Diagnosis

Alejandro Keymer

11/11/2019

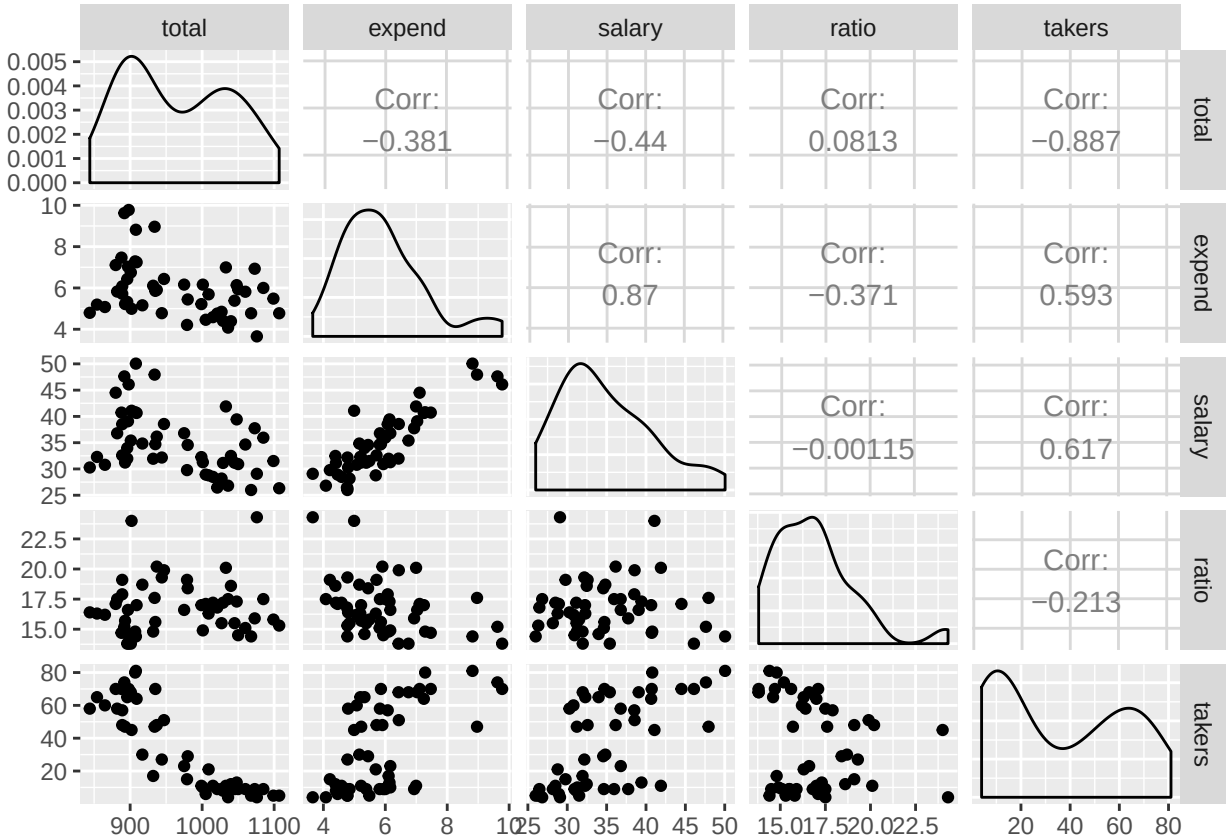
Ejercicios del libro de Faraway

1. (Ejercicio 1 cap. 6 pág. 97)

Using the `sat` dataset, fit a model with the total SAT score as the response and `expend`, `salary`, `ratio` and `takers` as predictors. Perform regression diagnostics on this model to answer the following questions. Display any plots that are relevant. Do not provide any plots about which you have nothing to say. Suggest possible improvements or corrections to the model where appropriate.

```
n <- dim(sat)[1]
p <- dim(sat)[2]
model <-
    lm(total ~ expend + salary + ratio + takers, data = sat)

sat %>%
    select(total, expend, salary, ratio, takers) %>%
    ggpairs(progress = F)
```



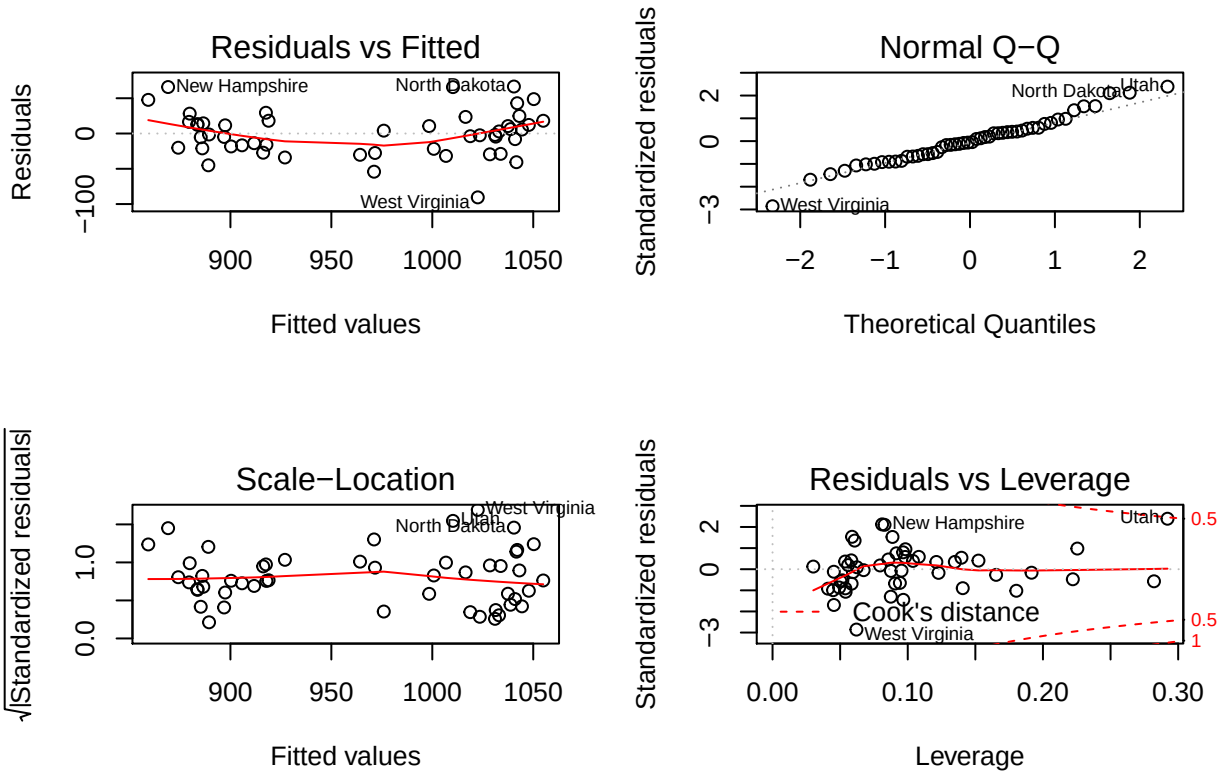


Figure 1: Gráficos Diagnósticos

Lo primero que hago es crear una matriz de dispersión para tener una idea de como se distribuyen las variables y la relación 2x2 que tienen entre si. Utilizo la librería `GGally` que tiene la función `ggpairs`.

(a) Check the constant variance assumption for the errors.

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

Para evaluar la homocedasticidad del error utilizo los gráficos de:

- residuales v/s valor ajustado
- residuales estandarisados v/s valor ajustado.

En este caso se observa cierta irregularidad en el gráfico $\hat{y} \times \hat{\epsilon}$ que podría traducir no-linearidad, aunque dentro de todo no se observa un patrón definido, ni tan anormal que haga pensar que el erro no sigue una homocedasticidad.

(b) Check the normality assumption.

```
shapiro.test(resid(model))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
```

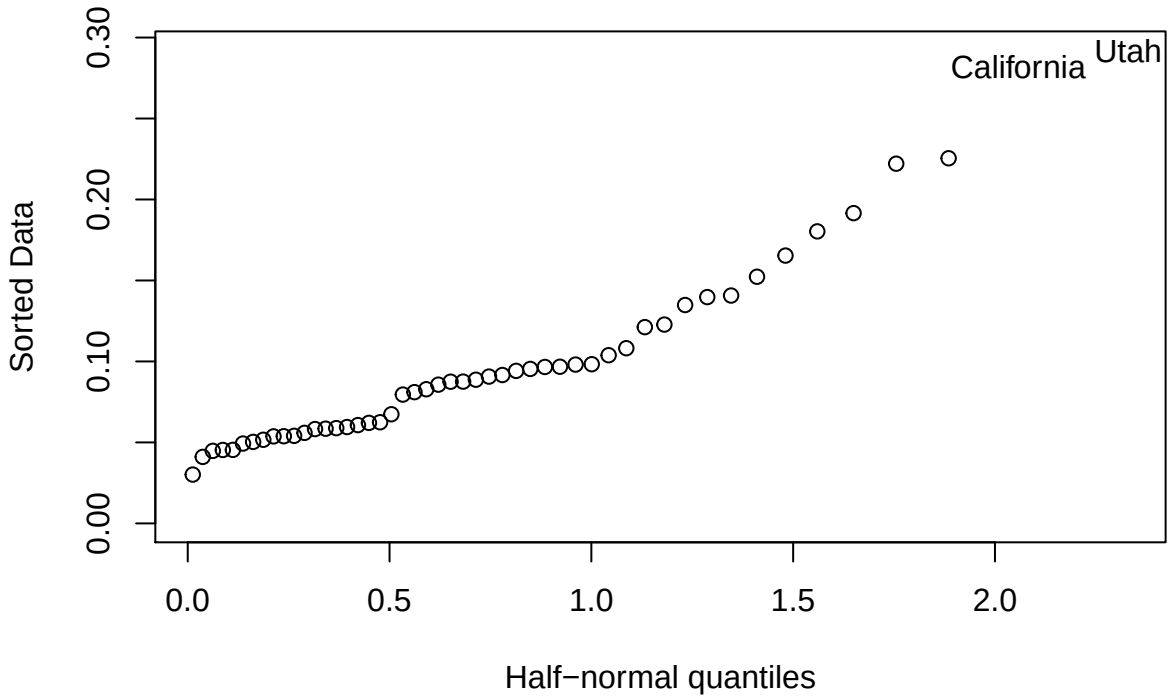
```
## data:  resid(model)
## W = 0.97691, p-value = 0.4304
```

Para evaluar la normalidad del error, utilizo el gráfico de Q-Q de los residuales. En este caso el modelo se acerca bastante a la linea recta, con algunos valores *raros* que se alejan, que corresponden a los con valores mas altos de residuales, y que habría que examinar mejor.

Por otra parte podemos utilizar el test de Shapiro-Wilk cuya H0 es que el error no difiere de la distribución normal. En este caso no hay evidencia para rechazar la H0

(c) Check for large leverage points.

```
halfnorm(hatvalues(model), labs = rownames(sat))
```




```
augment(model) %>%
    filter(.hat > 2*(p/n))
```

```
## # A tibble: 2 x 13
##   .rownames total expend salary ratio takers .fitted .se.fit .resid  .hat
##   <chr>     <int>  <dbl>  <dbl> <dbl>  <int>   <dbl>   <dbl>  <dbl> <dbl>
## 1 Californ~   902   4.99   41.1  24       45    918.    17.4  -15.8 0.282
## 2 Utah       1076   3.66   29.1  24.3      4   1010.    17.7   65.8 0.292
## # ... with 3 more variables: .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>
```

Para evaluar los valores extremos en el modelo, utilizamos dos gráficos.

- La gráfica de los valores ajustados versus los residuales estandarizados ($\hat{y} \times \sqrt{|\hat{\epsilon}|}$)
- Una gráfica de *media normal (halfnormal)* versus los residuales estandarizados. De esta manera se pueden identificar los valores mas extremos en X.

En este caso podemos ver que los valores para `California` y `Utah` cumplen con las características para valores extremos.

(d) Check for outliers.

```
(outliers <-
    augment(model) %>%
    mutate(.t.resid = rstudent(model)) %>%
    arrange(-abs(.t.resid)) %>%
    head(5))
```

```
## # A tibble: 5 x 14
##   .rownames total expend salary ratio takers .fitted .se.fit .resid   .hat
##   <chr>     <int>  <dbl>  <dbl> <dbl>  <int>   <dbl>   <dbl>  <dbl>  <dbl>
## 1 West Vir~   932   6.11   31.9  14.8     17   1023.    8.15  -90.5 0.0621
## 2 Utah       1076   3.66   29.1  24.3      4   1010.   17.7    65.8 0.292
## 3 North Da~  1107   4.78   26.3  15.3      5   1040.    9.31   66.6 0.0810
## 4 New Hamp~   935   5.86   34.7  15.6     70    869.    9.41   65.9 0.0828
## 5 Nevada      917   5.16   34.8  18.7     30    971.    6.97  -54.1 0.0454
## # ... with 4 more variables: .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>,
## #   .std.resid <dbl>, .t.resid <dbl>
```

```
abs(outliers$.t.resid) > abs(qt(.05/(n * 2), n - p))
```

```
## [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

Para valorar posibles *outliers* podemos utilizar la estrategia planteada en el libro de Faraway, y calcular los residuales *studentizados*. En este sentido los residuales cuyo valor superen un limite determinado por la corrección de Bonferroni, se podrían considerar posibles *outliers*.

En este caso el valor que mas puede ser un outlier es `West Virginia`, aunque el valor de `.t.resid` de `west virgina` no es mayor al valor limite de p corregido.

```
model_1 <-
    sat %>%
    rownames_to_column() %>%
    filter(rowname != "West Virginia") %>%
    lm(total ~ expend + salary + ratio + takers, data = .)


tidy(model)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
##   term        estimate std.error statistic  p.value
```

```
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>
## 1 (Intercept)  1046.      52.9      19.8   7.86e-24
## 2 expend          4.46    10.5       0.423 6.74e- 1
## 3 salary          1.64     2.39      0.686 4.96e- 1
## 4 ratio          -3.62     3.22     -1.13  2.66e- 1
## 5 takers         -2.90     0.231   -12.6   2.61e-16
```

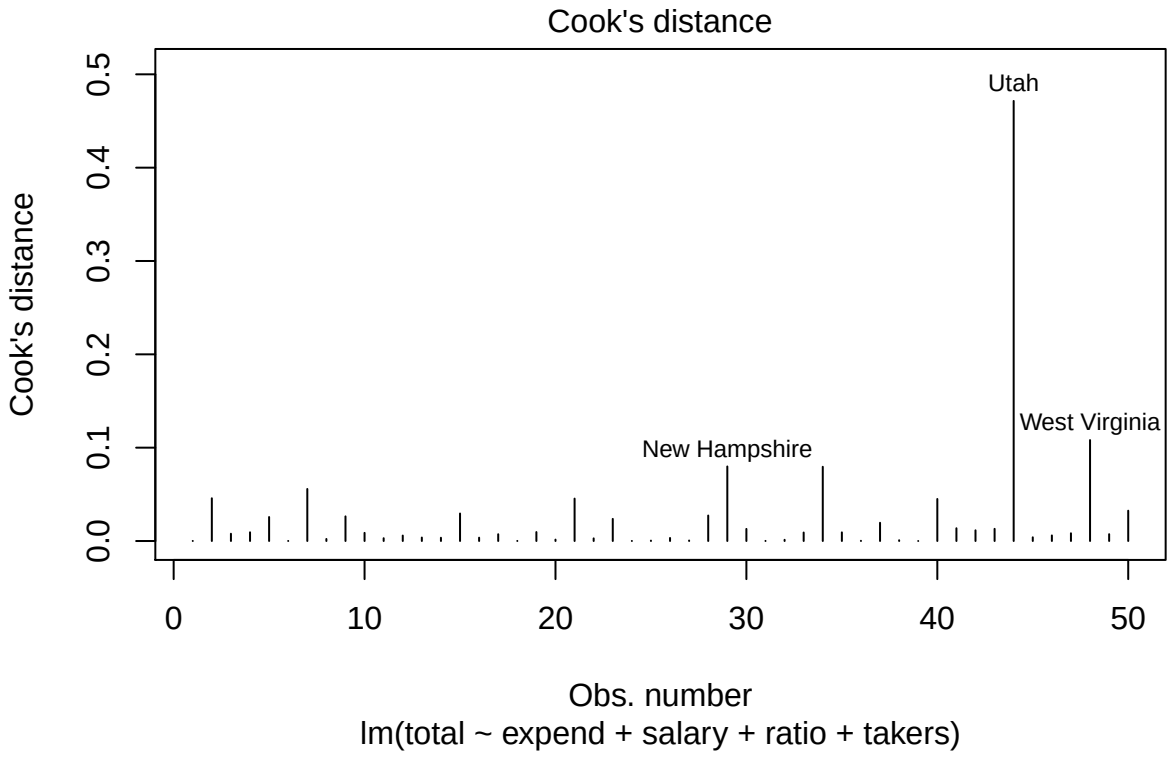
```
tidy(model_1)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
##   term        estimate std.error statistic  p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>
## 1 (Intercept)  1058.      48.5      21.8   3.26e-25
## 2 expend          7.36     9.69      0.759 4.52e- 1
## 3 salary          1.09     2.19      0.496 6.22e- 1
## 4 ratio          -3.94     2.94     -1.34  1.88e- 1
## 5 takers         -2.97     0.213   -14.0   8.68e-18
```

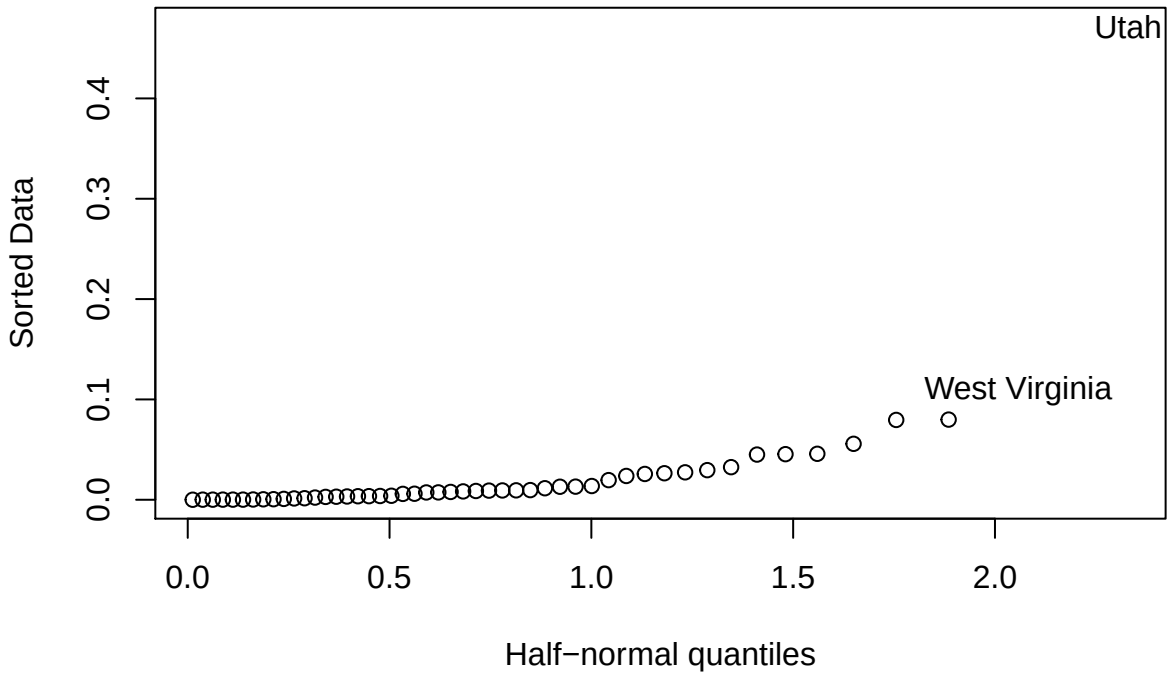
Como `West Virgina` es un valor extremo (esta lejos de la linea del 0 en el plot de $\hat{y} \times \sqrt{|\hat{\epsilon}|}$)

(e) Check for influential points.

```
plot(model, 4)
```



```
halfnorm(cooks.distance(model), labs = rownames(sat))
```




```
model_2 <-
    sat %>%
    rownames_to_column() %>%
    filter(rowname != "Utah") %>%
    lm(total ~ expend + salary + ratio + takers, data = .)


tidy(model)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
##   term        estimate std.error statistic  p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>
## 1 (Intercept)  1046.      52.9      19.8   7.86e-24
## 2 expend          4.46    10.5       0.423 6.74e- 1
## 3 salary          1.64     2.39      0.686 4.96e- 1
## 4 ratio          -3.62     3.22     -1.13  2.66e- 1
## 5 takers         -2.90     0.231   -12.6   2.61e-16
```

```
tidy(model_1)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
##   term        estimate std.error statistic  p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>
## 1 (Intercept)  1058.      48.5      21.8   3.26e-25
## 2 expend          7.36     9.69      0.759 4.52e- 1
## 3 salary          1.09     2.19      0.496 6.22e- 1
```

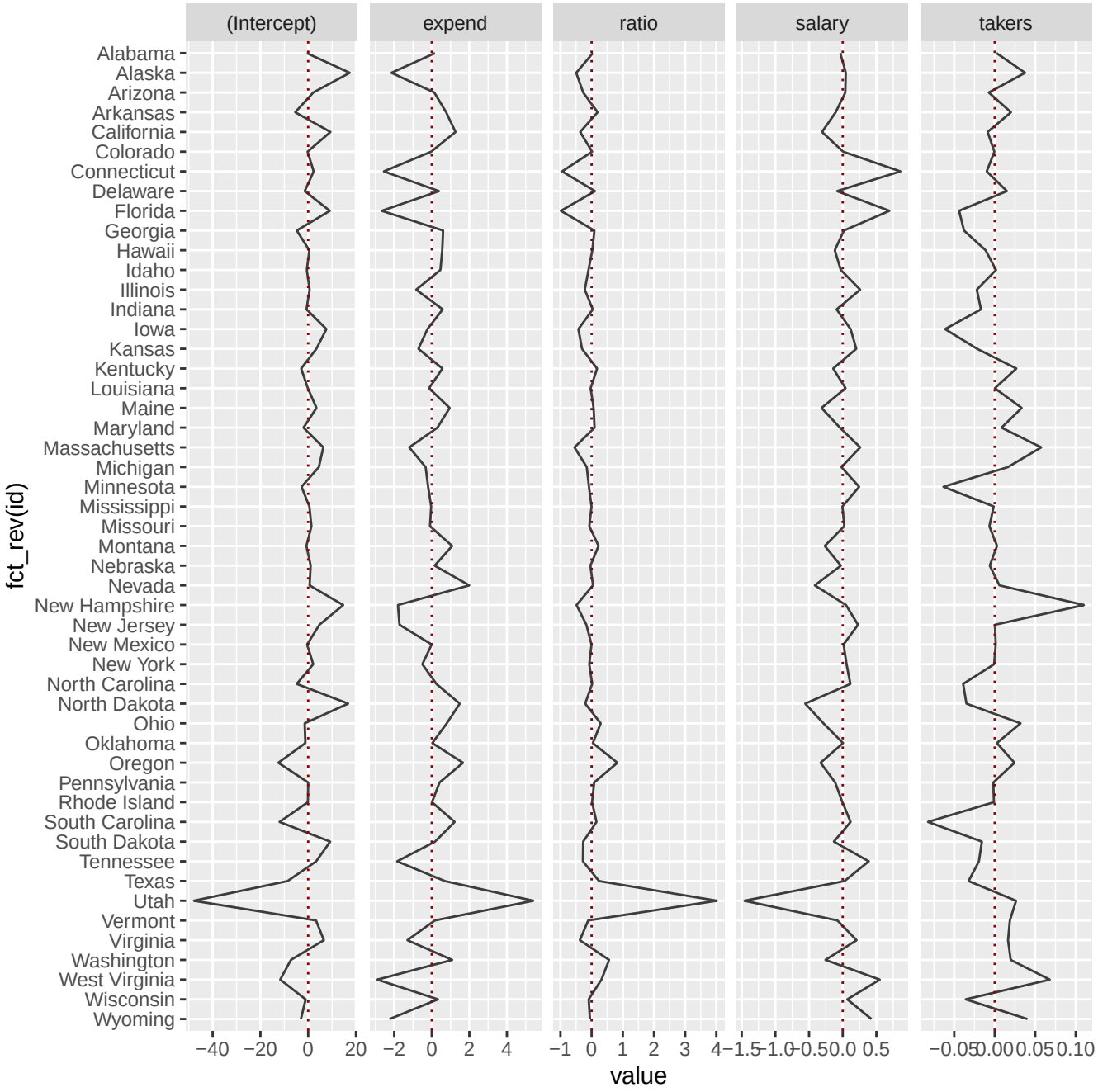
```
## 4 ratio          -3.94     2.94     -1.34  1.88e- 1
## 5 takers         -2.97     0.213    -14.0   8.68e-18
```

```
tidy(model_2)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
##   term        estimate std.error statistic  p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>
## 1 (Intercept) 1094.       53.4      20.5    4.04e-24
## 2 expend        -0.943    10.2      -0.0925 9.27e- 1
## 3 salary         3.10      2.33      1.33   1.90e- 1
## 4 ratio         -7.64      3.43     -2.23   3.10e- 2
## 5 takers        -2.93      0.219   -13.4    3.95e-17
```

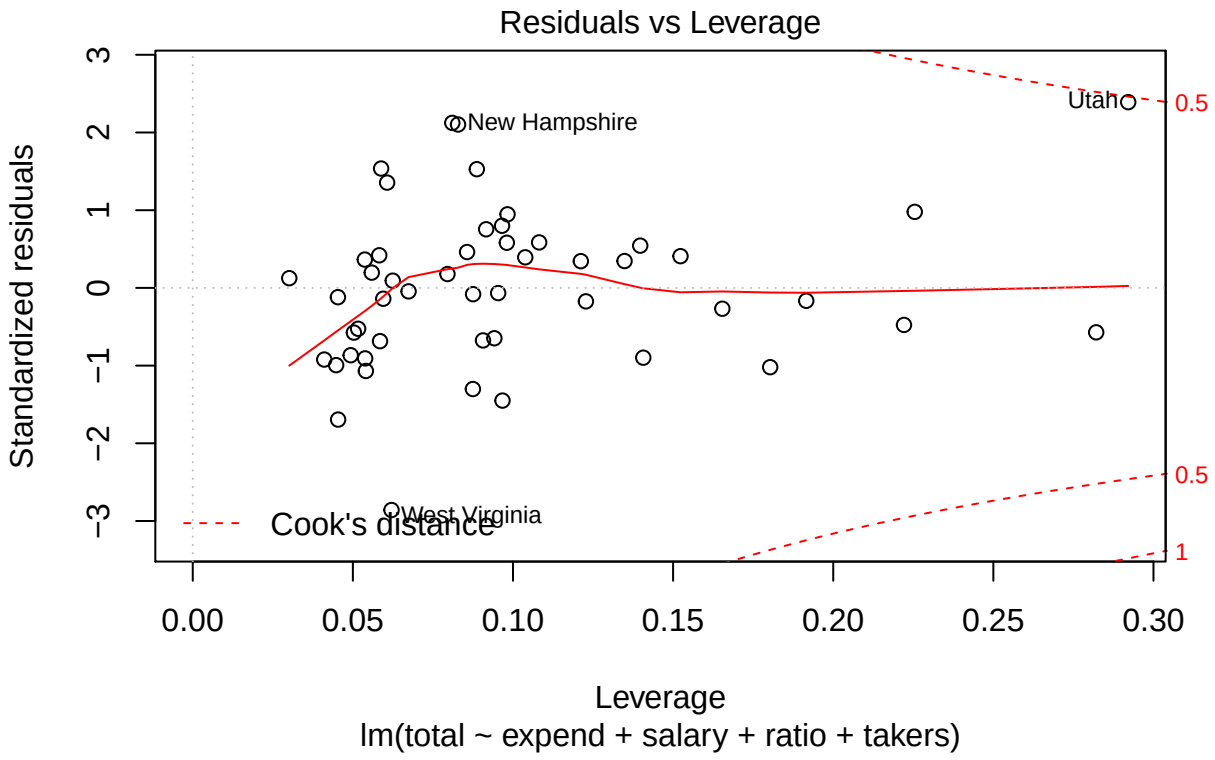
Para evaluar los puntos mas influyentes podemos utilizar la *distancia de Cook* que refleja los cambios en el modelo al no incluir una observación determinada. En este caso destacan `Utah` y `West Virginia` como observaciones influyentes. Además podemos volver a mirar el gráfico de *Residuales v/s leverage*, que también refleja puntos con un grado alto de *palanca* y un residual alto.

```
influence(model)$coefficients %>%
    as_tibble(rownames = "id") %>%
    gather(key, value, -id) %>%
    ggplot(aes(fct_rev(id), value, group = key)) +
    geom_line(alpha = .75)+
    coord_flip() +
    geom_hline(yintercept = 0, linetype = 3, color = "darkred") +
    facet_grid(~ key, scales = "free") +
    scale_colour_viridis_d(end=.85)
```



La función `influence` permite obtener los coeficientes al restar una observación x_i ("leave one out"). De esta manera puedo construir un gráfico que revela los cambios en los diferentes coeficientes para cada una de las observaciones. En este gráfico se ve claramente como `Utah` genera los mayores cambios en todos los coeficientes.

```
plot(model, 5)
```




```
sat[44,]
```

```
##      expend ratio salary takers verbal math total
## Utah  3.656  24.3 29.082      4    513  563  1076
```

El modelo multivariable es explicativo, con un valor de R^2 relativamente alto. En el modelo el gasto por estudiante `expend` y el sueldo `salary` se relacionan de manera positiva con el resultado del test `total`. La `ratio` de profesores y el porcentaje de estudiantes que hacen el examen de manera negativa.

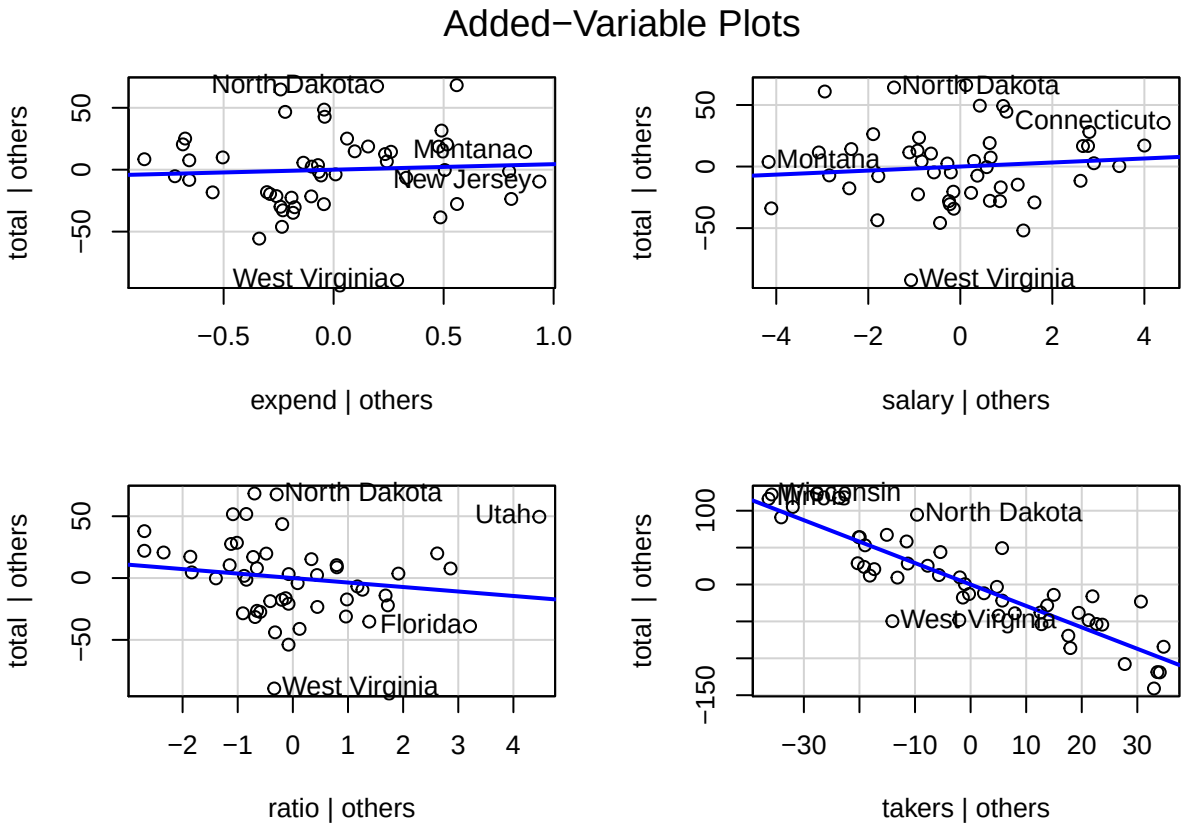
`Utah` es un caso *raro* en la medida que tiene un score muy alta en relación a un gasto `expend` y un sueldo `salary` inferior al promedio por una parte, y una `ratio`. El porcentaje de alumnos elegibles `takers` llama la atención, ya que parece extremadamente bajo en relación a los otros parámetros.

(f) Check the structure of the relationship between the predictors and the response.

En primer lugar me remito al gráfico de dispersión de (a), que permite reflejar la distribución y la relacion 1 a 1 de las variables.

```
# added variable
car::avPlots(model)
```

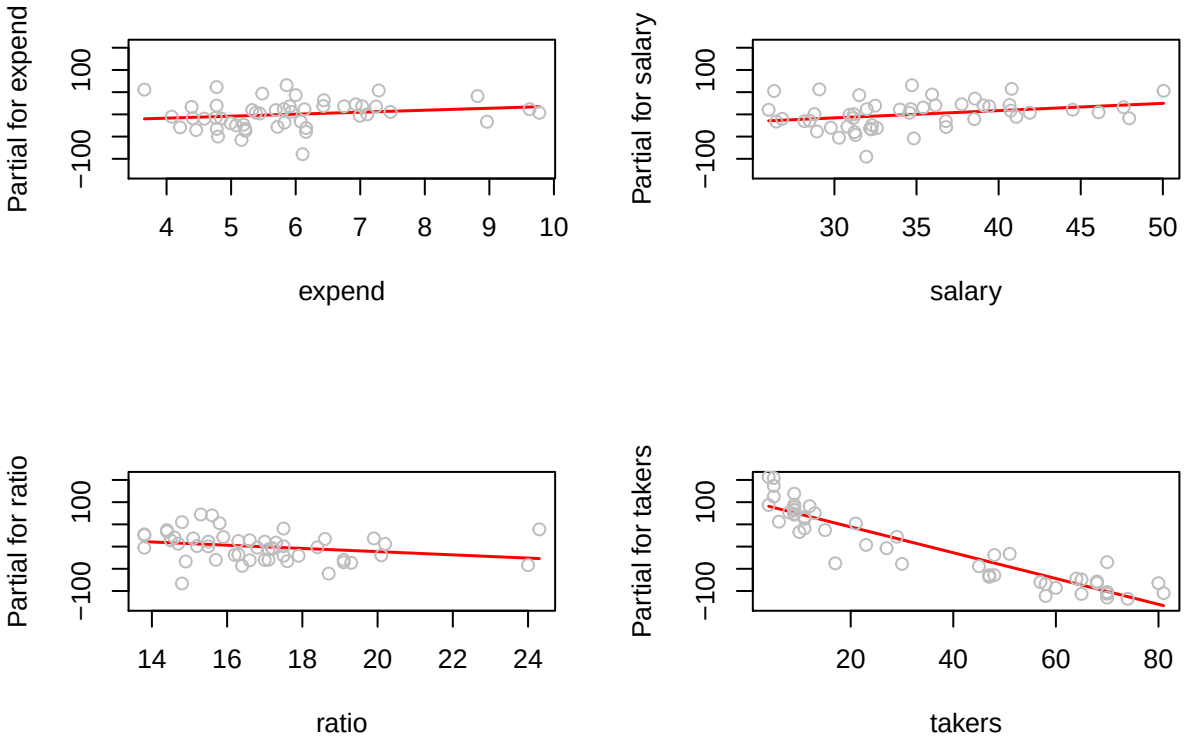
```
## Registered S3 methods overwritten by 'car':
##   method                          from
##   influence.merMod                lme4
##   cooks.distance.influence.merMod lme4
##   dfbeta.influence.merMod         lme4
##   dfbetas.influence.merMod        lme4
```



Para evaluar la estructura del modelo son de utilidad los gráficos de regresión parcial. La regresión parcial permite *aislar* la influencia de una variable independiente con la variable dependiente, restando la influencia de las otras variables independientes. Además permiten valorar la presencia de *outliers* y puntos influyentes.

En este caso podemos ver la clara relación inversa de la variable `takers` con el `total` y la relación mas débil de las otras variables. POdemos observar ademas el caso *raro* de `Utah`

```
par(mfrow = c(2,2))
termplot(model, partial.resid = T)
```



Los gráficos de

residuales parciales, permiten conocer la respuesta aislando el *efecto* del resto de variables independientes. También permiten poder observar la presencia de diferencias estructurales, de no -linearidad

2. (Ejercicio 2 cap. 6 pág. 97)

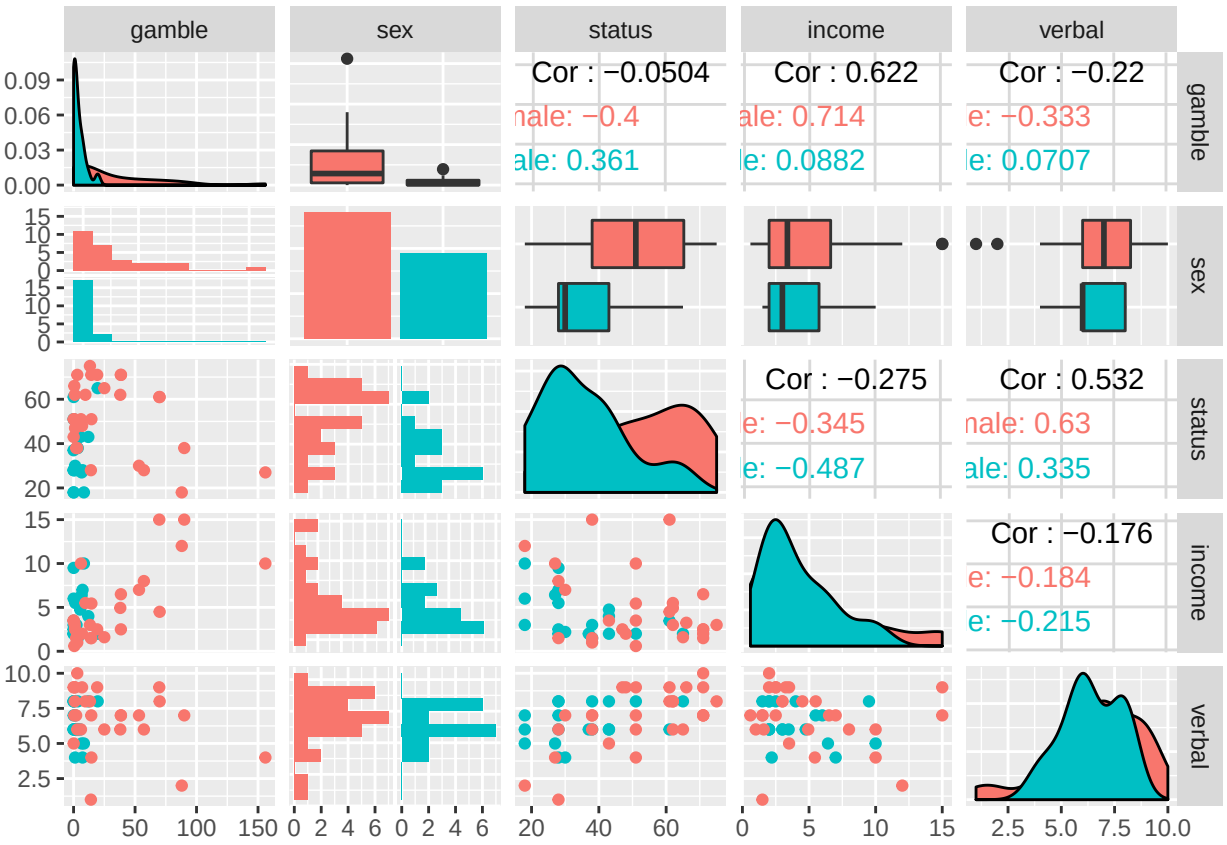
Using the `teengamb` dataset, fit a model with `gamble` as the response and the other variables as predictors. Answer the questions posed in the previous question.

```
n <- dim(teengamb)[1]
p <- dim(teengamb)[2]

teengamb_cl <-
    teengamb %>%
    rownames_to_column(".rownames") %>%
    mutate(.rownames = factor(.rownames),
           sex = factor(sex, levels = c (0,1), labels = c('male', 'female')))

model <-
    lm(gamble ~ sex + status + income + verbal, data = teengamb_cl)

teengamb_cl %>%
    select(gamble, sex, status, income, verbal) %>%
    ggpairs(progress = F, aes(color = sex), lower = list(combo = wrap("facethist", bins = 10
```



En este caso gráfico con utilizando `sex` como un factor.

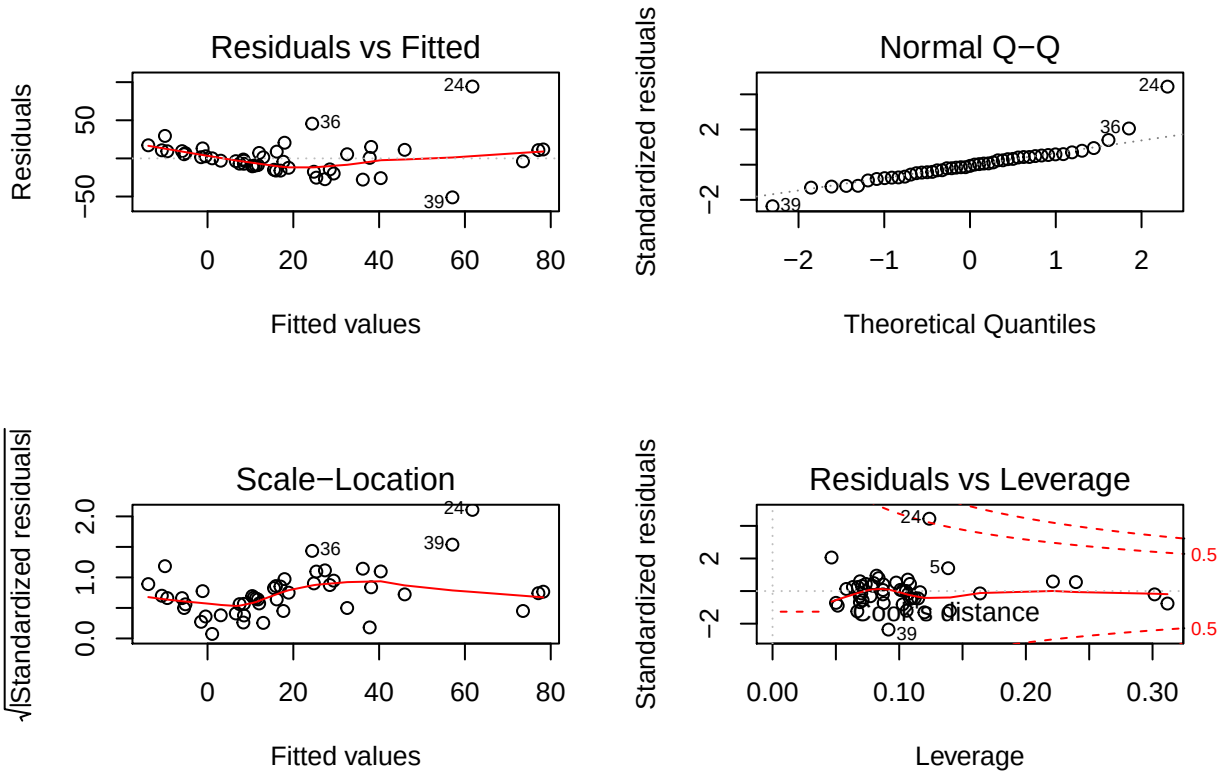


Figure 2: Gráficos Diagnósticos

(a) Check the constant variance assumption for the errors.

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

En este caso el gráfico podría definir cierta heterocedasticidad en la medida que a mayor valor de $\hat{y}$ parece haber mayor dispersión del error.

```
var.test(resid(model)[teengamb_cl$sex == "female"], resid(model)[teengamb_cl$sex == "male"])
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  resid(model)[teengamb_cl$sex == "female"] and resid(model)[teengamb_cl$sex == "mal
## F = 0.31604, num df = 18, denom df = 27, p-value = 0.01374
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.1379388 0.7808184
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.3160421
```

En este caso al menos en cuanto a las poblaciones según sexo, hay una diferencia significativa en las varianzas

(b) Check the normality assumption.

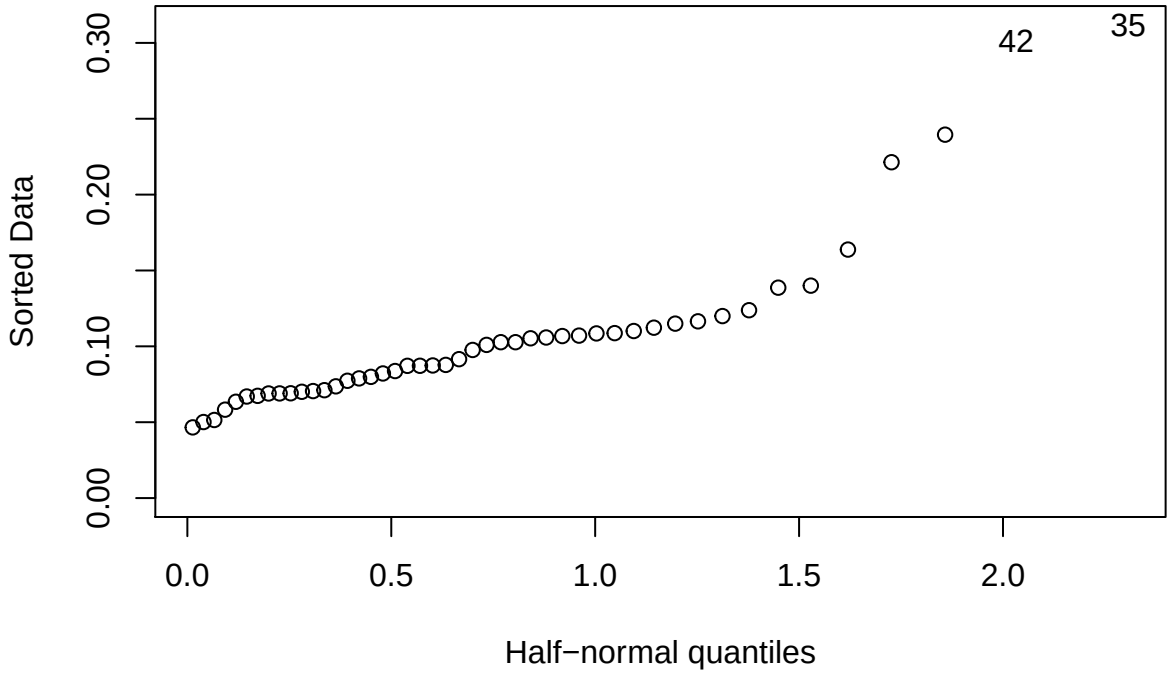
```
shapiro.test(resid(model))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  resid(model)
## W = 0.86839, p-value = 8.16e-05
```

En este caso podemos observar que el gráfico Q-Q difiere de la normalidad con un patrón de *cola larga*. Por otra parte la preba de Shapiro Wilk refleja que se rechaza la H0 de normalidad de la distribución del error.

(c) Check for large leverage points.

```
halfnorm(hatvalues(model), labs = teengamb_cl$.rownames)
```




```
augment(model) %>%
    mutate(.rownames = teengamb_cl$.rownames) %>%
    filter(.hat > 2*(p/n))
```

```
## # A tibble: 4 x 13
##   gamble sex   status income verbal .fitted .se.fit .resid  .hat .sigma
##    <dbl> <fct>  <int>  <dbl>  <int>   <dbl>   <dbl>  <dbl> <dbl>  <dbl>
## 1   88   male      18   12        2    77.1    11.1  10.9  0.240   22.9
## 2   90   male      38   15        7    78.3    10.7  11.7  0.221   22.9
```

```
## 3   14.1 male      28    1.5      1    28.5    12.7 -14.4  0.312   22.8
## 4   69.7 male      61   15        9    73.5    12.5  -3.84 0.302   23.0
## # ... with 3 more variables: .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>,
## #   .rownames <fct>
```

En este caso podemos ver que los valores para 42 y 35 cumplen con las características para valores extremos. Habría que revisar también los 31 y 33.

(d) Check for outliers.

```
augment(model) %>%
    mutate(.rownames = teengamb_cl$.rownames) %>%
    mutate(.t.resid = rstudent(model)) %>%
    filter(abs(.t.resid) > abs(qt(.05/(n * 2), n - p)))
```

```
## # A tibble: 1 x 14
##   gamble sex   status income verbal .fitted .se.fit .resid  .hat .sigma
##    <dbl> <fct>  <int>  <dbl>  <int>   <dbl>   <dbl>  <dbl> <dbl>  <dbl>
## 1    156 male      27     10      4    61.7    7.98   94.3 0.124   16.7
## # ... with 4 more variables: .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>,
## #   .rownames <fct>, .t.resid <dbl>
```

En este caso el valor 24 parece ser un *outlier*

```
model_1 <-
    teengamb_cl %>%
    filter(.rownames != "24") %>%
    lm(gamble ~ sex + status + income + verbal, data = .)

tidy(model)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
##   term        estimate std.error statistic   p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1 (Intercept)  22.6       17.2       1.31  0.197
## 2 sexfemale   -22.1        8.21     -2.69  0.0101
## 3 status        0.0522     0.281     0.186 0.853
## 4 income        4.96       1.03      4.84  0.0000179
## 5 verbal       -2.96       2.17     -1.36  0.180
```

```
tidy(model_1)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
```

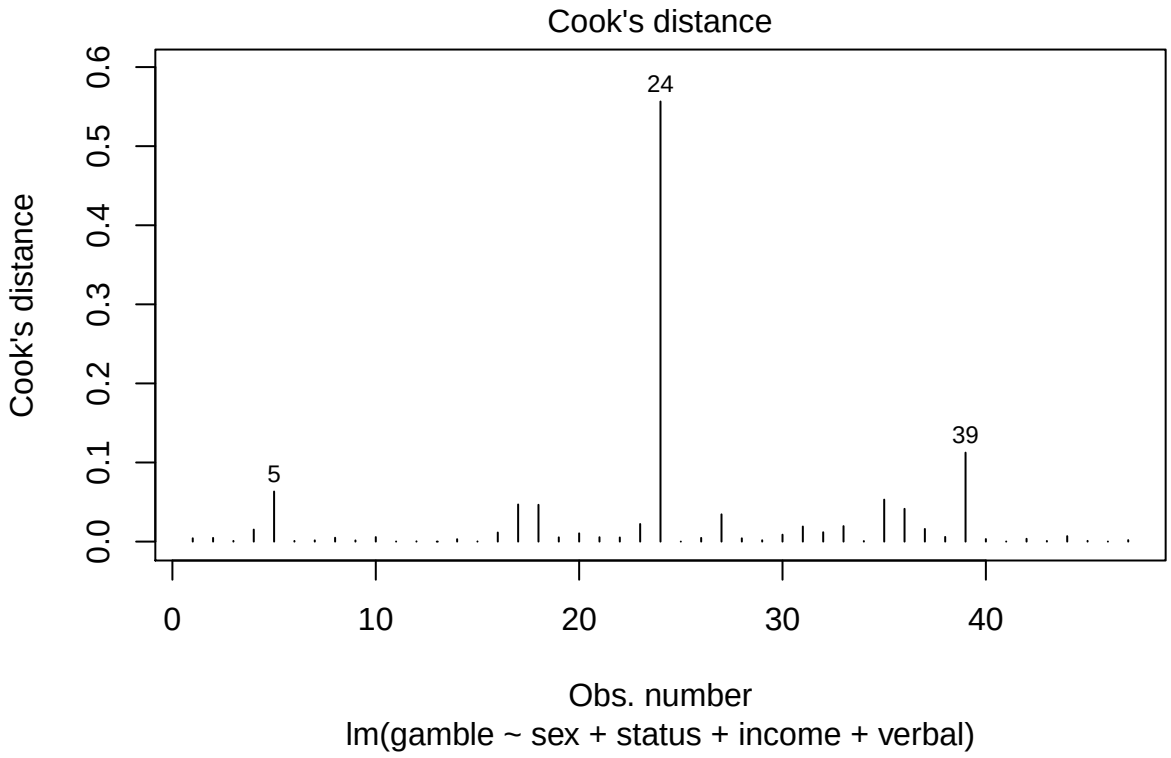
```
##   term        estimate std.error statistic    p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>      <dbl>
## 1 (Intercept)    7.63     12.9       0.590 0.558
## 2 sexfemale    -16.3       6.13     -2.66  0.0112
## 3 status         0.174     0.208     0.835 0.409
## 4 income         4.33      0.764     5.67  0.00000126
## 5 verbal        -1.80      1.61     -1.12  0.271
```

La exclusión de la observación 24 genera varios cambios en todos los coeficientes del modelo. Ademas de ser un candidato a *outlier* es un valor muy influyente

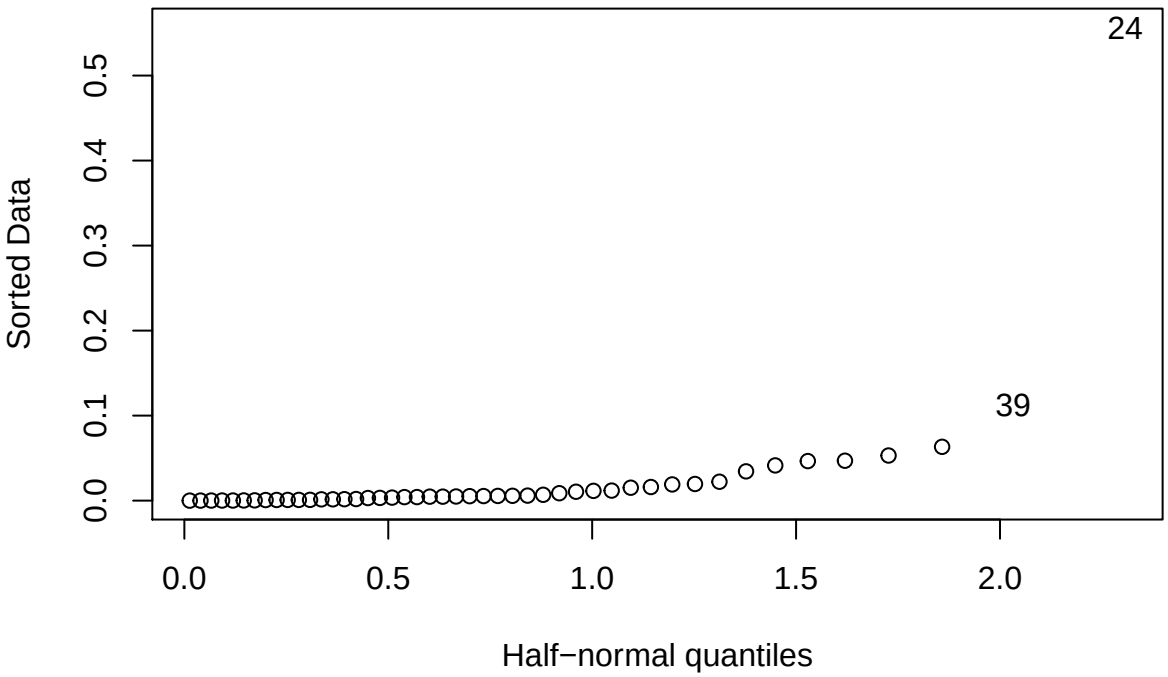
---

(e) Check for influential points.

```
plot(model, 4)
```

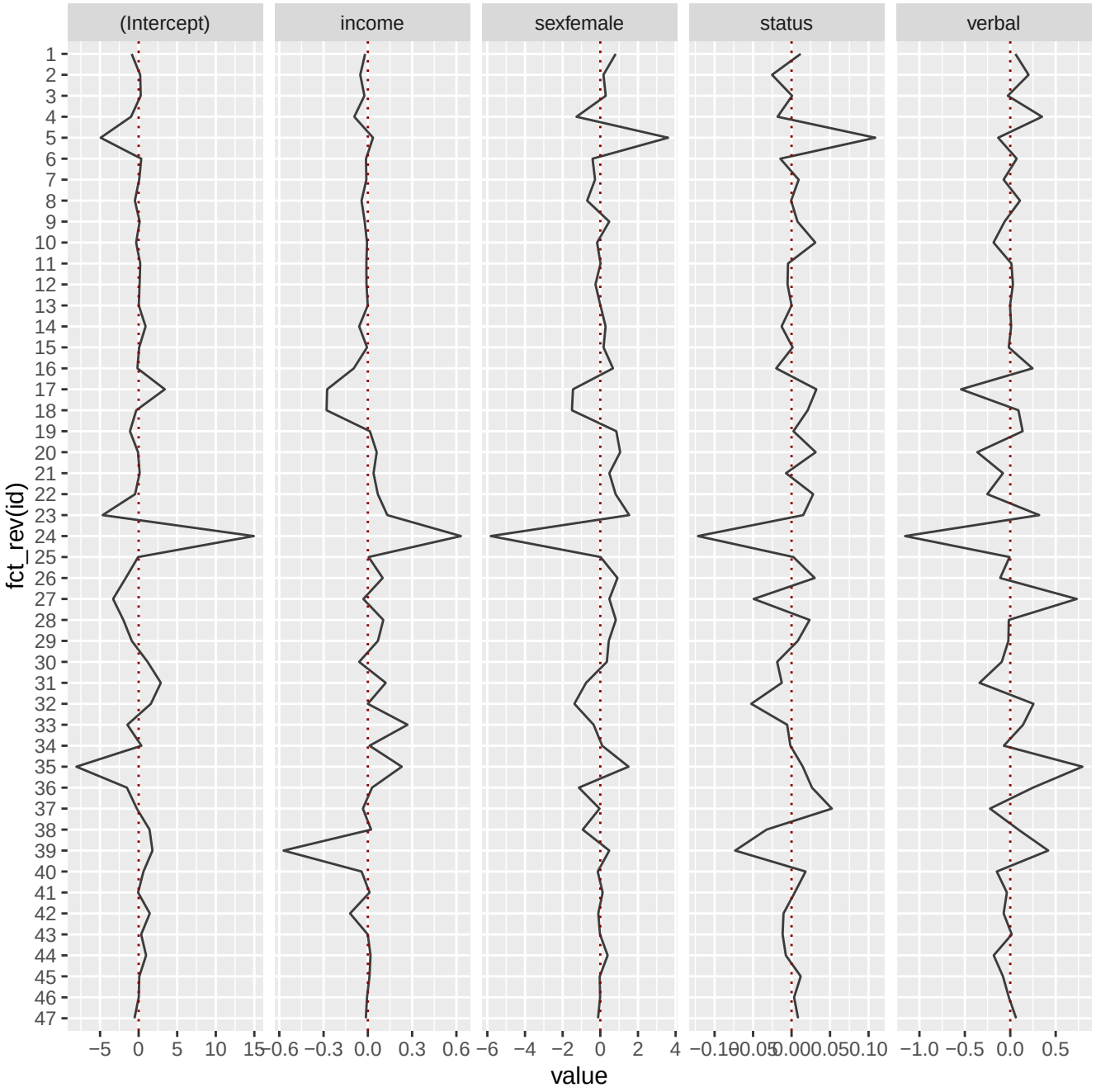



```
halfnorm(cooks.distance(model), labs = teengamb_cl$.rownames)
```

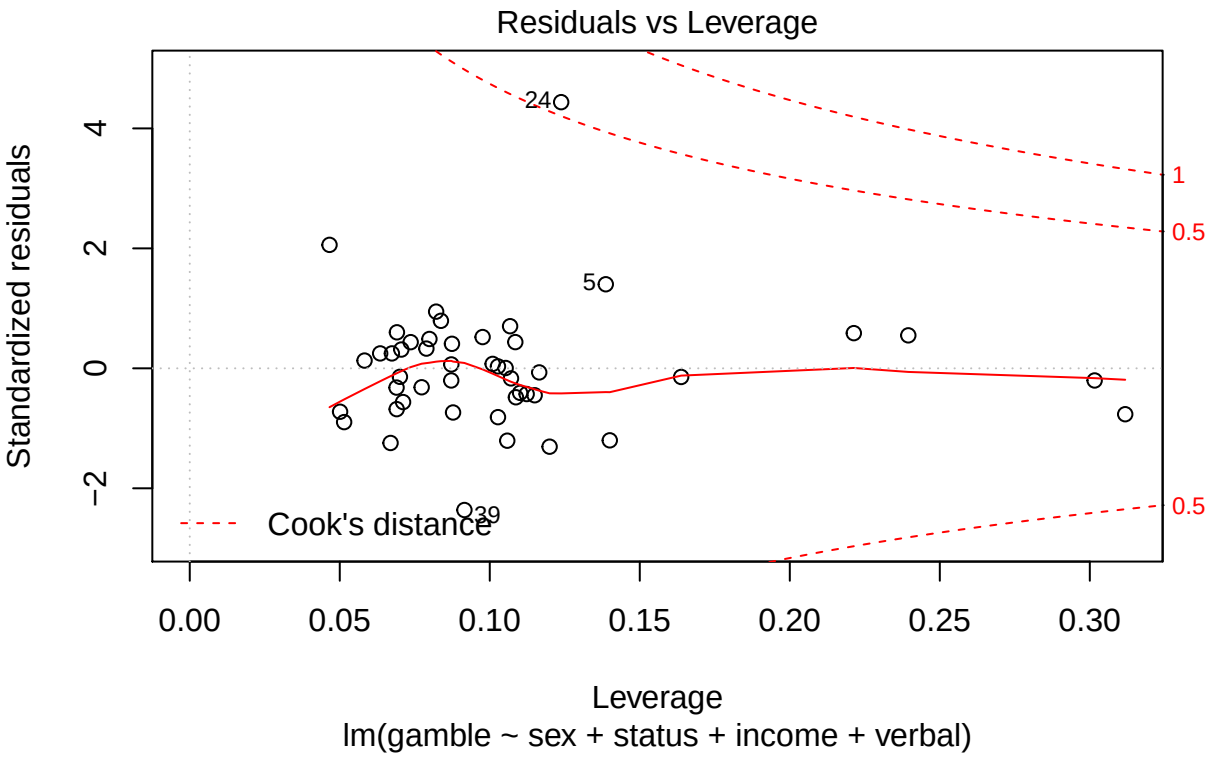


El gráfico de distancias de Cook confirma que el valor 24 se aleja mucho del comportamiento de las otras variables, que es un valor influyente y probablemente un outlier.

```
influence(model)$coefficients %>%
    as_tibble(rownames = "id") %>%
    mutate(id = factor(id, levels = c(1:n))) %>%
    gather(key, value, -id) %>%
    ggplot(aes(fct_rev(id), value, group = key)) +
    geom_line(alpha = .75)+
    coord_flip() +
    geom_hline(yintercept = 0, linetype = 3, color = "darkred") +
    facet_grid(~ key, scales = "free")
```




```
plot(model, 5)
```




```
tidy(model)
```

```
## # A tibble: 5 x 5
##   term        estimate std.error statistic   p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1 (Intercept)  22.6       17.2       1.31  0.197
## 2 sexfemale   -22.1        8.21     -2.69  0.0101
## 3 status        0.0522     0.281     0.186 0.853
## 4 income        4.96       1.03      4.84  0.0000179
## 5 verbal       -2.96       2.17     -1.36  0.180
```

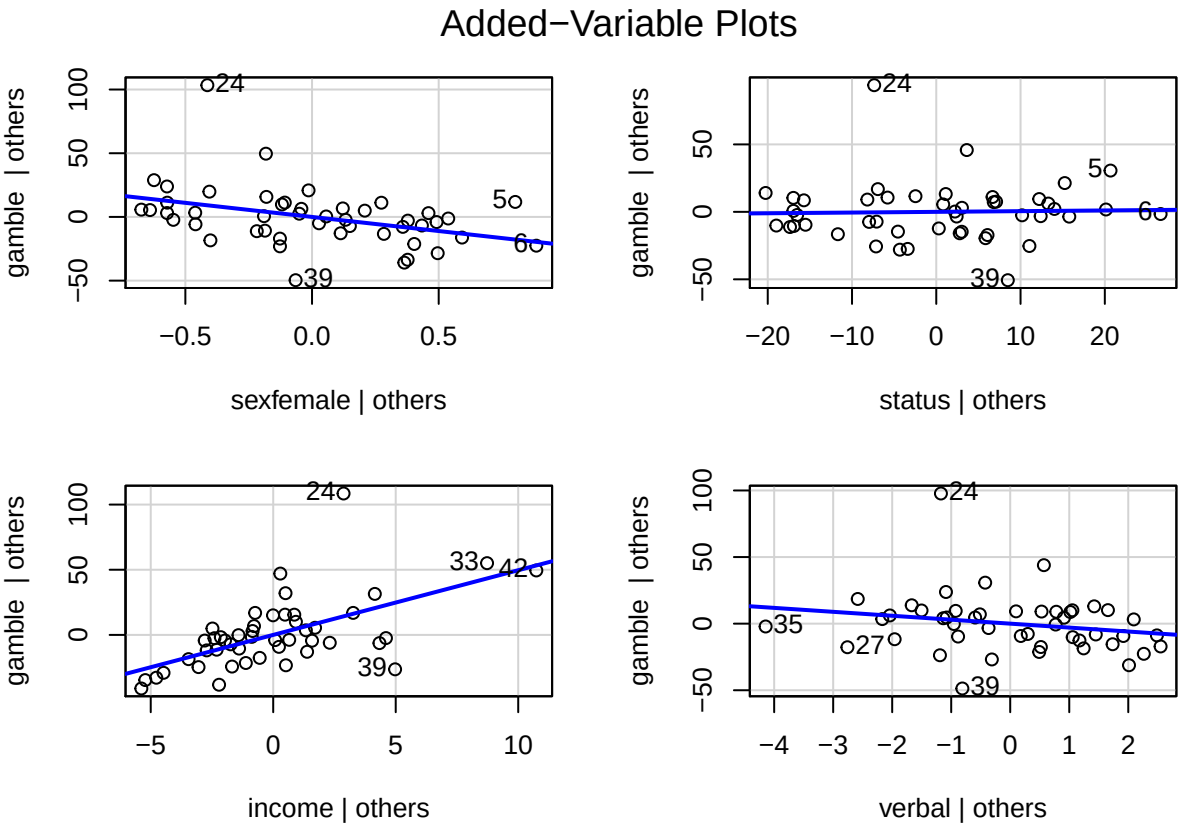
```
teengamb_cl[24,]
```

```
##    .rownames  sex status income verbal gamble
## 24        24 male     27     10      4    156
```

(f) Check the structure of the relationship between the predictors and the response.

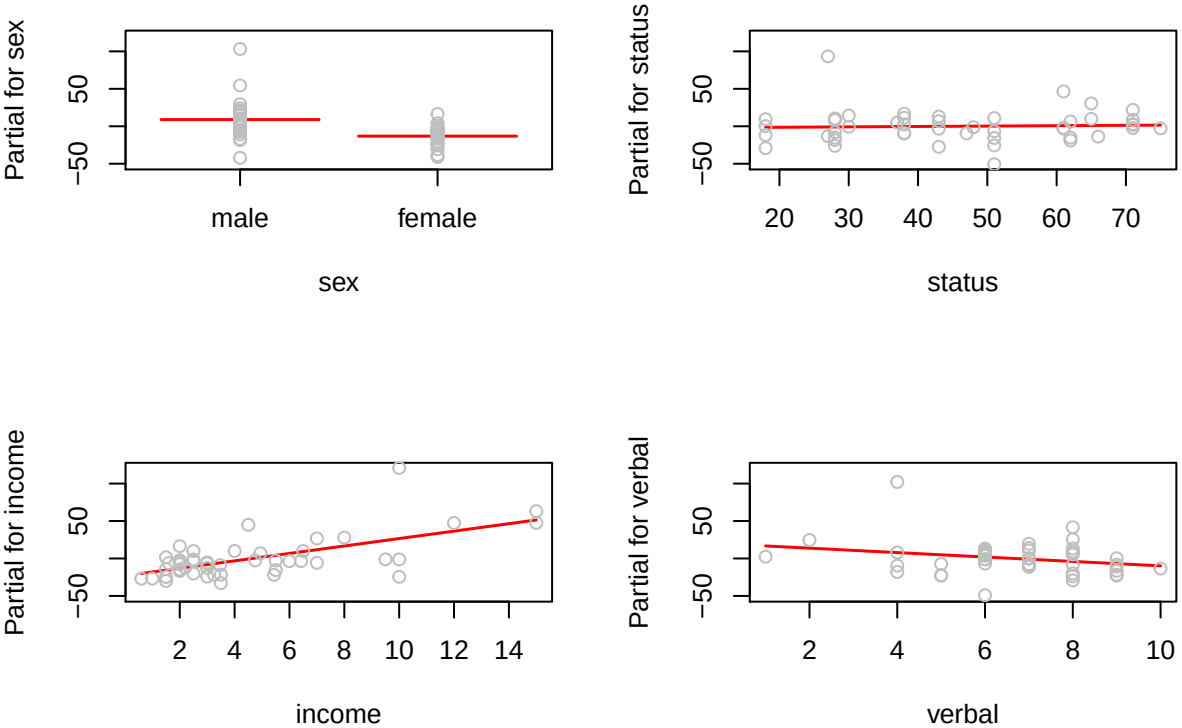
En primer lugar me remito al gráfico de dispersión de (a), que permite reflejar la distribución y la relación 1 a 1 de las variables.

```
car::avPlots(model)
```



En este caso el modelo refleja la relación directa del sexo masculino y del `income` con `gamble`, y la relación inversa suave con el score `verbal`. Es posible apreciar claramente que la observación 24 es un caso *raro* que se sale de las líneas de predicción para todos los coeficientes.

```
par(mfrow = c(2,2))
termplot(model, partial.resid = T)
```



En este caso los parciales de residuales reflejan lo que se ve en el primer gráfico de dispersión y es que hay variables que no tiene una distribución normal, como `income` y , que podrían hacer pensar en hacer que transformaciones de las variables mejorarían la estructura del modelo

3. (Ejercicio 3 cap. 6 pág. 97)

For the `prostate` data, fit a model with lpsa as the response and the other variables as predictors. Answer the questions posed in the first question.

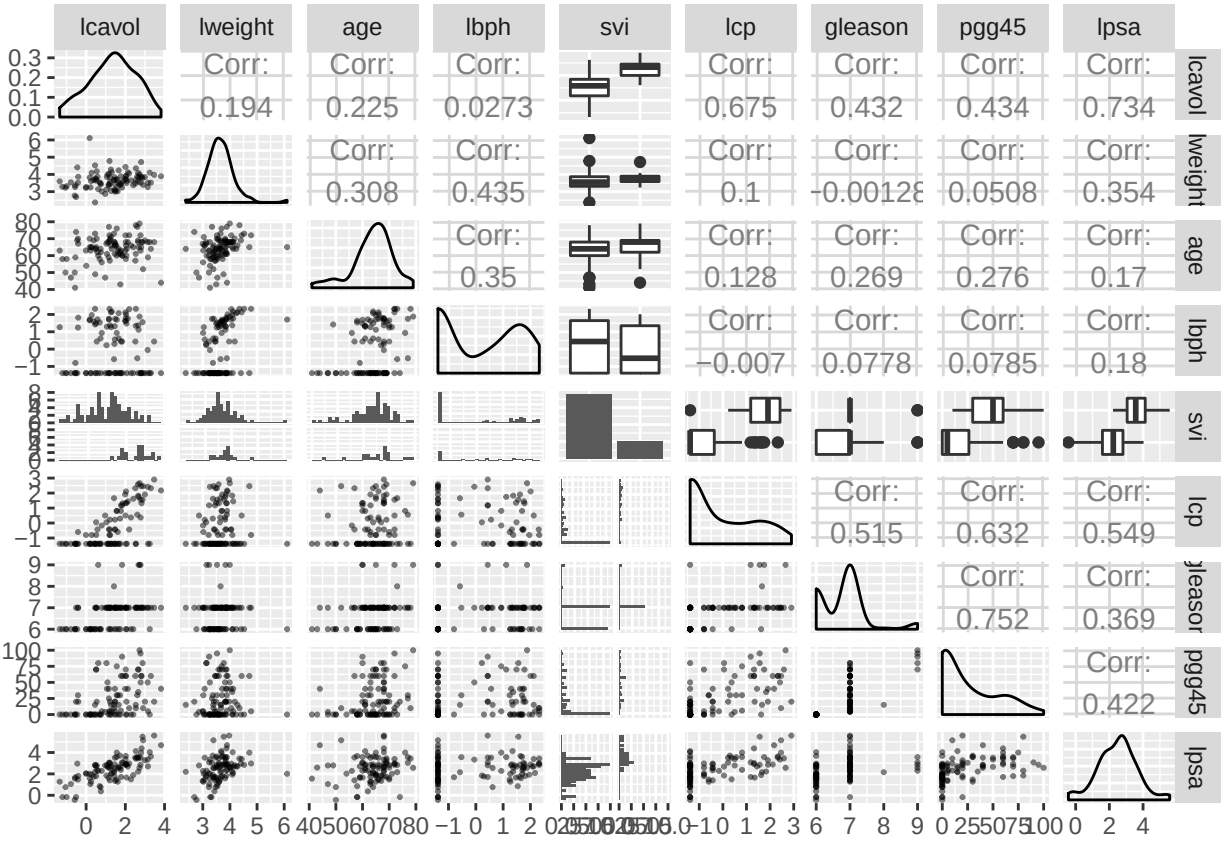
```
n <- dim(prostate)[1]
p <- dim(prostate)[2]

prostate_cl <-
    prostate %>%
    mutate(svi = as.logical(svi))

model <-
    lm(lpsa ~ lcavol + lweight + age + lbph + svi + lcp + gleason + pgg45, data = prostate_c

ggpairs(prostate_cl, progress = F, lower = list(continuous = wrap("points", alpha = 0.5, siz
```

```
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```



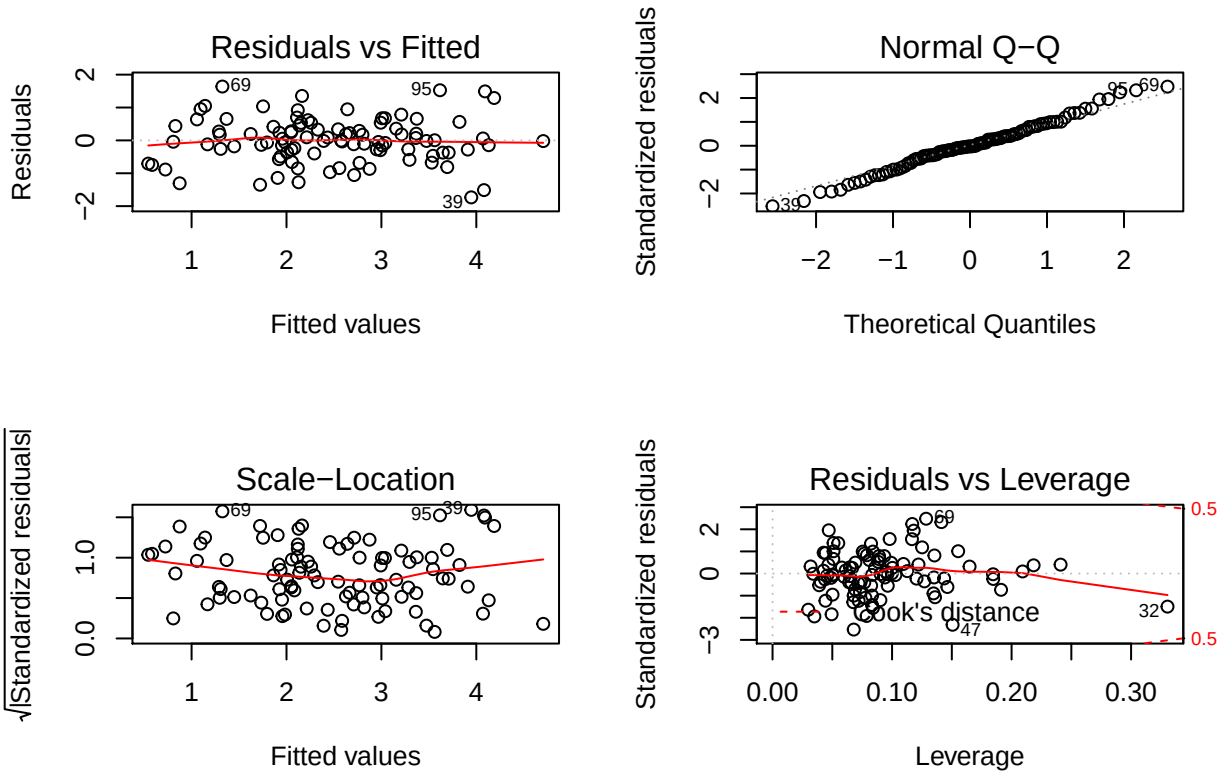


Figure 3: Gráficos Diagnósticos

Lo primero que hago es crear una matriz de dispersión para tener una idea de como se distribuyen las variables y la relación 2x2 que tienen entre si. Utilizo la librería `GGally` que tiene la función `ggpairs`.

(a) Check the constant variance assumption for the errors.

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

Para evaluar la homocedasticidad del error utilizo los gráficos de:

- residuales v/s valor ajustado
- residuales estandarizados v/s valor ajustado.

En este caso no se observa un patrón definido por lo que se asume homocedasticidad.

(b) Check the normality assumption.

```
shapiro.test(resid(model))
```

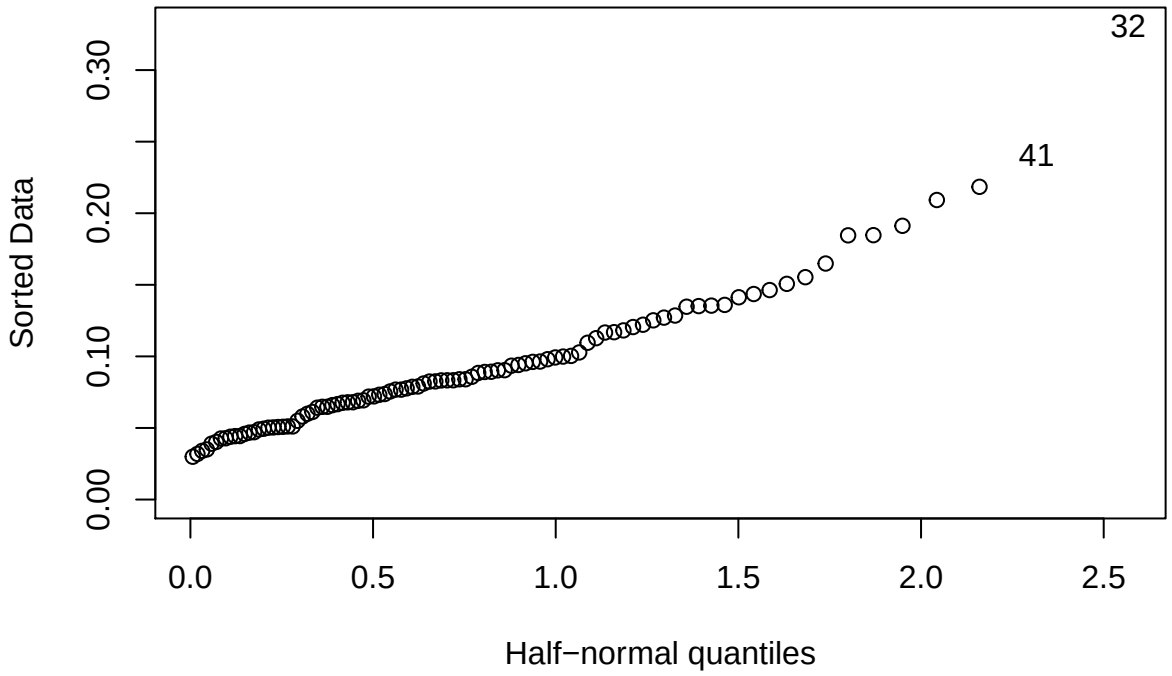
```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  resid(model)
## W = 0.99113, p-value = 0.7721
```

La gráfica Q-Q parece bastante pareja y aproximada a la linea. El test de Shapiro Wilk confirma la normalidad del error

---

(c) Check for large leverage points.

```
halfnorm(hatvalues(model), labs = rownames(prostate))
```




```
augment(model) %>%
    mutate(.rownames = rownames(prostate)) %>%
    filter(.hat > 2*(p/n))
```

```
## # A tibble: 5 x 17
##    lpsa lcavol lweight   age   lbph svi     lcp gleason pgg45 .fitted
##   <dbl>  <dbl>   <dbl> <int>  <dbl> <lgl> <dbl>   <int> <int>   <dbl>
## 1  2.01  0.182    6.11    65  1.70  FALSE -1.39       6     0    2.88
## 2  2.16  1.42     3.66    73 -0.580 FALSE  1.66       8    15    1.93
## 3  2.30  0.621    3.14    60 -1.39  FALSE -1.39       9    80    2.05
## 4  3.08  1.84     3.24    60  0.438 TRUE   1.18       9    90    3.54
## 5  4.13  2.53     3.68    61  1.35  TRUE  -1.39       7    15    4.07
## # ... with 7 more variables: .se.fit <dbl>, .resid <dbl>, .hat <dbl>,
## #   .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>, .rownames <chr>
```

Para evaluar los valores extremos en el modelo, utilzamos dos gráficos.

- La gráfica de los valores ajustados versus los residuales estandarizados ($\hat{y} \times \sqrt{|\hat{\epsilon}|}$)
- Una gráfica de *media normal (halfnormal)* versus los residuales estandarizados. De esta manera se pueden identificar los valores mas extremos en X.

En este caso podemos ver que los valores para el caso 32, 37 y el 41 cumplen con las características para

valores extremos.

(d) Check for outliers.

```
augment(model) %>%
    mutate(.t.resid = rstudent(model)) %>%
    filter(abs(.t.resid) > abs(qt(.05/(n * 2), n - p)))
```

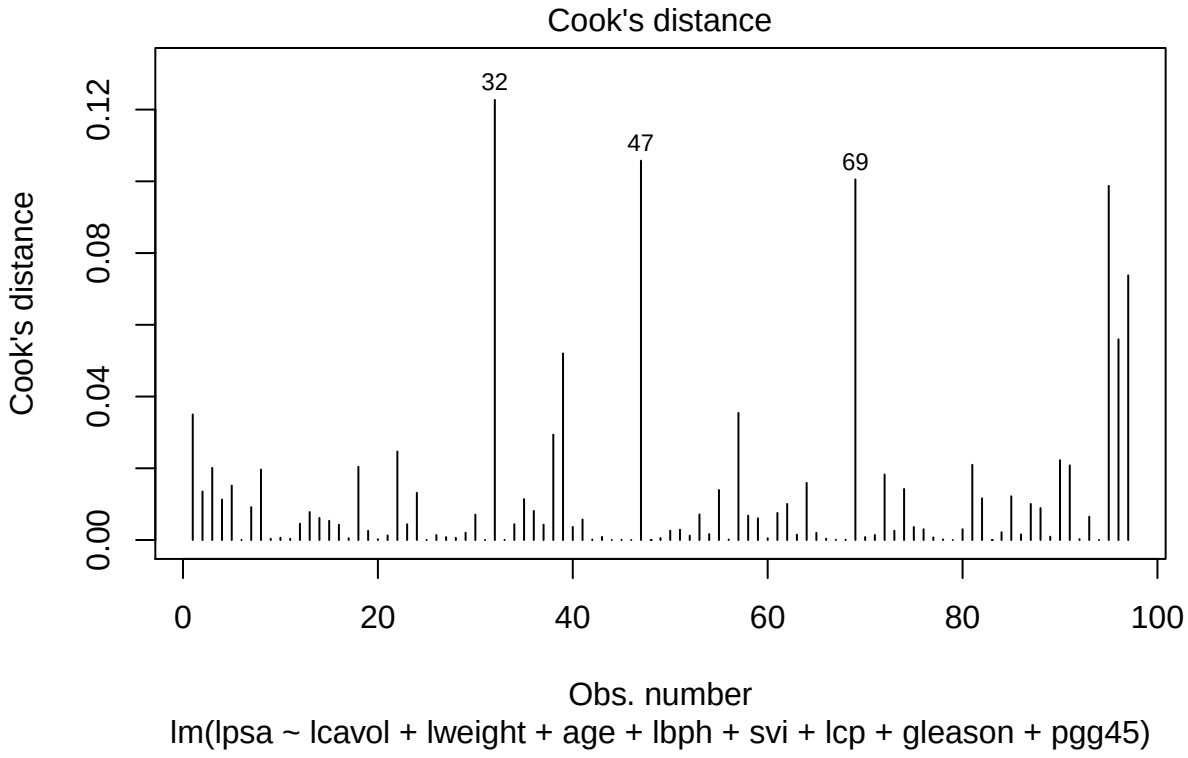
```
## # A tibble: 0 x 17
## # ... with 17 variables: lpsa <dbl>, lcavol <dbl>, lweight <dbl>,
## #   age <int>, lbph <dbl>, svi <lgl>, lcp <dbl>, gleason <int>,
## #   pgg45 <int>, .fitted <dbl>, .se.fit <dbl>, .resid <dbl>, .hat <dbl>,
## #   .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>, .t.resid <dbl>
```

Para valorar posibles *outliers* podemos utilizar la estrategia planteada en el libro de Faraway, y calcular los residuales *studentizados*. En este sentido los residuales cuyo valor superen un limite determinado por la corrección de Bonferroni, se podrían considerar posibles *outliers*.

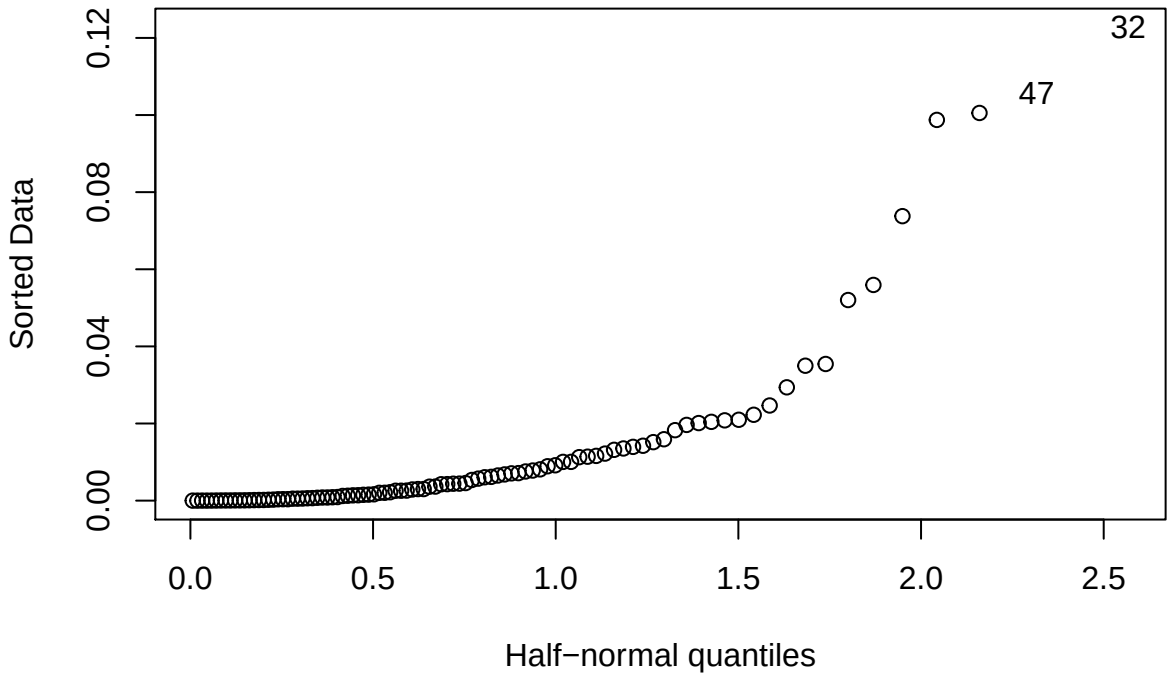
En este caso no hay valores que cumplan con lo propuesto

(e) Check for influential points.

```
plot(model, 4)
```




```
halfnorm(cooks.distance(model), labs = rownames(prostate))
```




```
model_1 <-
    prostate_cl %>%
    rownames_to_column() %>%
    filter(rowname != "32") %>%
    lm(formula = lpsa ~ lcavol + lweight + age + lbph + svi + lcp +
    gleason + pgg45, data = .)

model_2 <-
    prostate_cl %>%
    rownames_to_column() %>%
    filter(rowname != "47") %>%
    lm(formula = lpsa ~ lcavol + lweight + age + lbph + svi + lcp +
    gleason + pgg45, data = .)



tidy(model)
```

```
## # A tibble: 9 x 5
##   term        estimate std.error statistic       p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>         <dbl>
## 1 (Intercept)  0.669     1.30        0.516 0.607
## 2 lcavol       0.587     0.0879      6.68  0.00000000211
## 3 lweight      0.454     0.170       2.67  0.00896
## 4 age         -0.0196    0.0112     -1.76  0.0823
## 5 lbph         0.107     0.0584      1.83  0.0704
## 6 sviTRUE      0.766     0.244       3.14  0.00233
```

```
## 7 lcp          -0.105     0.0910     -1.16  0.250
## 8 gleason       0.0451    0.157       0.287 0.775
## 9 pgg45         0.00453   0.00442     1.02  0.309
```

```
tidy(model_1)
```

```
## # A tibble: 9 x 5
##   term        estimate std.error statistic       p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>         <dbl>
## 1 (Intercept)  0.172     1.33        0.129 0.897
## 2 lcavol       0.565     0.0885      6.39  0.00000000793
## 3 lweight      0.622     0.202       3.08  0.00279
## 4 age         -0.0213    0.0111     -1.91  0.0596
## 5 lbph         0.0956    0.0585      1.63  0.106
## 6 sviTRUE      0.760     0.243       3.13  0.00235
## 7 lcp         -0.106     0.0904     -1.17  0.244
## 8 gleason      0.0507    0.156       0.324 0.747
## 9 pgg45        0.00447   0.00439     1.02  0.312
```

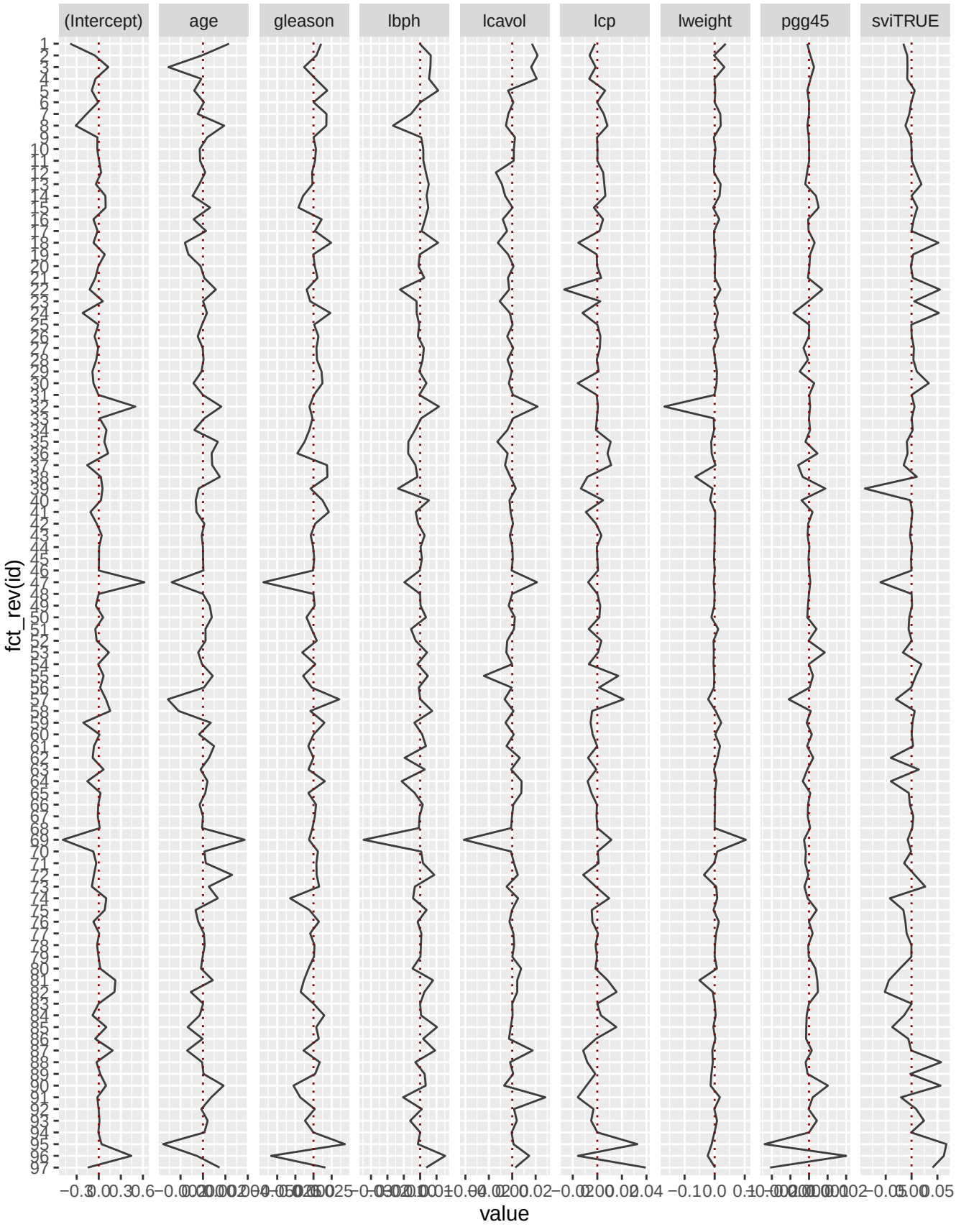
```
tidy(model_2)
```

```
## # A tibble: 9 x 5
##   term        estimate std.error statistic       p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>         <dbl>
## 1 (Intercept)  0.0488    1.29        0.0378 0.970
## 2 lcavol       0.566     0.0861      6.57   0.00000000357
## 3 lweight      0.458     0.166       2.76   0.00701
## 4 age         -0.0168    0.0110     -1.54   0.128
## 5 lbph         0.117     0.0571      2.04   0.0441
## 6 sviTRUE      0.826     0.239       3.45   0.000863
## 7 lcp         -0.0980    0.0888     -1.10   0.273
## 8 gleason      0.114     0.156       0.731  0.467
## 9 pgg45        0.00446   0.00431     1.03   0.304
```

Los casos mas influyentes son el 32 y el 47. Si sacamos del modelo la observación 32, el coeficiente de `lweight` cambia en .15. Al quitar la observación 47, el modelo se preserva mejor.

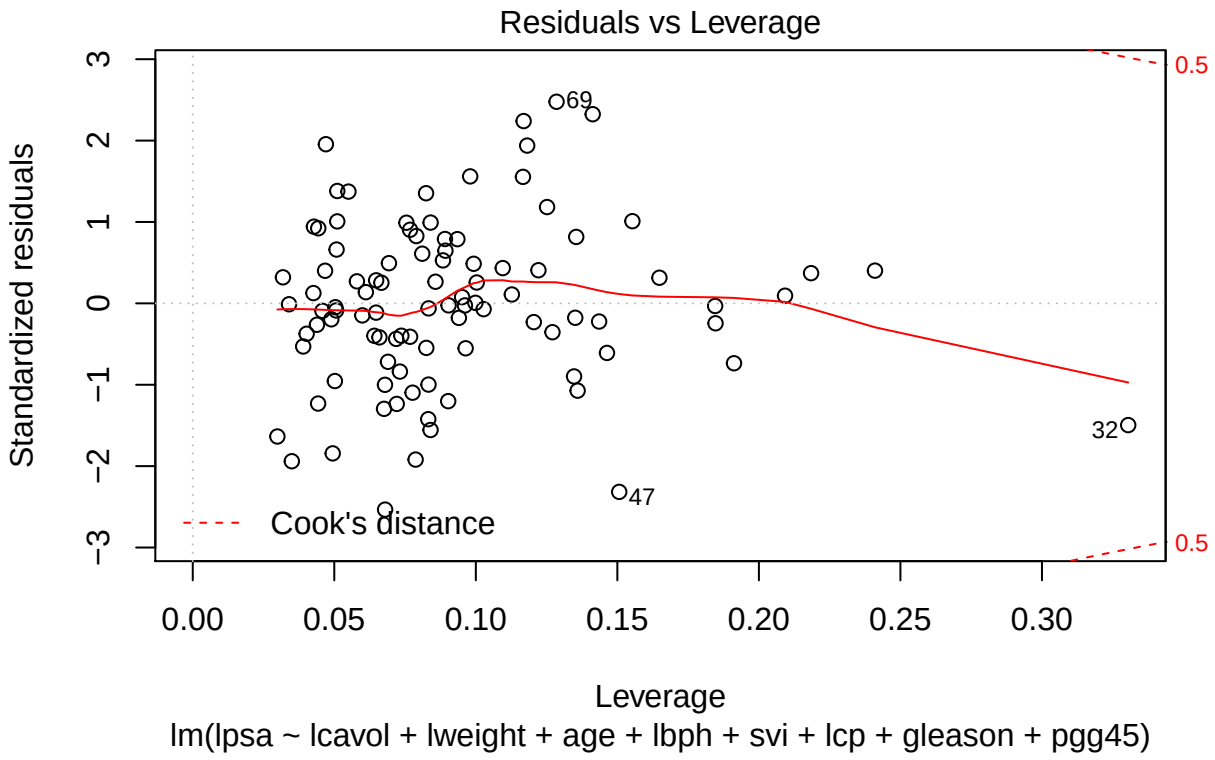
```
influence(model)$coefficients %>%
    as_tibble(rownames = "id") %>%
    mutate(id = factor(id, levels = c(1:n))) %>%
    gather(key, value, -id) %>%
    ggplot(aes(fct_rev(id), value, group = key)) +
    geom_line(alpha = .75)+
```

```
    coord_flip() +
    geom_hline(yintercept = 0, linetype = 3, color = "darkred") +
    facet_grid(~ key, scales = "free")
```



En este gráfico se ve como `32` genera un cambio importante en `lweight`. Llama la atención ademas la observación `69` que genera cambios en varios coeficientes y que tiene una distancia de cook importante.

```r
plot(model, 5)
```



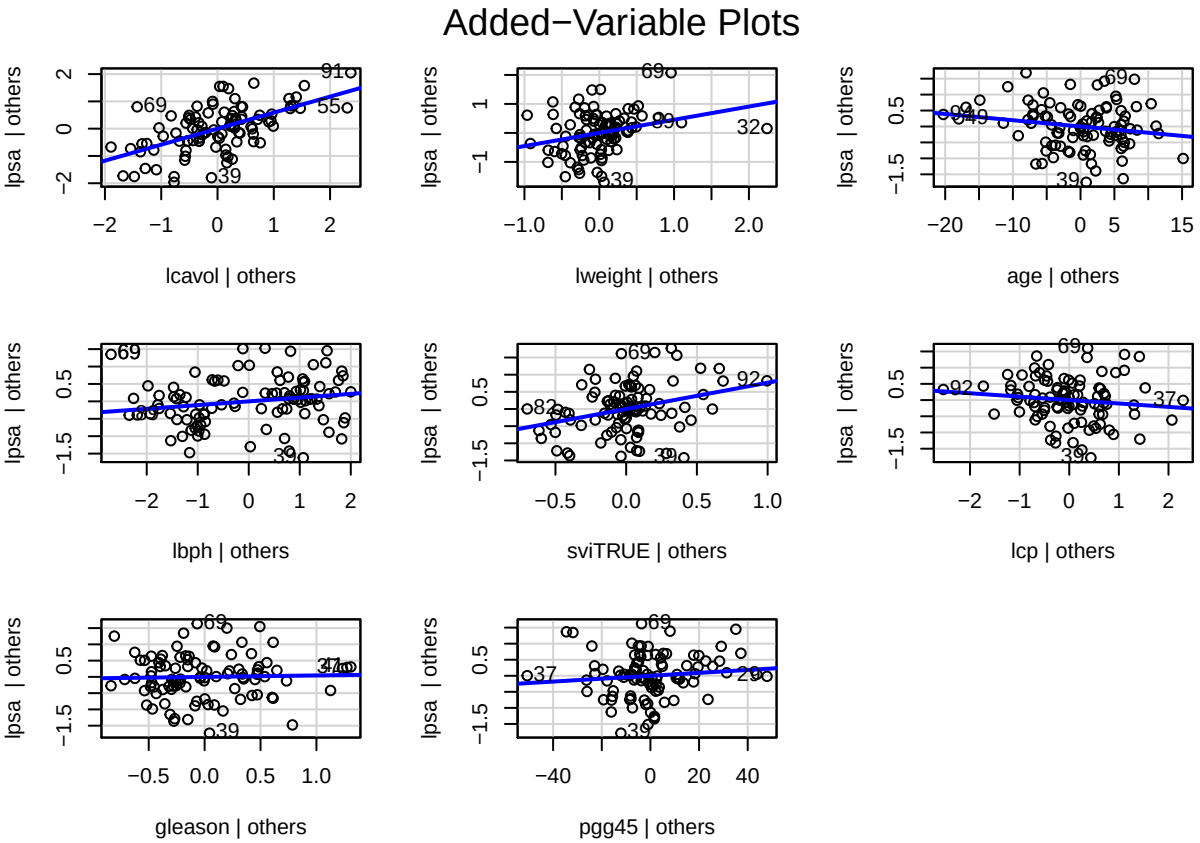

```r
prostate_cl[c(69,32, 47),]
```

```
##        lcavol lweight age      lbph   svi      lcp gleason pgg45    lpsa
## 69 -0.4462871  4.4085  69 -1.386294 FALSE -1.38629       6     0 2.96269
## 32  0.1823216  6.1076  65  1.704748 FALSE -1.38629       6     0 2.00821
## 47  2.7278528  3.9954  79  1.879465  TRUE  2.65676       9   100 2.56879
```

Los casos 69, 32 y 47 son casos influyente. El caso 32 ademas tiene mucha *palanca*. Pero no tengo mucha evidencia como para decir que son outliers.

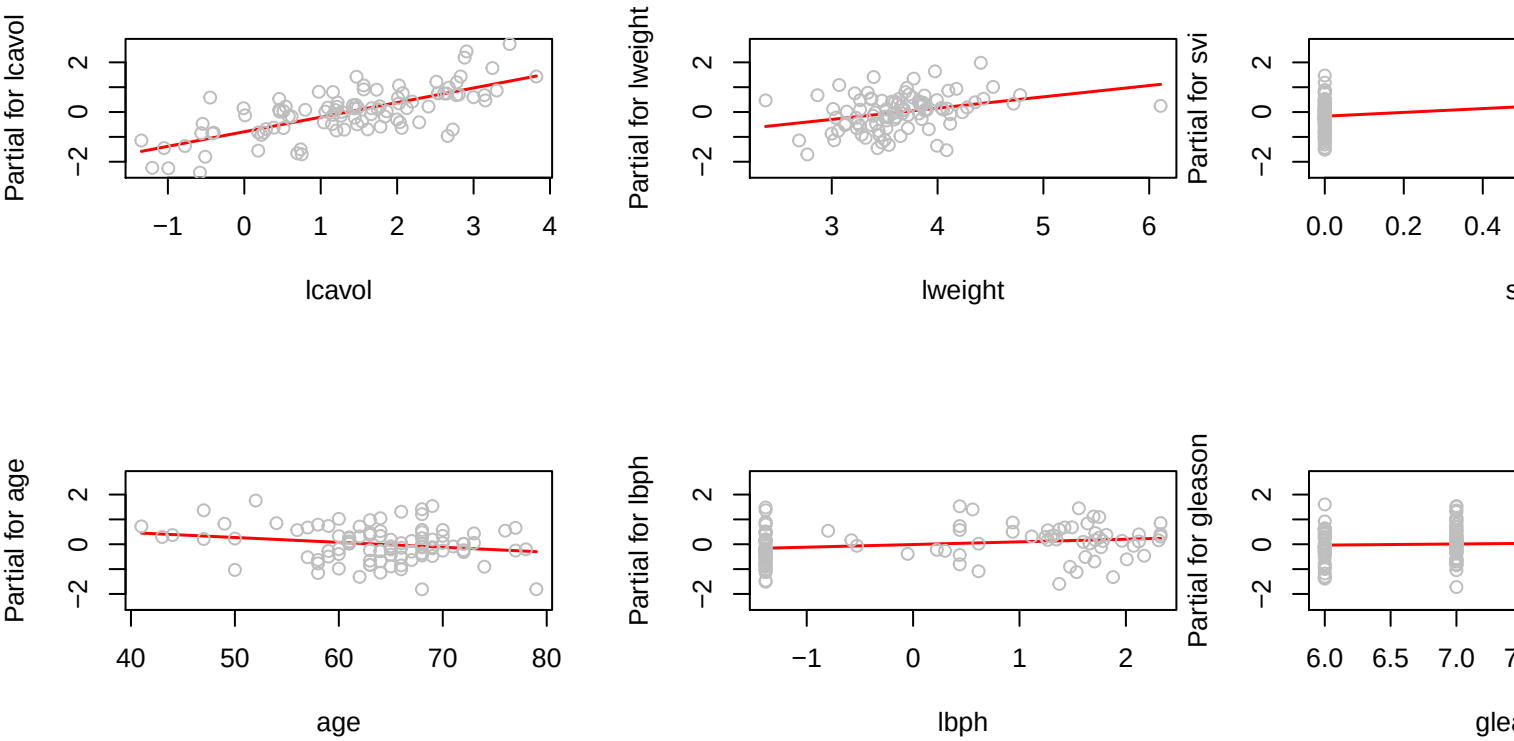
(f) Check the structure of the relationship between the predictors and the response.

```r
car::avPlots(model)
```



La regresión parcial confirma que 32 y mas aún el69 son casos *raros* que se comportan de manera diferente a la mayoría en cuanto a las lineas de regresión parcial.

```
par(mfrow = c(2,2))
termplot(model, partial.resid = T)
```



Aquí destaca el caso 32 con un `lweight` muy alejado del resto, y la estrucutra de `lbph` (y en menor grado, de `lcp`, `pgg45` y `gleason`) que no es para nada homogenea, lo que ya se veía en el grafico de dispersion.

4. (Ejercicio 4 cap. 6 pág. 97)

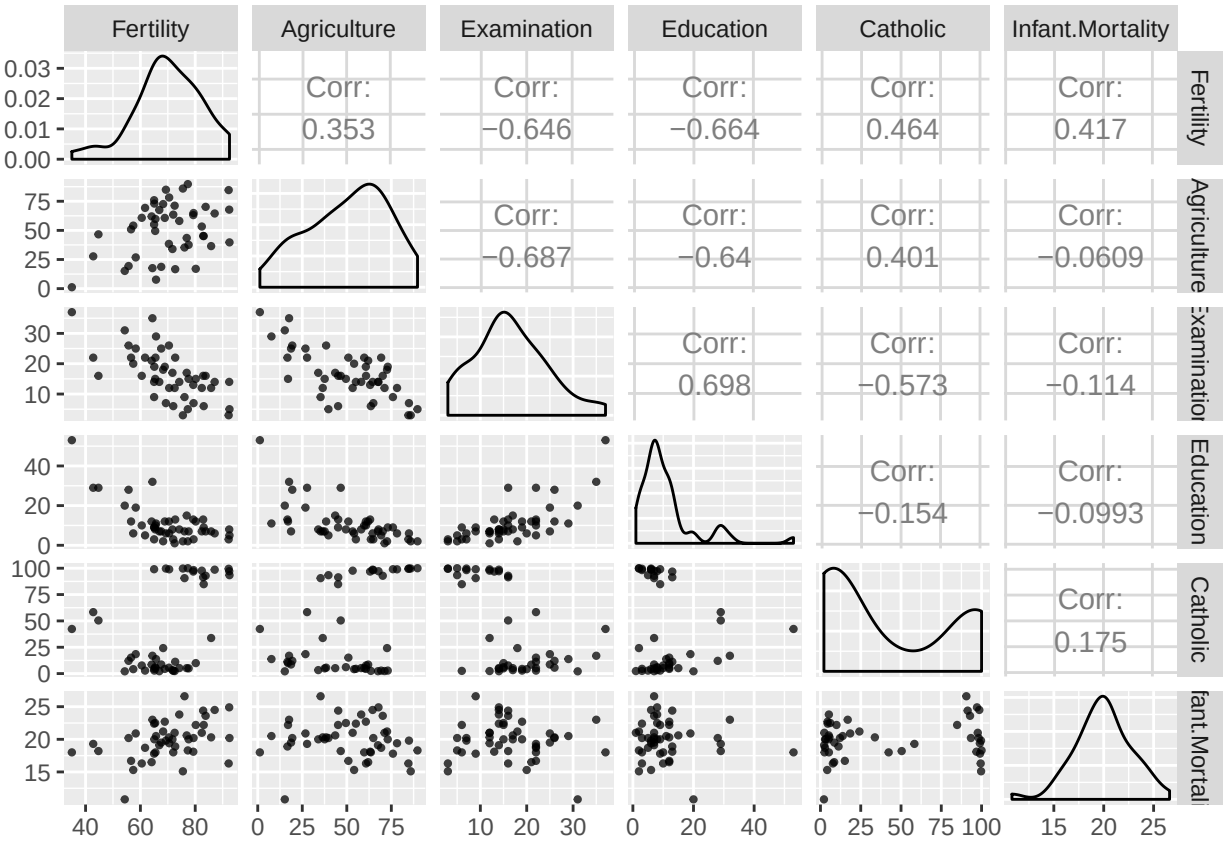
For the `swiss` data, fit a model with `Fertility` as the response and the other variables as predictors. Answer the questions posed in the first question.

```
n <- dim(swiss)[1]
p <- dim(swiss)[2]

model <-
    lm(Fertility ~ Agriculture + Examination + Education + Catholic + Infant.Mortality, data



swiss %>%
    ggpairs(progress = F, lower = list(continuous = wrap("points", alpha = 0.75, size = .8))
```



Lo primero que hago es crear una matriz de dispersión para tener una idea de como se distribuyen las variables y la relación 2x2 que tienen entre si. Utilizo la librería `GGally` que tiene la función `ggpairs`.

(a) Check the constant variance assumption for the errors.

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

No se observa un patrón definido, por lo que se acepta una homocedasticidad del error.

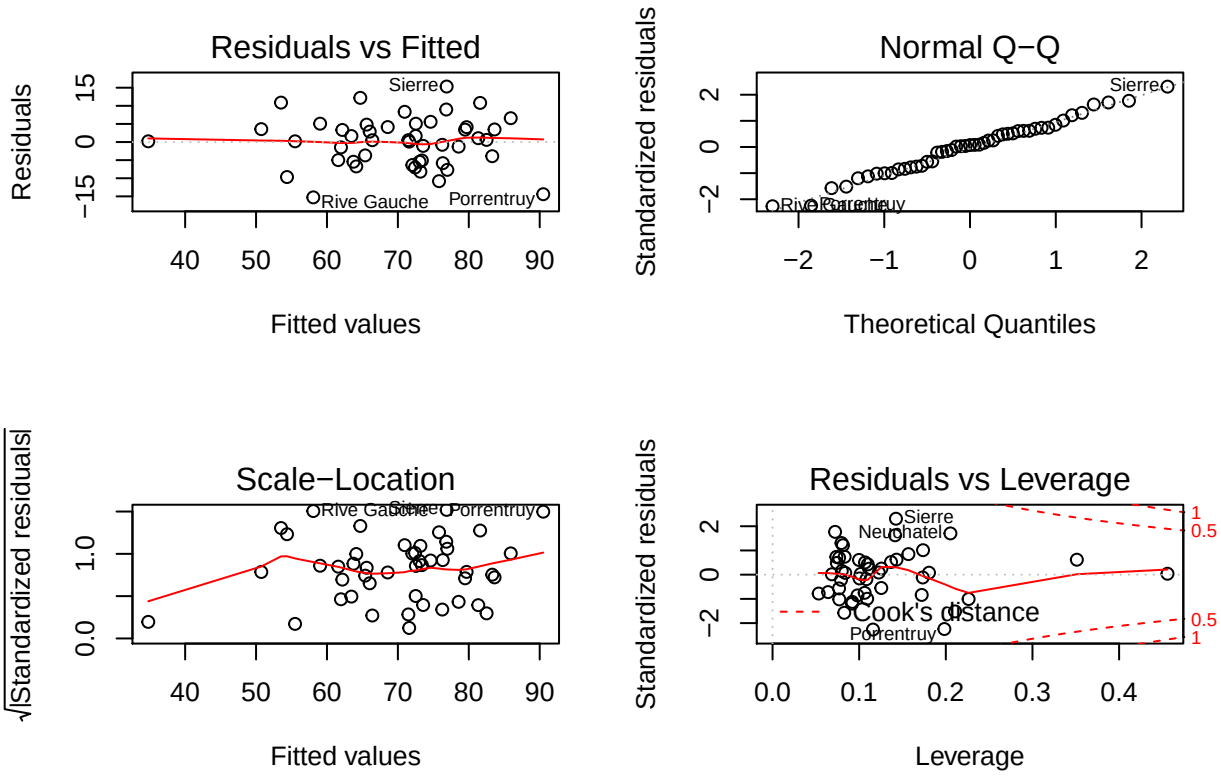


Figure 4: Gráficos Diagnósticos

(b) Check the normality assumption.

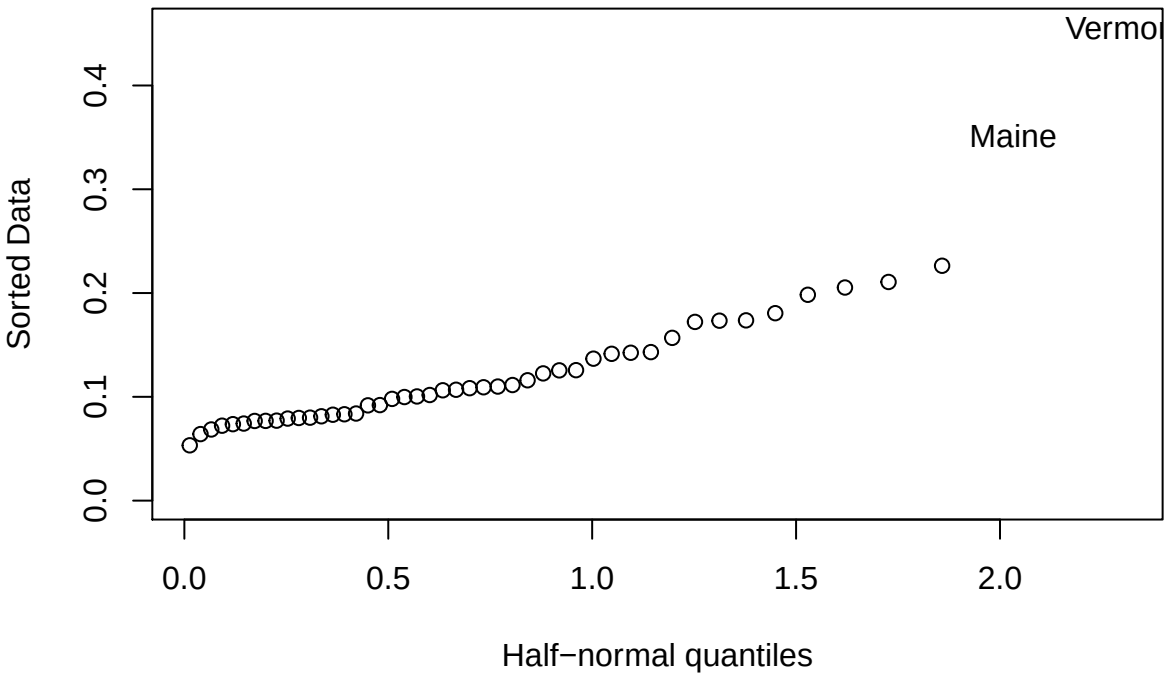
```
shapiro.test(resid(model))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  resid(model)
## W = 0.98892, p-value = 0.9318
```

El gráfico *Q-Q se adapta bien a la linea. La prueba no permite rechazar la H0 de normalidad del error.

(c) Check for large leverage points.

```
halfnorm(hatvalues(model), labs = rownames(sat))
```




```
augment(model) %>%
    filter(.hat > 2*(p/n))
```

```
## # A tibble: 2 x 14
##   .rownames Fertility Agriculture Examination Education Catholic
##   <chr>         <dbl>       <dbl>       <int>     <int>    <dbl>
## 1 La Vallee      54.3        15.2          31        20     2.15
## 2 V. De Ge~      35           1.2          37        53    42.3
## # ... with 8 more variables: Infant.Mortality <dbl>, .fitted <dbl>,
## #   .se.fit <dbl>, .resid <dbl>, .hat <dbl>, .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>,
## #   .std.resid <dbl>
```

Para evaluar los valores extremos en el modelo, utilizamos dos gráficos.

- La gráfica de los valores ajustados versus los residuales estandarizados ($\hat{y} \times \sqrt{|\hat{\epsilon}|}$)
- Una gráfica de *media normal (halfnormal)* versus los residuales estandarizados. De esta manera se pueden identificar los valores mas extremos en X.

En este caso podemos ver que los valores para `Vermont` y `Maine` cumplen con las características para valores extremos. Llaman la atención también los puntos de `La Valle` y `V. De Geneve` que presentan valores extremos en una de las variables.

(d) Check for outliers.

```
augment(model) %>%
    mutate(.t.resid = rstudent(model)) %>%
    filter(abs(.t.resid) > abs(qt(.05/(n * 2), n - p)))
```

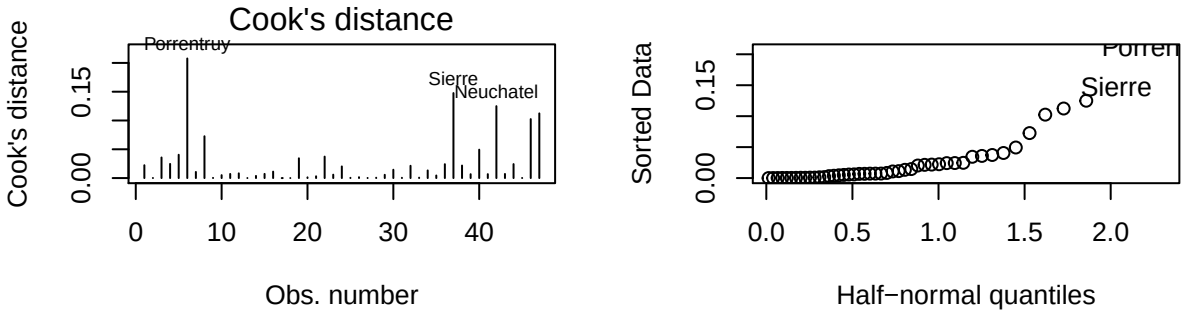
```
## # A tibble: 0 x 15
## # ... with 15 variables: .rownames <chr>, Fertility <dbl>,
## #   Agriculture <dbl>, Examination <int>, Education <int>, Catholic <dbl>,
## #   Infant.Mortality <dbl>, .fitted <dbl>, .se.fit <dbl>, .resid <dbl>,
## #   .hat <dbl>, .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>,
## #   .t.resid <dbl>
```

No hay *outliers* por este criterio. Tampoco se observan en el gráfico de las distancias de Cook en los gráficos diagnósticos

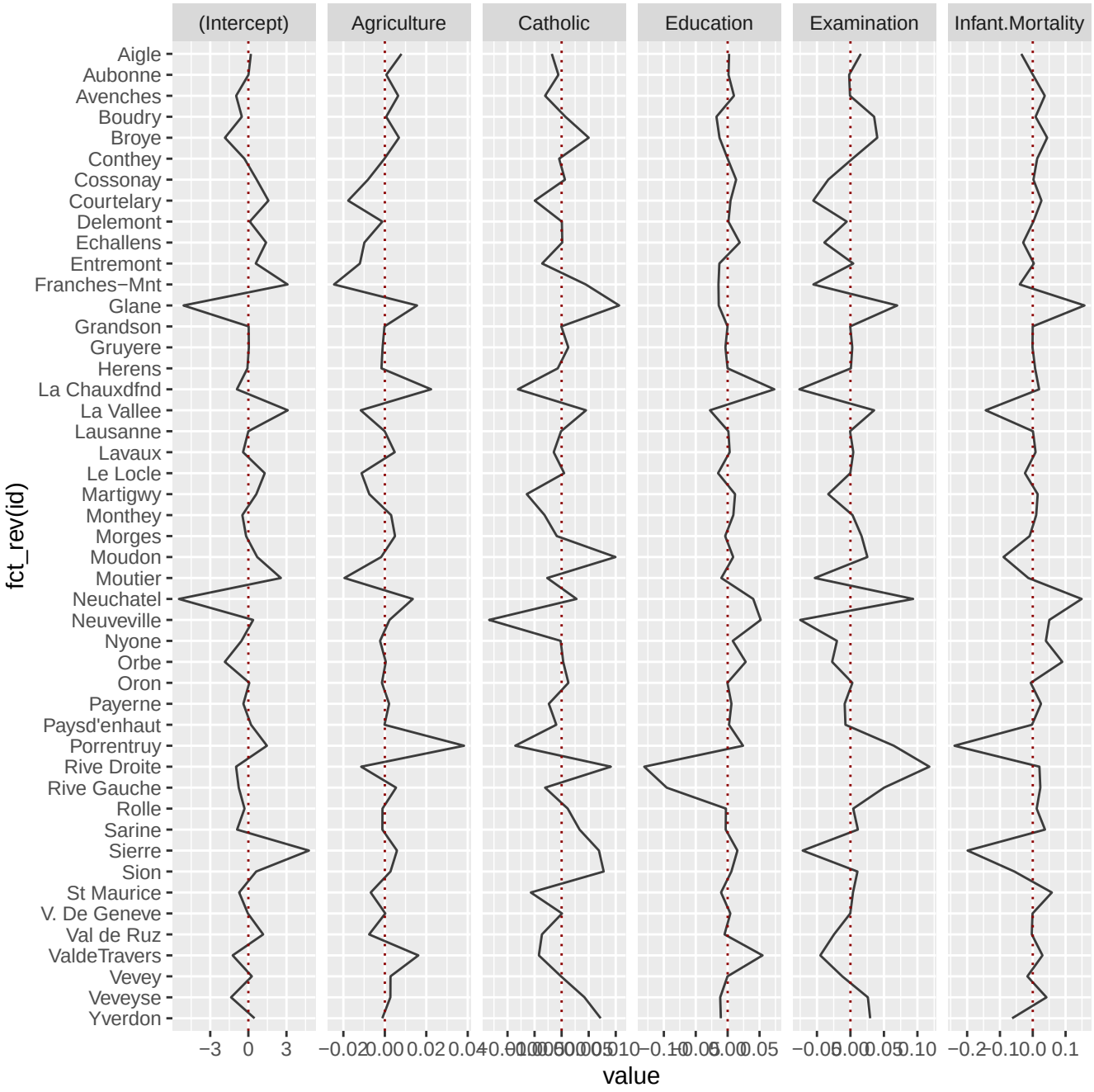
---

(e) Check for influential points.

```
par(mfrow = c(2,2))
plot(model, 4)
halfnorm(cooks.distance(model), labs = rownames(swiss))
```




```
influence(model)$coefficients %>%
    as_tibble(rownames = "id") %>%
    gather(key, value, -id) %>%
    ggplot(aes(fct_rev(id), value, group = key)) +
    geom_line(alpha = .75)+
    coord_flip() +
    geom_hline(yintercept = 0, linetype = 3, color = "darkred") +
    facet_grid(~ key, scales = "free") +
    scale_colour_viridis_d(end=.85)
```




```
colMeans(swiss)
```

```
##        Fertility      Agriculture      Examination        Education
##          70.14255          50.65957          16.48936          10.97872
##         Catholic Infant.Mortality
##          41.14383          19.94255
```

```
swiss %>%
    rownames_to_column() %>%
    filter(rowname %in% c("Porrentruy", "Sierre"))
```

```
##      rowname Fertility Agriculture Examination Education Catholic
## 1 Porrentruy      76.1        35.3           9         7    90.57
## 2     Sierre      92.2        84.6           3         3    99.46
##   Infant.Mortality
```

```
## 1                26.6
## 2                16.3
```

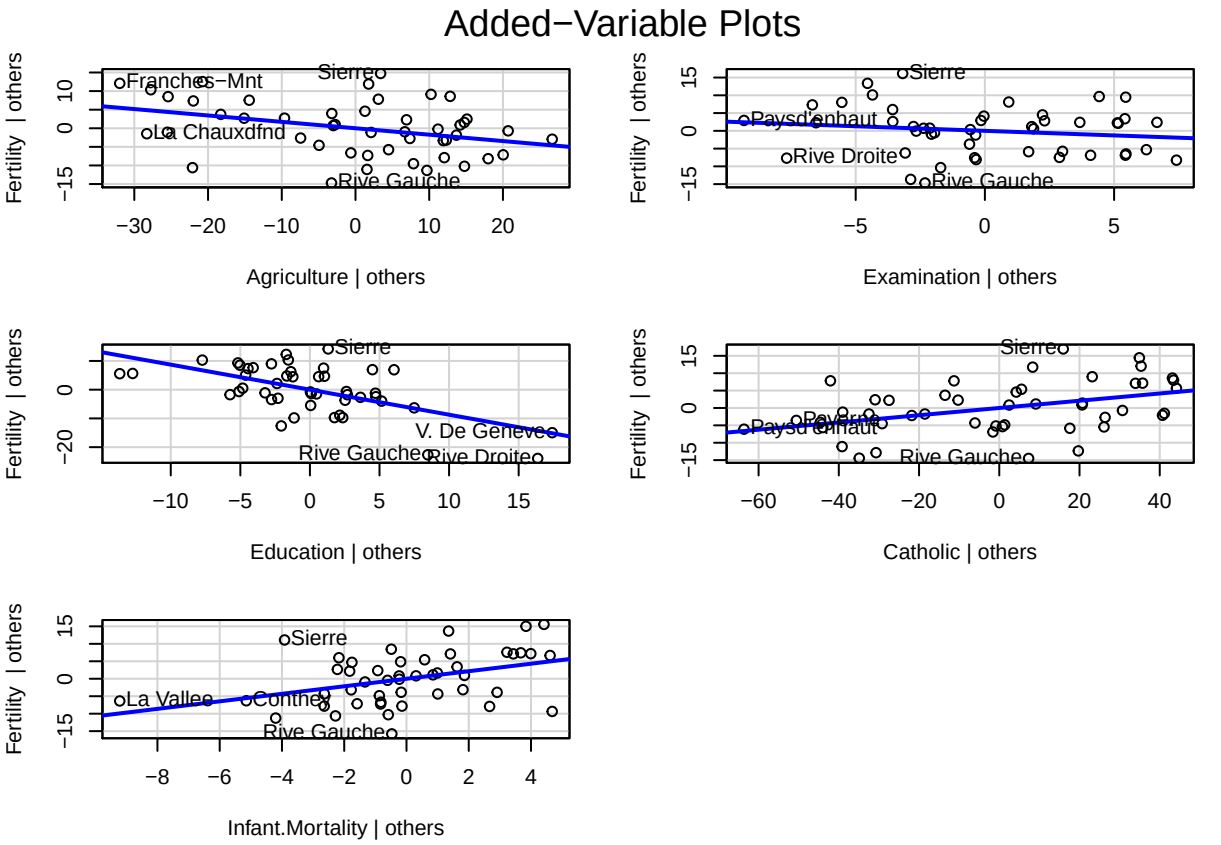
Hay varias observaciones que resultan influyentes. POr le criterio de distancias de Cook, destaca `Porrentruy` que en segundo gráfico podemos ver, modifica `agriculture` y `Infant.Mortality`. `Sierre` modifica `Infant.Mortality` hacia el otro sentido, tiene una mortalidad baja, y `Examination` baja.

Hay dos puntos con alta palanca pero baja influencia, `La Valle` y `V. De Geneve`.

(f) Check the structure of the relationship between the predictors and the response.

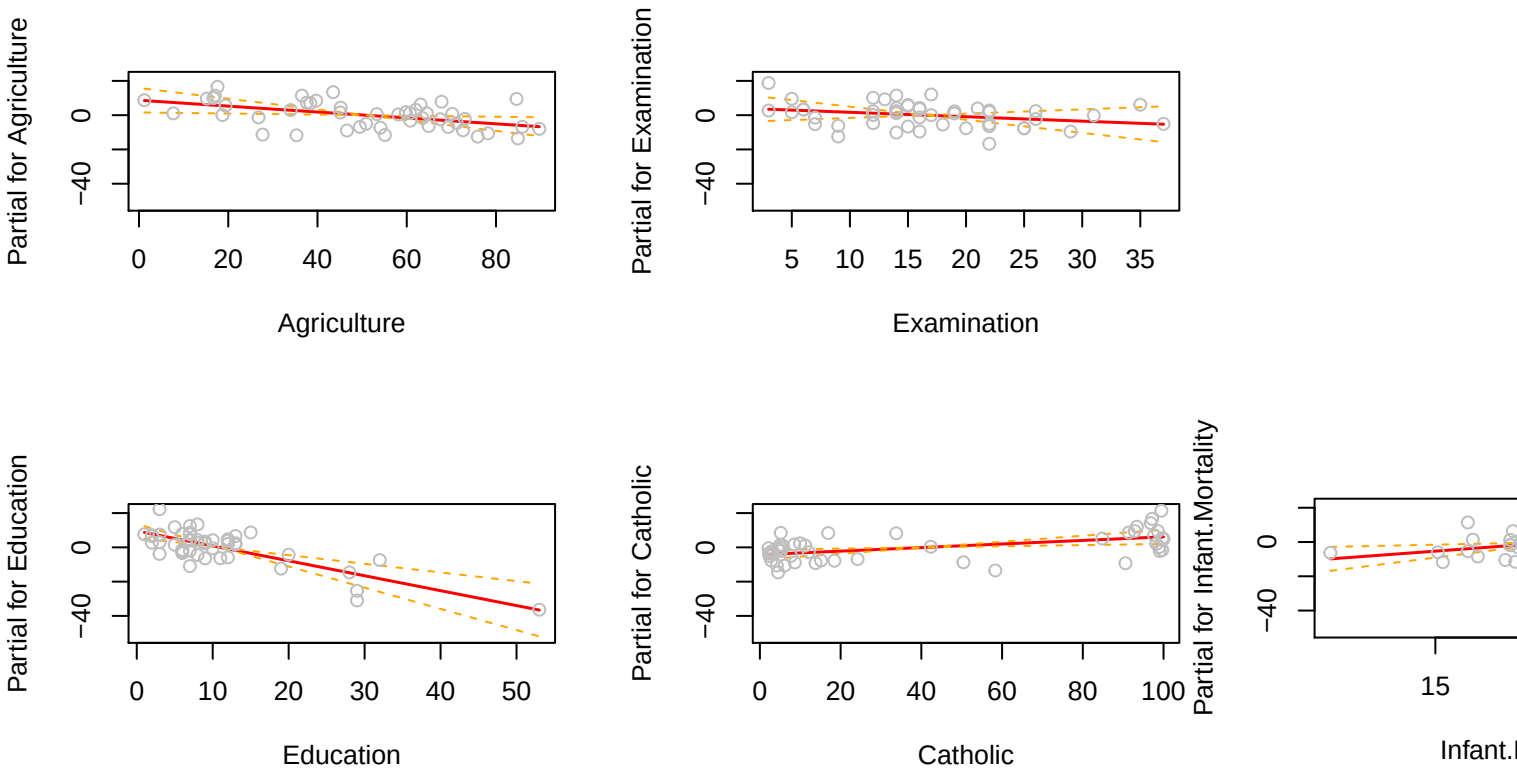
En primer lugar me remito al gráfico de dispersión de (a), que permite reflejar la distribución y la relación 1 a 1 de las variables.

```
car::avPlots(model)
```



La estructura parece correcta. Podemos ver como `Sierre` se aleja de la tendencia de los modelos.

```
par(mfrow = c(2,2))
termplot(model, partial.resid = T, se = T)
```



Se pueden observar los valores extremos pero con poca influencia en `Education` y en `Infant.Mortality` DEstaca la estructura bimodal de `Catholic`. Se podría realizar una transformación de la variable a una categorial o incluso binaria.

5. (Ejercicio 5 cap. 6 pág. 97)

Using the `cheddar` data, fit a model with `taste` as the response and the other three variables as predictors. Answer the questions posed in the first question.

```
n <- dim(cheddar)[1]
p <- dim(cheddar)[2]

model <-
    lm(taste ~ Acetic + H2S + Lactic, data = cheddar)

cheddar %>%
    ggpairs(progress = F)
```

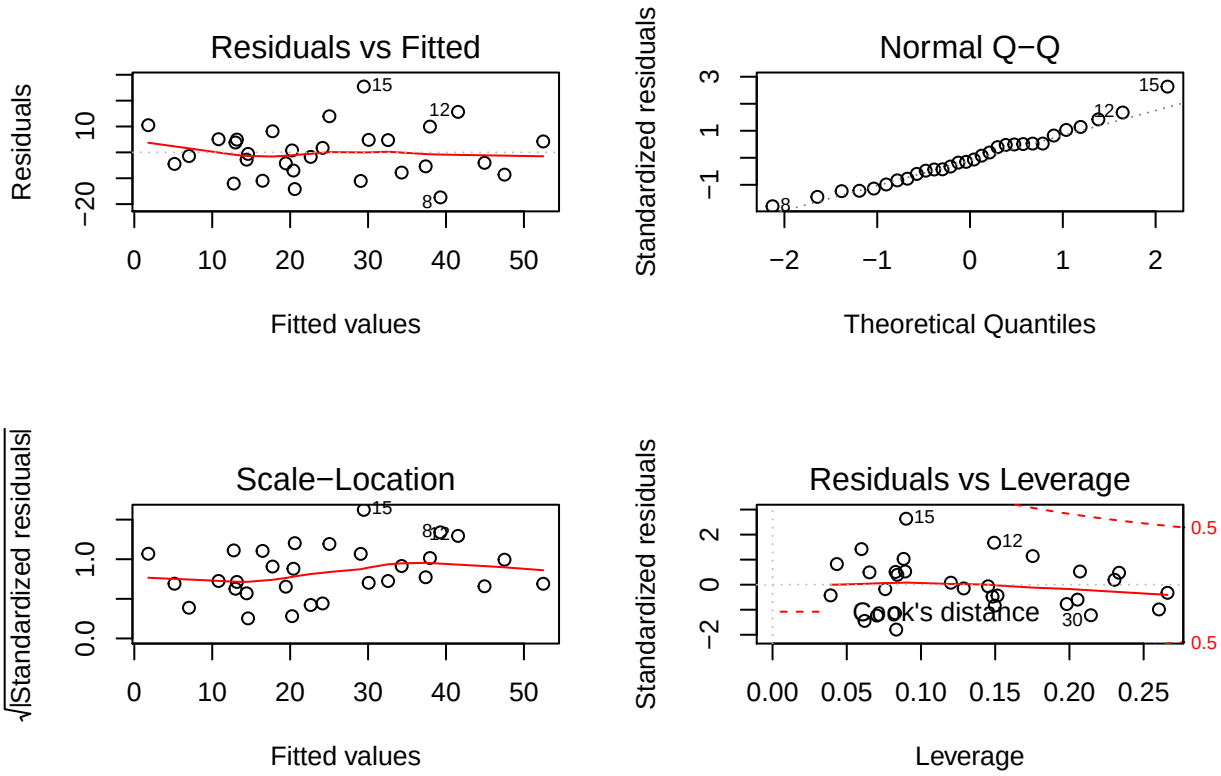
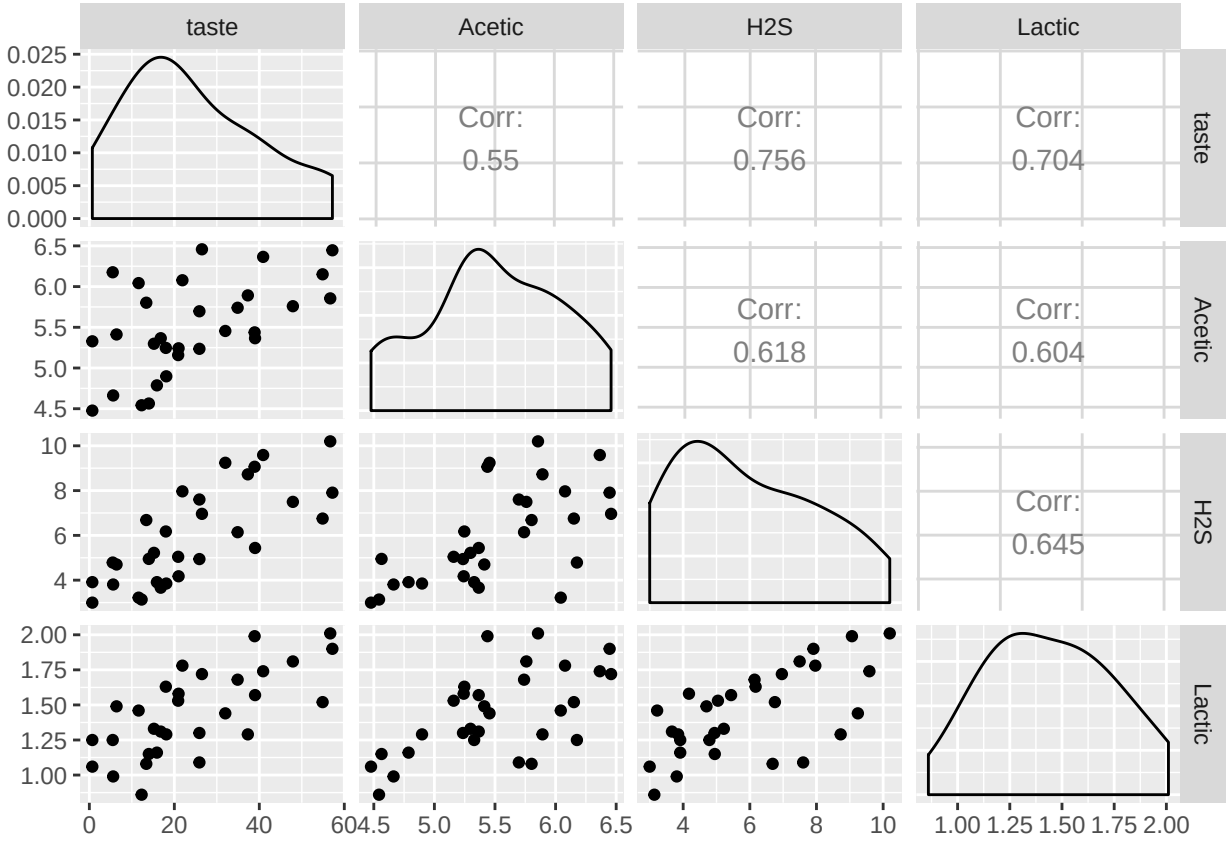


Figure 5: Gráficos Diagnósticos



(a) Check the constant variance assumption for the errors.

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

No se ve un patrón el el gráfico de valores ajustados v/s residuales que haga pensar en problemas de varianza del error.

(b) Check the normality assumption.

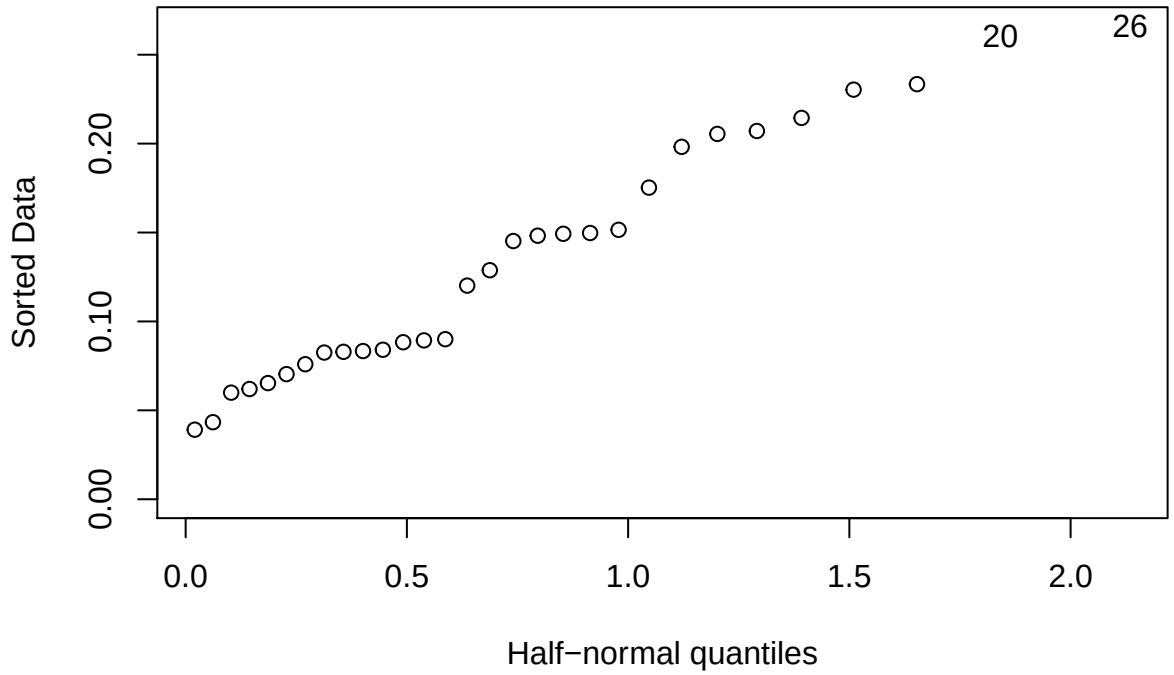
```
shapiro.test(resid(model))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  resid(model)
## W = 0.98021, p-value = 0.8312
```

El gráfico Q-Q sigue una distribución muy cercana a la recta y la prueba de S-W no permite desechar la H0 por lo que se puede asumir la normalidad de los residuales.

(c) Check for large leverage points.

```
halfnorm(hatvalues(model), labs = rownames(cheddar))
```




```
augment(model) %>%
    rowid_to_column() %>%
    filter(.hat > 2*(p/n))
```

```
## # A tibble: 0 x 12
## # ... with 12 variables: rowid <int>, taste <dbl>, Acetic <dbl>,
## #   H2S <dbl>, Lactic <dbl>, .fitted <dbl>, .se.fit <dbl>, .resid <dbl>,
## #   .hat <dbl>, .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>
```

Los casos 20 y 26 son los casos mas extremos.

(d) Check for outliers.

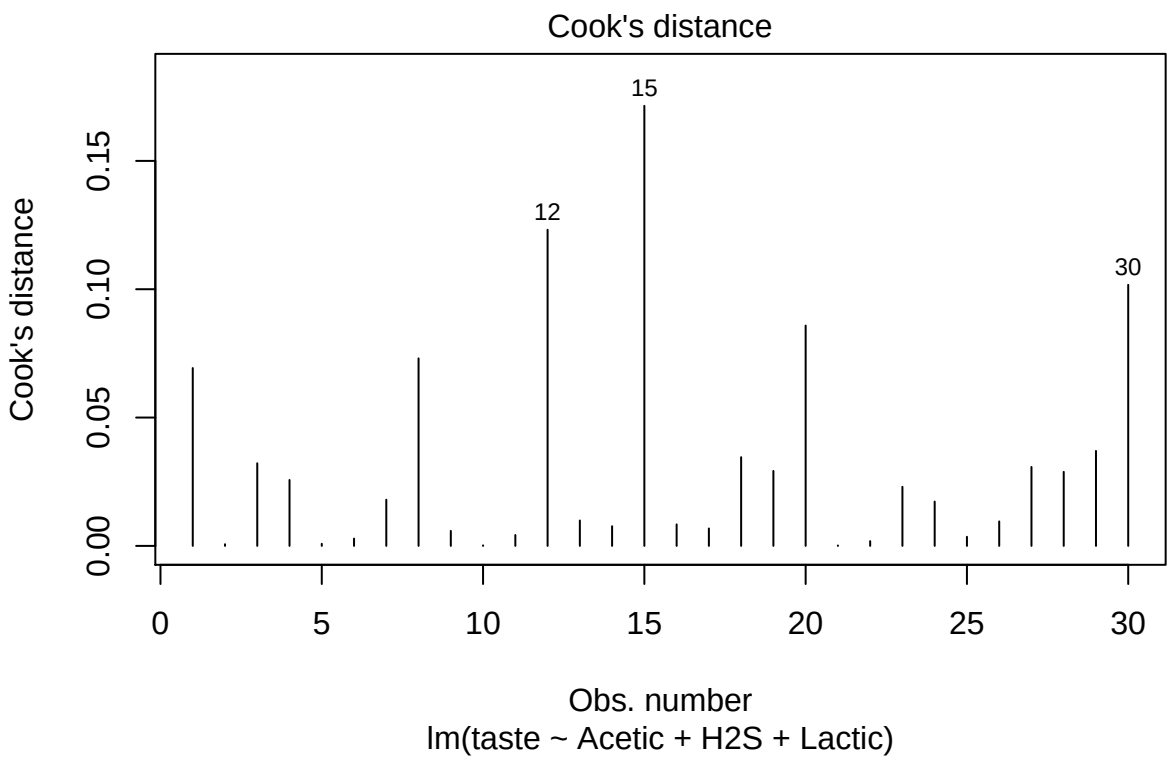
```
augment(model) %>%
    mutate(.t.resid = rstudent(model)) %>%
    filter(abs(.t.resid) > abs(qt(.05/(n * 2), n - p)))
```

```
## # A tibble: 0 x 12
## # ... with 12 variables: taste <dbl>, Acetic <dbl>, H2S <dbl>,
## #   Lactic <dbl>, .fitted <dbl>, .se.fit <dbl>, .resid <dbl>, .hat <dbl>,
## #   .sigma <dbl>, .cooksd <dbl>, .std.resid <dbl>, .t.resid <dbl>
```

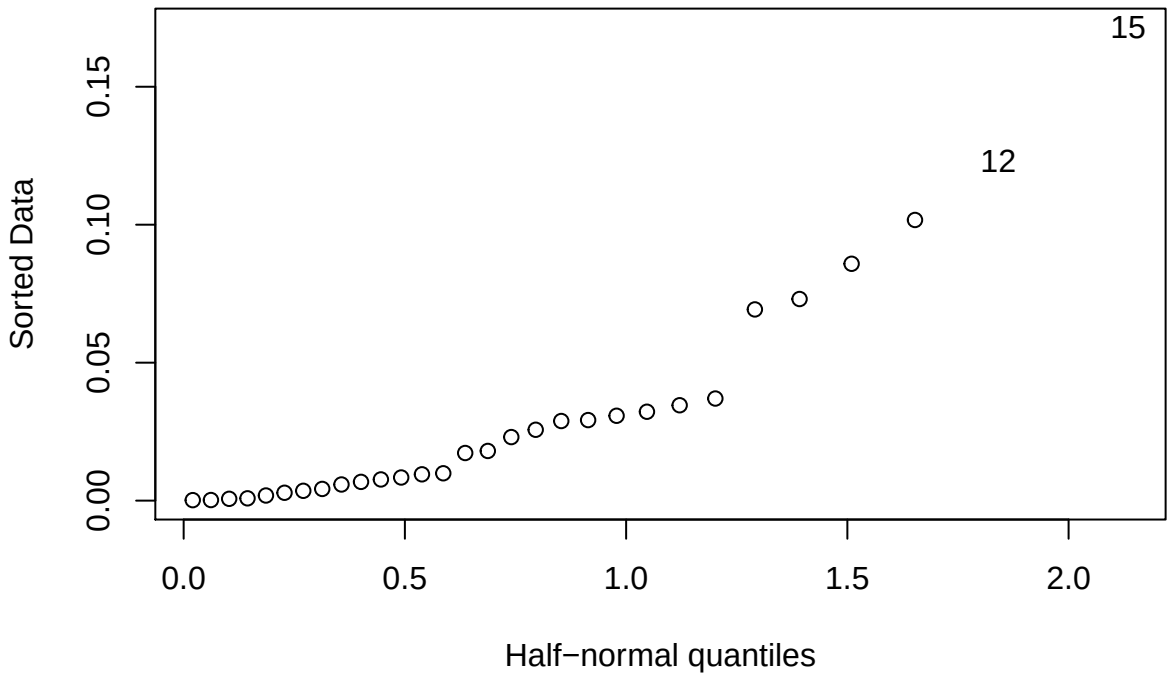
No hay outliers según este criterio.

(e) Check for influential points.

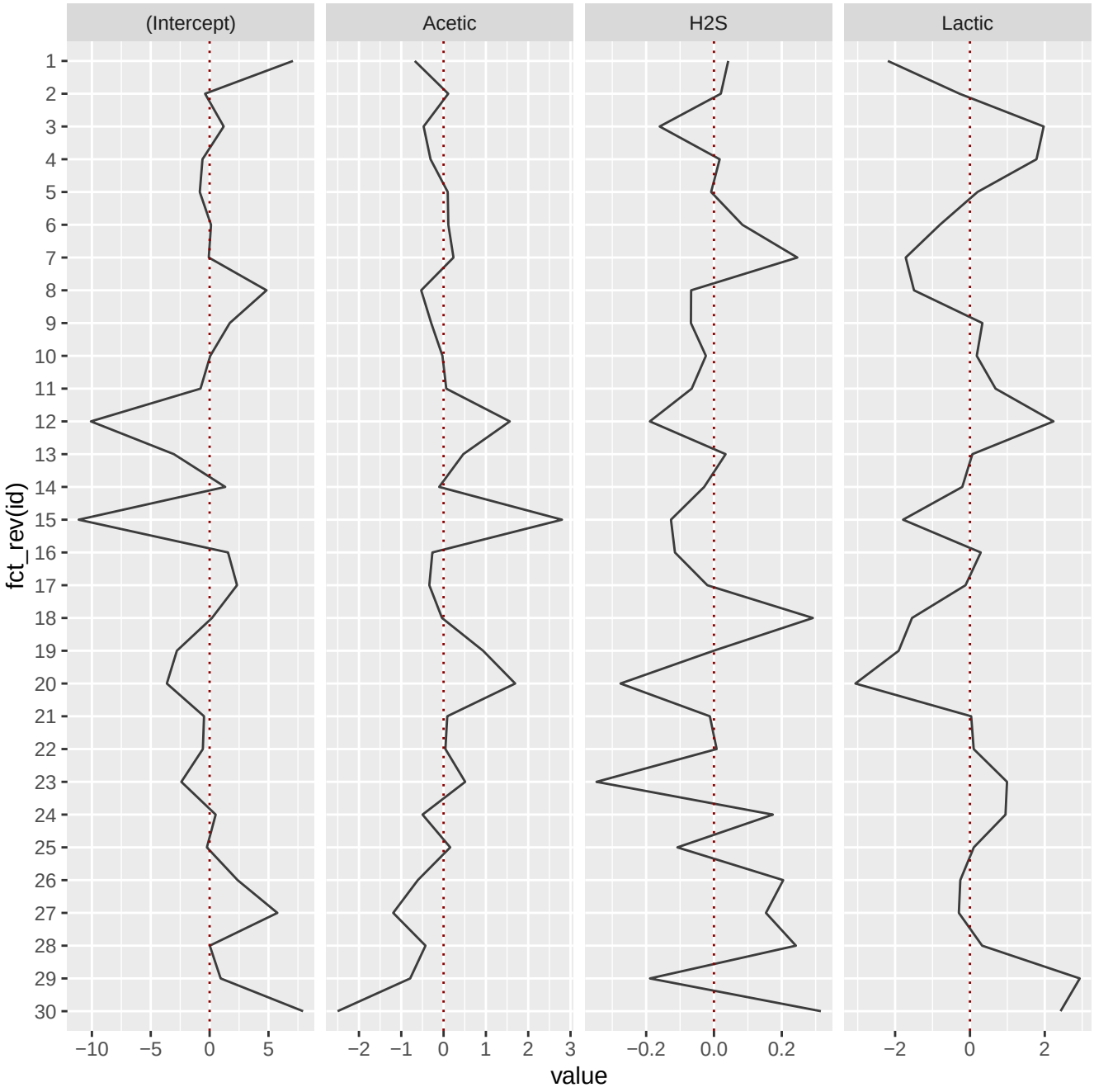
```
plot(model, 4)
```




```
halfnorm(cooks.distance(model), labs = rownames(cheddar))
```




```
influence(model)$coefficients %>%
    as_tibble(rownames = "id") %>%
    mutate(id = factor(id, levels = c(1:n))) %>%
    gather(key, value, -id) %>%
    ggplot(aes(fct_rev(id), value, group = key)) +
    geom_line(alpha = .75)+
    coord_flip() +
    geom_hline(yintercept = 0, linetype = 3, color = "darkred") +
    facet_grid(~ key, scales = "free")
```



Los casos 12 y 15 son casos influyentes.

```
model_1 <-
    cheddar %>%
    rownames_to_column() %>%
    filter(rowname != "15") %>%
    lm(formula = taste ~ Acetic + H2S + Lactic, data = .)



tidy(model)
```

```
## # A tibble: 4 x 5
##   term        estimate std.error statistic p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>   <dbl>
```

```
## 1 (Intercept)  -28.9       19.7    -1.46   0.155
## 2 Acetic          0.328      4.46    0.0735 0.942
## 3 H2S             3.91       1.25    3.13   0.00425
## 4 Lactic         19.7        8.63    2.28   0.0311
```

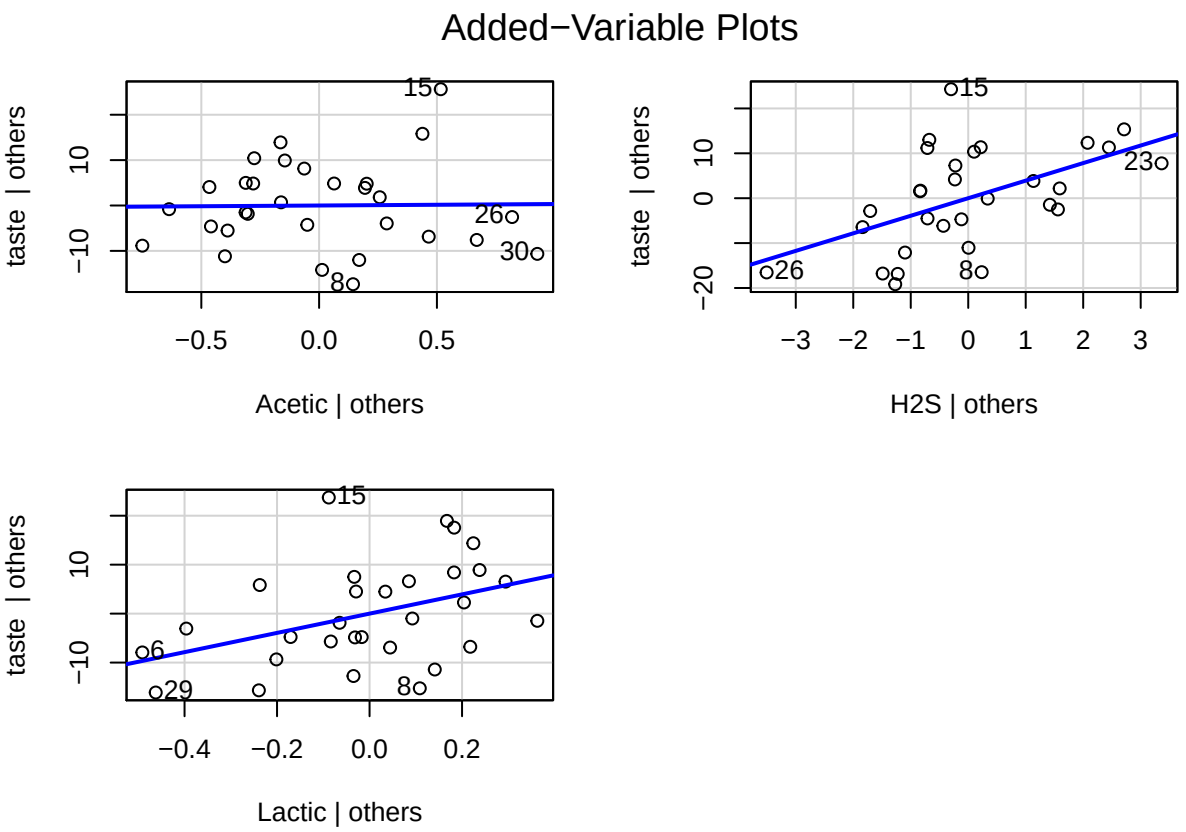
```
tidy(model_1)
```

```
## # A tibble: 4 x 5
##   term        estimate std.error statistic p.value
##   <chr>          <dbl>     <dbl>     <dbl>   <dbl>
## 1 (Intercept)   -17.8      17.6     -1.01  0.323
## 2 Acetic         -2.47      4.00    -0.617 0.543
## 3 H2S             4.04      1.09     3.70  0.00106
## 4 Lactic         21.5       7.56     2.84  0.00886
```

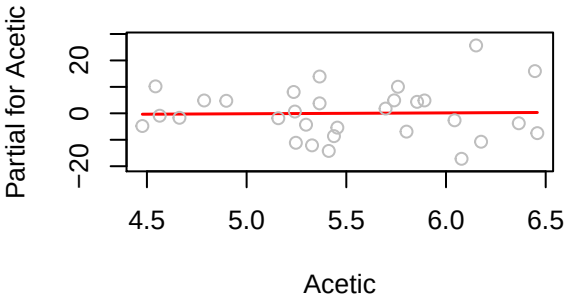
El caso 15 modifica el coeficiente de `Acetic` en 2 , y `Lactic` en casi 2.

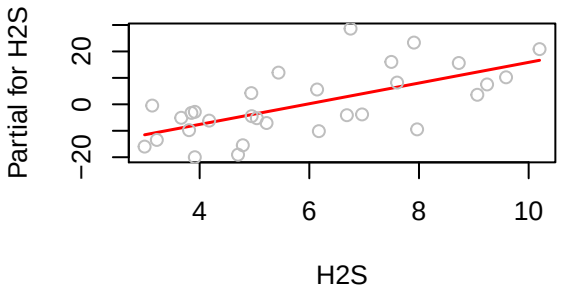
(f) Check the structure of the relationship between the predictors and the response.

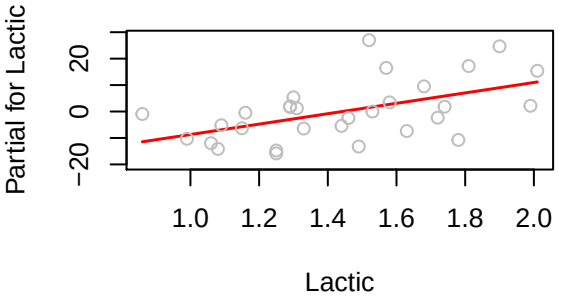
```
car::avPlots(model)
```




```
par(mfrow = c(2,2))
termplot(model, partial.resid = T)
```







NO se ven mayores problemas estructurales en los gráficos.

6. (∗) (Ejercicio 6 cap. 6 pág. 98)

Using thehappydata, fit a model withhappyas the response and the other four variables aspredictors. Answer the questions posed in the first question.

7. (∗) (Ejercicio 7 cap. 6 pág. 98)

Using thetvdoctordata, fit a model withlifeas the response and the other two variables aspredictors. Answer the questions posed in the first question.

8. (∗) (Ejercicio 8 cap. 6 pág. 98)

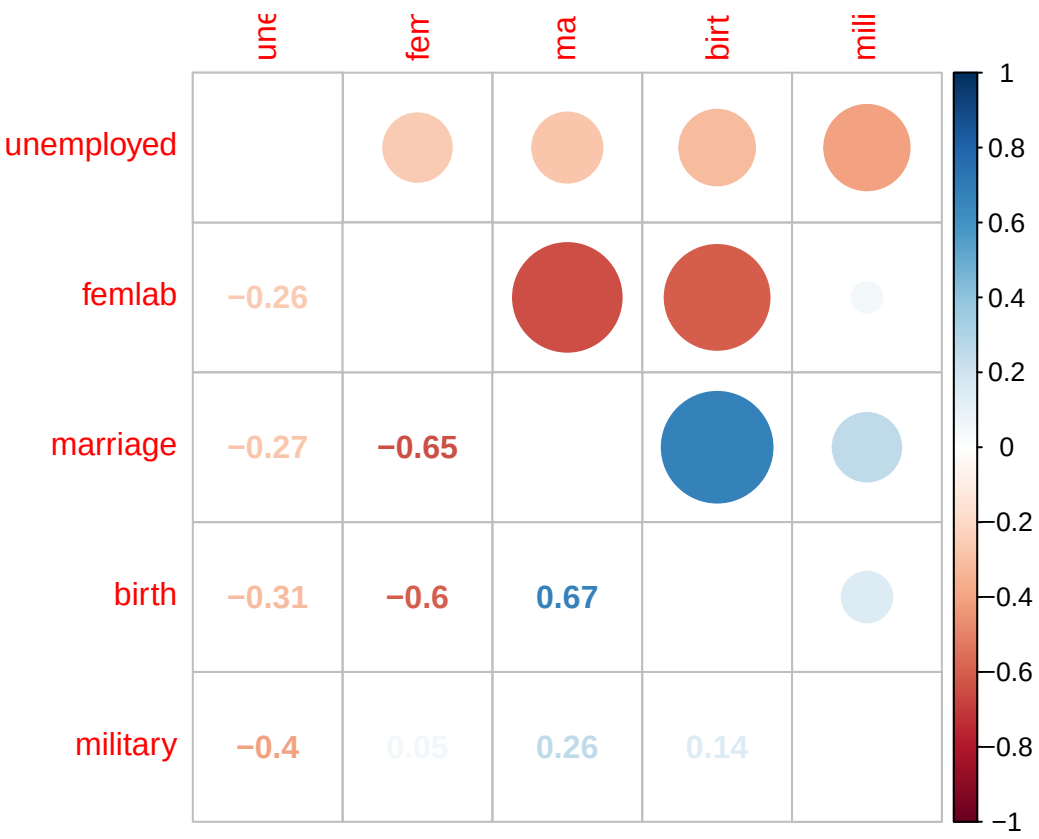
For thedivusadata, fit a model withdivorceas the response and the other variables, except yearas predictors. Check for serial correlation.

9. (Ejercicio 3 cap. 7 pág. 110)

Using the `divusa` data:

(a) Fit a regression model with `divorce` as the response and `unemployed`, `femlab`, `marriage`, `birth` and `military` as predictors. Compute the condition numbers and interpret their meanings.

```
# Miramos colinearidad
divusa %>%
select(-year, -divorce) %>%
  cor() %>%
  corrplot.mixed(., lower = "number", upper = "circle", tl.pos = "lt")
```




```
model <- lm(divorce ~ unemployed + femlab + marriage + birth + military, data = divusa)
```

Podemos observar que si hay varios predictores que presenta correlación entre si.

```
X <- model.matrix(model)[,-1]
eig <- eigen(t(X) %*% X)

eig$values
```

```
## [1] 1174600.548   21261.741   16133.842    6206.181    1856.894
```

```
(c_nums <- sqrt(eig$values[1] / eig$values))
```

```
## [1]  1.000000  7.432684  8.532498 13.757290 25.150782
```

Los *números de condición* son relativamente pequeños (< 30) por lo que a pesar de la correlación de parejas encontrada, no parece existir un problema grave de colinearidad.

(b) For the same model, compute the VIFs. Is there evidence that collinearity causes some pre-dictors not to be significant? Explain.

```
(vifs <- vif(X))
```

```
## unemployed     femlab   marriage      birth   military
##   2.252888   3.613276   2.864864   2.585485   1.249596
```

```
sqrt(vifs)
```

```
## unemployed     femlab   marriage      birth   military
```

```
##   1.500962   1.900862   1.692591   1.607944   1.117853
```

Si bien hay algunas X_i donde la VIF se aleja de 1 que es la ortogonalidad, tampoco se aleja demasiado. Donde más se aleja es en X_{femlab} donde se puede interpretar que el error estándar aumenta en 1.9008618

```
model_1 <-
  lm(formula = divorce+2*rnorm(dim(divusa)[1]) ~ unemployed + femlab + marriage + birth +
    military, data = divusa)




sumary(model)
```

```
##              Estimate Std. Error t value  Pr(>|t|)
## (Intercept)  2.487845   3.393779  0.7331   0.46594
## unemployed  -0.111252   0.055925 -1.9893   0.05052
## femlab       0.383649   0.030587 12.5430 < 2.2e-16
## marriage     0.118674   0.024414  4.8609 6.772e-06
## birth       -0.129959   0.015595 -8.3334 4.027e-12
## military    -0.026734   0.014247 -1.8764   0.06471
##
## n = 77, p = 6, Residual SE = 1.65042, R-Squared = 0.92
```

```
sumary(model_1)
```

```
##              Estimate Std. Error t value  Pr(>|t|)
## (Intercept)  1.777588   5.118599  0.3473  0.729408
## unemployed  -0.045224   0.084347 -0.5362  0.593522
## femlab       0.393726   0.046132  8.5348 1.704e-12
## marriage     0.123676   0.036822  3.3587  0.001262
## birth       -0.134402   0.023521 -5.7142 2.400e-07
## military    -0.029860   0.021488 -1.3896  0.168985
##
## n = 77, p = 6, Residual SE = 2.48922, R-Squared = 0.84
```

A pesar de eso, si agregamos un poco de ruido el modelo se mantiene relativamente estable.

(c) Does the removal of insignificant predictors from the model reduce the collinearity? Investigate.

```
model_1 <-
  lm(formula = divorce+2*rnorm(dim(divusa)[1]) ~ unemployed + marriage + birth  +
    military, data = divusa)

model_2 <-
```

```
  lm(formula = divorce+2*rnorm(dim(divusa)[1]) ~ unemployed + femlab  +
    military, data = divusa)

sumary(model)
```

```
##              Estimate Std. Error t value  Pr(>|t|)
## (Intercept)  2.487845   3.393779  0.7331   0.46594
## unemployed  -0.111252   0.055925 -1.9893   0.05052
## femlab       0.383649   0.030587 12.5430 < 2.2e-16
## marriage     0.118674   0.024414  4.8609 6.772e-06
## birth       -0.129959   0.015595 -8.3334 4.027e-12
## military    -0.026734   0.014247 -1.8764   0.06471
##
## n = 77, p = 6, Residual SE = 1.65042, R-Squared = 0.92
```

```
sumary(model_1)
```

```
##              Estimate Std. Error t value  Pr(>|t|)
## (Intercept) 42.336525   2.839064 14.9121 < 2.2e-16
## unemployed  -0.706181   0.095437 -7.3994 2.015e-10
## marriage    -0.049276   0.045069 -1.0933    0.2779
## birth       -0.222237   0.030283 -7.3386 2.614e-10
## military    -0.049789   0.032004 -1.5557    0.1242
##
## n = 77, p = 5, Residual SE = 3.71470, R-Squared = 0.65
```

```
sumary(model_2)
```

```
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -2.646295   1.580933 -1.6739  0.09843
## unemployed   0.014427   0.078119  0.1847  0.85400
## femlab       0.429437   0.030957 13.8721  < 2e-16
## military    -0.033468   0.025855 -1.2944  0.19960
##
## n = 77, p = 4, Residual SE = 3.06290, R-Squared = 0.74
```

```
vif(model_1)
```

```
## unemployed   marriage      birth   military
##   1.295131   1.927175   1.924532   1.244658
```

```
vif(model_2)
```

```
## unemployed     femlab   military
```

```
##    1.276363    1.074670    1.194897
```

En este caso reviso dos modelos alternativos. Uno sin la variable `femlab` cuyo VIF era alta en l modelo original, y un segundo modelo con la variable `femlab` pero sin `marriage` ni `birth` que tienen una correlación de pareja alta con `femlab` y entre si.

Los dos modelos alternativos pierden bastante poder explicativo lo que se ve reflejado en un R^2 mas pequeño, sobretodo el sin `femlab`. Por otra parte, es verdad que en el primer modelo sin `femlab` no baja la VIF (aumenta en las variables que tiene correlación, `birth` y `marriage`). En el segundo modelo, sin `birth` y `marriage`, la R^2 baja, pero la VIF también.

Como conclusión, creo que el modelo original es correcto.

10. (Ejercicio 4 cap. 7 pág. 110)

For the `longley` data, fit a model with `Employed` as the response and the other variables as predictors.

(a) Compute and comment on the condition numbers.

```r
model <- lm(Employed ~ ., data = longley)

X <- model.matrix(model)[,-1]
eig <- eigen(t(X) %*% X)

eig$values
```

```
## [1] 6.665299e+07 2.090730e+05 1.053550e+05 1.803976e+04 2.455730e+01
## [6] 2.015117e+00
```

```r
(c_nums <- sqrt(eig$values[1] / eig$values))
```

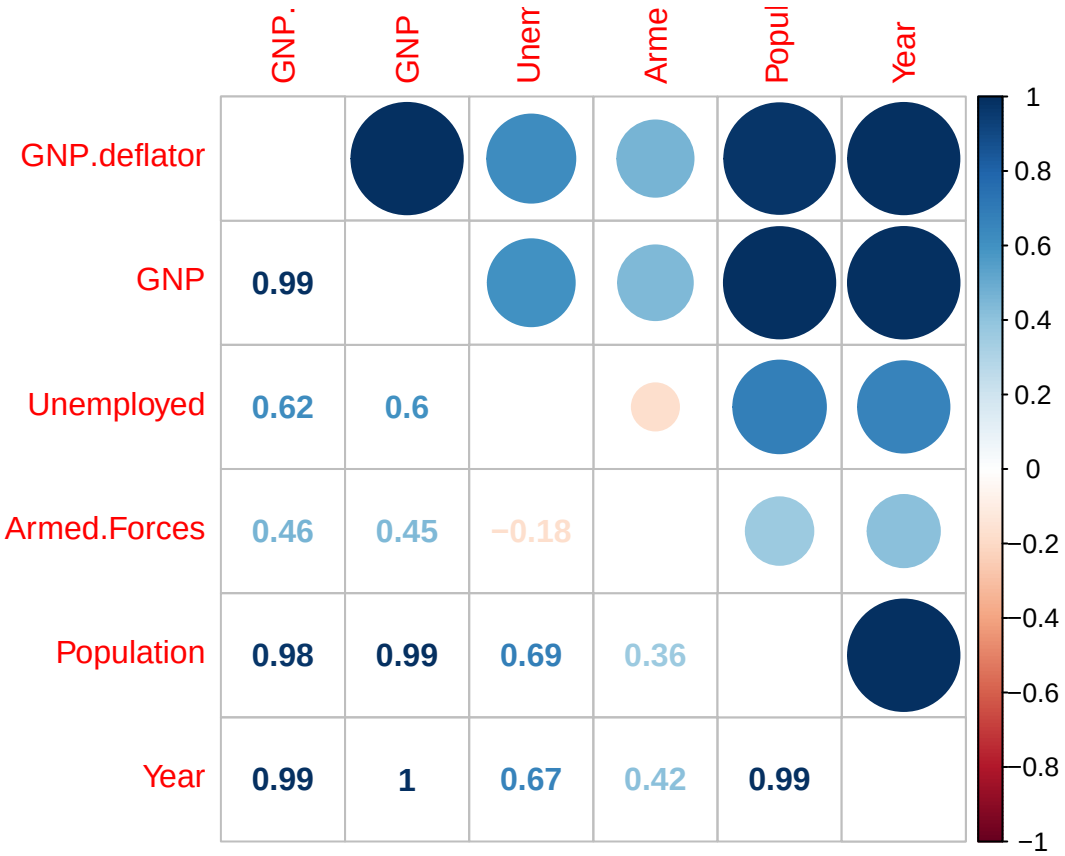
```
## [1]    1.00000   17.85504   25.15256   60.78472 1647.47771 5751.21560
```

Los *numeros de condición* son bastante altos al igual que los eigenvalues, lo que sugiere multicolinearidad

---

(b) Compute and comment on the correlations between the predictors.

```r
corrplot.mixed(cor(X), lower = "number", upper = "circle", tl.pos = "lt")
```



En este caso las variables predictoras tienen mucha mayor correlación entre si.

(c) Compute the variance inflation factors.

```
(vifs <- vif(X))
```

```
## GNP.deflator          GNP   Unemployed Armed.Forces   Population
##    135.53244   1788.51348     33.61889      3.58893    399.15102
##         Year
##    758.98060
```

```
sqrt(vifs)
```

```
## GNP.deflator          GNP   Unemployed Armed.Forces   Population
##    11.641840    42.290820     5.798180     1.894447    19.978764
##         Year
##    27.549602
```

En este caso excepto por `Armed.Forces`, y algo menos `Unemployed`, la mayoría de las variables predictoras correlacionan entre si, y hacen que aumente el error estándar del modelo. Es probable que un modelo mas simple pueda funcionar mejor.

```
summary(model)
```

```
##
```

```
## Call:
## lm(formula = Employed ~ ., data = longley)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.41011 -0.15767 -0.02816  0.10155  0.45539
##
## Coefficients:
##                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  -3.482e+03  8.904e+02  -3.911 0.003560 **
## GNP.deflator  1.506e-02  8.492e-02   0.177 0.863141
## GNP          -3.582e-02  3.349e-02  -1.070 0.312681
## Unemployed   -2.020e-02  4.884e-03  -4.136 0.002535 **
## Armed.Forces -1.033e-02  2.143e-03  -4.822 0.000944 ***
## Population   -5.110e-02  2.261e-01  -0.226 0.826212
## Year          1.829e+00  4.555e-01   4.016 0.003037 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.3049 on 9 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9955, Adjusted R-squared:  0.9925
## F-statistic: 330.3 on 6 and 9 DF,  p-value: 4.984e-10
```

11. (Ejercicio 5 cap. 7 pág. 110)

For the `prostate` data, fit a model with `lpsa` as the response and the other variables as predictors.

```
model <-
  lm(lpsa ~ ., data = prostate)
```

(a) Compute and comment on the condition numbers.

```
X <- model.matrix(model)[,-1]
eig <- eigen(t(X) %*% X)

eig$values
```

```
## [1] 4.790826e+05 6.190704e+04 2.109042e+02 1.756329e+02 6.479853e+01
## [6] 4.452379e+01 2.023914e+01 8.093145e+00
```

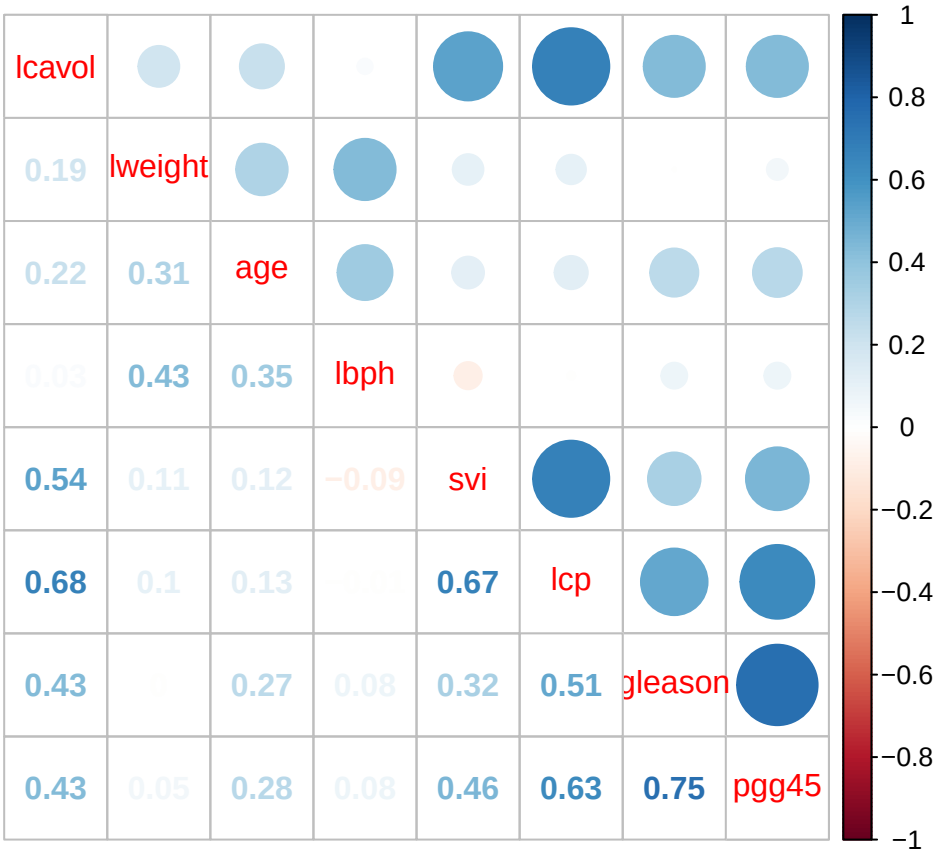
```
(c_nums <- sqrt(eig$values[1] / eig$values))
```

```
## [1]   1.00000   2.78186  47.66094  52.22787  85.98499 103.73114 153.85414
## [8] 243.30248
```

HAlgunos valores son altos y otros no, lo que sugiere que podría haber multicolinerarida en varias combinaciones lineales.

(b) Compute and comment on the correlations between the predictors.

```
corrplot.mixed(cor(X), lower = "number", upper = "circle", tl.pos = "d")
```



Se corrobora lo anterior en la medida de que hay alguno de los predictores que correlacionan bastante, como el caso de `pgg45` con `gleason` y `lcp`; `lcp` con `svl` y `lcavol`.

(c) Compute the variance inflation factors.

```
(vifs <- vif(X))
```

```
##   lcavol  lweight      age     lbph      svi      lcp  gleason    pgg45
## 2.054115 1.363704 1.323599 1.375534 1.956881 3.097954 2.473411 2.974361
```

```
sqrt(vifs)
```

```
##   lcavol  lweight      age     lbph      svi      lcp  gleason    pgg45
## 1.433218 1.167777 1.150478 1.172832 1.398886 1.760100 1.572708 1.724634
```

De todas formas, a pesar de la correlación, no parece haber un mayor problema al analizar la VIF. La mayoría de los predictores suman poco error

12. (∗) (Ejercicio 8 cap. 7 pág. 111)

Use the fat data, fitting the model described in Section 4.2.

(a) Compute the condition numbers and variance inflation factors. Comment on the degree ofcollinearity observed in the data.

(b) Cases 39 and 42 are unusual. Refit the model without these two cases and recompute thecollinearity diagnostics. Comment on the differences observed from the full data fit.

(c) Fit a model withbrozekas the response and justage,weightandheightas predictors.Compute the collinearity diagnostics and compare to the full data fit.

(d) Compute a 95% prediction interval forbrozekfor the median values ofage,weightandheight.

(e) Compute a 95% prediction interval forbrozekforage=40,weight=200andheight=73. Howdoes the interval compare to the previous prediction?

(f) Compute a 95% prediction interval forbrozekforage=40,weight=130andheight=73. Arethe values of predictors unusual? Comment on how the interval compares to the previous twoanswers.

Ejercicios del libro de Carmona1.

(∗) (Ejercicio 9.1 del Capítulo 9 página 172)

Realizar el análisis completo de los residuos del modelo de regresión parabólico propuesto en lasección 1.2 con los datos de tráfico.2.

(∗) (Ejercicio 9.2 del Capítulo 9 página 172)

Realizar el análisis completo de los residuos de los modelos de regresión simple y parabólico pro-puestos en la sección 1.2 con los datos de tráfico, pero tomando como variable respuesta la velocidad(sin raíz cuadrada). Este análisis debe justificar la utilización de la raíz cuadrada de la velocidadcomo variable dependiente.