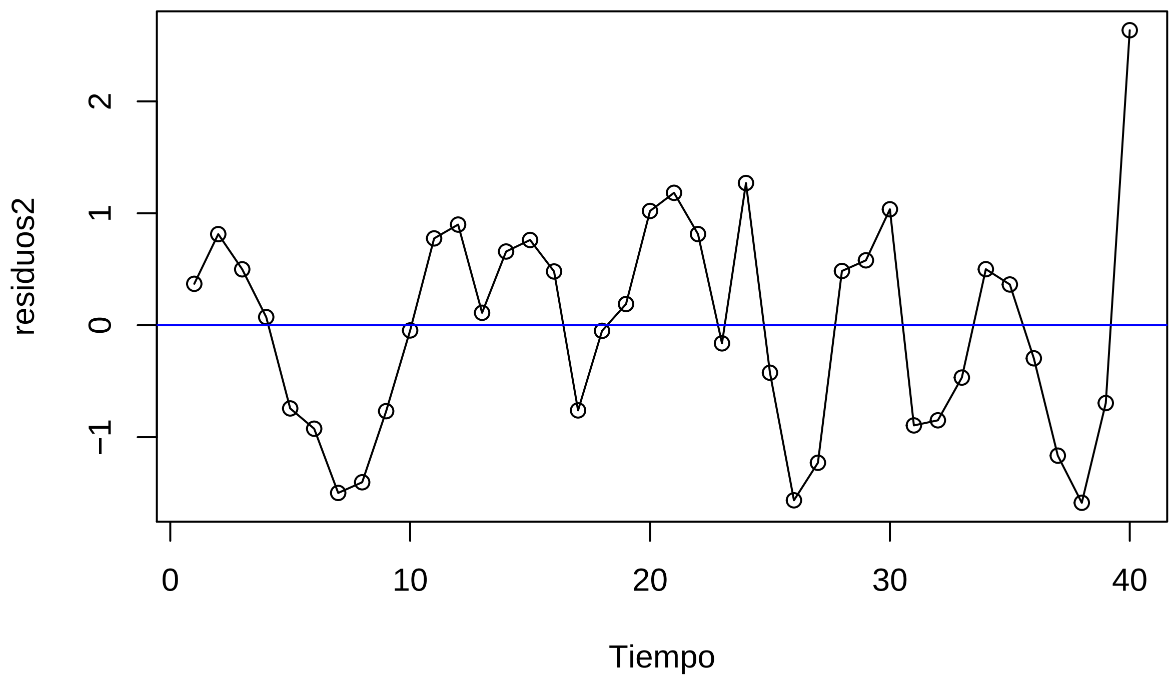
Nos quedamos con el `ajuste2`.

El gráfico de los valores ajustados, muestra que se ha eliminado el patron inicial

```
par(mfrow = c(2,2))
plot(ajuste2)
```

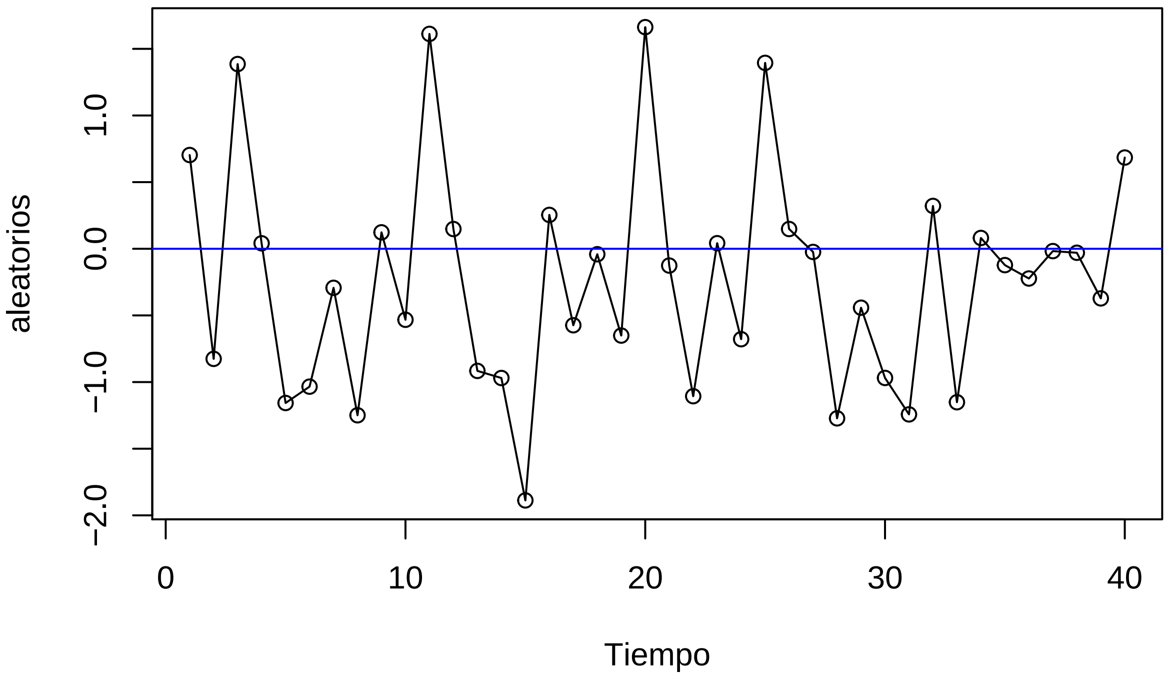



```r
par(mfrow = c(1,1))

residuos2 <- resid(ajuste2)
plot(residuos2,t="l",xlab="Tiempo")
points(residuos2)
abline(h=0,col="blue")
```



¿Cómo debe ser el gráfico?

```r
aleatorios=rnorm(40,0,1)
plot(aleatorios,t="l",xlab="Tiempo")
points(aleatorios)
abline(h=0,col="blue")
```



¿Se parece?

Ejemplo: Pruebas

H_o: No hay autocorrelación

```r
dwtest(ajuste2)
```

```
##
##  Durbin-Watson test
##
## data:  ajuste2
## DW = 1.03, p-value = 0.0001178
## alternative hypothesis: true autocorrelation is greater than 0
```

¿Cuál es la conclusión?

Otra prueba:

```r
# Ajuste Breuch Godfrey (Ho: No hay autocorrelación)
bgtest(ajuste2,order=4)
```

```
##
##  Breusch-Godfrey test for serial correlation of order up to 4
##
## data:  ajuste2
## LM test = 14.945, df = 4, p-value = 0.004817
```

Análisis Discriminante

Librerías usadas en esta técnica

```
library(car)
library(vegan)
library(mvnormtest)
library(MASS)
library(klaR)
```

El **análisis discriminante lineal (LDA)** y el discriminante lineal de Fisher relacionado son métodos utilizados en estadística, reconocimiento de patrones y aprendizaje automático para **encontrar una combinación lineal de características** que separa **dos o más clases de objetos o eventos**. La combinación resultante se puede usar como un clasificador lineal o, más comúnmente, para la **reducción de dimensionalidad antes de la clasificación posterior**.

Considere un conjunto de observaciones x (también llamadas características, atributos, variables o medidas) para cada muestra de un objeto o evento con una clase conocida $y \in \{0, 1\}$. Este conjunto de muestras se llama **conjunto de entrenamiento**. El problema de clasificación es **encontrar un buen predictor** para la clase y de cualquier muestra de la misma distribución (no necesariamente del conjunto de entrenamiento), dado solo una observación x.

Objetivos

- Determinar si existen diferencias significativas entre los perfiles de un conjunto de variables de dos o más grupos definidos a priori.
- Determinar cuál de las variables independientes cuantifica mejor las diferencias entre un grupo u otro.
- Establecer un procedimiento para clasificar a un individuo en base a los valores de un conjunto de variables independientes.

Posibles aplicaciones

- **Predicción de bancarrota**: en la predicción de bancarrota basada en razones contables y otras variables financieras, el análisis discriminante lineal fue el primer método estadístico aplicado para explicar sistemáticamente qué empresas entraron en bancarrota vs. sobrevivieron.
- **Comercialización**: en marketing, el análisis discriminante solía utilizarse para determinar los factores que distinguen diferentes tipos de clientes y/o productos sobre la base de encuestas u otras formas de datos recopilados.
- **Estudios biomédicos**: la principal aplicación del análisis discriminante en medicina es la evaluación del estado de gravedad de un paciente y el pronóstico del desenlace de la enfermedad. Por ejemplo, durante el análisis retrospectivo, los pacientes se dividen en grupos según la gravedad de la enfermedad, forma leve, moderada y grave. Luego, se estudian los resultados de los análisis clínicos y de laboratorio para revelar las variables que son estadísticamente diferentes en los grupos estudiados. Usando estas variables, se construyen funciones discriminantes que ayudan a clasificar objetivamente la enfermedad en un futuro paciente en una forma leve, moderada o severa.

Comparación con otras técnicas

La técnica más común para establecer relaciones, predecir y explicar variables son las técnicas de regresión. **El problema está cuando la variable a explicar no es una variable medible (o métrica)**; en este caso existen dos tipos de análisis con los que resolver el problema, el análisis discriminante y la regresión logística. En ambos análisis tendremos una variable dependiente categórica y varias variables independientes numéricas.

En muchas ocasiones la variable categórica consta de dos grupos o clasificaciones (por ejemplo, bancarrota-no bancarrota). En otras situaciones la variable categórica tendrá tres o más subgrupos (e.g. bajo, medio y alto nivel de cierta dosis). La regresión logística o logito, en su forma básica está restringida a dos grupos frente al análisis discriminante que vale para más de dos.

Supuestos

- La *variable dependiente* (grupos) debe ser categórica en la que el número de grupos puede ser de dos o más, pero han de ser **mutuamente excluyentes y exhaustivos**. Aunque la variable dependiente puede ser originariamente numérica y que el investigador la cuantifique en términos de categorías.
- Las *variables independientes* numéricas se seleccionan identificando las variables en una investigación previa o mediante información a priori, de tal manera que se sepa que esas variables son importantes para predecir en qué grupo estará la variable dependiente. Se puede utilizar el análisis cluster para formar los grupos, pero se recomienda seguir los siguientes pasos: dividir los datos en 2 grupos, aplicar el análisis cluster en uno de ellos y utilizar los resultados en el DA para el segundo grupo de datos.
- Con respecto al *tamaño de las muestras*, se suele recomendar que los tamaños de cada grupo no sean muy diferentes, ya que con esto la probabilidad de pertenecer a un grupo o a otro puede variar considerablemente. Se necesita que al menos tengamos 4 o 5 veces más observaciones por grupo que el número de variables que utilicemos. Además, el número de observaciones en el grupo más pequeño debe ser mayor que el número de variables.
- También existen dos hipótesis previas que deben ser contrastadas, estas son: la **normalidad multivariante** y la de la **estructura de varianzas-covarianzas desconocidas pero iguales** (*homogeneidad de varianzas* entre grupos). Los datos que no cumplen el supuesto de normalidad pueden causar problemas en la estimación y en ese caso se sugiere utilizar la regresión logística. Si existen grandes desviaciones en las varianzas, se puede solucionar con la ampliación de la muestra o con técnicas de clasificación cuadráticas. **La homogeneidad de varianzas significa que la relación entre variables debe ser similar para los distintos grupos**. Por tanto, una variable no puede tener el mismo valor para todas las observaciones dentro de un grupo.
- Los datos además no deben presentar *multicolinealidad*, es decir, que dos o más variables independientes estén muy relacionadas. Si las variables tienen un valor de correlación de 0.9 o mayor se debe eliminar una de ellas.
- También se supone *linealidad* entre las variables ya que se utiliza la matriz de covarianza.

Si no se cumplen los supuestos de normalidad y homogeneidad, podemos utilizar una transformación logarítmica o de la raíz cuadrada (entre otras).

El modelo

El análisis discriminante implica un valor teórico como combinación lineal de dos o más variables independientes que discrimine entre los grupos definidos a priori. La discriminación se lleva a cabo estableciendo las ponderaciones del valor teórico de cada variable, de tal forma que **maximicen la varianza entre-grupos frente a la intra-grupos**. La combinación lineal o función discriminante, toma la siguiente forma:

$$D_i = a + W_1 X_{1,i} + W_2 X_{2,i} + \ldots + W_n X_{n,i}$$

donde: D_i es la puntuación discriminante (grupo de pertenencia) del individuo i-ésimo; a es una constante; W_j es la ponderación de la variable j-ésima. El resultado de esta función será para un conjunto de variables $X1, \ldots, Xn$ un valor de D que discrimine al individuo en un grupo u otro. Destacamos que el análisis discriminante **proporcionará una función discriminate menos que los subgrupos que tengamos**, es decir, si la variable categórica tiene dos subgrupos, obtendremos una función discriminante, si tiene tres subgrupos obtendremos dos y así sucesivamente.

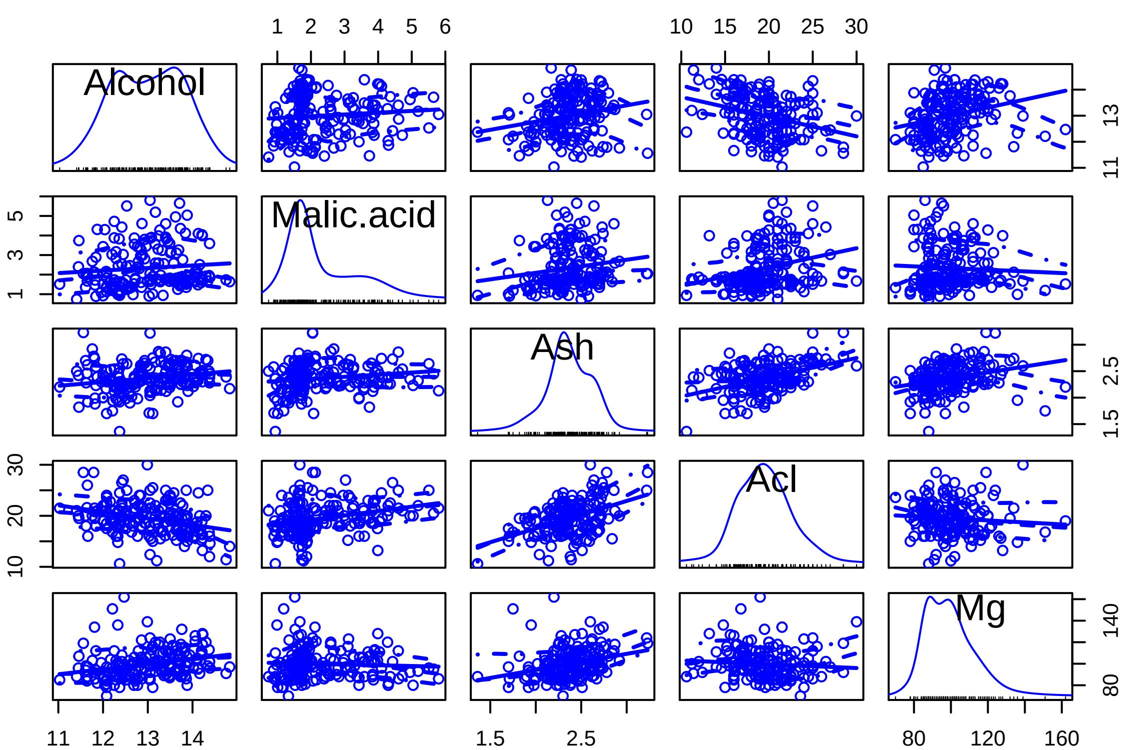
Ejemplo 1: clasificación de vinos

En este primer caso de estudio, el conjunto de datos del vino, tenemos 13 concentraciones químicas que describen muestras de vino de tres cultivos.

```r
library(car)
# install.packages('rattle')
uu <- "https://gist.githubusercontent.com/tijptjik/9408623/raw/b237fa5848349a14a14e5d4107dc7897c21951f5
wine <- read.csv(url(uu))
head(wine)
```

```
##   Wine Alcohol Malic.acid  Ash  Acl  Mg Phenols Flavanoids
## 1    1   14.23       1.71 2.43 15.6 127    2.80       3.06
## 2    1   13.20       1.78 2.14 11.2 100    2.65       2.76
## 3    1   13.16       2.36 2.67 18.6 101    2.80       3.24
## 4    1   14.37       1.95 2.50 16.8 113    3.85       3.49
## 5    1   13.24       2.59 2.87 21.0 118    2.80       2.69
## 6    1   14.20       1.76 2.45 15.2 112    3.27       3.39
##   Nonflavanoid.phenols Proanth Color.int  Hue   OD Proline
## 1                 0.28    2.29      5.64 1.04 3.92    1065
## 2                 0.26    1.28      4.38 1.05 3.40    1050
## 3                 0.30    2.81      5.68 1.03 3.17    1185
## 4                 0.24    2.18      7.80 0.86 3.45    1480
## 5                 0.39    1.82      4.32 1.04 2.93     735
## 6                 0.34    1.97      6.75 1.05 2.85    1450
```

```r
scatterplotMatrix(wine[2:6])
```



El propósito del análisis discriminante lineal (LDA) en este ejemplo es encontrar las combinaciones lineales de las variables originales (las 13 concentraciones químicas aquí) que proporcionan la mejor separación posible entre los grupos (variedades de vino aquí) en nuestro conjunto de datos. El análisis discriminante lineal también se conoce como **análisis discriminante canónico**, o simplemente **análisis discriminante**.

Supuestos:

Homogeneidad de varianzas multivariante

```r
library(vegan)
# seleccionamos las variables ambientales a analizar
env.pars2 <- as.matrix(wine[, 2:14])
# verificamos la homogeneidad multivariada de las matrices de covarianza intra-grupo
env.pars2.d1 <- dist(env.pars2)
env.MHV <- betadisper(env.pars2.d1, wine$Wine)
anova(env.MHV)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Distances
##            Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Groups      2  190082   95041  8.3286 0.0003507 ***
## Residuals 175 1997003   11411
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```r
permutest(env.MHV)
```

```
##
## Permutation test for homogeneity of multivariate dispersions
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
##
## Response: Distances
##            Df  Sum Sq Mean Sq      F N.Perm Pr(>F)
## Groups      2  190082   95041 8.3286    999  0.002 **
## Residuals 175 1997003   11411
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Conclusión: rechazo la hipótesis nula de homogeneidad intra-grupo. Se podría hacer transformaciones logarítmicas para enfrentar este asunto.

Normalidad multivariante

```r
library(mvnormtest)
mshapiro.test(t(env.pars2))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Z
## W = 0.83696, p-value = 7.846e-13
```

Rechazamos la H_o de normalidad multivariante

Multicolinealidad

```r
as.dist(cor(env.pars2))
```

```
##                          Alcohol   Malic.acid          Ash          Acl
## Malic.acid            0.094396941
## Ash                   0.211544596  0.164045470
## Acl                  -0.310235137  0.288500403  0.443367187
## Mg                    0.270798226 -0.054575096  0.286586691 -0.083333089
## Phenols               0.289101123 -0.335166997  0.128979538 -0.321113317
## Flavanoids            0.236814928 -0.411006588  0.115077279 -0.351369860
## Nonflavanoid.phenols -0.155929467  0.292977133  0.186230446  0.361921719
## Proanth               0.136697912 -0.220746187  0.009651935 -0.197326836
## Color.int             0.546364195  0.248985344  0.258887259  0.018731981
## Hue                  -0.071747197 -0.561295689 -0.074666889 -0.273955223
## OD                    0.072343187 -0.368710428  0.003911231 -0.276768549
## Proline               0.643720037 -0.192010565  0.223626264 -0.440596931
##                               Mg      Phenols   Flavanoids
## Malic.acid
## Ash
## Acl
## Mg
## Phenols               0.214401235
## Flavanoids            0.195783770  0.864563500
## Nonflavanoid.phenols -0.256294049 -0.449935301 -0.537899612
## Proanth               0.236440610  0.612413084  0.652691769
## Color.int             0.199950006 -0.055136418 -0.172379398
## Hue                   0.055398196  0.433681335  0.543478566
## OD                    0.066003936  0.699949365  0.787193902
## Proline               0.393350849  0.498114880  0.494193127
##                      Nonflavanoid.phenols      Proanth    Color.int
## Malic.acid
## Ash
## Acl
## Mg
## Phenols
## Flavanoids
## Nonflavanoid.phenols
## Proanth                      -0.365845099
## Color.int                     0.139057013 -0.025249931
## Hue                          -0.262639631  0.295544253 -0.521813193
## OD                           -0.503269596  0.519067096 -0.428814942
## Proline                      -0.311385188  0.330416700  0.316100113
##                               Hue           OD
## Malic.acid
## Ash
## Acl
## Mg
## Phenols
## Flavanoids
## Nonflavanoid.phenols
## Proanth
## Color.int
## Hue
## OD                    0.565468293
## Proline               0.236183447  0.312761075
```

```r
library(MASS)
wine.lda <- lda(Wine ~ ., data=wine)
wine.lda
```

```
## Call:
## lda(Wine ~ ., data = wine)
##
## Prior probabilities of groups:
##         1         2         3
## 0.3314607 0.3988764 0.2696629
##
## Group means:
##    Alcohol Malic.acid      Ash      Acl       Mg  Phenols Flavanoids
## 1 13.74475   2.010678 2.455593 17.03729 106.3390 2.840169  2.9823729
## 2 12.27873   1.932676 2.244789 20.23803  94.5493 2.258873  2.0808451
## 3 13.15375   3.333750 2.437083 21.41667  99.3125 1.678750  0.7814583
##   Nonflavanoid.phenols  Proanth Color.int       Hue       OD   Proline
## 1             0.290000 1.899322  5.528305 1.0620339 3.157797 1115.7119
## 2             0.363662 1.630282  3.086620 1.0562817 2.785352  519.5070
## 3             0.447500 1.153542  7.396250 0.6827083 1.683542  629.8958
##
## Coefficients of linear discriminants:
##                               LD1           LD2
## Alcohol              -0.403399781  0.8717930699
## Malic.acid            0.165254596  0.3053797325
## Ash                  -0.369075256  2.3458497486
## Acl                   0.154797889 -0.1463807654
## Mg                   -0.002163496 -0.0004627565
## Phenols               0.618052068 -0.0322128171
## Flavanoids           -1.661191235 -0.4919980543
## Nonflavanoid.phenols -1.495818440 -1.6309537953
## Proanth               0.134092628 -0.3070875776
## Color.int             0.355055710  0.2532306865
## Hue                  -0.818036073 -1.5156344987
## OD                   -1.157559376  0.0511839665
## Proline              -0.002691206  0.0028529846
##
## Proportion of trace:
##    LD1    LD2
## 0.6875 0.3125
```

Esto significa que la primera función discriminante es una combinación lineal de las variables:

$$-0.403 * Alcohol + 0.165 * Malic \cdots - 0.003 * Proline$$

.

Por conveniencia, el valor de cada función discriminante (por ejemplo, la primera función discriminante) se escala de modo que su valor medio sea cero y su varianza sea uno.

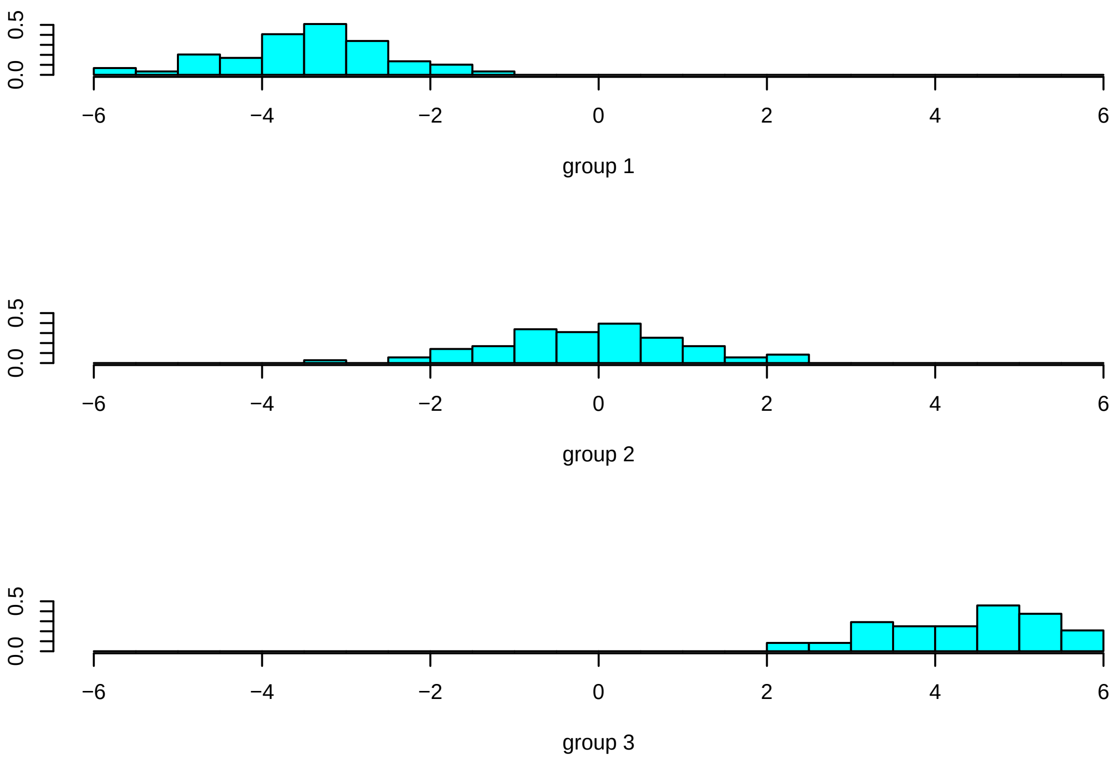
La *proporción de traza* que se imprime cuando escribe `wine.lda` (la variable devuelta por la función `lda()`) es la separación porcentual lograda por cada función discriminante. Por ejemplo, para los datos del vino obtenemos los mismos valores que acabamos de calcular (68.75% y 31.25%).

Histrogramas de resultado

Una buena forma de mostrar los resultados de un análisis discriminante lineal (LDA) es hacer un histograma apilado de los valores de la función discriminante para las muestras de diferentes grupos (diferentes variedades de vino en nuestro ejemplo).

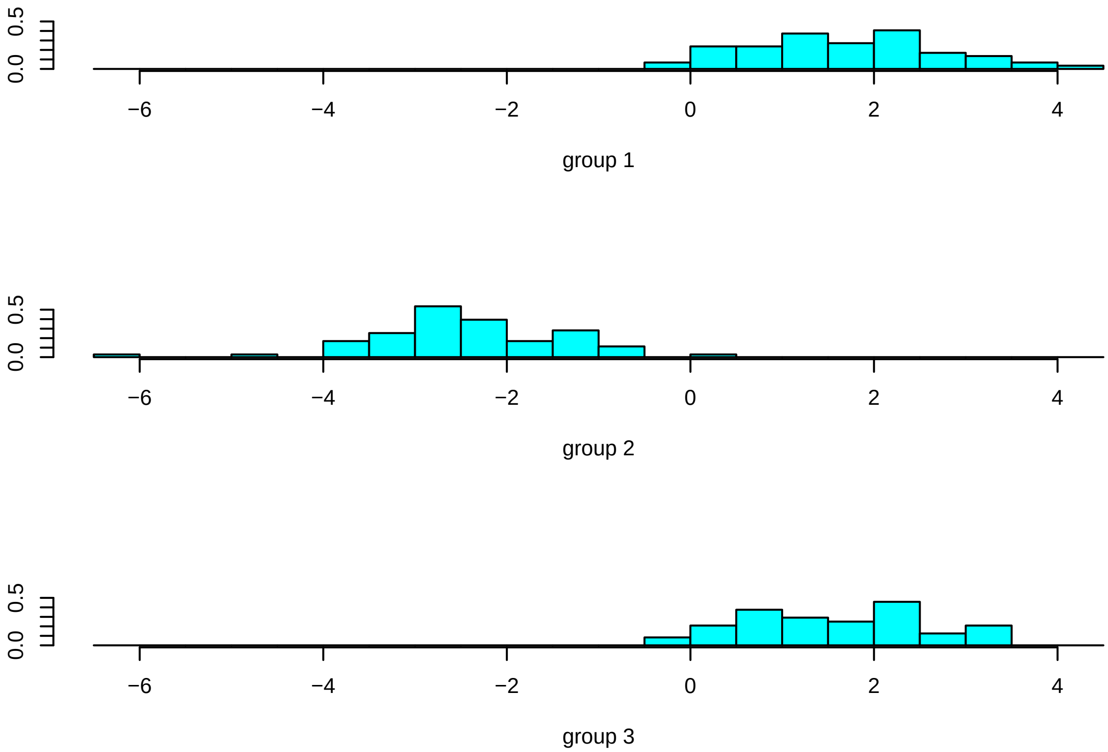
Podemos hacer esto usando la función `ldahist()` en `R`. Por ejemplo, para hacer un histograma apilado de los valores de la primera función discriminante para muestras de vino de los tres diferentes cultivares de vino, escribimos:

```
wine.lda.values <- predict(wine.lda)
ldahist(data = wine.lda.values$x[,1], g=wine$Wine)
```



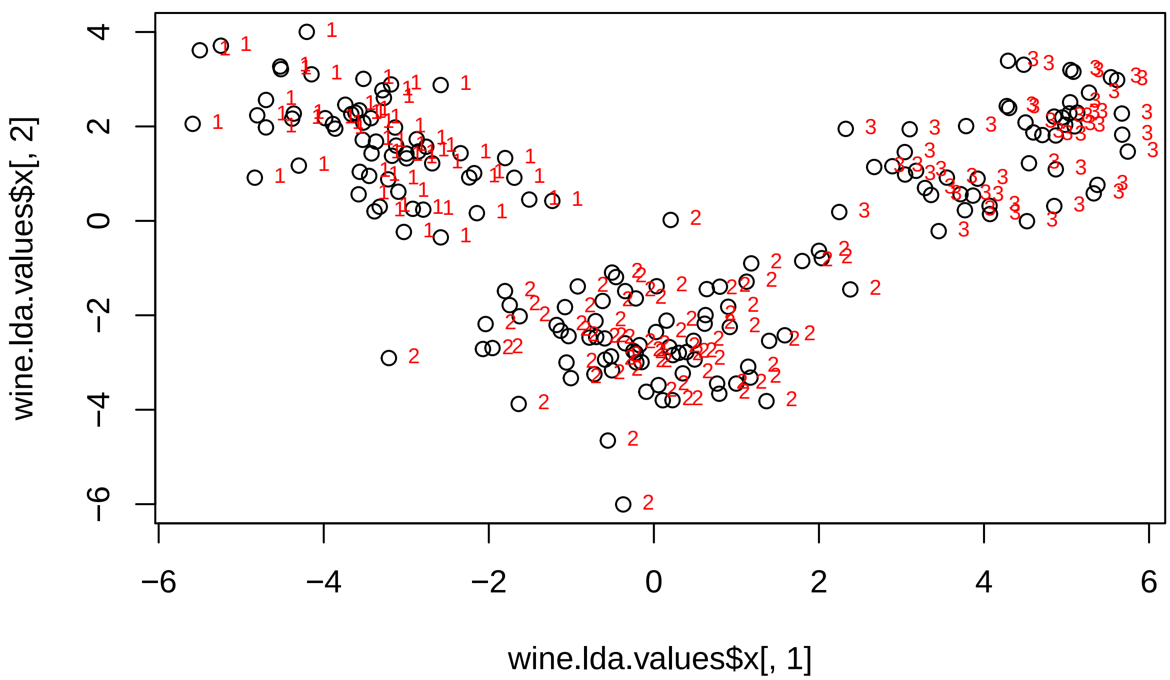
usando la segunda función discriminante:

```
ldahist(data = wine.lda.values$x[,2], g=wine$Wine)
```



Gráficos de las funciones discriminantes

```
plot(wine.lda.values$x[,1],wine.lda.values$x[,2]) # se realiza el grafico
text(wine.lda.values$x[,1],wine.lda.values$x[,2],wine$Wine,cex=0.7,pos=4,col="red") # agregamos etiique
```




```
spe.class <- predict(wine.lda)$class
(spe.table <-table(wine$Wine, spe.class))
```

```
##     spe.class
```

```
##      1  2  3
##   1 59  0  0
##   2  0 71  0
##   3  0  0 48
```

Ejemplo 2: Admisiones

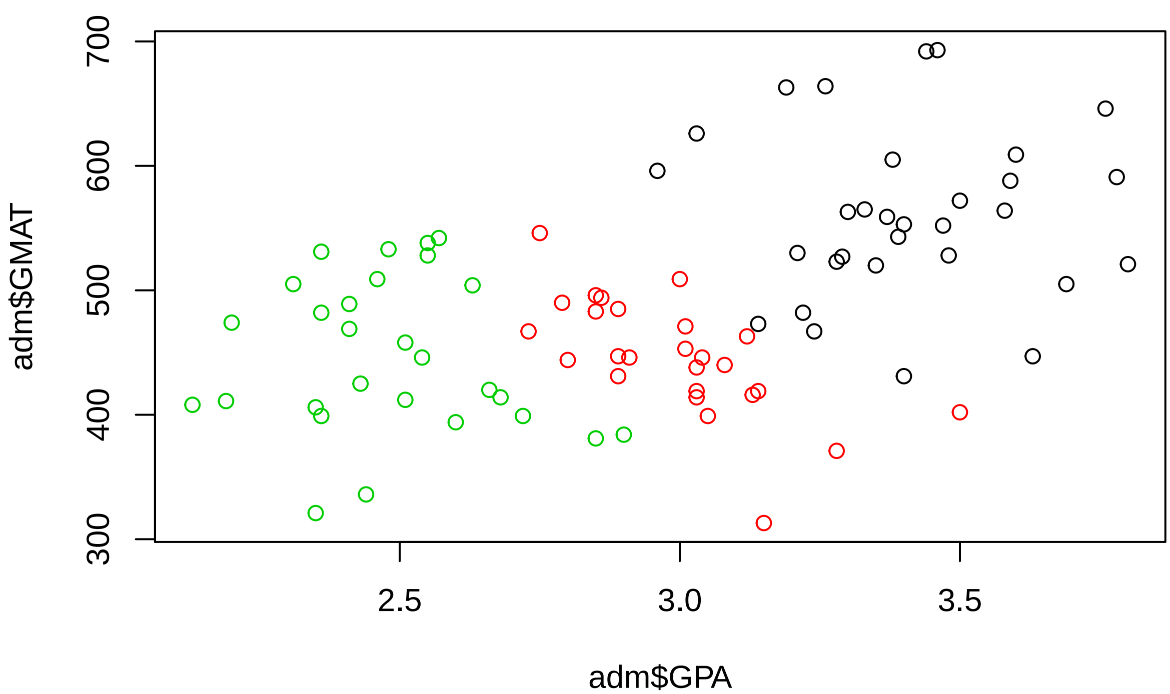
El conjunto de datos proporciona datos de admisión para los solicitantes a las escuelas de posgrado en los negocios. El objetivo es usar los puntajes de GPA y GMAT para predecir la probabilidad de admisión (admitir, no admitir y límite).

```
url <- 'http://www.biz.uiowa.edu/faculty/jledolter/DataMining/admission.csv'
admit <- read.csv(url)

head(admit)
```

```
##    GPA GMAT    De
## 1 2.96  596 admit
## 2 3.14  473 admit
## 3 3.22  482 admit
## 4 3.29  527 admit
## 5 3.69  505 admit
## 6 3.46  693 admit
```

Realizamos un gráfico de los datos:

```
adm <- data.frame(admit)
plot(adm$GPA,adm$GMAT,col=adm$De)
```



Supuestos:

Homogeneidad de varianzas multivariante

```r
library(vegan)
# seleccionamos las variables ambientales a analizar
env.pars2 <- as.matrix(adm[, 1:2])
# verificamos la homogeneidad multivariada de las matrices de covarianza intra-grupo
env.pars2.d1 <- dist(env.pars2)
env.MHV <- betadisper(env.pars2.d1, adm$De)
anova(env.MHV)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Distances
##           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## Groups     2   6224  3112.0  2.4009 0.09698 .
## Residuals 82 106285  1296.2
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```r
permutest(env.MHV)
```

```
##
## Permutation test for homogeneity of multivariate dispersions
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
##
## Response: Distances
##           Df Sum Sq Mean Sq      F N.Perm Pr(>F)
## Groups     2   6224  3112.0 2.4009    999  0.093 .
## Residuals 82 106285  1296.2
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Conclusión: no rechazo la hipótesis nula de homogeneidad intra-grupo.

Normalidad multivariante

```r
library(mvnormtest)
mshapiro.test(t(env.pars2))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Z
## W = 0.98854, p-value = 0.6623
```

No rechazamos la H_o de normalidad multivariante

Multicolinealidad

```r
as.dist(cor(env.pars2))
```

```
##            GPA
## GMAT 0.4606332
```

```r
library(MASS)
m1 <- lda(De~.,adm)
m1
```

```
## Call:
## lda(De ~ ., data = adm)
```

```
##
## Prior probabilities of groups:
##     admit    border  notadmit
## 0.3647059 0.3058824 0.3294118
##
## Group means:
##               GPA     GMAT
## admit    3.403871 561.2258
## border   2.992692 446.2308
## notadmit 2.482500 447.0714
##
## Coefficients of linear discriminants:
##              LD1         LD2
## GPA  5.008766354  1.87668220
## GMAT 0.008568593 -0.01445106
##
## Proportion of trace:
##    LD1    LD2
## 0.9673 0.0327
```

Comenta los resultados.

Realizamos una predicción:

```r
predict(m1,newdata=data.frame(GPA=3.21,GMAT=497))
```

```
## $class
## [1] admit
## Levels: admit border notadmit
##
## $posterior
##       admit    border     notadmit
## 1 0.5180421 0.4816015 0.0003563717
##
## $x
##        LD1      LD2
## 1 1.252409 0.318194
```

Análisis discrimante cuadrático: Se trata de un procedimiento más robusto que el lineal, y es útil **cuando las matrices de covarianza no son iguales**. Se basa en la distancia de Mahalanobis al cuadrado respecto al centro del grupo.

```r
m2 <- qda(De~.,adm)
m2
```

```
## Call:
## qda(De ~ ., data = adm)
##
## Prior probabilities of groups:
##     admit    border  notadmit
## 0.3647059 0.3058824 0.3294118
##
## Group means:
##               GPA     GMAT
## admit    3.403871 561.2258
## border   2.992692 446.2308
## notadmit 2.482500 447.0714
```

Realizamos la predicción

```
predict(m2,newdata=data.frame(GPA=3.21,GMAT=497))
```

```
## $class
## [1] admit
## Levels: admit border notadmit
##
## $posterior
##       admit    border     notadmit
## 1 0.9226763 0.0768693 0.0004544468
```

¿Qué modelo es el mejor?

Para responder a esta pregunta, evaluamos el análisis discriminante lineal seleccionando aleatoriamente 60 de 85 estudiantes, estimando los parámetros en los datos de entrenamiento y clasificando a los 25 estudiantes restantes de la muestra retenida. Repetimos esto 100 veces

```
n <- 85
nt <- 60
neval <-n-nt
rep <- 100

### LDA
set.seed(123456789)
errlin <- dim(rep)
for (k in 1:rep) {
train <- sample(1:n,nt)
## linear discriminant analysis
m1 <- lda(De~.,adm[train,])
predict(m1,adm[-train,])$class
tablin <- table(adm$De[-train],predict(m1,adm[-train,])$class)
errlin[k] <- (neval-sum(diag(tablin)))/neval
}
merrlin <- mean(errlin) #media del error lineal
merrlin
```

```
## [1] 0.0916
```

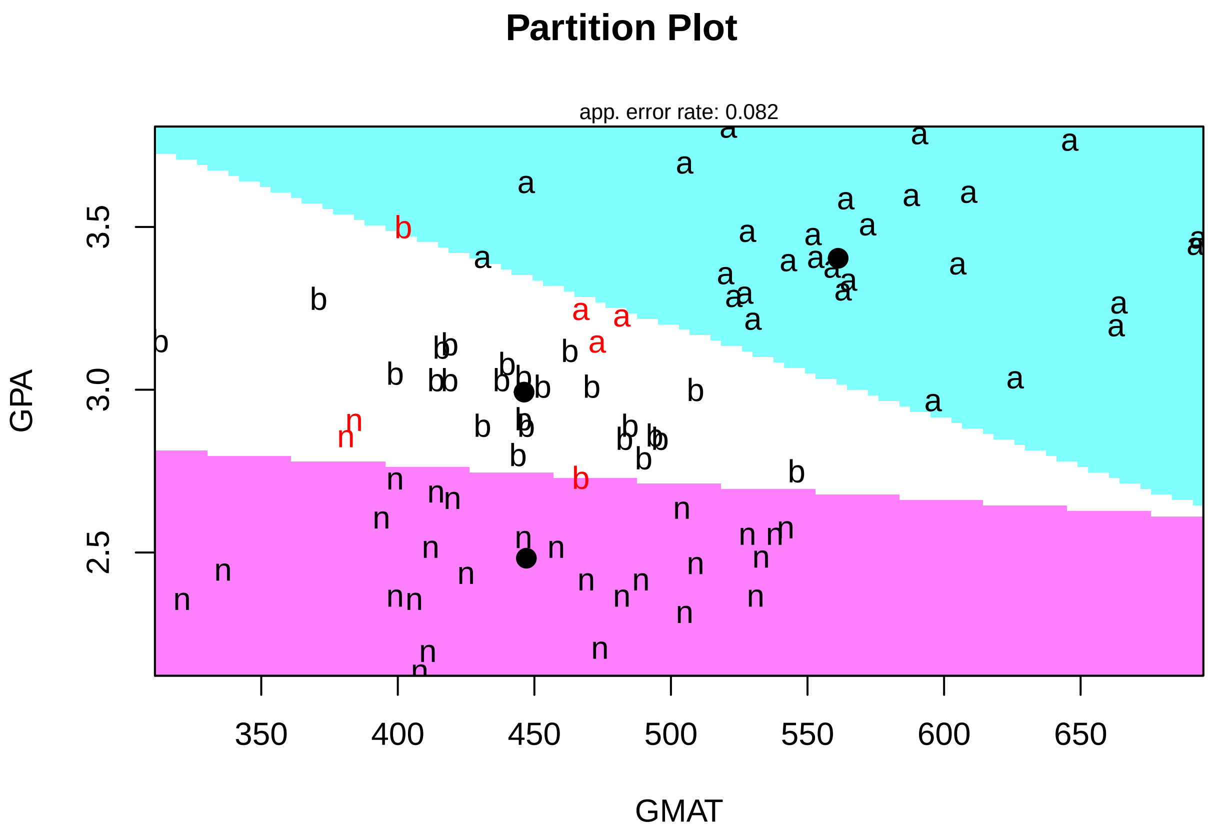
Ahora en el QDA:

```
### QDA
set.seed(123456789)
errqda <- dim(rep)
for (k in 1:rep) {
train <- sample(1:n,nt)
## quadratic discriminant analysis
m1 <- qda(De~.,adm[train,])
predict(m1,adm[-train,])$class
tablin <- table(adm$De[-train],predict(m1,adm[-train,])$class)
errqda[k] <- (neval-sum(diag(tablin)))/neval
}
merrqda <- mean(errlin)
merrqda
```

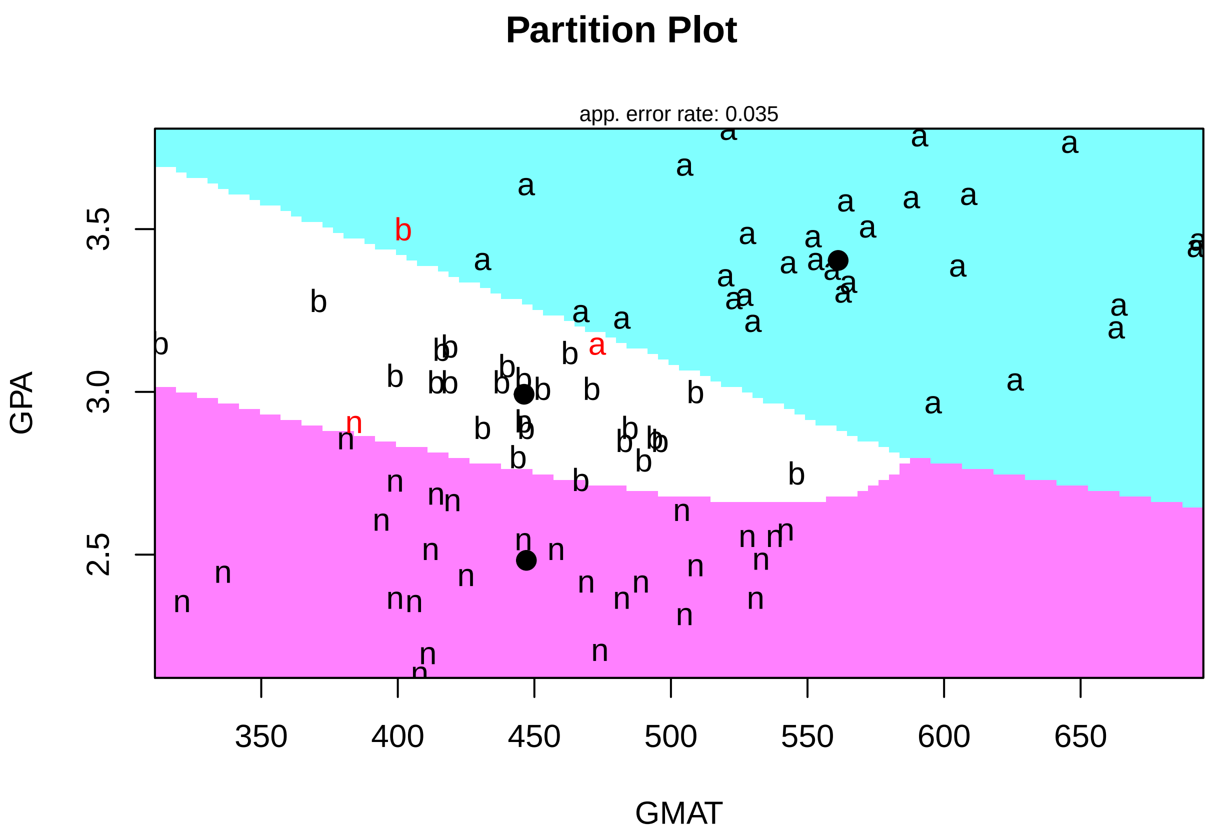
```
## [1] 0.0916
```

Logramos una tasa de clasificación errónea del 10.2% en ambos casos. `R` también nos da algunas herramientas de visualización. Por ejemplo en la librería `klaR`:

```
# Gráficos exploratorios para LDA or QDA
#install.packages('klaR')
library(klaR)
partimat(De~.,data=adm,method="lda")
```




```
partimat(De~.,data=adm,method="qda")
```



Ejemplo 3: Score de crédito de un banco alemán

El conjunto de datos de crédito alemán se obtuvo del Repositorio de aprendizaje automático UCI. El conjunto de datos, que contiene atributos y resultados sobre 1000 solicitudes de préstamo, fue proporcionado en 1994 por el Profesor Dr. Hans Hofmann del Institut fuer Statistik und Oekonometrie de la Universidad de Hamburgo. Ha servido como un importante conjunto de datos de prueba para varios algoritmos de puntuación de crédito. Una descripción de las variables se da en `germancreditDescription.docx` de `DataLectures`. Comenzamos cargando los datos:

```
## read data
credit <- read.csv("http://www.biz.uiowa.edu/faculty/jledolter/DataMining/germancredit.csv")
head(credit,2) # Mira la codificación en el lugar indicado
```

```
##   Default checkingstatus1 duration history purpose amount savings employ
## 1       0             A11        6     A34     A43   1169     A65    A75
## 2       1             A12       48     A32     A43   5951     A61    A73
##   installment status others residence property age otherplans housing
## 1           4    A93   A101         4     A121  67       A143    A152
## 2           2    A92   A101         2     A121  22       A143    A152
##   cards  job liable tele foreign
## 1     2 A173      1 A192    A201
## 2     1 A173      1 A191    A201
```

Como se puede ver, solo las variables: duración, cantidad, plazos y edad son numéricas. Con los restantes (indicadores) los supuestos de una distribución normal serían, en el mejor de los casos, débiles; por lo tanto, estas variables no se consideran aquí.

```r
cred1 <- credit[, c("Default","duration","amount","installment","age")]
head(cred1)
```

```
##   Default duration amount installment age
## 1       0        6   1169           4  67
## 2       1       48   5951           2  22
## 3       0       12   2096           2  49
## 4       0       42   7882           2  45
## 5       1       24   4870           3  53
## 6       0       36   9055           2  35
```

```r
summary(cred1)
```

```
##     Default       duration        amount       installment
##  Min.   :0.0   Min.   : 4.0   Min.   :  250   Min.   :1.000
##  1st Qu.:0.0   1st Qu.:12.0   1st Qu.: 1366   1st Qu.:2.000
##  Median :0.0   Median :18.0   Median : 2320   Median :3.000
##  Mean   :0.3   Mean   :20.9   Mean   : 3271   Mean   :2.973
##  3rd Qu.:1.0   3rd Qu.:24.0   3rd Qu.: 3972   3rd Qu.:4.000
##  Max.   :1.0   Max.   :72.0   Max.   :18424   Max.   :4.000
##       age
##  Min.   :19.00
##  1st Qu.:27.00
##  Median :33.00
##  Mean   :35.55
##  3rd Qu.:42.00
##  Max.   :75.00
```

Transformemos los datos en un data.frame

```r
cred1 <- data.frame(cred1)
```

- Realiza las pruebas de los supuestos y comenta los resultados
- Estima y compara lda con qda
- Estima la matriz de confusión
- ¿Usarías este modelo para una aplicación real?

Análisis de correlación canónica (CCA)

Para ilustrar el método vamos a usar el ejemplo 10.2.3 con el conjunto de datos de la tabla 5.1.1 de Mardia, Kent, and Bibby (1979).

Los datos son:

- l_1: longitud de la cabeza del primer hijo
- l_2: longitud de la cabeza del segundo hijo
- b_1: amplitud (*breadth*) de la cabeza del primer hijo
- b_2: amplitud (*breadth*) de la cabeza del segundo hijo

Supongamos que $\boldsymbol{x}$ es un vector aleatorio de dimensión q y $\boldsymbol{y}$ es un vector aleatorio de dimensión p. También supongamos que $\boldsymbol{x}$ e $\boldsymbol{y}$ tienen medias $\boldsymbol{\mu}$ y $\boldsymbol{\nu}$, y que

$$E\left\{(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{\mu})(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{\mu})'\right\} = \boldsymbol{\Sigma}_{11}$$

$$E\left\{(\boldsymbol{y}-\boldsymbol{\mu})(\boldsymbol{y}-\boldsymbol{\mu})'\right\} = \boldsymbol{\Sigma}_{22}$$

$$E\left\{(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{\mu})(\boldsymbol{y}-\boldsymbol{\mu})'\right\} = \boldsymbol{\Sigma}_{12} = \boldsymbol{\Sigma}_{21}$$

En `R`, usando estos datos tenemos:

```
uu = "http://www1.maths.leeds.ac.uk/~charles/mva-data/headlengthandbreadth.dat"
datos = read.csv(url(uu),sep = "")

fz <- function(x)
{
  return ( (x-mean(x))/sd(x))
}

datos = apply(datos,2,fz)

(S11 = cov(datos[,1:2]))
```

```
##           l1        b1
## l1 1.0000000 0.7345555
## b1 0.7345555 1.0000000
```

```
(S22 = cov(datos[,3:4]))
```

```
##           l2        b2
## l2 1.0000000 0.8392519
## b2 0.8392519 1.0000000
```

```
(S12 = S21 = cov(datos[,])[1:2,3:4])
```

```
##           l2        b2
## l1 0.7107518 0.7039807
## b1 0.6931573 0.7085504
```

Ahora consideramos las dos combinaciones lineales $\eta = \boldsymbol{a'x}$ y $\phi = \boldsymbol{b'y}$. La correlación entre η y ϕ es

$$\rho(\boldsymbol{a},\boldsymbol{b}) = \frac{\boldsymbol{a'\Sigma_{12}b}}{(\boldsymbol{a'\Sigma_{11}ab'\Sigma_{22}b})^{1/2}}$$

La notación $\rho(\boldsymbol{a},\boldsymbol{b})$ se usa para enfatizar que la correlación cambia según los valores elegidos de $\boldsymbol{a}$ y $\boldsymbol{b}$.

El objetivo es encontrar los vectores $\boldsymbol{a}$ y $\boldsymbol{b}$ que **maximizan** $\rho(\boldsymbol{a},\boldsymbol{b})$, que es equivalente a

$$max_{\boldsymbol{a},\boldsymbol{b}}\boldsymbol{a'\Sigma_{12}b}$$

sujeto a

$$\boldsymbol{a'\Sigma_{11}a} = \boldsymbol{b'\Sigma_{22}b} = 1$$

Solución

Sea

$$\boldsymbol{K} = \boldsymbol{\Sigma_{11}^{-1/2}\Sigma_{12}\Sigma_{22}^{-1/2}}$$

En `R`

```
K = eigen(S11)$vectors %*% sqrt(solve(diag(eigen(S11)$values))) %*% solve(eigen(S11)$vectors) %*%
  S12 %*%
  eigen(S22)$vectors %*% sqrt(solve(diag(eigen(S22)$values))) %*% solve(eigen(S22)$vectors)
```

Ahora fijamos $\boldsymbol{N_1} = \boldsymbol{KK'}$ y $\boldsymbol{N_2} = \boldsymbol{K'K}$ y

$$\boldsymbol{M_1} = \boldsymbol{\Sigma_{11}^{-1/2} N_1 \Sigma_{11}^{1/2}}$$
$$\boldsymbol{M_2} = \boldsymbol{\Sigma_{22}^{-1/2} N_2 \Sigma_{22}^{1/2}}$$

En R

```r
(N1 = K%*%t(K))
```

```
##           [,1]      [,2]
## [1,] 0.3192267 0.3093512
## [2,] 0.3093512 0.3054060
```

```r
(N2 = t(K)%*%(K))
```

```
##           [,1]      [,2]
## [1,] 0.3063796 0.3093714
## [2,] 0.3093714 0.3182531
```

```r
(M1 = solve(S11)%*%S12%*%solve(S22)%*%S21)
```

```
##           l2        b2
## l1 0.3213612 0.3206147
## b1 0.2980647 0.3029597
```

```r
(M2 = solve(S22)%*%S21%*%solve(S11)%*%S12)
```

```
##           l2        b2
## l2 0.3284513 0.3276745
## b2 0.2910913 0.2958697
```

Definición

Sea $\boldsymbol{a}_i = \boldsymbol{\Sigma_{11}^{-1/2}\alpha_i}$ y $\boldsymbol{b}_i = \boldsymbol{\Sigma_{22}^{-1/2}\beta_i}$ para $i = 1 \dots k$ ($k = rank(\boldsymbol{K})$), entonces

a. Los vectores $\boldsymbol{a}_i$ y $\boldsymbol{b}_i$ son los iésimos **vectores canónicos** para $\boldsymbol{x}$ y $\boldsymbol{y}$ respectivamente.

b. $\boldsymbol{\alpha_i}$ y $\boldsymbol{\beta_i}$ son los vectores propios de $\boldsymbol{N_1}$ y $\boldsymbol{N_2}$ respectivamente.

c. Las variables aleatorias $\eta_i = \boldsymbol{a_1'x}$ y $\phi_i = \boldsymbol{b_1'y}$ son las iésimas **variables de correlación canónicas**.

d. $\rho_i = \lambda_i^{1/2}$ es e iésimo **coeficiente de correlación canónico**.

En R

```r
#a_1 a_2
eigen(S11)$vectors %*% sqrt(solve(diag(eigen(S11)$values))) %*% solve(eigen(S11)$vectors)%*%
  eigen(N1)$vectors
```

```
##            [,1]      [,2]
## [1,] -0.5521896  1.366374
## [2,] -0.5215372 -1.378365
```

```r
#b_1 b_2
eigen(S22)$vectors %*% sqrt(solve(diag(eigen(S22)$values))) %*% solve(eigen(S22)$vectors)%*%
  eigen(N2)$vectors
```

```
##           [,1]      [,2]
## [1,] 0.5044484 -1.768570
## [2,] 0.5382877  1.758566
```

De tal manera que las primeras variables de correlación canónica son

$$\eta_1 = -0.552 l_1 - 0.522 b_1$$

y

$$\phi_1 = 0.505 l_2 + 0.538 b_2$$

Los coeficientes de correlación canónica son:

```
sqrt(eigen(M1)$values) # Canonical correlation coefficients
```

```
## [1] 0.78830930 0.05375324
```

Supuestos

- Normalidad (uni y multivariante dentro de $\boldsymbol{x}$ e $\boldsymbol{y}$)
- Linealidad (la no linealidad afecta las correlaciones)
- Igual varianza

Note que este método no refleja relaciones no lineales en los datos.

Un ejemplo en R

Usamos los datos `LifeCyclesSavings` para examinar ratio de ahorros (ahorros/ingreso) del ciclo de vida desde 1960 hasta 1970.

El conjunto de datos tiene 50 observaciones y 5 variables:

- sr = aggregate personal savings;
- pop15 = % population under 15;
- pop75 = % population over 75;
- dpi = disposable income;
- ddpi = % growth rate of dpi

```
library(CCA)
?LifeCycleSavings
```

Para correr el análisis de correlación canónica, primero investiguemos más de la función `cancor()`

```
?cancor
```

Veamos los datos

```
data("LifeCycleSavings")
head(LifeCycleSavings)
```

```
##              sr pop15 pop75     dpi ddpi
## Australia 11.43 29.35  2.87 2329.68 2.87
## Austria   12.07 23.32  4.41 1507.99 3.93
## Belgium   13.17 23.80  4.43 2108.47 3.82
## Bolivia    5.75 41.89  1.67  189.13 0.22
## Brazil    12.88 42.19  0.83  728.47 4.56
## Canada     8.79 31.72  2.85 2982.88 2.43
```

El análisis

```r
pop <- LifeCycleSavings[,2:3]
oec <- LifeCycleSavings[,-(2:3)]
cancor(pop,oec)
```

```
## $cor
## [1] 0.8247966 0.3652762
##
## $xcoef
##               [,1]        [,2]
## pop15 -0.009110856 -0.03622206
## pop75  0.048647514 -0.26031158
##
## $ycoef
##              [,1]          [,2]          [,3]
## sr   0.0084710221  3.337936e-02 -5.157130e-03
## dpi  0.0001307398 -7.588232e-05  4.543705e-06
## ddpi 0.0041706000 -1.226790e-02  5.188324e-02
##
## $xcenter
##   pop15   pop75
## 35.0896  2.2930
##
## $ycenter
##        sr       dpi      ddpi
##    9.6710 1106.7584    3.7576
```

Ahora usaremos el paquete `CCA` para obtener las matrices de correlación canónica

```r
library(CCA)
matcor(pop,oec)
```

```
## $Xcor
##            pop15      pop75
## pop15  1.0000000 -0.9084787
## pop75 -0.9084787  1.0000000
##
## $Ycor
##             sr        dpi       ddpi
## sr   1.0000000  0.2203589  0.3047872
## dpi  0.2203589  1.0000000 -0.1294855
## ddpi 0.3047872 -0.1294855  1.0000000
##
## $XYcor
##             pop15       pop75         sr        dpi        ddpi
## pop15  1.00000000 -0.90847871 -0.4555381 -0.7561881 -0.04782569
## pop75 -0.90847871  1.00000000  0.3165211  0.7869995  0.02532138
## sr    -0.45553809  0.31652112  1.0000000  0.2203589  0.30478716
## dpi   -0.75618810  0.78699951  0.2203589  1.0000000 -0.12948552
## ddpi  -0.04782569  0.02532138  0.3047872 -0.1294855  1.00000000
```

Ahora las correlaciones canónicas para función canónica

```r
(res.cc <- cc(pop,oec))
```

```
## $cor
## [1] 0.8247966 0.3652762
```

```
##
## $names
## $names$Xnames
## [1] "pop15" "pop75"
##
## $names$Ynames
## [1] "sr"   "dpi"  "ddpi"
##
## $names$ind.names
##  [1] "Australia"      "Austria"        "Belgium"        "Bolivia"
##  [5] "Brazil"         "Canada"         "Chile"          "China"
##  [9] "Colombia"       "Costa Rica"     "Denmark"        "Ecuador"
## [13] "Finland"        "France"         "Germany"        "Greece"
## [17] "Guatamala"      "Honduras"       "Iceland"        "India"
## [21] "Ireland"        "Italy"          "Japan"          "Korea"
## [25] "Luxembourg"     "Malta"          "Norway"         "Netherlands"
## [29] "New Zealand"    "Nicaragua"      "Panama"         "Paraguay"
## [33] "Peru"           "Philippines"    "Portugal"       "South Africa"
## [37] "South Rhodesia" "Spain"          "Sweden"         "Switzerland"
## [41] "Turkey"         "Tunisia"        "United Kingdom" "United States"
## [45] "Venezuela"      "Zambia"         "Jamaica"        "Uruguay"
## [49] "Libya"          "Malaysia"
##
##
## $xcoef
##              [,1]       [,2]
## pop15  0.06377599 -0.2535544
## pop75 -0.34053260 -1.8221811
##
## $ycoef
##               [,1]          [,2]
## sr   -0.0592971550  0.2336554912
## dpi  -0.0009151786 -0.0005311762
## ddpi -0.0291942000 -0.0858752749
##
## $scores
## $scores$xscores
##                       [,1]        [,2]
## Australia      -0.56253600  0.40390249
## Austria        -1.47152544 -0.87332319
## Belgium        -1.44772362 -1.03147293
## Bolivia         0.64585407 -0.58905269
## Brazil          0.95103425  0.86551308
## Canada         -0.40457624 -0.16057787
## Chile           0.62111144  0.55740907
## China           1.16878601  0.50796273
## Colombia        1.15651493 -0.68190575
## Costa Rica      1.19304831 -1.08123466
## Denmark        -1.23791620 -0.27758614
## Ecuador         1.09119961 -0.83511633
## Finland        -0.48857145  1.69786021
## France         -1.45930966 -1.84294039
## Germany        -1.11119865  1.06072429
## Greece         -0.87874295  0.93055884
```

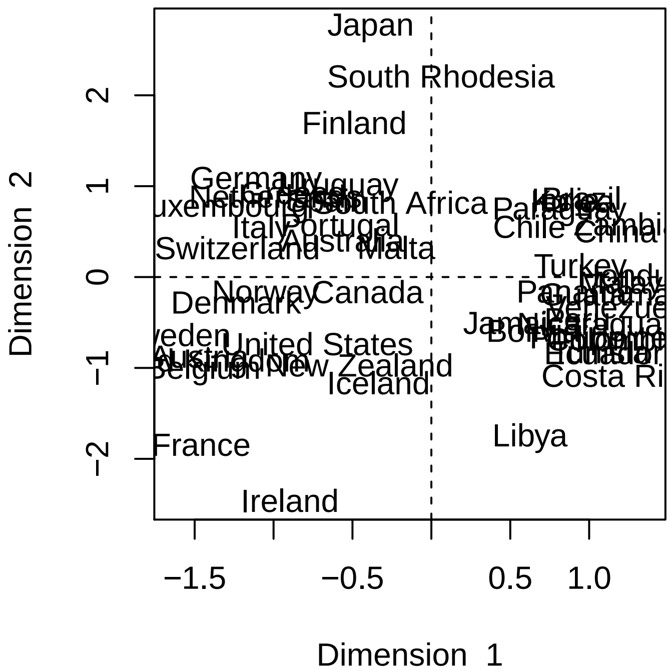
```
## Guatamala       1.18358828 -0.18609424
## Honduras        1.36333825  0.02032415
## Iceland        -0.33557620 -1.16539024
## India           0.85064214  0.85175743
## Ireland        -0.89660448 -2.46031003
## Italy          -1.07829893  0.51703990
## Japan          -0.38486053  2.74651367
## Korea           0.89509245  0.83383808
## Luxembourg     -1.33690279  0.75116267
## Malta          -0.22287754  0.32393631
## Norway         -1.05180046 -0.19175733
## Netherlands    -0.98785900  0.88796621
## New Zealand    -0.45678604 -0.96933925
## Nicaragua       1.00339345 -0.54954583
## Panama          0.91241030 -0.15606348
## Paraguay        0.81170333  0.72072321
## Peru            0.92534657 -0.46157725
## Philippines     1.11184809 -0.69488593
## Portugal       -0.58059799  0.53923234
## South Africa   -0.19644195  0.82228337
## South Rhodesia  0.06108731  2.21221207
## Spain          -0.66521535  0.81212511
## Sweden         -1.63569355 -0.63352441
## Switzerland    -1.22912136  0.32265569
## Turkey          0.94434558  0.09809587
## Tunisia         1.07227152 -0.82338461
## United Kingdom -1.49174087 -0.95175452
## United States  -0.72389730 -0.73315394
## Venezuela       1.19569390 -0.32950372
## Zambia          1.23813259  0.58162543
## Jamaica         0.57631460 -0.50314665
## Uruguay        -0.58926282  0.98656605
## Libya           0.62443782 -1.77432308
## Malaysia        1.32844252 -0.09502380
##
## $scores$yscores
##                        [,1]        [,2]
## Australia      -1.197582618 -0.16236396
## Austria        -0.514485534  0.33260994
## Belgium        -1.126047497  0.28011657
## Bolivia         1.175575433 -0.12494843
## Brazil          0.132491457  0.88183195
## Canada         -1.625987352 -1.08839364
## Chile           0.975882427 -1.79030274
## China           0.535391632  0.71855258
## Colombia        1.057642399 -0.59695499
## Costa Rica      0.543808669  0.67893036
## Denmark        -1.704368254  0.91924174
## Ecuador         1.155871496 -0.85121380
## Finland        -0.635218480  0.01315294
## France         -1.211470012  0.04020705
## Germany        -1.397266488 -0.01731182
## Greece          0.083021015  0.14211897
## Guatamala       1.209216281 -0.92679302
```

```
## Honduras        0.933602822  0.05262497
## Iceland        -0.150891245 -2.15783934
## India           1.036015081  0.57429510
## Ireland        -0.106933726  0.43825829
## Italy          -0.526164584  0.94515342
## Japan          -0.945445589  2.20814404
## Korea           1.100359257 -1.02841475
## Luxembourg     -1.205145263 -0.36666114
## Malta          -0.009000439  1.25130272
## Norway         -1.059225255 -0.45008336
## Netherlands    -0.989337775  0.49151632
## New Zealand    -0.349384397  0.20271478
## Nicaragua       0.892846437 -0.02931829
## Panama          0.807040147 -0.92369850
## Paraguay        1.344342456 -1.08273725
## Peru            0.557284192  1.34827236
## Philippines     0.740722188  1.38450895
## Portugal        0.206695290  0.61907452
## South Africa    0.375656978  0.71988759
## South Rhodesia  0.619330744  1.45344991
## Spain           0.167542079  0.61909114
## Sweden         -1.818231179 -1.75733210
## Switzerland    -1.628446935  0.32307189
## Turkey          0.948826794 -0.61162985
## Tunisia         1.267754398 -0.92230572
## United Kingdom -0.485816535 -0.66038997
## United States  -2.486211894 -1.91878127
## Venezuela       0.389454702  0.32762273
## Zambia          0.318834488  2.47265581
## Jamaica         0.591415820 -0.62589387
## Uruguay         0.391732707  0.24124982
## Libya           0.567959967 -0.77253487
## Malaysia        1.046343696 -0.81375377
##
## $scores$corr.X.xscores
##             [,1]       [,2]
## pop15  0.9829821 -0.1837015
## pop75 -0.9697929 -0.2439299
##
## $scores$corr.Y.xscores
##             [,1]        [,2]
## sr   -0.40500636  0.31259455
## dpi  -0.78728255 -0.09633306
## ddpi -0.03904398  0.05142128
##
## $scores$corr.X.yscores
##             [,1]        [,2]
## pop15  0.8107603 -0.06710179
## pop75 -0.7998819 -0.08910177
##
## $scores$corr.Y.yscores
##            [,1]       [,2]
## sr   -0.4910379  0.8557760
## dpi  -0.9545172 -0.2637266
```

```
## ddpi -0.0473377  0.1407737
```

Una evaluación visual

```r
plt.cc(res.cc, type ="i")  # argumento type ="i" imprime los países individualmente
```



Los cuatro cuadrantes muestran una agrupación de los países en función de su índice de ahorro del ciclo de vida (ahorro personal dividido por el ingreso disponible) de 1960 a 1970. Japón tiene una proporción más alta en la primera dimensión que Irlanda, por lo que Japón está ahorrando más que lo que gasta.

Significancia

```r
library(yacca)
cca.fit <- cca(pop,oec)
F.test.cca(cca.fit)
```

```
##
##  F Test for Canonical Correlations (Rao's F Approximation)
##
##          Corr        F   Num df Den df  Pr(>F)
## CV 1  0.82480 13.49772  6.00000     90 7.3e-11 ***
## CV 2  0.36528       NA  2.00000     NA      NA
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

La primera correlación canónica, $r = .82$, es estadísticamente significativa ($F = 13.49$, $df = 6.90$, $p < .0001$). La segunda correlación canónica no informa una prueba F, lo cual no es infrecuente en el análisis de correlación canónica, ya que la primera variante canónica suele ser la única que es estadísticamente significativa.

Análisis de componentes principales

Planteamiento[1]

Se aplica a tablas de datos donde las filas son considerados como individuos y las columnas como datos cuantitativos.

Más formalmente, se dispone de los valores de p variables y n elementos dispuestos en una matriz $\mathbf{X}$ de dimensión $n \times p$.

Siempre (casi) se usa la matriz centrada y/o estandarizada, los paquetes suelen hacer este trabajo por nosostros. Supongamos que $\mathbf{X}$ ha sido centrada, su matriz de varianza covarianza viene dada por $\frac{1}{n}\mathbf{X}'\mathbf{X}$.

¿Cómo encontrar un espacio de dimensión más reducida que represente adeucadamente los datos?

Notación

Se desea encontrar un subespacio de dimensión menor que p tal que al proyectar sobre él los puntos conserven su estructura con la menor distorsión posible.

Consideremos primero un subespacio de dimensión uno (una recta) obtenida por un conjunto de $p = 2$ variables.

La siguiente figura indica el diagrama de dispersión y una recta que, intuitivamente, proporciona un buen resumen de los datos, ya que las proyecciones de los puntos sobre ella indican aproximadamente la situación de los puntos en el plano.

Si consideramos un punto $\mathbf{x_i}$ y una dirección $\mathbf{a_1} = (a_{11}, \ldots, a_{1p})'$, definida por un vector $\mathbf{a_1}$ de norma unidad, la proyección del punto $\mathbf{x_i}$ sobre esta dirección es el escalar:

$$z_i = a_{11}x_{i1} + \ldots + a_{1p}x_{ip} = \mathbf{a_1}^{'}\mathbf{x_i}$$

y el vector que representa esta proyección será $z_i\mathbf{a_1}$. Llamando r_i a la distancia entre el punto x_i, y su proyección sobre la dirección $\mathbf{a_1}$, este criterio implica:

$$min \sum_{i=1}^{n} r_i^2 = \sum_{i=1}^{n} |\mathbf{x_i} - z_i\mathbf{a_1}|^2$$

donde $|\cdot|$ es la norma euclideana o módulo del vector.

Notemos que al proyectar cada punto sobre la recta se forma un triángulo rectángulo donde la hipotenusa es la distancia al origen del punto al origen, $(\mathbf{x_i}'\mathbf{x_i})^{1/2}$, y los catetos la proyeccion del punto sobre la recta (z_i) y la distancia entre el punto y su proyección (r_i). Por el teorema de Pitágoras, podemos escribir:

$$(\mathbf{x_i}'\mathbf{x_i}) = z_i^2 + r_i^2$$

y sumando esta expresión para todos los puntos, se obtiene:

$$\sum_{i=1}^{n}(\mathbf{x_i}'\mathbf{x_i}) = \sum_{i=1}^{n} z_i^2 + \sum_{i=1}^{n} r_i^2$$

[1] Teoría obtenida de Peña, D. *Análisis de datos multivariantes* (2002). Referencias de `FactoMineR` vienen de Husson, F. *Exploratory multivariate analysis by example using R* (2017)

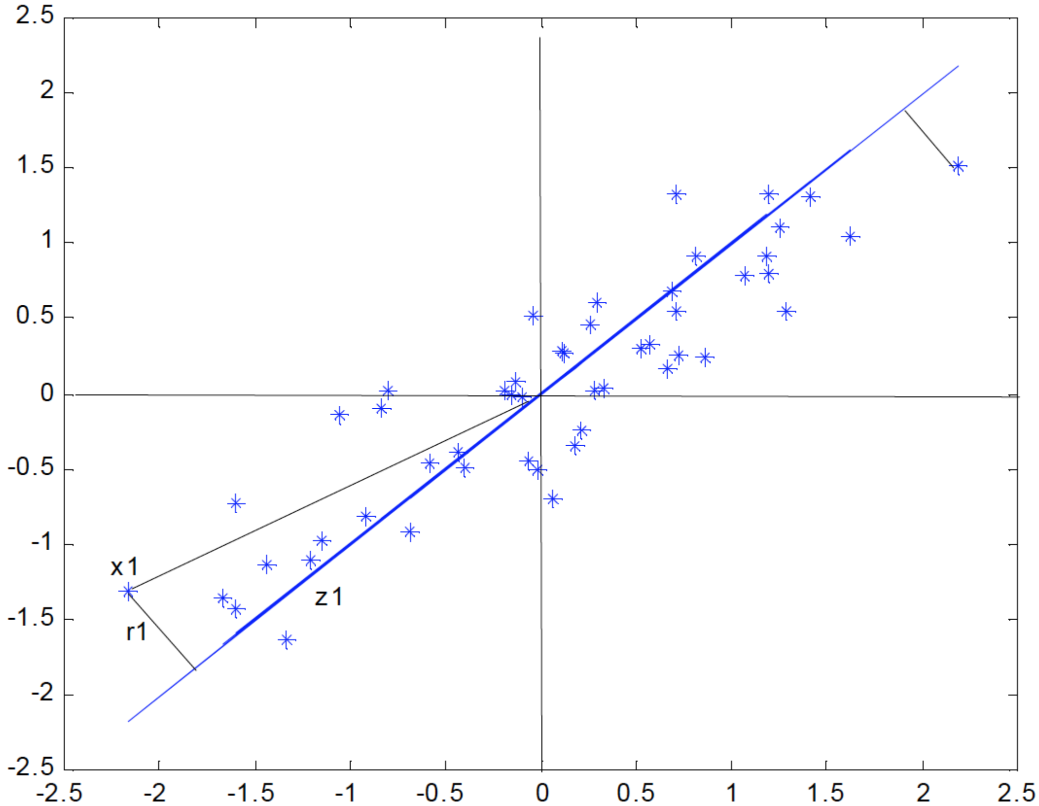


Figure 1: Ejemplo de la recta que minimiza las distancias ortogonales de los puntos a ella.

Como el primer miembro es constante, minimizar $\sum_{i=1}^{n} r_i^2$, la suma de las distancias a la recta de todos los puntos, es equivalente a maximizar $\sum_{i=1}^{n} z_i^2$, la suma al cuadrado de los valores de las proyecciones. Como las proyecciones z_i son variables de media cero, **maximizar la suma de sus cuadrados equivale a mazimizar su varianza**.

¿Cómo es eso posible?

Cálculo del primer componente

El primer componente principal será la combinación lineal de las variables originales que tenga varianza máxima. Los valores de este primer componente en los n individuos se representarán por un vector $\mathbf{z_1}$, dado por

$$\mathbf{z_1} = \mathbf{X}\mathbf{a_1}$$

Como las variables originales tienen media cero también $\mathbf{z_1}$ tendrá media nula. Su varianza será:

$$Var(\mathbf{z_1}) = \frac{1}{n}\mathbf{z_1}^{'}\mathbf{z_1} = \frac{1}{n}\mathbf{a_1}^{'}\mathbf{X}'\mathbf{X}\mathbf{a_1} = \mathbf{a_1}^{'}\mathbf{S}\mathbf{a_1}$$

donde S es la matriz de varianzas y covarianzas de las observaciones. Para que la maximización de la ecuación anterior tenga solución debemos imponer una restricción al módulo del vector $\mathbf{a_1}$, y, sin pérdida de generalidad, impondremos que $\mathbf{a_1}^{'}\mathbf{a_1} = 1$. Usamos para ello el multiplicador de Lagrange

$$M = \mathbf{a_1}^{'}\mathbf{S}\mathbf{a_1} - \lambda(\mathbf{a_1}^{'}\mathbf{a_1} - 1)$$

Se maximiza derivando respecto a los componentes de $\mathbf{a_1}$ e igualando a cero. Entonces

$$\frac{\partial M}{\partial \mathbf{a_1}} = 2\mathbf{S}\mathbf{a_1} - 2\lambda\mathbf{a_1} = 0$$

cuya solución es:

$$\mathbf{S}\mathbf{a_1} = \lambda\mathbf{a_1}$$

que implica que **a1** es un vector propio de la matriz **S**, y λ su correspondiente valor propio. Para determinar qué valor propio de **S** es la solución de la ecuación tendremos en cuenta que, multiplicando por la izquierda por $\mathbf{a_1'}$ esta ecuación,

$$\mathbf{a_1}^{'}\mathbf{S}\mathbf{a_1} = \lambda\mathbf{a_1}^{'}\mathbf{a_1} = \lambda$$

y concluimos, que λ es la varianza de $\mathbf{z_1}$. Como esta es la cantidad que queremos maximizar, λ será el mayor valor propio de la matriz **S**. Su vector asociado, **a1**, define los coeficientes de cada variable en el primer componente principal.

En R

El siguiente conjunto de datos corresponde a calificaciones de 20 estudiantes en 5 materias Ciencias Natuales (CNa), Matemáticas (Mat), Francés (Fra), Latín (Lat) y Literatura (Lit)

```r
CNa <- c(7,5,5,6,7,4,5,5,6,6,6,5,6,8,6,4,6,6,6,7)
Mat <- c(7,5,6,8,6,4,5,6,5,5,7,5,6,7,7,3,4,6,5,7)
Fra <- c(5,6,5,5,6,6,5,5,7,6,5,4,6,8,5,4,7,7,4,6)
Lat <- c(5,6,7,6,7,7,5,5,6,6,6,5,6,8,6,4,8,7,4,7)
Lit <- c(6,5,5,6,6,6,6,5,6,6,5,4,5,8,6,4,7,7,4,6)
Notas <- cbind(CNa,Mat,Fra,Lat,Lit)
Notas
```

```
##       CNa Mat Fra Lat Lit
##  [1,]   7   7   5   5   6
##  [2,]   5   5   6   6   5
##  [3,]   5   6   5   7   5
##  [4,]   6   8   5   6   6
##  [5,]   7   6   6   7   6
##  [6,]   4   4   6   7   6
##  [7,]   5   5   5   5   6
##  [8,]   5   6   5   5   5
##  [9,]   6   5   7   6   6
## [10,]   6   5   6   6   6
## [11,]   6   7   5   6   5
## [12,]   5   5   4   5   4
## [13,]   6   6   6   6   5
## [14,]   8   7   8   8   8
## [15,]   6   7   5   6   6
## [16,]   4   3   4   4   4
## [17,]   6   4   7   8   7
## [18,]   6   6   7   7   7
## [19,]   6   5   4   4   4
## [20,]   7   7   6   7   6
```

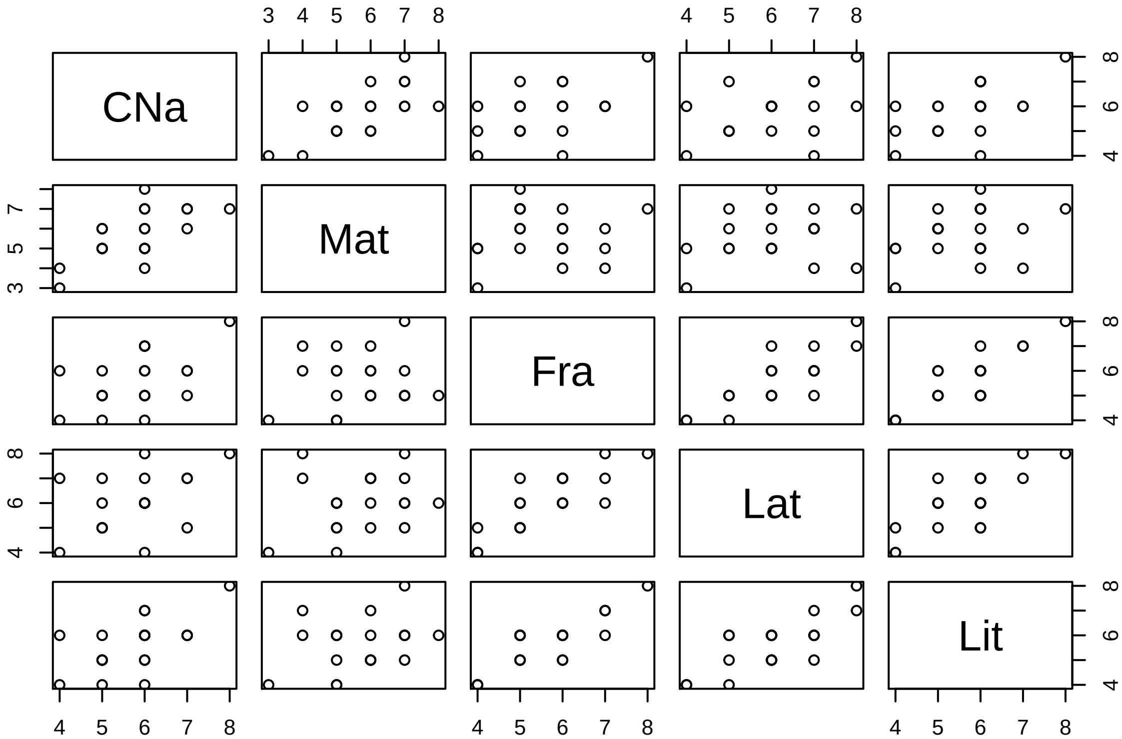
Es pertiente empezar por un análisis explotario para tener una mejor perspectiva de los datos:

```r
summary(Notas)
```

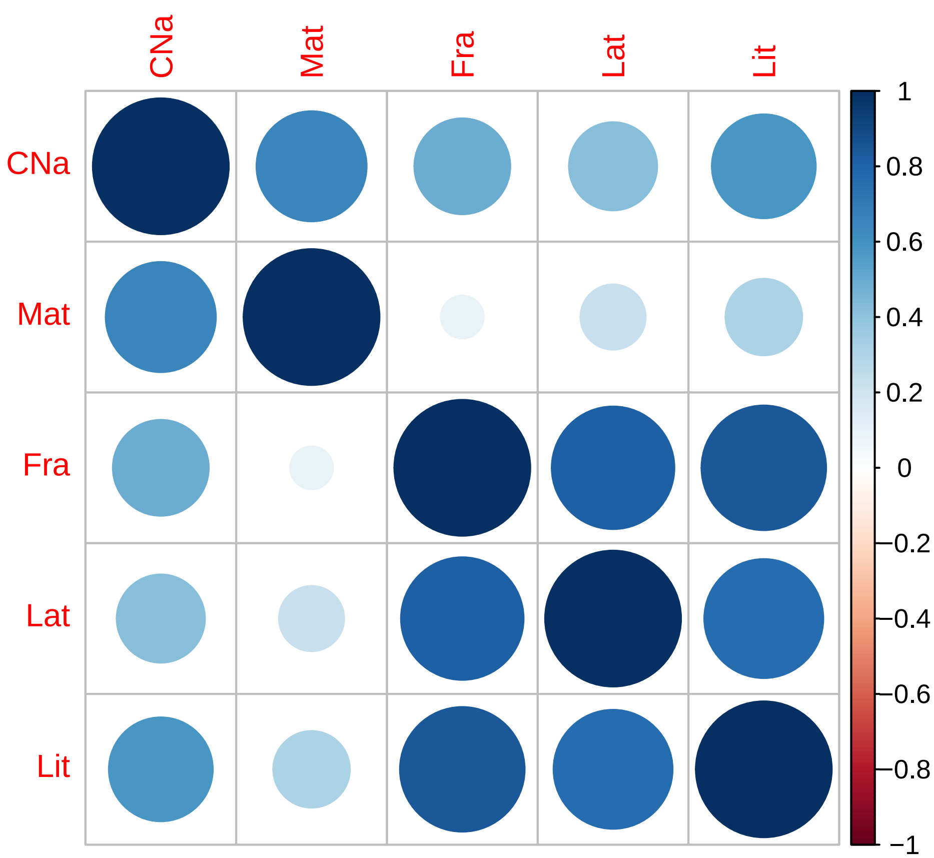
```
##       CNa           Mat           Fra           Lat             Lit       
##  Min.   :4.0   Min.   :3.0   Min.   :4.0   Min.   :4.00   Min.   :4.00  
##  1st Qu.:5.0   1st Qu.:5.0   1st Qu.:5.0   1st Qu.:5.00   1st Qu.:5.00  
##  Median :6.0   Median :6.0   Median :5.5   Median :6.00   Median :6.00  
##  Mean   :5.8   Mean   :5.7   Mean   :5.6   Mean   :6.05   Mean   :5.65  
##  3rd Qu.:6.0   3rd Qu.:7.0   3rd Qu.:6.0   3rd Qu.:7.00   3rd Qu.:6.00  
##  Max.   :8.0   Max.   :8.0   Max.   :8.0   Max.   :8.00   Max.   :8.00
```

Ahora algo gráfico:

```r
library(corrplot)
plot(as.data.frame(Notas))
```




```
corrplot(cor(Notas))
```



Como habíamos visto, los valores propios corresponden la varianzas explicadas de cada componente y los vectores propios son sus direcciones o pesos (*loadings*). Es decir:

```r
fc <- function(x) return((x-mean(x)))
Notasc <- apply(Notas,2,fc) #Datos centrados
S <- cov(Notas*19/20) # Matriz de covarianza
VarLoad <- eigen(S) # valores y vectores propios
VarLoad
```

```
## eigen() decomposition
## $values
## [1] 3.4101493 1.4993717 0.3696656 0.1987624 0.1128010
##
## $vectors
##            [,1]       [,2]       [,3]        [,4]       [,5]
## [1,] -0.3953452  0.3310292  0.6615512 -0.47595392  0.2644611
## [2,] -0.3488288  0.7977236 -0.3708461  0.17998543 -0.2683914
## [3,] -0.4822572 -0.3715412  0.2152088  0.01712248 -0.7633984
## [4,] -0.5040057 -0.2987146 -0.5998378 -0.46491466  0.2842478
## [5,] -0.4852081 -0.1636565  0.1367586  0.72431643  0.4409676
```

Ahora podemos calcular los puntajes de los componetes por individuo:

```r
Notasc%*%VarLoad$vectors #scores
```

```
##              [,1]        [,2]        [,3]        [,4]         [,5]
##  [1,] -0.27915411  1.91357104  0.86033137  0.39423402  0.282362039
##  [2,]  0.70813894 -0.85053394 -0.24246638 -0.18593762 -0.629895638
##  [3,]  0.33756163  0.02001625 -1.42835911 -0.48798933  0.149359151
##  [4,] -0.73664347  2.08155078 -0.77190377  0.58525870  0.033757315
##  [5,] -1.42059398  0.14687700  0.24671081 -0.69845826  0.355850690
##  [6,]  0.46309908 -2.44165783 -0.99625060  0.36943263  0.099250083
##  [7,]  1.20919379 -0.34393456  0.27892119  0.98617099  0.290222569
##  [8,]  1.34557309  0.61744548 -0.22868359  0.44183999 -0.419136475
##  [9,] -0.65467152 -1.05470241  0.77105231  0.07954737 -0.687865235
## [10,] -0.17241431 -0.68316118  0.55584349  0.06242489  0.075533142
## [11,]  0.09739341  1.44748367 -0.53781626 -0.31904316 -0.138818927
## [12,]  2.66186718  0.35491959 -0.20980490 -0.47958435  0.171685659
## [13,] -0.03603501  0.27821886  0.04823871 -0.48190611 -0.633825902
## [14,] -4.60370426 -0.09348019  0.64151305  0.02353642 -0.008693228
## [15,] -0.38781468  1.28382720 -0.40105762  0.40527327  0.302148716
## [16,]  4.25887565 -1.27284218  0.47017392  0.10131336  0.159759512
## [17,] -1.79906227 -2.61351169  0.07898156 -0.30595095  0.589989436
## [18,] -1.99271412 -0.71934991 -0.06287296  0.51893457 -0.231041180
## [19,]  2.77052775  0.98466343  1.05158410 -0.49062361  0.151898983
## [20,] -1.76942278  0.94460058 -0.12413533 -0.51847283  0.087459289
```

El porcentaje de la varianza explicada por cada componente es:

```r
VarLoad$values/(sum(VarLoad$values))
```

```
## [1] 0.60996276 0.26818793 0.06612094 0.03555201 0.02017636
```

Verifiquemos nuestros resultados usando la función `princomp` de `R`:

```r
result1 <- princomp(Notas,cor=FALSE)
summary(result1)
```

```
## Importance of components:
##                           Comp.1    Comp.2     Comp.3     Comp.4
## Standard deviation     1.8946321 1.2562985 0.62379622 0.45740967
```

```
## Proportion of Variance 0.6099628 0.2681879 0.06612094 0.03555201
## Cumulative Proportion  0.6099628 0.8781507 0.94427162 0.97982364
##                            Comp.5
## Standard deviation     0.34458364
## Proportion of Variance 0.02017636
## Cumulative Proportion  1.00000000
```

```r
result1$loadings
```

```
##
## Loadings:
##     Comp.1 Comp.2 Comp.3 Comp.4 Comp.5
## CNa  0.395  0.331  0.662  0.476  0.264
## Mat  0.349  0.798 -0.371 -0.180 -0.268
## Fra  0.482 -0.372  0.215        -0.763
## Lat  0.504 -0.299 -0.600  0.465  0.284
## Lit  0.485 -0.164  0.137 -0.724  0.441
##
##                Comp.1 Comp.2 Comp.3 Comp.4 Comp.5
## SS loadings       1.0    1.0    1.0    1.0    1.0
## Proportion Var    0.2    0.2    0.2    0.2    0.2
## Cumulative Var    0.2    0.4    0.6    0.8    1.0
```

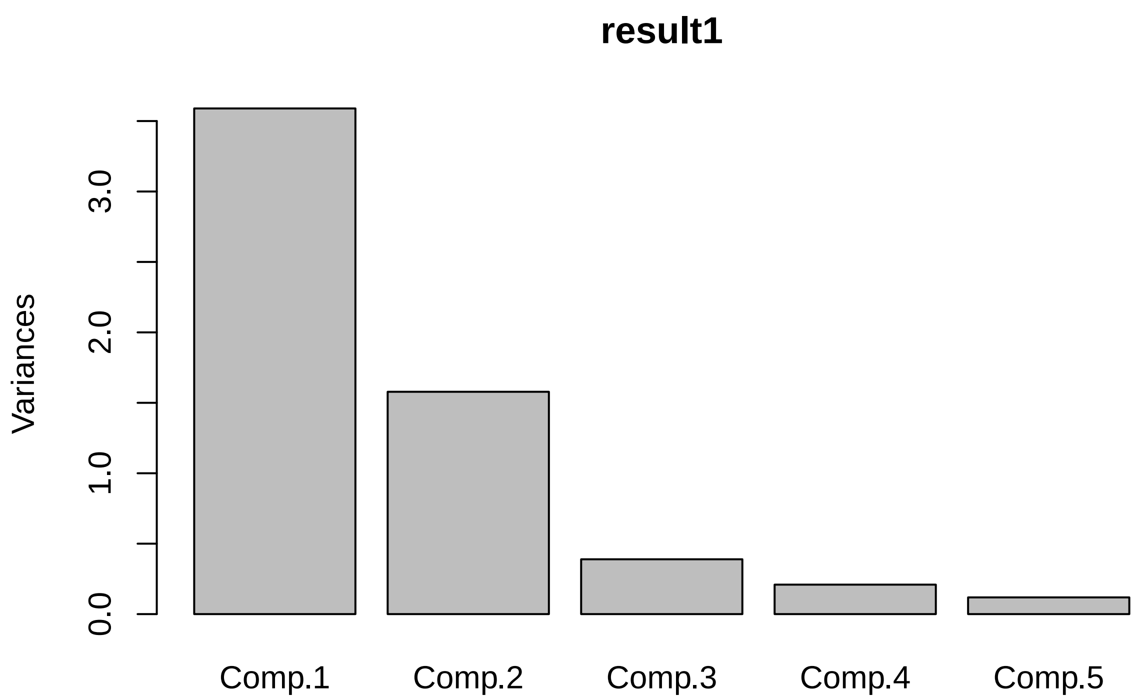
```r
result1$sdev
```

```
##    Comp.1    Comp.2    Comp.3    Comp.4    Comp.5
## 1.8946321 1.2562985 0.6237962 0.4574097 0.3445836
```

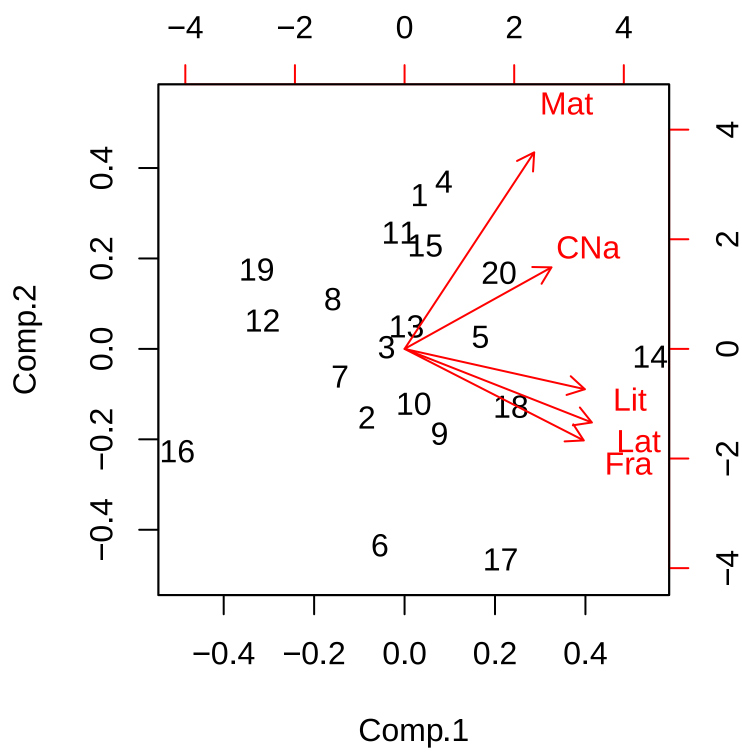
```r
str(result1)
```

```
## List of 7
##  $ sdev    : Named num [1:5] 1.895 1.256 0.624 0.457 0.345
##   ..- attr(*, "names")= chr [1:5] "Comp.1" "Comp.2" "Comp.3" "Comp.4" ...
##  $ loadings: 'loadings' num [1:5, 1:5] 0.395 0.349 0.482 0.504 0.485 ...
##   ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. ..$ : chr [1:5] "CNa" "Mat" "Fra" "Lat" ...
##   .. ..$ : chr [1:5] "Comp.1" "Comp.2" "Comp.3" "Comp.4" ...
##  $ center  : Named num [1:5] 5.8 5.7 5.6 6.05 5.65
##   ..- attr(*, "names")= chr [1:5] "CNa" "Mat" "Fra" "Lat" ...
##  $ scale   : Named num [1:5] 1 1 1 1 1
##   ..- attr(*, "names")= chr [1:5] "CNa" "Mat" "Fra" "Lat" ...
##  $ n.obs   : int 20
##  $ scores  : num [1:20, 1:5] 0.279 -0.708 -0.338 0.737 1.421 ...
##   ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. ..$ : NULL
##   .. ..$ : chr [1:5] "Comp.1" "Comp.2" "Comp.3" "Comp.4" ...
##  $ call    : language princomp(x = Notas, cor = FALSE)
##  - attr(*, "class")= chr "princomp"
```

```r
plot(result1)
```



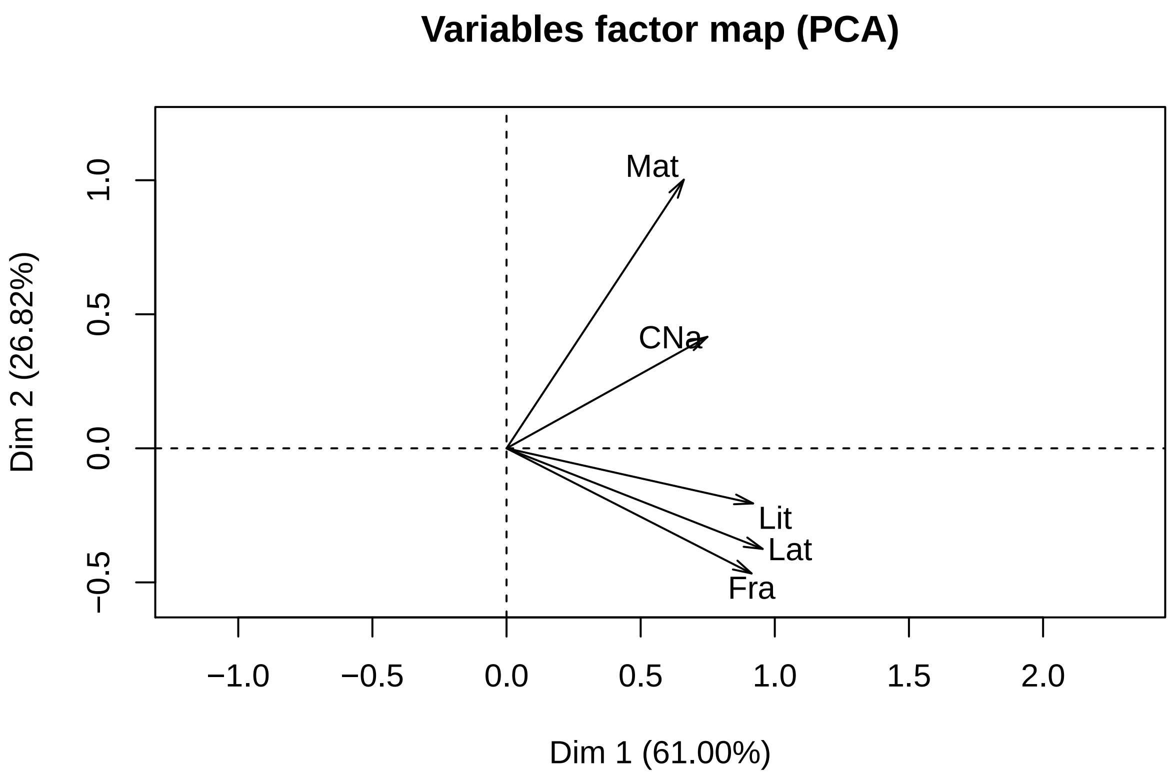

```r
biplot(result1)
```



FactoMineR

En este paquete tenemos la función `PCA` que nos brinda la misma información anterior además de otros temas interesantes:

```r
library(FactoMineR)
result <- PCA(Notas,graph=FALSE,scale.unit = FALSE)
plot(result,choix="var")
```




```r
summary(result)
```

```
##
## Call:
## PCA(X = Notas, scale.unit = FALSE, graph = FALSE)
##
##
## Eigenvalues
##                        Dim.1   Dim.2   Dim.3   Dim.4   Dim.5
## Variance               3.590   1.578   0.389   0.209   0.119
## % of var.             60.996  26.819   6.612   3.555   2.018
## Cumulative % of var.  60.996  87.815  94.427  97.982 100.000
##
## Individuals (the 10 first)
##          Dist    Dim.1    ctr   cos2    Dim.2    ctr   cos2    Dim.3    ctr
## 1    |  2.171 |  0.279  0.109  0.017 |  1.914 11.600  0.777 |  0.860  9.511
## 2    |  1.310 | -0.708  0.698  0.292 | -0.851  2.292  0.422 | -0.242  0.755
## 3    |  1.554 | -0.338  0.159  0.047 |  0.020  0.001  0.000 | -1.428 26.216
## 4    |  2.411 |  0.737  0.756  0.093 |  2.082 13.726  0.745 | -0.772  7.656
## 5    |  1.648 |  1.421  2.811  0.743 |  0.147  0.068  0.008 |  0.247  0.782
## 6    |  2.705 | -0.463  0.299  0.029 | -2.442 18.887  0.815 | -0.996 12.753
## 7    |  1.648 | -1.209  2.037  0.539 | -0.344  0.375  0.044 |  0.279  1.000
## 8    |  1.617 | -1.346  2.522  0.692 |  0.617  1.208  0.146 | -0.229  0.672
## 9    |  1.617 |  0.655  0.597  0.164 | -1.055  3.524  0.425 |  0.771  7.639
## 10   |  0.903 |  0.172  0.041  0.036 | -0.683  1.479  0.573 |  0.556  3.970
```

```
##       cos2
## 1    0.157 |
## 2    0.034 |
## 3    0.845 |
## 4    0.102 |
## 5    0.022 |
## 6    0.136 |
## 7    0.029 |
## 8    0.020 |
## 9    0.227 |
## 10   0.379 |
##
## Variables
##        Dim.1    ctr   cos2    Dim.2    ctr   cos2    Dim.3    ctr   cos2
## CNa |  0.749 15.630  0.584 |  0.416 10.958  0.180 |  0.413 43.765  0.177 |
## Mat |  0.661 12.168  0.289 |  1.002 63.636  0.665 | -0.231 13.753  0.035 |
## Fra |  0.914 23.257  0.732 | -0.467 13.804  0.191 |  0.134  4.631  0.016 |
## Lat |  0.955 25.402  0.731 | -0.375  8.923  0.113 | -0.374 35.981  0.112 |
## Lit |  0.919 23.543  0.822 | -0.206  2.678  0.041 |  0.085  1.870  0.007 |
```

```r
sum(sqrt(result$eig[,1]))
```

```
## [1] 4.57672
```

```r
result$var
```

```
## $coord
##         Dim.1      Dim.2       Dim.3        Dim.4       Dim.5
## CNa 0.7490336  0.4158715  0.41267316  0.217705924 -0.09112898
## Mat 0.6609022  1.0021789 -0.23133242 -0.082327077  0.09248328
## Fra 0.9137000 -0.4667667  0.13424645 -0.007831989  0.26305459
## Lat 0.9549054 -0.3752747 -0.37417653  0.212656462 -0.09794715
## Lit 0.9192908 -0.2056014  0.08530952 -0.331309338 -0.15195023
##
## $cor
##         Dim.1      Dim.2       Dim.3       Dim.4       Dim.5
## CNa 0.7644793  0.4244471  0.42118278  0.22219518 -0.09300813
## Mat 0.5378346  0.8155617 -0.18825566 -0.06699682  0.07526183
## Fra 0.8557585 -0.4371671  0.12573332 -0.00733533  0.24637320
## Lat 0.8549488 -0.3359921 -0.33500884  0.19039621 -0.08769433
## Lit 0.9069054 -0.2028314  0.08416016 -0.32684569 -0.14990305
##
## $cos2
##         Dim.1      Dim.2       Dim.3        Dim.4       Dim.5
## CNa 0.5844285 0.18015533 0.177394933 4.937070e-02 0.008650511
## Mat 0.2892661 0.66514083 0.035440192 4.488575e-03 0.005664343
## Fra 0.7323225 0.19111504 0.015808868 5.380707e-05 0.060699751
## Lat 0.7309374 0.11289068 0.112230921 3.625072e-02 0.007690295
## Lit 0.8224775 0.04114056 0.007082933 1.068281e-01 0.022470923
##
## $contrib
##        Dim.1     Dim.2     Dim.3       Dim.4     Dim.5
## CNa 15.62978 10.958035 43.765004 22.65321318  6.993969
## Mat 12.16815 63.636291 13.752686  3.23947557  7.203394
## Fra 23.25720 13.804288  4.631484  0.02931794 58.277708
```

```
## Lat 25.40218  8.923042 35.980534 21.61456435  8.079682
## Lit 23.54269  2.678344  1.870292 52.46342895 19.445246
```

```r
loadings<-sweep(result$var$coord,2,sqrt(result$eig[1:5,1]),FUN="/")


result$var$coord # correlacion entre las variables y los componentes
```

```
##         Dim.1      Dim.2       Dim.3        Dim.4       Dim.5
## CNa 0.7490336  0.4158715  0.41267316  0.217705924 -0.09112898
## Mat 0.6609022  1.0021789 -0.23133242 -0.082327077  0.09248328
## Fra 0.9137000 -0.4667667  0.13424645 -0.007831989  0.26305459
## Lat 0.9549054 -0.3752747 -0.37417653  0.212656462 -0.09794715
## Lit 0.9192908 -0.2056014  0.08530952 -0.331309338 -0.15195023
```

```r
result$eig # Descomposicion de la varianza por componente
```

```
##        eigenvalue percentage of variance cumulative percentage of variance
## comp 1  3.5896308              60.996276                          60.99628
## comp 2  1.5782860              26.818793                          87.81507
## comp 3  0.3891217               6.612094                          94.42716
## comp 4  0.2092236               3.555201                          97.98236
## comp 5  0.1187379               2.017636                         100.00000
```

```r
result$ind$dist # Distancias de los individuos al centro de la nube
```

```
##         1         2         3         4         5         6         7
## 2.1714051 1.3095801 1.5540270 2.4114311 1.6477257 2.7046257 1.6477257
##         8         9        10        11        12        13        14
## 1.6170962 1.6170962 0.9027735 1.5858752 2.7413500 0.8455767 4.6491935
##        15        16        17        18        19        20
## 1.4882876 4.4738127 3.2426841 2.1943108 3.1646485 2.0772578
```

```r
result$ind$contrib # Contribucion de los individuos a la construccion de los componentes
```

```
##           Dim.1        Dim.2       Dim.3       Dim.4        Dim.5
## 1   0.108544611 11.600414101  9.51077807  3.71421905  3.357324542
## 2   0.698485136  2.291751954  0.75541845  0.82621650 16.707747628
## 3   0.158718070  0.001269257 26.21557252  5.69088729  0.939386641
## 4   0.755848757 13.726453207  7.65615735  8.18568608  0.047986216
## 5   2.810995563  0.068342664  0.78209751 11.65843449  5.332321556
## 6   0.298722577 18.886605793 12.75327489  3.26159349  0.414803550
## 7   2.036629526  0.374745094  0.99964903 23.24147933  3.546852011
## 8   2.521940300  1.207762516  0.67197716  4.66540517  7.397613193
## 9   0.596990078  3.524067250  7.63927623  0.15122062 19.924499760
## 10  0.041406337  1.478531825  3.96999144  0.09312685  0.240245799
## 11  0.013212328  6.637608850  3.71665612  2.43252994  0.811480465
## 12  9.869450648  0.399065565  0.56560830  5.49653928  1.241219950
## 13  0.001808713  0.245220882  0.02990032  5.54988754 16.916895709
## 14 29.521270989  0.027683660  5.28804968  0.01323854  0.003182313
## 15  0.209492606  5.221526175  2.06679824  3.92514087  3.844343734
## 16 25.264466770  5.132552812  2.84054449  0.24529731  1.074766582
## 17  4.508297917 21.638801643  0.08015599  2.23698436 14.657812964
## 18  5.531083508  1.639323628  0.05079400  6.43553319  2.247809449
## 19 10.691662101  3.071566546 14.20929560  5.75249447  0.971606552
## 20  4.360973464  2.826706580  0.19800462  6.42408564  0.322101386
```

```r
result$var$contrib # Contribucion de las variables a la construccion de los componentes
```

```
##        Dim.1     Dim.2     Dim.3       Dim.4     Dim.5
## CNa 15.62978 10.958035 43.765004 22.65321318  6.993969
## Mat 12.16815 63.636291 13.752686  3.23947557  7.203394
## Fra 23.25720 13.804288  4.631484  0.02931794 58.277708
## Lat 25.40218  8.923042 35.980534 21.61456435  8.079682
## Lit 23.54269  2.678344  1.870292 52.46342895 19.445246
```

```r
result$var$cos2
```

```
##         Dim.1      Dim.2       Dim.3        Dim.4       Dim.5
## CNa 0.5844285 0.18015533 0.177394933 4.937070e-02 0.008650511
## Mat 0.2892661 0.66514083 0.035440192 4.488575e-03 0.005664343
## Fra 0.7323225 0.19111504 0.015808868 5.380707e-05 0.060699751
## Lat 0.7309374 0.11289068 0.112230921 3.625072e-02 0.007690295
## Lit 0.8224775 0.04114056 0.007082933 1.068281e-01 0.022470923
```

Ejemplo

Paso 1: recopilación de datos

Trabajemos los datos de los resultados de las competencias de heptatlón en Seúl 1988

```r
library(HSAUR)
data("heptathlon")
```

Las variables son

- hurdles: vallas 100m
- highjump: salto alto
- shot: tiro
- run200m: velocidad 200m
- longjump: salto largo
- javelin: lanzamiento de javalina
- run800m: velocidad 800m
- score: puntaje

Paso 2: Explorar y preparar los datos

Resumimos la variable score:

```r
summary(heptathlon$score)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##    4566    5746    6137    6091    6351    7291
```

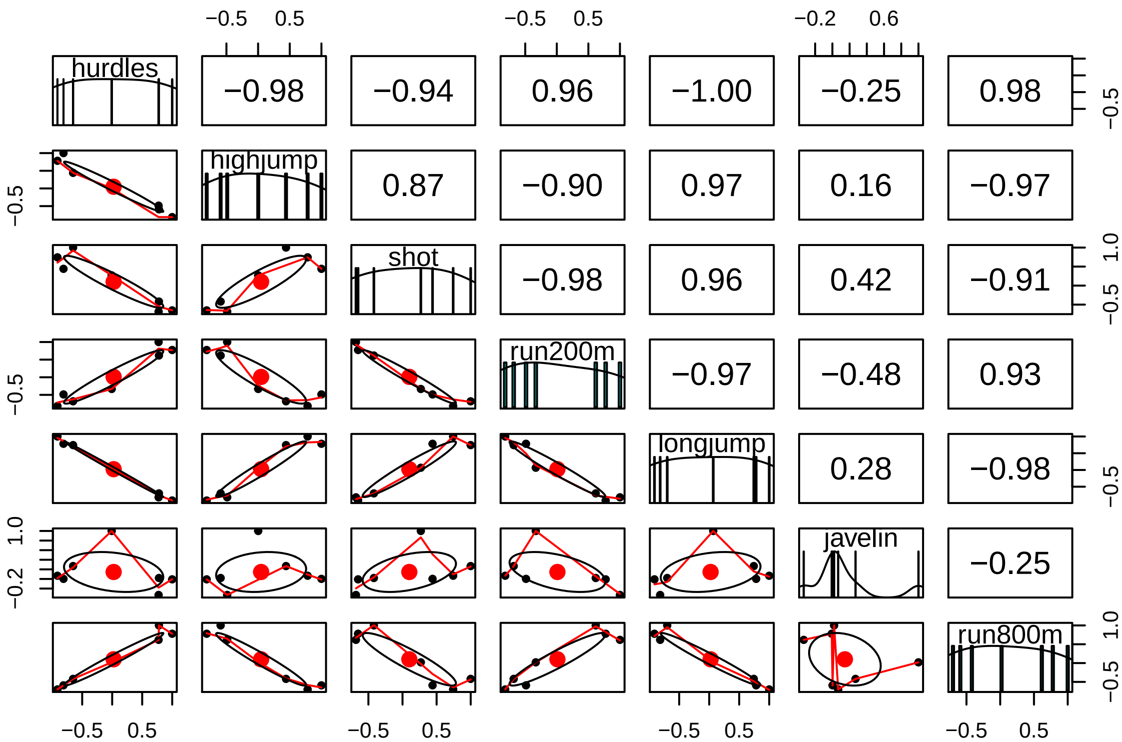
Ahora las variables que generaron el score

```r
cor(heptathlon[,-8])
```

```
##               hurdles     highjump       shot    run200m    longjump
## hurdles   1.000000000 -0.811402536 -0.6513347  0.7737205 -0.91213362
## highjump -0.811402536  1.000000000  0.4407861 -0.4876637  0.78244227
## shot     -0.651334688  0.440786140  1.0000000 -0.6826704  0.74307300
## run200m   0.773720543 -0.487663685 -0.6826704  1.0000000 -0.81720530
## longjump -0.912133617  0.782442273  0.7430730 -0.8172053  1.00000000
```

```
## javelin  -0.007762549  0.002153016  0.2689888 -0.3330427  0.06710841
## run800m   0.779257110 -0.591162823 -0.4196196  0.6168101 -0.69951116
##              javelin     run800m
## hurdles  -0.007762549  0.77925711
## highjump  0.002153016 -0.59116282
## shot      0.268988837 -0.41961957
## run200m  -0.333042722  0.61681006
## longjump  0.067108409 -0.69951116
## javelin   1.000000000  0.02004909
## run800m   0.020049088  1.00000000
```

```r
library(psych)
pairs.panels(cor(heptathlon[,-8]))
```



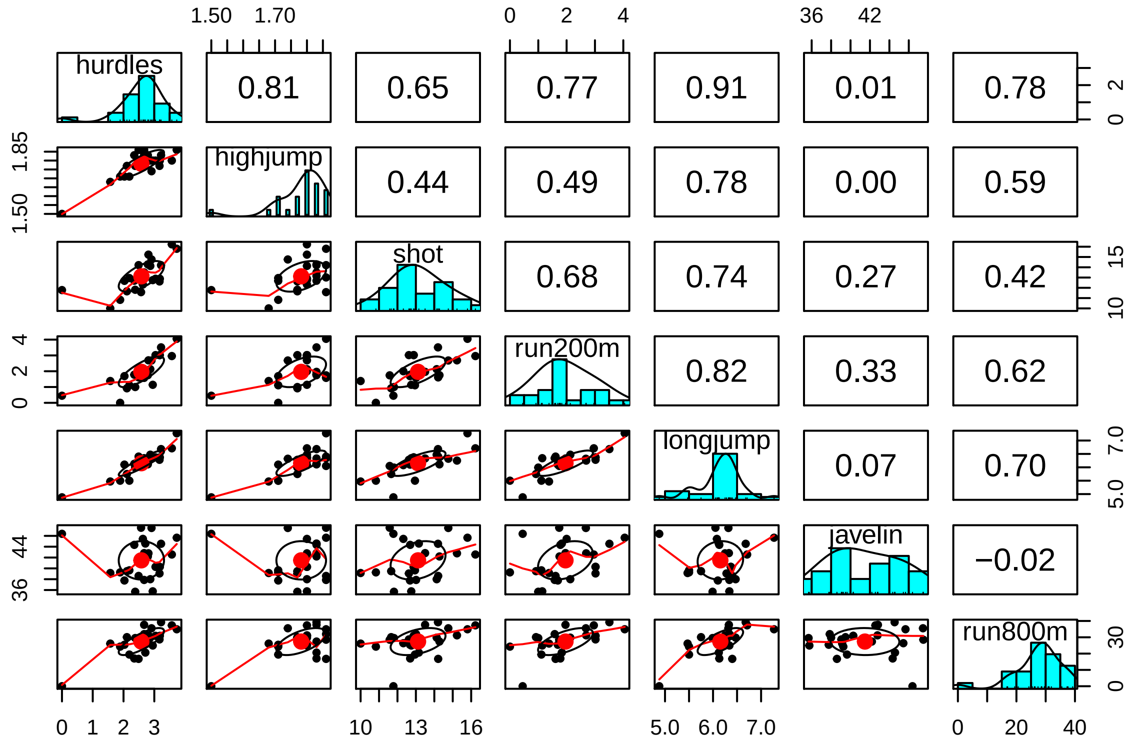

```r
heptathlon[,-8]
```

```
##                      hurdles highjump  shot run200m longjump javelin
## Joyner-Kersee (USA)    12.69     1.86 15.80   22.56     7.27   45.66
## John (GDR)             12.85     1.80 16.23   23.65     6.71   42.56
## Behmer (GDR)           13.20     1.83 14.20   23.10     6.68   44.54
## Sablovskaite (URS)     13.61     1.80 15.23   23.92     6.25   42.78
## Choubenkova (URS)      13.51     1.74 14.76   23.93     6.32   47.46
## Schulz (GDR)           13.75     1.83 13.50   24.65     6.33   42.82
## Fleming (AUS)          13.38     1.80 12.88   23.59     6.37   40.28
## Greiner (USA)          13.55     1.80 14.13   24.48     6.47   38.00
## Lajbnerova (CZE)       13.63     1.83 14.28   24.86     6.11   42.20
## Bouraga (URS)          13.25     1.77 12.62   23.59     6.28   39.06
## Wijnsma (HOL)          13.75     1.86 13.01   25.03     6.34   37.86
## Dimitrova (BUL)        13.24     1.80 12.88   23.59     6.37   40.28
## Scheider (SWI)         13.85     1.86 11.58   24.87     6.05   47.50
## Braun (FRG)            13.71     1.83 13.16   24.78     6.12   44.58
```

```
## Ruotsalainen (FIN)    13.79     1.80 12.32   24.61      6.08   45.44
## Yuping (CHN)          13.93     1.86 14.21   25.00      6.40   38.60
## Hagger (GB)           13.47     1.80 12.75   25.47      6.34   35.76
## Brown (USA)           14.07     1.83 12.69   24.83      6.13   44.34
## Mulliner (GB)         14.39     1.71 12.68   24.92      6.10   37.76
## Hautenauve (BEL)      14.04     1.77 11.81   25.61      5.99   35.68
## Kytola (FIN)          14.31     1.77 11.66   25.69      5.75   39.48
## Geremias (BRA)        14.23     1.71 12.95   25.50      5.50   39.64
## Hui-Ing (TAI)         14.85     1.68 10.00   25.23      5.47   39.14
## Jeong-Mi (KOR)        14.53     1.71 10.83   26.61      5.50   39.26
## Launa (PNG)           16.42     1.50 11.78   26.16      4.88   46.38
##                     run800m
## Joyner-Kersee (USA)  128.51
## John (GDR)           126.12
## Behmer (GDR)         124.20
## Sablovskaite (URS)   132.24
## Choubenkova (URS)    127.90
## Schulz (GDR)         125.79
## Fleming (AUS)        132.54
## Greiner (USA)        133.65
## Lajbnerova (CZE)     136.05
## Bouraga (URS)        134.74
## Wijnsma (HOL)        131.49
## Dimitrova (BUL)      132.54
## Scheider (SWI)       134.93
## Braun (FRG)          142.82
## Ruotsalainen (FIN)   137.06
## Yuping (CHN)         146.67
## Hagger (GB)          138.48
## Brown (USA)          146.43
## Mulliner (GB)        138.02
## Hautenauve (BEL)     133.90
## Kytola (FIN)         133.35
## Geremias (BRA)       144.02
## Hui-Ing (TAI)        137.30
## Jeong-Mi (KOR)       139.17
## Launa (PNG)          163.43
```

El *sentido* de los datos podría ser un problema. Podemos hacer que estos *apunten* a un mismo sentido:

```r
heptathlon$hurdles <- with(heptathlon, max(hurdles)-hurdles)
heptathlon$run200m <- with(heptathlon, max(run200m)-run200m)
heptathlon$run800m <- with(heptathlon, max(run800m)-run800m)
score <- which(colnames(heptathlon) == "score")
pairs.panels(heptathlon[,-score])
```



Paso 3: entrenar un modelo en los datos

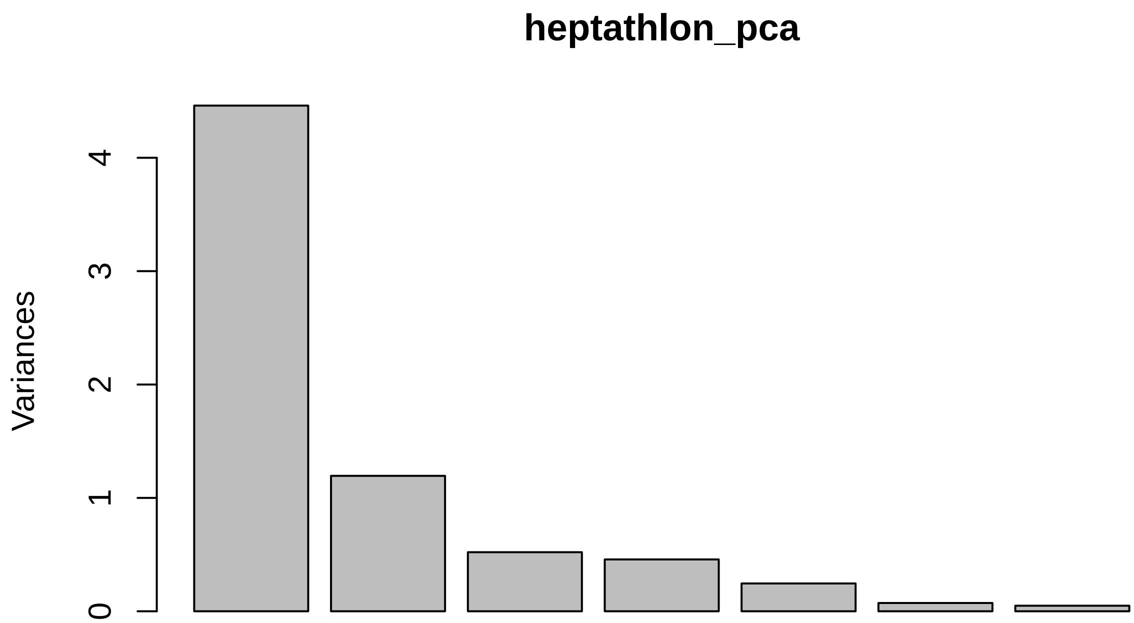
Ajustamos un PCA:

```
heptathlon_pca <- prcomp(heptathlon[, -score], scale = TRUE)
cbind(predict(heptathlon_pca)[,1])
```

```
##                            [,1]
## Joyner-Kersee (USA) -4.121447626
## John (GDR)          -2.882185935
## Behmer (GDR)        -2.649633766
## Sablovskaite (URS)  -1.343351210
## Choubenkova (URS)   -1.359025696
## Schulz (GDR)        -1.043847471
## Fleming (AUS)       -1.100385639
## Greiner (USA)       -0.923173639
## Lajbnerova (CZE)    -0.530250689
## Bouraga (URS)       -0.759819024
## Wijnsma (HOL)       -0.556268302
## Dimitrova (BUL)     -1.186453832
## Scheider (SWI)       0.015461226
## Braun (FRG)          0.003774223
## Ruotsalainen (FIN)   0.090747709
## Yuping (CHN)        -0.137225440
## Hagger (GB)          0.171128651
## Brown (USA)          0.519252646
## Mulliner (GB)        1.125481833
## Hautenauve (BEL)     1.085697646
## Kytola (FIN)         1.447055499
## Geremias (BRA)       2.014029620
```

```
## Hui-Ing (TAI)        2.880298635
## Jeong-Mi (KOR)       2.970118607
## Launa (PNG)          6.270021972
```

```r
plot(heptathlon_pca)
```



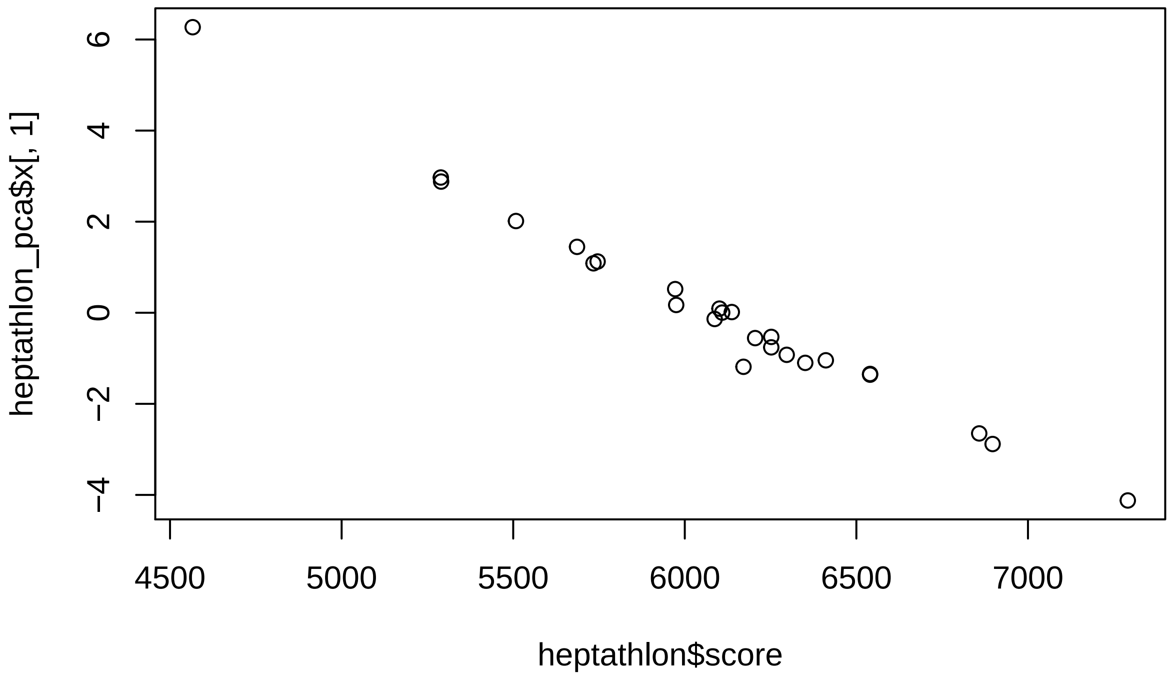
Paso 4: evaluar el rendimiento del modelo

Obtenemos la correlación entre el primer componente y los puntajes oficiales:

```r
cor(heptathlon$score, heptathlon_pca$x[,1])
```

```
## [1] -0.9910978
```

```r
plot(heptathlon$score, heptathlon_pca$x[,1])
```

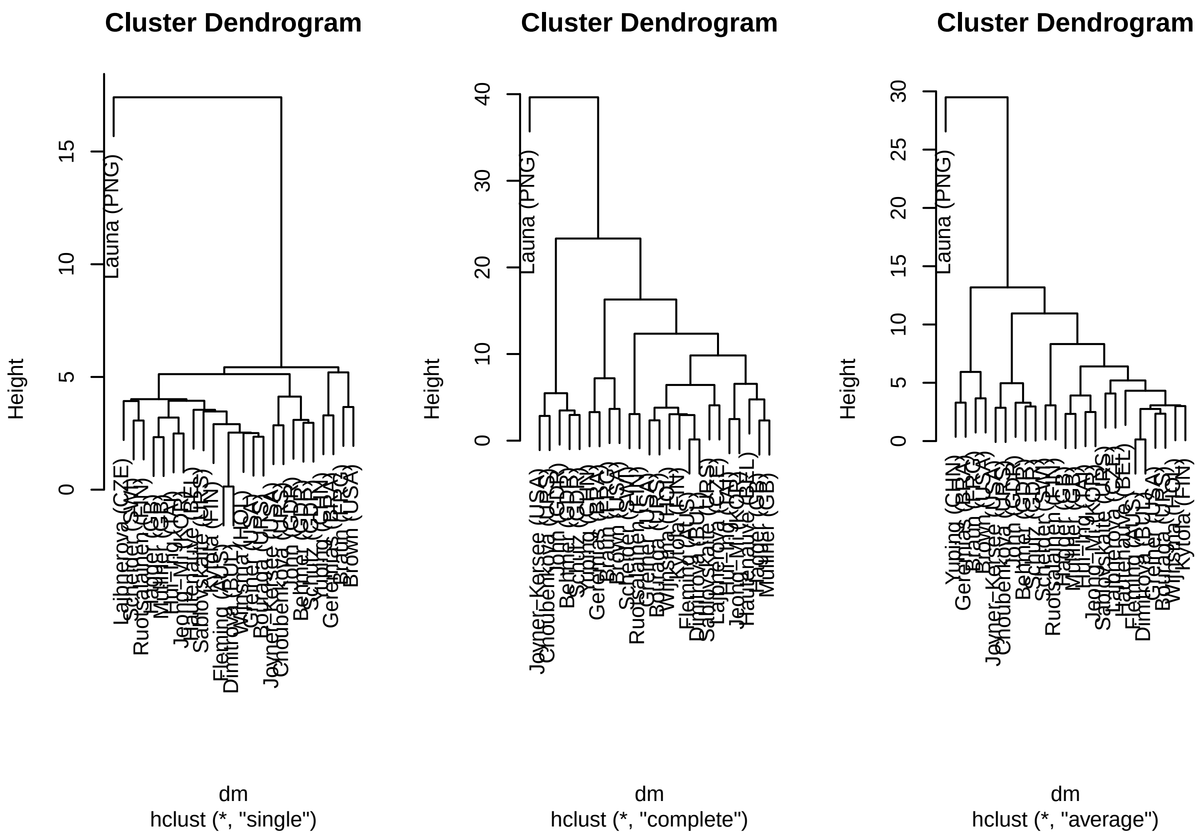


Paso 5: mejorando el ajuste

Una de las alternativas más usadas es probar con diferentes rotaciones de los ejes.

Bonus

```
dm <- dist(heptathlon[,-8])
par(mfrow = c(1,3))
plot(cs <- hclust(dm, method = "single"))
plot(cc <- hclust(dm, method = "complete"))
plot(ca <- hclust(dm, method = "average"))
```



ACP: Datos de *rating* de marca del consumidor

Estos datos son comunes en investigación de mercado, se refieren a encuestas de percepción de marca.

Las preguntas suelen ser realizadas usando escalas de *Likert* como: *En la escala del 1 al 10, donde 1 es menos y 10 es más, cuán [adjetivo] es la [marca]?*

- ¿Cuán de moda es la marca Metal?

Datos

Tenemos 10 marcas (de la a a la j) con 9 adjetivos para $N = 100$ clientes. Veamos los datos:

```r
brand.ratings <- read.csv("http://goo.gl/IQl8nc")
head(brand.ratings)
```

```
##   perform leader latest fun serious bargain value trendy rebuy brand
## 1       2      4      8   8       2       9     7      4     6     a
## 2       1      1      4   7       1       1     1      2     2     a
## 3       2      3      5   9       2       9     5      1     6     a
## 4       1      6     10   8       3       4     5      2     1     a
## 5       1      1      5   8       1       9     9      1     1     a
## 6       2      8      9   5       3       8     7      1     2     a
```

Ahora una inspección de los datos:

```r
summary(brand.ratings)
```

```
##     perform            leader            latest             fun
```

```
##  Min.   : 1.000   Min.   : 1.000   Min.   : 1.000   Min.   : 1.000
##  1st Qu.: 1.000   1st Qu.: 2.000   1st Qu.: 4.000   1st Qu.: 4.000
##  Median : 4.000   Median : 4.000   Median : 7.000   Median : 6.000
##  Mean   : 4.488   Mean   : 4.417   Mean   : 6.195   Mean   : 6.068
##  3rd Qu.: 7.000   3rd Qu.: 6.000   3rd Qu.: 9.000   3rd Qu.: 8.000
##  Max.   :10.000   Max.   :10.000   Max.   :10.000   Max.   :10.000
##
##     serious          bargain            value            trendy
##  Min.   : 1.000   Min.   : 1.000   Min.   : 1.000   Min.   : 1.00
##  1st Qu.: 2.000   1st Qu.: 2.000   1st Qu.: 2.000   1st Qu.: 3.00
##  Median : 4.000   Median : 4.000   Median : 4.000   Median : 5.00
##  Mean   : 4.323   Mean   : 4.259   Mean   : 4.337   Mean   : 5.22
##  3rd Qu.: 6.000   3rd Qu.: 6.000   3rd Qu.: 6.000   3rd Qu.: 7.00
##  Max.   :10.000   Max.   :10.000   Max.   :10.000   Max.   :10.00
##
##      rebuy            brand
##  Min.   : 1.000   a      :100
##  1st Qu.: 1.000   b      :100
##  Median : 3.000   c      :100
##  Mean   : 3.727   d      :100
##  3rd Qu.: 5.000   e      :100
##  Max.   :10.000   f      :100
##                   (Other):400
```

```
str(brand.ratings)
```

```
## 'data.frame':    1000 obs. of  10 variables:
##  $ perform: int  2 1 2 1 1 2 1 2 2 3 ...
##  $ leader : int  4 1 3 6 1 8 1 1 1 1 ...
##  $ latest : int  8 4 5 10 5 9 5 7 8 9 ...
##  $ fun    : int  8 7 9 8 8 5 7 5 10 8 ...
##  $ serious: int  2 1 2 3 1 3 1 2 1 1 ...
##  $ bargain: int  9 1 9 4 9 8 5 8 7 3 ...
##  $ value  : int  7 1 5 5 9 7 1 7 7 3 ...
##  $ trendy : int  4 2 1 2 1 1 1 7 5 4 ...
##  $ rebuy  : int  6 2 6 1 1 2 1 1 1 1 ...
##  $ brand  : Factor w/ 10 levels "a","b","c","d",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

Reescalando los datos

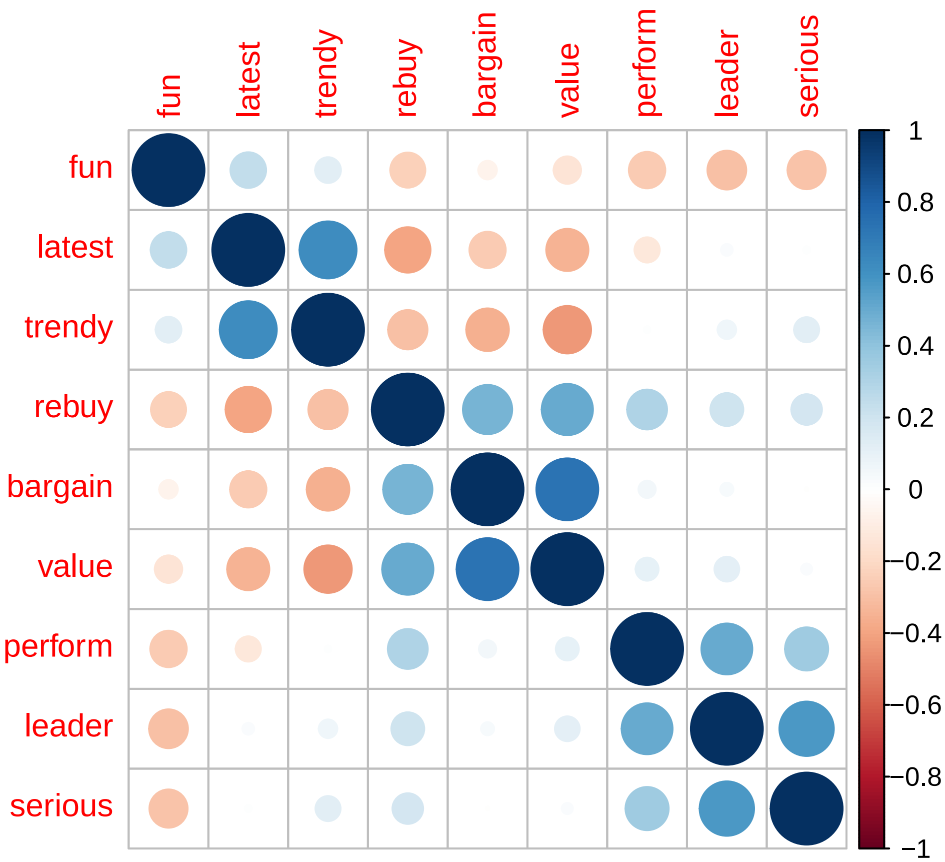
```
brand.sc <- brand.ratings
brand.sc [ , 1:9] <- data.frame(scale(brand.ratings [ , 1:9]))
summary(brand.sc)
```

```
##     perform            leader            latest              fun
##  Min.   :-1.0888   Min.   :-1.3100   Min.   :-1.6878   Min.   :-1.84677
##  1st Qu.:-1.0888   1st Qu.:-0.9266   1st Qu.:-0.7131   1st Qu.:-0.75358
##  Median :-0.1523   Median :-0.1599   Median : 0.2615   Median :-0.02478
##  Mean   : 0.0000   Mean   : 0.0000   Mean   : 0.0000   Mean   : 0.00000
##  3rd Qu.: 0.7842   3rd Qu.: 0.6069   3rd Qu.: 0.9113   3rd Qu.: 0.70402
##  Max.   : 1.7206   Max.   : 2.1404   Max.   : 1.2362   Max.   : 1.43281
##
##     serious            bargain              value              trendy
##  Min.   :-1.1961   Min.   :-1.22196   Min.   :-1.3912   Min.   :-1.53897
##  1st Qu.:-0.8362   1st Qu.:-0.84701   1st Qu.:-0.9743   1st Qu.:-0.80960
```

```
##  Median :-0.1163   Median :-0.09711   Median :-0.1405   Median :-0.08023
##  Mean   : 0.0000   Mean   : 0.00000   Mean   : 0.0000   Mean   : 0.00000
##  3rd Qu.: 0.6036   3rd Qu.: 0.65279   3rd Qu.: 0.6933   3rd Qu.: 0.64914
##  Max.   : 2.0434   Max.   : 2.15258   Max.   : 2.3610   Max.   : 1.74319
##
##      rebuy              brand
##  Min.   :-1.0717   a      :100
##  1st Qu.:-1.0717   b      :100
##  Median :-0.2857   c      :100
##  Mean   : 0.0000   d      :100
##  3rd Qu.: 0.5003   e      :100
##  Max.   : 2.4652   f      :100
##                    (Other):400
```

Exploremos las correlaciones por parejas:

```
library(corrplot)
corrplot(cor(brand.sc [ , 1:9]) , order="hclust")
```



El argumento `order="hclust"` reordena las filas y las columnas de acuerdo a la similaridad de las variables.

Media de los ratings por marca

```
brand.mean <- aggregate (. ~ brand , data=brand.sc , mean)
brand.mean
```

```
##    brand     perform     leader    latest       fun     serious
## 1      a -0.88591874 -0.5279035  0.4109732  0.6566458 -0.91894067
```

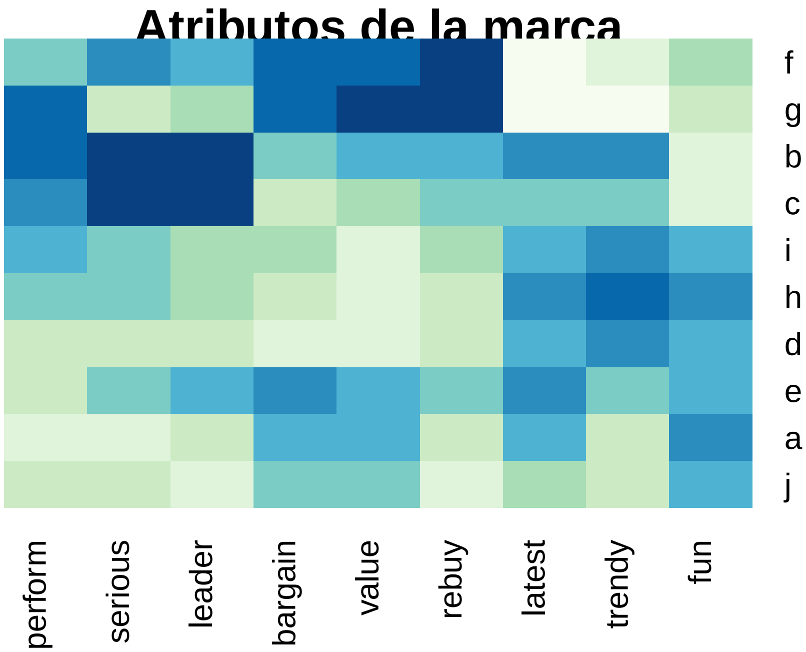
```
## 2       b  0.93087022  1.0707584  0.7261069 -0.9722147  1.18314061
## 3       c  0.64992347  1.1627677 -0.1023372 -0.8446753  1.22273461
## 4       d -0.67989112 -0.5930767  0.3524948  0.1865719 -0.69217505
## 5       e -0.56439079  0.1928362  0.4564564  0.2958914  0.04211361
## 6       f -0.05868665  0.2695106 -1.2621589 -0.2179102  0.58923066
## 7       g  0.91838369 -0.1675336 -1.2849005 -0.5167168 -0.53379906
## 8       h -0.01498383 -0.2978802  0.5019396  0.7149495 -0.14145855
## 9       i  0.33463879 -0.3208825  0.3557436  0.4124989 -0.14865746
## 10      j -0.62994504 -0.7885965 -0.1543180  0.2849595 -0.60218870
##         bargain       value      trendy       rebuy
## 1   0.21409609  0.18469264 -0.52514473 -0.59616642
## 2   0.04161938  0.15133957  0.74030819  0.23697320
## 3  -0.60704302 -0.44067747  0.02552787 -0.13243776
## 4  -0.88075605 -0.93263529  0.73666135 -0.49398892
## 5   0.55155051  0.41816415  0.13857986  0.03654811
## 6   0.87400696  1.02268859 -0.81324496  1.35699580
## 7   0.89650392  1.25616009 -1.27639344  1.36092571
## 8  -0.73827529 -0.78254646  0.86430070 -0.60402622
## 9  -0.25459062 -0.80339213  0.59078782 -0.20317603
## 10 -0.09711188 -0.07379367 -0.48138267 -0.96164748
```

```r
rownames(brand.mean) <- brand.mean [ , 1] # la marca como nombre de filas
brand.mean <- brand.mean [ , -1] # eliminamos la columna de marca
brand.mean
```

```
##       perform      leader      latest         fun      serious     bargain
## a -0.88591874 -0.5279035  0.4109732  0.6566458 -0.91894067  0.21409609
## b  0.93087022  1.0707584  0.7261069 -0.9722147  1.18314061  0.04161938
## c  0.64992347  1.1627677 -0.1023372 -0.8446753  1.22273461 -0.60704302
## d -0.67989112 -0.5930767  0.3524948  0.1865719 -0.69217505 -0.88075605
## e -0.56439079  0.1928362  0.4564564  0.2958914  0.04211361  0.55155051
## f -0.05868665  0.2695106 -1.2621589 -0.2179102  0.58923066  0.87400696
## g  0.91838369 -0.1675336 -1.2849005 -0.5167168 -0.53379906  0.89650392
## h -0.01498383 -0.2978802  0.5019396  0.7149495 -0.14145855 -0.73827529
## i  0.33463879 -0.3208825  0.3557436  0.4124989 -0.14865746 -0.25459062
## j -0.62994504 -0.7885965 -0.1543180  0.2849595 -0.60218870 -0.09711188
##         value      trendy       rebuy
## a  0.18469264 -0.52514473 -0.59616642
## b  0.15133957  0.74030819  0.23697320
## c -0.44067747  0.02552787 -0.13243776
## d -0.93263529  0.73666135 -0.49398892
## e  0.41816415  0.13857986  0.03654811
## f  1.02268859 -0.81324496  1.35699580
## g  1.25616009 -1.27639344  1.36092571
## h -0.78254646  0.86430070 -0.60402622
## i -0.80339213  0.59078782 -0.20317603
## j -0.07379367 -0.48138267 -0.96164748
```

Un *heatmap* es una forma útil de explorar estos datos porque se grafican colores de acuerdo a la intensidad del valor:

```r
library(gplots)
library(RColorBrewer)
heatmap.2(as.matrix(brand.mean),
col=brewer.pal(9, "GnBu") , trace="none" , key=FALSE , dend="none",
main="\n\n\n\n\nAtributos de la marca")
```



Las marcas *f* y *g* son similares, con altas calificaciones para *recompra* y *valor*, pero bajas calificaciones para *lo último* y *divertido*. Otros grupos de marcas similares son *b/c*, *i/h/d*, y *a/j*.

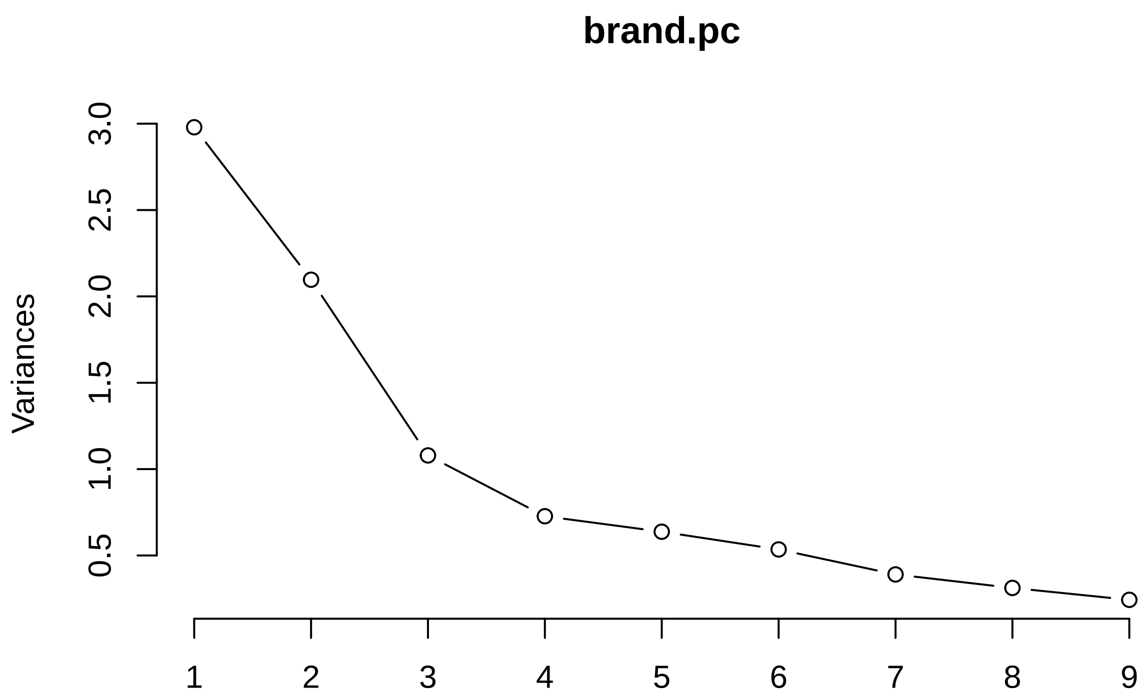
Análisis de componentes principales y mapas perceptuales

```
brand.pc <- prcomp(brand.sc [ , 1:9])
summary(brand.pc)
```

```
## Importance of components:
##                          PC1    PC2    PC3    PC4     PC5     PC6     PC7
## Standard deviation     1.726 1.4479 1.0389 0.8528 0.79846 0.73133 0.62458
## Proportion of Variance 0.331 0.2329 0.1199 0.0808 0.07084 0.05943 0.04334
## Cumulative Proportion  0.331 0.5640 0.6839 0.7647 0.83554 0.89497 0.93831
##                            PC8     PC9
## Standard deviation     0.55861 0.49310
## Proportion of Variance 0.03467 0.02702
## Cumulative Proportion  0.97298 1.00000
```

Un gráfico **scree** de una solución de PCA muestra la variación sucesiva contabilizada por cada componente. Para los datos de calificación de marca, la proporción se nivela en gran medida después del tercer componente:

```
plot(brand.pc , type="l")
```



Un **biplot** de un intento inicial de análisis de componentes principales para calificaciones de marcas de consumo: Aunque vemos agrupaciones de adjetivos en las flechas de los *loadings* en rojo, y obtenemos una idea de las áreas donde las clasificaciones se agrupan (como áreas densas de puntos de observación), el gráfico sería más útil si los datos se agregaran primero por marca

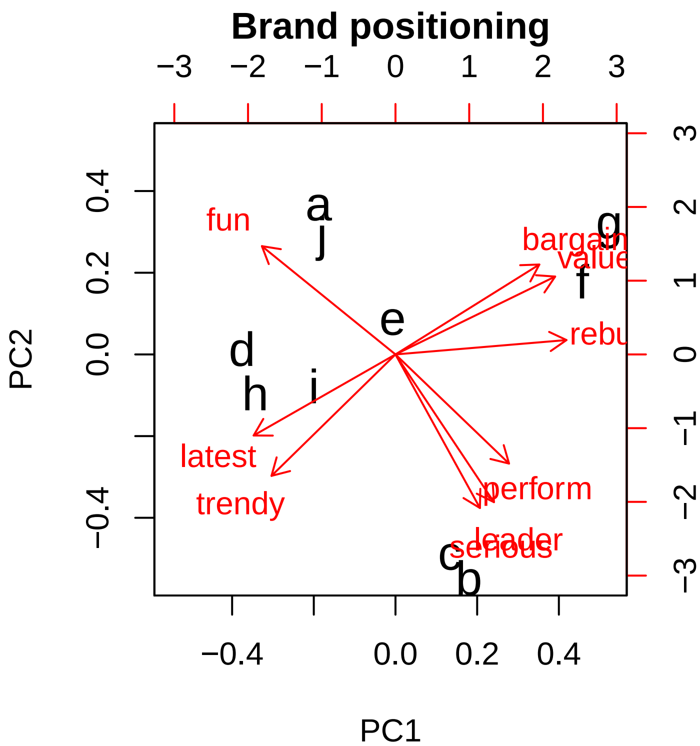
```
brand.mu.pc <- prcomp(brand.mean , scale=TRUE)
summary(brand.mu.pc)
```

```
## Importance of components:
##                           PC1    PC2    PC3     PC4     PC5     PC6
## Standard deviation     2.1345 1.7349 0.7690 0.61498 0.50983 0.36662
## Proportion of Variance 0.5062 0.3345 0.0657 0.04202 0.02888 0.01493
## Cumulative Proportion  0.5062 0.8407 0.9064 0.94842 0.97730 0.99223
##                            PC7     PC8     PC9
## Standard deviation     0.21506 0.14588 0.04867
## Proportion of Variance 0.00514 0.00236 0.00026
## Cumulative Proportion  0.99737 0.99974 1.00000
```

Mapas perceptuales de las marcas

Un *biplot* de la solución PCA para las *calificaciones medias* da un mapa perceptual interpretable:

```
biplot(brand.mu.pc , main="Brand positioning" , cex=c(1.5 , 1))
```



Las posiciones variables en los componentes son consistentes con PCA en el conjunto completo de observaciones, y seguimos adelante para interpretar el gráfico.

¿Qué nos dice el mapa?

Primero, interpretamos los grupos de adjetivos y las relaciones, y vemos cuatro áreas con conjuntos bien diferenciados de adjetivos y marcas que se encuentran cerca.

Las marcas *f* y *g* son altas en *valor*, por ejemplo, mientras que *a* y *j* son relativamente altas en *diversión*, que es opuesta en dirección a los adjetivos de liderazgo (*líder* y *serio*).

Con este mapa, uno podría *formular preguntas* y luego consultar los *datos subyacentes* para responderlas.

Por ejemplo, suponga que usted es el gerente de la marca *e*. ¿Qué te dice el mapa? Por un lado, su marca está en el centro y, por lo tanto, *parece no estar bien diferenciada en ninguna de las dimensiones*. Eso podría ser bueno o malo, dependiendo de sus objetivos estratégicos.

Si su objetivo es ser una marca segura que atraiga a muchos consumidores, entonces podría ser deseable una posición relativamente indiferenciada como *e*. Por otro lado, si desea que su marca tenga una percepción fuerte y diferenciada, este hallazgo no sería deseado (pero es importante saberlo).

¿Qué debe hacer con respecto a la posición de su marca *e*?

Nuevamente, depende de los objetivos estratégicos. *Si desea aumentar la diferenciación*, una posibilidad sería tomar medidas para cambiar su marca en alguna dirección en el mapa. Supongamos que *desea moverse en la dirección de la marca c*. Puede observar las diferencias específicas de *c* en los datos:

```
brand.mean["c", ] - brand.mean["e", ]
```

```
##    perform    leader     latest       fun   serious    bargain      value
## c 1.214314 0.9699315 -0.5587936 -1.140567 1.180621 -1.158594 -0.8588416
##      trendy      rebuy
## c -0.113052 -0.1689859
```

Esto muestra que *e* es **relativamente más fuerte** que *c* en *value* y *fun*, lo que sugiere reducir los mensajes u otros atributos que los refuercen (suponiendo, por supuesto, que realmente desea avanzar en la dirección de *c*). Del mismo modo, *c* es más fuerte en *perform* y *serious*, por lo que podrían ser aspectos del producto o mensaje para que e se fortalezca.

Otra opción sería no seguir a otra marca, sino *apuntar a un espacio diferenciado donde ninguna marca esté posicionada.* En el biplot hay una gran brecha entre el grupo *b* y *c* en la parte inferior del gráfico, frente a *f* y *g* en la parte superior derecha. Esta área podría describirse como el área de *value leader* o similar.

¿Cómo descubrimos cómo posicionarnos allí? Supongamos que la brecha refleja aproximadamente el promedio de esas cuatro marcas. Podemos encontrar ese promedio en las filas de las marcas, y luego tomar la diferencia de *e* de ese promedio:

```
colMeans(brand.mean[c("b", "c", "f", "g") , ]) - brand.mean["e" , ]
```

```
##    perform    leader     latest        fun   serious    bargain      value
## e 1.174513 0.3910396 -0.9372789 -0.9337707 0.5732131 -0.2502787 0.07921355
##       trendy     rebuy
## e -0.4695304 0.6690661
```

Esto sugiere que la marca *e* podría apuntar a la brecha al aumentar su énfasis en el rendimiento (performance) al tiempo que reduce el énfasis en *latest* y *fun.*

Precauciones

1. Se debe elegir el nivel y el tipo de agregación cuidadosamente.
2. Las relaciones son *estrictamente relativas a la categoría del producto* y las marcas y adjetivos que se prueban. En una categoría de producto diferente, o con diferentes marcas, los adjetivos como *fun* y *lider* podrían tener una relación muy diferente. A veces, simplemente *agregar o soltar una marca puede cambiar el mapa resultante significativamente porque las posiciones son relativas.* En otras palabras, *si una nueva marca ingresa al mercado (o el análisis de uno), las otras posiciones pueden cambiar sustancialmente.* También hay que confiar en que se han evaluado todas las percepciones clave (adjetivos, en este ejemplo).

Análisis Factorial

Introducción

Esta presentación se realiza en el marco del ramo de Métodos Estadísticos II. Constituye la primera de dos presentaciones que se realizan durante el segundo semestre 2015. El presente trabajo es realizado en relación al Análisis Factorial.

El Análisis Factorial (AF) es una método multivariante de reducción de dimensionalidad. Tiene por objetivo expresar p variables observables como una combinación lineal de m variables lantentes, denominadas *factores.* El Análisis Factorial está dividido en dos: el AF exporatorio (AFE), y el AF confirmatorio (AFC). El primer caso se usa cuando el investigador no tiene ninguna hipótesis previa en cuanto a la relación que guarda las variables observadas con los fatores latentes. El segundo enfoque se utiliza cuando el investigador desea probar que un factor específico provee un ajuste adecuado para las correlaciones entre las variables observadas (**???**).

La distinción entre exploratorio y confirmatorio fue tomado de la distinción hecha por Tuckey en sus análisis de datos (**???**). El AFE fue introducido por Spearman en 1904, sin embargo fue solo el inicio ya él solo introdujo el modelo de un factor.

El AF obtiene e interpreta los factores comunes a partir de la matriz de correlaciones:

$$
\mathbf{R} = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} & \cdots & r_{1p} \\ r_{21} & 1 & \dots & r_{2p} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{p1} & r_{p2} & \cdots & 1 \end{pmatrix}
$$

En los posterior nos referimos al AFE como AF.

Análisis Factorial Exploratorio

Modelo Unifactorial

Sean $X_1, \dots, X_p$ variables observables. Este modelo asume un único factor F que recoge la covariabilidad de todas las variables, y p factores únicos $U_1, \dots, U_p$, uno para cada variable:

(1)

$$
X_i = \alpha_i F + d_i U_i, \quad i = 1, \dots, p
$$

Supuestos:

- Variables y factores están estandarizados.
- Los $p+1$ factores están incorrelacionados

Donde α_i es la saturación (*loadings*) de la variable X_i en el factor F. A partir de (1) se tiene que

$$
\alpha_i^2 + d_i^2 = 1 cor(X_i, F) = \alpha_i cor(X_i, X_j) = \alpha_i \alpha_j, \quad i \neq j
$$

Entonces α_i es el coeficiente de correlación entre X_i y el factor común. Además, α_i^2 tiene el nombre de *comunalidad*, denotada por h_i^2, es la proporción de la variabilidad que se explica por F y la correlación entre X_i, X_j sólo depende de las saturaciones α_i, α_j

Modelo Multifactorial

####El modelo

En este caso las $X_1, \dots, X_p$ variables observadas dependen de m factores comunes (variables latentes) $F_1, \dots, F_p$ y p factores únicos $U_1, \dots, U_p$:

(2)

$$
\begin{aligned}
X_1 = &\quad \alpha_{11} F_1 + \cdots + \alpha_{1m} Fm + d_1 U_1 \\
X_2 = &\quad \alpha_{21} F_1 + \cdots + \alpha_{2m} Fm + d_2 U_2 \\
\cdots = &\quad \cdots\cdots \\
X_p = &\quad \alpha_{p1} F_1 + \cdots + \alpha_{pm} Fm + d_p U_p
\end{aligned}
$$

Supuestos:

1. Los factores comunes y los factores únicos están incorrelacionados

$$
\begin{aligned}
cor(F_i; F_j) = &\quad 0, \quad i \neq j = 1, \dots, m, \\
cor(U_i; U_j) = &\quad 0, \quad i \neq j = 1, \dots, p.
\end{aligned}
$$

2. Los factores comunes están incorrelacionados con los factores únicos

$$
cor(F_i; U_j) = \quad 0, \quad i = 1, \dots, m, j = 1, \dots, p.
$$

3. Tanto los factores comunes como los factores únicos son variables re- ducidas (media 0 y varianza 1).

La matriz factorial

Los elementos α_{ij} de la matriz $\mathbf{A_{p\times m}}$ son las *saturaciones* de cada variable X_i y el factor F_j:

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} \alpha_{11} & \cdots & \alpha_{1m} \\ \alpha_{21} & \dots & \alpha_{2m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha_{p1} & \cdots & \alpha_{pm} \end{pmatrix}$$

El modelo factorial en forma matricial es:

$$\mathbf{X} = \mathbf{AF} + \mathbf{DU},$$

donde

- $\mathbf{D} = diag(d_1, \dots, d_p)$ es la matriz diagonal con las saturaciones entre variables y factores únicos.
- $\mathbf{X} = (X_1, \dots, X_p)'$
- $\mathbf{F} = (F_1, \dots, F_m)'$
- $\mathbf{U} = (U_1, \dots, U_p)'$

El AF tiene como principal objetivo encontrar e interpretar la matriz factorial $\mathbf{A}$.

Comunalidades

En el modelo AF se tiene que (**???**):

$$Var(X_i) = \alpha_{i1}^2 + \cdots + \alpha_{i2}^2 + d_i^2$$

de donde α_{ij}^2 es la parte de la variabilidad de X_i debida al factor F_j. d_i^2 es la parte de la variabilidad explicada exclusivamente por U_i.

Se le llama *comunalidad* de la variable X_i a:

$$h_i^2 = \alpha_{i1}^2 + \cdots + \alpha_{ip}^2$$

Asimismo, el término d_i^2 es la *unicidad*. Luego,

$$\textit{variabilidad} = \textit{comunalidad} + \textit{unicidad}$$

La comunalidad es la parte de la varibilidad explicada por los factores comunes.

Finalmente, se le llama matriz de correlaciones reducida a la matriz de correlaciones una vez que se sustituye las comunalidades en su diagonal:

$$\mathbf{R}^* = \begin{pmatrix} h_1^2 & r_{12} & \cdots & r_{1p} \\ r_{21} & h_2^2 & \dots & r_{2p} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{p1} & r_{p2} & \cdots & h_p^2 \end{pmatrix}$$

Se verifica entonces que:

(3)

$$\mathbf{R} = \mathbf{R}^* + \mathbf{D}^2$$

Estimación de la matriz factorial

Método del factor principal

El objetivo es estimar la matriz factorial de modo que los factores expliquen la máxima varianza y sean incorrelacionados entre ellos.

Si $\mathbf{R}^* = \mathbf{U\Lambda U}'$ es la descomposición espectral de $\mathbf{R}^*$; entonces la solución del factor principal es

$$\mathbf{A} = \mathbf{U\Lambda^{1/2}}$$

Una vez fijado el número m de factores, el algoritmo iterativo para obtener la matriz factorial es:

- Paso 0: $\mathbf{R} = \mathbf{U\Lambda U'}$ (p vectores propios de $\mathbf{R}$).
- Paso 1:

$$\begin{cases} \mathbf{A_1} = \mathbf{U}_m^{(1)}(\mathbf{\Lambda}_m)^{1/2} & (m \text{ primeros vectores propios}) \\ \mathbf{R_1} = diag(\mathbf{A_1A_1'}) + \mathbf{R} - \mathbf{I} & (\text{matriz correlaciones reducida}) \\ \mathbf{R_1} = \mathbf{U}^{(1)}\mathbf{\Lambda}^{(1)}\mathbf{U}^{(1)'} & (\text{p vectores propios de } \mathbf{R_1}) \end{cases}$$

- Paso i

$$\begin{cases} \mathbf{A_i} = \mathbf{U}_m^{(i)}(\mathbf{\Lambda}_m^{(i)})^{1/2} & \\ \mathbf{R_i} = diag(\mathbf{A_iA_i'}) + \mathbf{R} - \mathbf{I} & (\text{repetir iterativamente}) \\ \mathbf{R_i} = \mathbf{U}^{(i)}\mathbf{\Lambda}^{(i)}\mathbf{U}^{(i)'} & \end{cases}$$

La matriz $\mathbf{A}_i$ converge a la matriz factorial $\mathbf{A}$.

Ejemplo en R

La tabla de notas contiene calificaciones de 20 estudiantes en diferentes ramos: Ciencias Naturales (CNa), Matemáticas (Mat), Francés (Fra), Latín (Lat), Literatura (Lit).

```
Notas
```

```
##       CNa Mat Fra Lat Lit
##  [1,]   7   7   5   5   6
##  [2,]   5   5   6   6   5
##  [3,]   5   6   5   7   5
##  [4,]   6   8   5   6   6
##  [5,]   7   6   6   7   6
##  [6,]   4   4   6   7   6
##  [7,]   5   5   5   5   6
##  [8,]   5   6   5   5   5
##  [9,]   6   5   7   6   6
## [10,]   6   5   6   6   6
## [11,]   6   7   5   6   5
## [12,]   5   5   4   5   4
## [13,]   6   6   6   6   5
## [14,]   8   7   8   8   8
## [15,]   6   7   5   6   6
## [16,]   4   3   4   4   4
## [17,]   6   4   7   8   7
## [18,]   6   6   7   7   7
```

```
## [19,]   6   5   4   4   4
## [20,]   7   7   6   7   6
```

A continuación se aplican los pasos del algoritmo iterativo en R. Se asume que se desea extraer 2 factores:

```
# Paso 0
m <- 2
Z <- cor(Notas)
R = eigen(Z) # (p vectores propios de R)

# Paso 1
# (m primeros vectores propios)
A1 = R$vectors[, 1:m]%*%sqrt(diag(R$values[1:m]))
# (matriz correlaciones reducida)
R1 = diag(diag(A1%*%t(A1))) + Z - diag(dim(Z)[1])
# (p vectores propios de R1)
R1 = eigen(R1)
Ri <- R1

# Paso i
# i <- 1
for (i in 1:20)
{
  Ai = Ri$vectors[, 1:m]%*%sqrt(diag(Ri$values[1:m]))
  Ri = diag(diag(Ai%*%t(Ai))) + Z - diag(dim(Z)[1])
  Ri = eigen(Ri)
}
```

Asimismo, se usa una función implementada en la librería `psych` para realizar AF:

```
library(psych)
mod1 <- factor.pa(cor(Notas),rotate="none",nfactors = 2,fm="pa")
```

Finalmente, se comparan los resultados obtenidos:

- Valores propios de los factores

```
Ri$values
```

```
## [1]  2.97079743  1.03158170  0.06091878  0.01341729 -0.07571943
```

```
mod1$values
```

```
## [1] 2.970780e+00 1.027559e+00 6.133076e-02 1.298371e-02 2.220446e-16
```

- Comunalidades

```
diag(Ai%*%t(Ai))
```

```
## [1] 0.6410135 0.8803149 0.9611618 0.6933440 0.8251615
```

```
mod1$communality
```

```
##  CNa  Mat  Fra  Lat  Lit
## 0.64 0.88 0.96 0.69 0.82
```

- Loadings

```
Ai
```

```
##            [,1]      [,2]
## [1,] -0.6974571  0.3931501
```

```
## [2,] -0.4848866  0.8032434
## [3,] -0.8959732 -0.3979871
## [4,] -0.7997993 -0.2316573
## [5,] -0.8982017 -0.1356290
```

```r
mod1$loadings
```

```
##
## Loadings:
##     PA1    PA2
## CNa  0.698  0.395
## Mat  0.484  0.801
## Fra  0.896 -0.398
## Lat  0.800 -0.231
## Lit  0.898 -0.135
##
##                  PA1   PA2
## SS loadings    2.971 1.028
## Proportion Var 0.594 0.206
## Cumulative Var 0.594 0.800
```

```r
Ri$values # Valores propios de los factores
```

```
## [1]  2.97079743  1.03158170  0.06091878  0.01341729 -0.07571943
```

```r
diag(Ai%*%t(Ai)) # Comunalidades
```

```
## [1] 0.6410135 0.8803149 0.9611618 0.6933440 0.8251615
```

```r
Ai # Loadings
```

```
##            [,1]       [,2]
## [1,] -0.6974571  0.3931501
## [2,] -0.4848866  0.8032434
## [3,] -0.8959732 -0.3979871
## [4,] -0.7997993 -0.2316573
## [5,] -0.8982017 -0.1356290
```

Se puede apreciar que, a pesar de ligeros cambios debido a la precisión de la máqina, todos los valores coinciden.

Método de la máxima verosimilitud

Este método se puede apreciar como un problema de estimación de la matriz de covarianzas $\mathbf{\Sigma}$, donde $\mathbf{\Sigma}$ se descompone [**?**]:

$$\mathbf{\Sigma} = \mathbf{A}\mathbf{A}' + V$$

Donde $\mathbf{V} = \mathbf{D}^2$ ((3)). Se asumen que las n observaciones de las p variables provienen de una distribución normal con $\mu = \mathbf{0}$, el logaritmo de la función de verosimilitud es:

$$logL(\mathbf{X}, \mu, \mathbf{\Sigma}) = \frac{n}{2}\{log|2\pi\Sigma| - tr(\mathbf{\Sigma}^{-1}\mathbf{S})\}$$

Cambiando de signo y modificando constantes, se trata de estimar $\mathbf{A}$ y $\mathbf{V}$ tal que

$$F_p(\mathbf{A}, \mathbf{V}) = log|\mathbf{\Sigma}| + tr(\mathbf{\Sigma}^{-1}\mathbf{S}) - log|\mathbf{S}| - p$$

sea mínimo, donde $\mathbf{S}$ es la matriz de covarianzas muestrales. Se obtienen las derivadas parciales despecto a $\mathbf{A}$ y $\mathbf{V}$:

$$\frac{\partial F_p}{\partial \mathbf{A}} = 2\mathbf{\Sigma}^{-1}(\mathbf{\Sigma} - \mathbf{S})\mathbf{\Sigma}^{-1}\mathbf{A}, \frac{\partial F_p}{\partial \mathbf{V}} = diag(\mathbf{\Sigma}^{-1}(\mathbf{\Sigma} - \mathbf{S})\mathbf{\Sigma}^{-1}).$$

Las ecuaciones a resolver para obtener los estimadores de $\mathbf{A}$ y $\mathbf{V}$ son:

(4)

$$\mathbf{\Sigma}^{-1}(\mathbf{\Sigma} - \mathbf{S})\mathbf{\Sigma}^{-1}\mathbf{A} = \mathbf{0}, \qquad diag(\mathbf{\Sigma}^{-1}(\mathbf{\Sigma} - \mathbf{S})\mathbf{\Sigma}^{-1}) = \mathbf{0}$$

Sujeto a:

$$\mathbf{\Sigma} = \mathbf{A}\mathbf{A}' + V, \qquad \mathbf{A}'\mathbf{V}^{\mathbf{-1}}\mathbf{A} \quad es \quad diagonal$$

En resumen, se trata de encontrar el espacio de los factores comunes. Las ecuaciones en (4) no tienen solución explícita, se usa entonces un método iterativo.

Rotaciones de factores

Obtener la matriz factorial es el primer paso del AF. El objetivo práctico es poder hacer alguna interpretación de los factores obtenidos. En gerenal, la matriz obtenida de manera directa no ofrece dicha interpretabilidad. Esto debido a que los factores suelen estar corelacionados con casi todas las variables. Es por esta razón que se realiza la *rotación factorial*, para poder interpretar los factores. Este es un procedimiento en el que, a partir de la matriz factorial, se obtiene la *matriz factorial rotada*, de más facil lectura.

Así como existen diferentes modos de extracción de los factores, también los hay para realizar la rotación. En todos estos métodos las comunalidades y porcentaje de varianza explicada no cambia, solo cambia el porcentaje de varianza atribuido a cada uno de los factores. Se listan a continuación los más utilizados:

- *Método varimax.* Método de rotación ortogonal que minimiza el número de variables que tienen saturaciones altas en cada factor. Simplifica la interpretación de los factores.
- *Criterio Oblimin directo.* Método para la rotación oblicua (no ortogonal). Si delta es igual a cero (el valor por defecto) las soluciones son las más oblicuas. A medida que delta se va haciendo más negativo, los factores son menos oblicuos. Para anular el valor por defecto 0 para delta, introduzca un número menor o igual que 0,8.
- *Método quartimax.* Método de rotación que minimiza el número de factores necesarios para explicar cada variable. Simplifica la interpretación de las variables observadas.
- *Método equamax.* Método de rotación que es combinación del método varimax, que simplifica los factores, y el método quartimax, que simplifica las variables. Se minimiza tanto el número de variables que saturan alto en un factor como el número de factores necesarios para explicar una variable.
- *Rotación Promax.* Rotación oblicua que permite que los factores estén correlacionados. Esta rotación se puede calcular más rápidamente que una rotación oblimin directa, por lo que es útil para conjuntos de datos grandes.

El método más usado es *varimax*.

Interpretación de los factores

Para la interpretación de factores, se citan las sugerencias de Bisquerra (**???**):

1. Estudiar la composición de las saturaciones factoriales significativas de cada factor (considerando tanto sus valores positivos como negativos). Para estudiar estas saturaciones factoriales, y a efectos prácticos recomienda: (1) la representación gráfica de los ejes factoriales (las variables saturadas de un factor

aparecerán agrupadas); (2) ordenar las variables en función del peso de los factores, de tal manera que en la matriz factorial rotada aparezcan agrupadas las variables con ponderaciones altas para el mismo factor; y (3), eliminar las saturaciones bajas ocupando sus espacios con espacios blancos.

2. En aquellos casos en el que los factores incluyen variables, en principio, poco significativas respecto al conjunto de las que sintetizaba, se puede incluir el análisis de la representatividad de la variable en cuestión en el conjunto de la estructura factorial, esto es, se considerará su comunalidad.
3. Intentar dar un nombre a los factores. Éste debe adecuarse a la estructura de las saturaciones, esto es, conociendo su contenido. Indudablemente en esta última fase juega un importante papel el marco teórico en el que debe apoyarse toda investigación.

AF: Un ejemplo en R

Máxima Verosimilitud

La función `fractanal` realiza AF usando el método de máxima verosimilitud. En este ejemplo se extrae 2 factores:

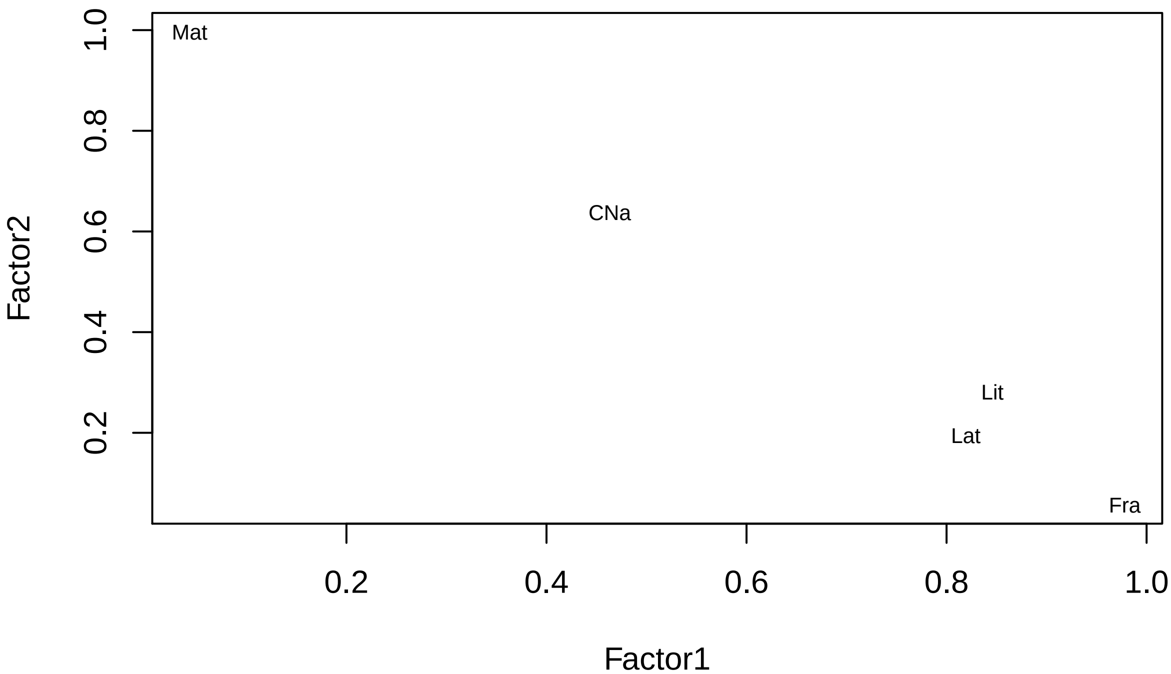
```r
rownames(Notas) <- LETTERS[1:nrow(Notas)]
names(Notas) <- c("CNa","Mat","Fra","Lat","Lit")
```

```r
# Análisis Factorial con Máxima Verosimilitud
# entra los datos y se extrae 3 factores,
# se usa la rotación VARIMAX
fit <- factanal(Notas, 2, rotation="varimax")
print(fit, digits=2, cutoff=.3, sort=TRUE)
```

```
##
## Call:
## factanal(x = Notas, factors = 2, rotation = "varimax")
##
## Uniquenesses:
##  CNa  Mat  Fra  Lat  Lit
## 0.38 0.00 0.04 0.29 0.21
##
## Loadings:
##     Factor1 Factor2
## Fra 0.98
## Lat 0.82
## Lit 0.85
## CNa 0.46    0.64
## Mat         1.00
##
##                Factor1 Factor2
## SS loadings       2.56    1.52
## Proportion Var    0.51    0.30
## Cumulative Var    0.51    0.82
##
## Test of the hypothesis that 2 factors are sufficient.
## The chi square statistic is 1.23 on 1 degree of freedom.
## The p-value is 0.268
```

```r
# gráfico de factor1 vs factor2
load <- fit$loadings[,1:2]
plot(load,type="n") # Gráfico de los factores
```

```
text(load,labels=names(Notas),cex=.7) # Agrego los nombres de variables
```



La opción `rotation` incluye `"varimax"`, `"promax"`, `"none"`. Se agrega la opción `scores="regression"` o `"Barlett"` para generar los factores. Se usa la opción `covmat` para ingresar la matriz de correlación o covarianza directamente.

Método del factor principal

En la sección se realizó una primera aproximación de este método. Se abroda un par de detalles más en este ejemplo. La función `factor.pa` en el paquete `psych` incluye varias opciones de estimación de la matriz factorial, entre ellas, el método del factor principal.

```
# Método del factor principal
library(psych)
fit <- factor.pa(Notas, nfactors=2, rotate="varimax")
fit # Imprimo los resultados
```

```
## Factor Analysis using method =  pa
## Call: factor.pa(r = Notas, nfactors = 2, rotate = "varimax")
## Unstandardized loadings (pattern matrix) based upon covariance matrix
##      PA1  PA2   h2   u2   H2   U2
## CNa 0.42 0.68 0.64 0.36 0.64 0.36
## Mat 0.04 0.93 0.88 0.12 0.88 0.12
## Fra 0.98 0.08 0.96 0.04 0.96 0.04
## Lat 0.81 0.18 0.69 0.31 0.69 0.31
## Lit 0.85 0.31 0.82 0.18 0.82 0.18
##
##                        PA1  PA2
## SS loadings           2.53 1.47
## Proportion Var        0.50 0.29
## Cumulative Var        0.50 0.80
## Proportion Explained  0.63 0.37
## Cumulative Proportion 0.63 1.00
```

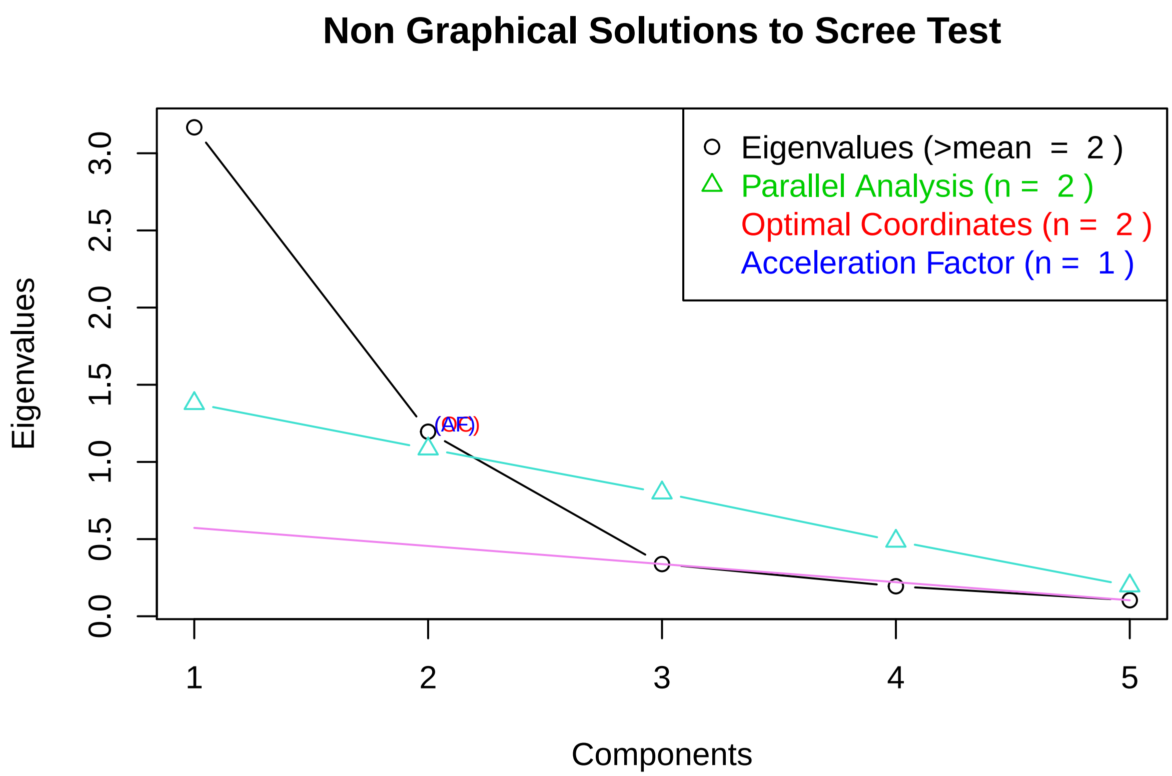
```
##
##  Standardized loadings (pattern matrix)
##     item  PA1  PA2   h2   u2
## CNa    1 0.42 0.68 0.64 0.36
## Mat    2 0.04 0.94 0.88 0.12
## Fra    3 0.98 0.08 0.96 0.04
## Lat    4 0.81 0.18 0.69 0.31
## Lit    5 0.85 0.31 0.82 0.18
##
##                  PA1  PA2
## SS loadings     2.52 1.47
## Proportion Var  0.50 0.29
## Cumulative Var  0.50 0.80
## Cum. factor Var 0.63 1.00
##
## Mean item complexity =  1.2
## Test of the hypothesis that 2 factors are sufficient.
##
## The degrees of freedom for the null model are  10  and the objective function was  3.66 with Chi Squa
## The degrees of freedom for the model are 1  and the objective function was  0.11
##
## The root mean square of the residuals (RMSR) is  0.02
## The df corrected root mean square of the residuals is  0.07
##
## The harmonic number of observations is  20 with the empirical chi square  0.19  with prob <  0.66
## The total number of observations was  20  with Likelihood Chi Square =  1.62  with prob <  0.2
##
## Tucker Lewis Index of factoring reliability =  0.863
## RMSEA index =  0.233  and the 90 % confidence intervals are  0 0.67
## BIC =  -1.37
## Fit based upon off diagonal values = 1
## Measures of factor score adequacy
##                                                   PA1  PA2
## Correlation of (regression) scores with factors   0.98 0.94
## Multiple R square of scores with factors          0.97 0.89
## Minimum correlation of possible factor scores     0.94 0.78
```

Los datos de entrada puede ser la matriz de datos original o la matriz de covarianza/correlación. Las rotaciones pueden ser todas las mecionadas en esta sección, entre otras.

Determinar el número de factores

Una decisión crucial en el AF es determinar el número de factores a extraerse. El paquete 'nFactors ofrece un conjunto de rutinas para direccionar esta decisión. Desde luego, cualquier solución factorial debe ser interpretable para ser de utilidad.

```r
# Determinar el # de factores a extraer
library(nFactors)
ev <- eigen(cor(Notas)) # obtiene los eigenvalues
ap <- parallel(subject=nrow(Notas),var=ncol(Notas),
  rep=100,cent=.05)
nS <- nScree(x=ev$values, aparallel=ap$eigen$qevpea)
plotnScree(nS)
```

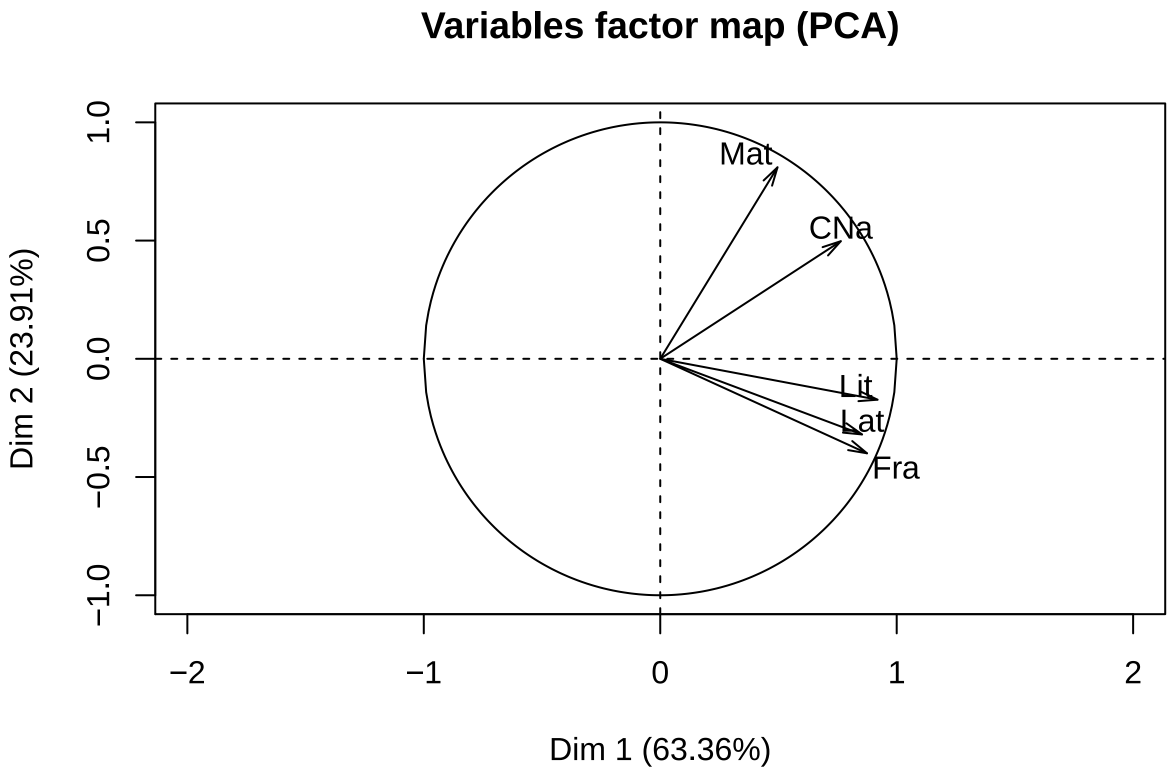


En este caso, se sugiere que el número de factores sea 2.

####Más recursos en R

El paquete `FactoMineR` ofrece un gran número de funciones para AF. Incluye el uso de variables cualitativas y cuantitativas. Aquí un ejemplo de los tipos de gráficos que se puede crear con este paquete:

```
# PCA Variable Factor Map
library(FactoMineR)
result <- PCA(Notas,graph=FALSE)
plot(result,choix="var")
```



Finalmente, el paquete `GPARotation` ofrece un gran número de opciones de rotación.

Referencias

Mardia, Kanti, J. Kent, and J. Bibby. 1979. *Multivariate Analysis*. First. New York: Academic Press.

Schumacker, Randall E. 2015. *Using R with Multivariate Statistics*. Sage Publications.