Un poco más de python

Loop (Ciclos o Bucles)

for ... in

Estructura básica

for “x” in “Valores”:

    accion1

    accion2

    etc.

Nota: range(n) da los números consecutivos 0, 1, 2, 3 ,… n-1.

```
>>> list(range(10))
>>> [0,1,2,3,4,5,6,7,8,9]
```

Ejemplo 0:

```
>>>  for n in range(10):
>>>         print(n)
>>>         pass        # La instrucción "pass" señala el final del ciclo.
```

Muliticolinealidad y Factor de Inflación de la Varianza (VIF)

- *La multicolinealidad se refiere a una alta correlación en dos o más variables independientes en el modelo de regresión.*
- *El factor de inflación de la varianza **(VIF)** mide el grado de multicolinealidad en el modelo de regresión.*

VIF está relacionado con el R-cuadrado, y su fórmula es

$$\mathrm{VIF}_i = \frac{1}{1 - R_i^2}$$

Donde R_i es el coeficiente de correlación multiple entre las X_i y el resto de las variables independientes.

Diagnóstico de multicolinealidad mediante el factor de inflación de la varianza (VIF)

- VIF, índices de tolerancia (TI) y coeficientes de correlación son métricas útiles para la detección de multicolinealidad**.**
- El rango de VIF para evaluar la multicolinealidad se da como

Valor VIF	Diagnostico
1	Ausencia total de multicolinealidad
(1 2]	Ausencia de una fuerte multicolinealidad
> 2	Presencia de multicolinealidad moderada a fuerte

- VIF puede detectar multicolinealidad, **pero no identifica variables independientes** que están causando multicolinealidad. Aquí, el análisis de correlación es útil para detectar variables independientes altamente correlacionadas

Ejemplo de diagnóstico y correción de la multicolinealidad, utilizando datos de presión arterial.

Datos:
https://reneshbedre.github.io/assets/posts/reg/bp.csv.

```
import pandas as pd
import statsmodels.formula.api as sm
from statsmodels.stats.outliers_influence import variance_inflation_factor
df = pd.read_csv("https://reneshbedre.github.io/assets/posts/reg/bp.csv")

df.info()
```

Veamos el calculo del VIF para algunas variables independientes, Age, Weight y BSA.

```
Type "copyright", "credits" or "license" for more information.

IPython 7.27.0 -- An enhanced Interactive Python.

In [1]: import pandas as pd

In [2]: import statsmodels.formula.api as sm

In [3]: from statsmodels.stats.outliers_influence import variance_inflation_factor

In [4]: df = pd.read_csv("https://reneshbedre.github.io/assets/posts/reg/bp.csv")

In [5]: df.info()
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 20 entries, 0 to 19
Data columns (total 8 columns):
 #   Column  Non-Null Count  Dtype
---  ------  --------------  -----
 0   Pt      20 non-null     int64
 1   BP      20 non-null     int64
 2   Age     20 non-null     int64
 3   Weight  20 non-null     float64
 4   BSA     20 non-null     float64
 5   Dur     20 non-null     float64
 6   Pulse   20 non-null     int64
 7   Stress  20 non-null     int64
dtypes: float64(3), int64(5)
memory usage: 1.4 KB

In [6]:
```

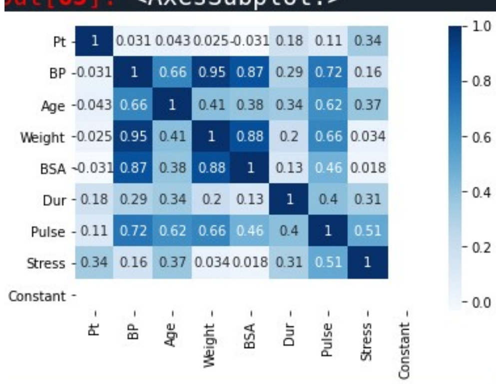
Console 1/A

```
Type "copyright", "credits" or "license" for more information.

IPython 7.27.0 -- An enhanced Interactive Python.

In [1]: import pandas as pd

In [2]: import statsmodels.formula.api as sm

In [3]: df = pd.read_csv("https://reneshbedre.github.io/assets/posts/reg/bp.csv")

In [4]: modelo=sm.ols(formula="Age ~ Weight + BSA + Dur + Pulse + Stress ", data=df).fit()

In [5]: modelo.rsquared
Out[5]: 0.43272283475439766

In [6]: modelo.summary()
Out[6]:
<class 'statsmodels.iolib.summary.Summary'>
"""
                            OLS Regression Results
==============================================================================
Dep. Variable:                    Age   R-squared:                       0.433
Model:                            OLS   Adj. R-squared:                  0.230
Method:                 Least Squares   F-statistic:                     2.136
Date:                Wed, 13 Oct 2021   Prob (F-statistic):              0.121
Time:                        18:38:49   Log-Likelihood:                -40.527
No. Observations:                  20   AIC:                             93.05
Df Residuals:                      14   BIC:                             99.03
Df Model:                           5
Covariance Type:            nonrobust
==============================================================================
                 coef    std err          t      P>|t|      [0.025      0.975]
------------------------------------------------------------------------------
Intercept     25.0441     12.039      2.080      0.056      -0.777      50.865
Weight        -0.2341      0.334     -0.700      0.495      -0.951       0.483
BSA            7.7062      8.260      0.933      0.367     -10.011      25.423
Dur            0.1266      0.259      0.489      0.632      -0.428       0.682
Pulse          0.4177      0.255      1.640      0.123      -0.129       0.964
Stress         0.0013      0.018      0.069      0.946      -0.038       0.041
==============================================================================
Omnibus:                        2.658   Durbin-Watson:                   2.198
Prob(Omnibus):                  0.265   Jarque-Bera (JB):                1.008
Skew:                           0.221   Prob(JB):                        0.604
Kurtosis:                       4.007   Cond. No.                     3.28e+03
==============================================================================
```

```
In [7]: VIF = 1/(1-0.433)

In [8]: VIF
Out[8]: 1.7636684303350971

In [9]: modelo=sm.ols(formula="Weight ~ Age + BSA + Dur + Pulse + Stress ", data=df).fit()

In [10]: 1/(1-modelo.rsquared)
Out[10]: 8.41703502963307

In [11]: modelo=sm.ols(formula="BSA ~ Weight + Age  + Dur + Pulse + Stress ", data=df).fit()

In [12]: 1/(1-modelo.rsquared)
Out[12]: 5.328751470118906

In [13]:
```

BP = blood Pressure
(Presión arterial)

```
In [64]: import seaborn as sns

In [65]: sns.heatmap(df.corr(), annot=True, cmap="Blues")
Out[65]: <AxesSubplot:>
```



Ahora, definamos el dataframe X que solo contenga a las variables independientes

X= `df[['Age', 'Weight', 'BSA', 'Dur', 'Pulse', 'Stress']]`

```
In [6]: X = df[['Age', 'Weight', 'BSA', 'Dur', 'Pulse', 'Stress']]

In [7]: X
Out[7]:
    Age  Weight   BSA   Dur  Pulse  Stress
0    47    85.4  1.75   5.1     63      33
1    49    94.2  2.10   3.8     70      14
2    49    95.3  1.98   8.2     72      10
3    50    94.7  2.01   5.8     73      99
4    51    89.4  1.89   7.0     72      95
5    48    99.5  2.25   9.3     71      10
6    49    99.8  2.25   2.5     69      42
7    47    90.9  1.90   6.2     66       8
8    49    89.2  1.83   7.1     69      62
9    48    92.7  2.07   5.6     64      35
10   47    94.4  2.07   5.3     74      90
11   49    94.1  1.98   5.6     71      21
12   50    91.6  2.05  10.2     68      47
13   45    87.1  1.92   5.6     67      80
14   52   101.3  2.19  10.0     76      98
15   46    94.5  1.98   7.4     69      95
16   46    87.0  1.87   3.6     62      18
17   46    94.5  1.90   4.3     70      12
18   48    90.5  1.88   9.0     71      99
19   56    95.7  2.09   7.0     75      99

In [8]: df4
```

Definimos una nueva columna en df

df[“Constant”]=1

```
In [8]: df["Constant"]=1

In [9]: df
Out[9]:
    Pt   BP  Age  Weight   BSA   Dur  Pulse  Stress  Constant
0    1  105   47    85.4  1.75   5.1     63      33         1
1    2  115   49    94.2  2.10   3.8     70      14         1
2    3  116   49    95.3  1.98   8.2     72      10         1
3    4  117   50    94.7  2.01   5.8     73      99         1
4    5  112   51    89.4  1.89   7.0     72      95         1
5    6  121   48    99.5  2.25   9.3     71      10         1
6    7  121   49    99.8  2.25   2.5     69      42         1
7    8  110   47    90.9  1.90   6.2     66       8         1
8    9  110   49    89.2  1.83   7.1     69      62         1
9   10  114   48    92.7  2.07   5.6     64      35         1
10  11  114   47    94.4  2.07   5.3     74      90         1
11  12  115   49    94.1  1.98   5.6     71      21         1
12  13  114   50    91.6  2.05  10.2     68      47         1
13  14  106   45    87.1  1.92   5.6     67      80         1
14  15  125   52   101.3  2.19  10.0     76      98         1
15  16  114   46    94.5  1.98   7.4     69      95         1
16  17  106   46    87.0  1.87   3.6     62      18         1
17  18  113   46    94.5  1.90   4.3     70      12         1
18  19  110   48    90.5  1.88   9.0     71      99         1
19  20  122   56    95.7  2.09   7.0     75      99         1

In [10]:
```

Constante = df[“Constant”]

Vamos ahora a pegar (concatenar, adjuntar) los dos dataframes, **Constante** y **X**

dfX=pd.concat([Constante, X], axis=1)

```
In [19]: Constante=df["Constant"]

In [20]: dfX=pd.concat([Constante, X], axis=1)

In [21]: dfX
Out[21]:
    Constant  Age  Weight   BSA   Dur  Pulse  Stress
0          1   47    85.4  1.75   5.1     63      33
1          1   49    94.2  2.10   3.8     70      14
2          1   49    95.3  1.98   8.2     72      10
3          1   50    94.7  2.01   5.8     73      99
4          1   51    89.4  1.89   7.0     72      95
5          1   48    99.5  2.25   9.3     71      10
6          1   49    99.8  2.25   2.5     69      42
7          1   47    90.9  1.90   6.2     66       8
8          1   49    89.2  1.83   7.1     69      62
9          1   48    92.7  2.07   5.6     64      35
10         1   47    94.4  2.07   5.3     74      90
11         1   49    94.1  1.98   5.6     71      21
12         1   50    91.6  2.05  10.2     68      47
13         1   45    87.1  1.92   5.6     67      80
14         1   52   101.3  2.19  10.0     76      98
15         1   46    94.5  1.98   7.4     69      95
16         1   46    87.0  1.87   3.6     62      18
17         1   46    94.5  1.90   4.3     70      12
18         1   48    90.5  1.88   9.0     71      99
19         1   56    95.7  2.09   7.0     75      99

In [22]:
```

Estamos listos para determinar el VIF de las variables independientes Age, Weight, BSA Dur, Pulse y Stress, usando la función **variance_inflation_factor**

Para **Age:**

variance_inflation_factor(dfX.values, 1)
VIF = 1.7628067217672165

Weight:
variance_inflation_factor(dfX.values, 2)
VIF = 8.417035029633047

BSA:
variance_inflation_factor(dfX.values, 3)
VIF = 5.328751470118887

Dur:
variance_inflation_factor(dfX.values, 4)
VIF =1.2373094205198356

Pulse:
variance_inflation_factor(dfX.values, 5)
VIF =4.4135751655972895

Stress:
variance_inflation_factor(dfX.values, 6)
VIF =1.8348453242645892

```
In [22]: variance_inflation_factor(dfX.values, 1)
Out[22]: 1.7628067217672165

In [23]: variance_inflation_factor(dfX.values, 2)
Out[23]: 8.417035029633047

In [24]: variance_inflation_factor(dfX.values, 3)
Out[24]: 5.328751470118887

In [25]: variance_inflation_factor(dfX.values, 4)
Out[25]: 1.2373094205198356

In [26]: variance_inflation_factor(dfX.values, 5)
Out[26]: 4.4135751655972895

In [27]: variance_inflation_factor(dfX.values, 6)
Out[27]: 1.8348453242645892

In [28]:
```

variables	VIF
Age	1.762807
Weight	8.417035
BSA	5.328751
Dur	1.237309
Pulse	4.413575
Stress	1.834845

Lo anterior lo podemos hacer por medio de un **ciclo for**

```
for i in range(6):
    print(variance_inflation_factor(dfX.values, i+1))
```

```
In [34]: for i in range(6):
    ...:     print(variance_inflation_factor(dfX.values, i+1))
    ...:
1.7628067217672165
8.417035029633047
5.328751470118887
1.2373094205198356
4.4135751655972895
1.8348453242645892

In [35]:
```

Más bonito (pero algo obscuro)

```
In [36]: pd.DataFrame({"Variables": ['Age', 'Weight', 'BSA', 'Dur', 'Pulse', 'Stress'], "VIF": [variance_inflation_factor(dfX.values, i+1)  for i in range(6)]})
Out[36]:
  Variables       VIF
0       Age  1.762807
1    Weight  8.417035
2       BSA  5.328751
3       Dur  1.237309
4     Pulse  4.413575
5    Stress  1.834845

In [37]:
```

Para mi, es mejor lo siguiente

```
In [51]: VIF=[]   <-- lista Vacía

In [52]: for i in range(6):
    ...:     VIF.append(variance_inflation_factor(dfX.values, i+1))
    ...:         ↑ añadimos elementos

In [52]:

In [53]: VIF
Out[53]:
[1.7628067217672165,
 8.417035029633047,
 5.328751470118887,
 1.2373094205198356,
 4.4135751655972895,
 1.8348453242645892]

In [54]: pd.DataFrame({"Variables": ['Age', 'Weight', 'BSA', 'Dur', 'Pulse', 'Stress'], "VIF":VIF })
Out[54]:
  Variables       VIF
0       Age  1.762807
1    Weight  8.417035
2       BSA  5.328751
3       Dur  1.237309
4     Pulse  4.413575
5    Stress  1.834845

In [55]:
```

Comprobando supuestos del error

Regresemos al caso perímetro cefálico:

import pandas as pd
df=pd.read_csv(“low_birth_weight_infants.txt” , sep=”\s+”)
df.info()

```
Console 1/A

In [3]: df=pd.read_csv("low_birth_weight_infants.txt" , sep="\s+")

In [4]: df.info()
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 100 entries, 0 to 99
Data columns (total 6 columns):
 #   Column    Non-Null Count  Dtype
---  ------    --------------  -----
 0   headcirc  100 non-null    int64
 1   length    100 non-null    int64
 2   gestage   100 non-null    int64
 3   birthwt   100 non-null    int64
 4   momage    100 non-null    int64
 5   toxemia   100 non-null    int64
dtypes: int64(6)
memory usage: 4.8 KB

In [5]: import statsmodels.formula.api as sm

In [6]: modelo=sm.ols(formula="headcirc ~ gestage + birthwt -1 ", data=df).fit()

In [7]: modelo.resid
Out[7]:
0    -0.389228
1    -0.403938
2    -0.966974
3    -0.326869
4     1.385161
        ...
95   -1.076079
96    0.340400
97   -0.066062
98   -2.376323
99    0.365127
Length: 100, dtype: float64

In [8]:
```

1. Los residuos tienes media cero. **OK!**

```
In [8]: residuos=modelo.resid

In [9]: residuos.describe()
Out[9]:
count    100.000000
mean       0.054083
std        1.428649
min       -3.530010
25%       -0.699804
50%        0.082480
75%        0.804369
max        7.645968
dtype: float64

In [10]: residuos.mean()
Out[10]: 0.0540830448910507

In [11]:
```

2. Normalidad de los errores

Veamos Histograma

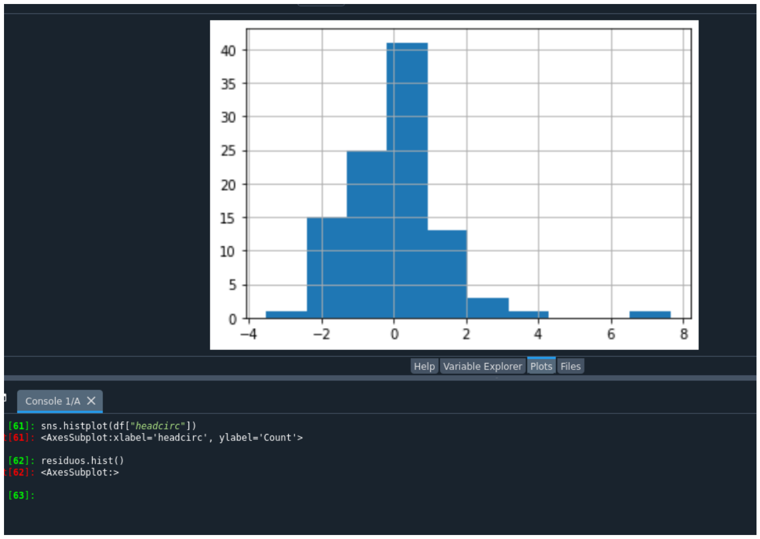
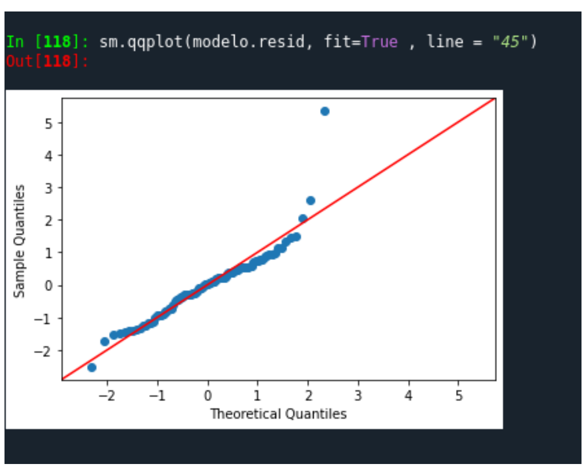


Gráfico QQ: Este gráfico es útil para determinar si los residuos siguen una distribución normal. Si los valores de los datos en el gráfico caen a lo largo de una línea aproximadamente recta en un ángulo de 45 grados, entonces los datos se distribuyen normalmente:

```
import statsmodels.api as sm

# Gráfico QQ
 sm.qqplot(modelo.resid, fit=True , line="45")
```



Método estadístico para detectar Normalidad:

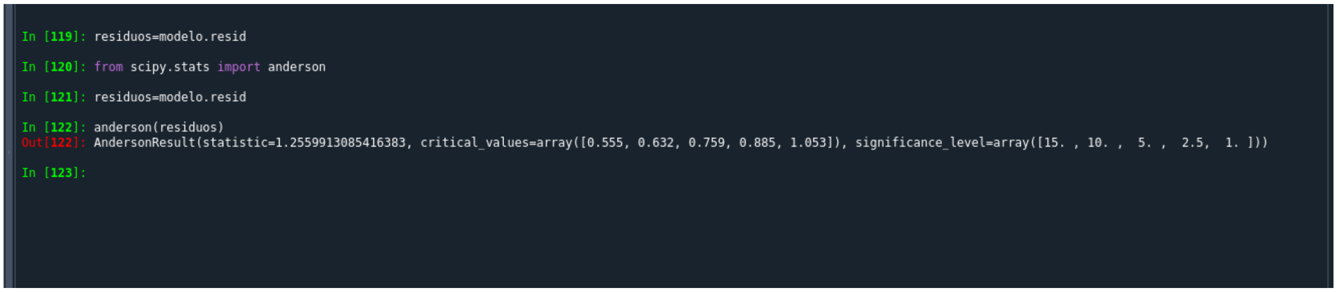
Se utilizan las siguientes hipótesis nula H_0 y alternativa H_1.

H_0 : Los datos se ajustan a una distribución normal.

H_1 : Los datos no se ajustan a una distribución normal

Anderson-Darling Test:

```
#perform Anderson-Darling Test
from scipy.stats import anderson
residuos=modelo.resid
anderon(residuos)
```



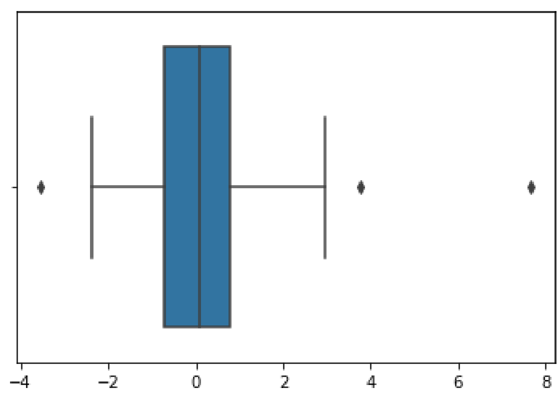
```
In [119]: residuos=modelo.resid

In [120]: from scipy.stats import anderson

In [121]: residuos=modelo.resid

In [122]: anderson(residuos)
Out[122]: AndersonResult(statistic=1.2559913085416383, critical_values=array([0.555, 0.632, 0.759, 0.885, 1.053]), significance_level=array([15. , 10. ,  5. ,  2.5,  1. ]))

In [123]:
```

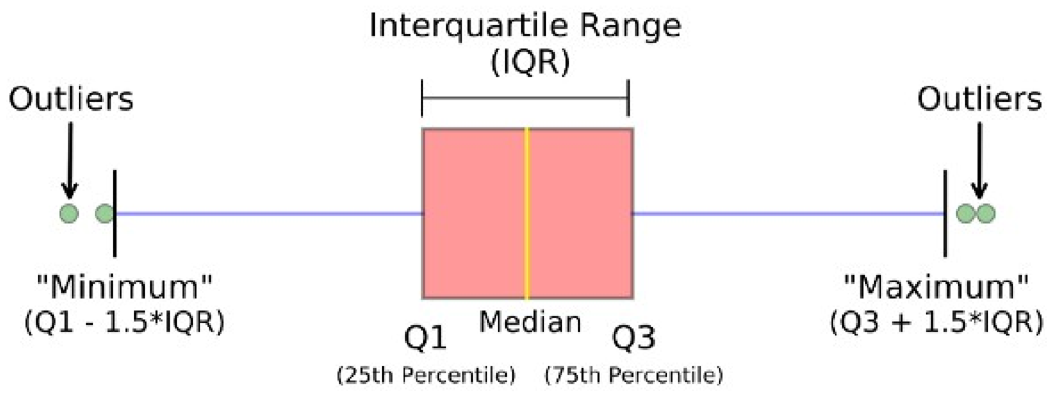
Sorpresa, la prueba nos dice que tenemos que rechazar hipótesis nula, es decir que los errores no se ajusta a una distribución normal, ya que el estadístico=1.255 es , mayor que cualquier valor de significancia.

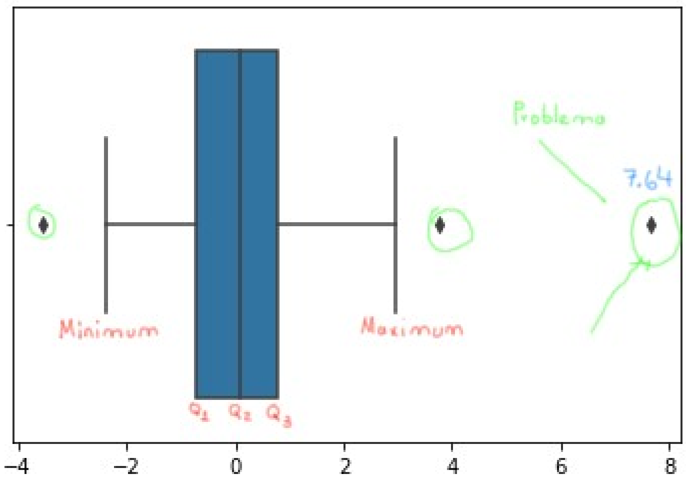
¿Que ocurre aquí?, los métodos gráficos nos dan evidencia de que los errores se ajustan a una distribución normal. ¡Veamos los datos atípicos!.

sns.boxplot(residuos)

sns.boxplot(modelo.resid)








```
In [124]: residuos.describe()
Out[124]:
count    100.000000
mean       0.054083
std        1.428649
min       -3.530010
25%       -0.699804
50%        0.082480
75%        0.804369
max        7.645968
dtype: float64

In [125]: residuos[30]
Out[125]: 7.645968091289099
```

```
In [23]: modelo.resid[30]
Out[23]: 7.645968091289099

In [24]: df.iloc[30]
Out[24]:
headcirc     35
length       36
gestage      31
birthwt     900
momage       23
toxemia       0
Name: 30, dtype: int64

In [25]: modelo.predict(df.iloc[30]) -df.iloc[30][0]
Out[25]:
30   -7.645968
dtype: float64
```

Quitemos solo ese valor crítico del residuo.

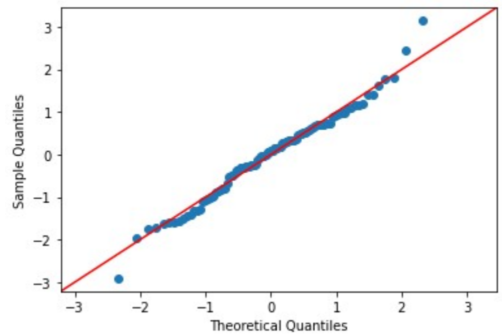
Renglón de datos en df que generan este error.

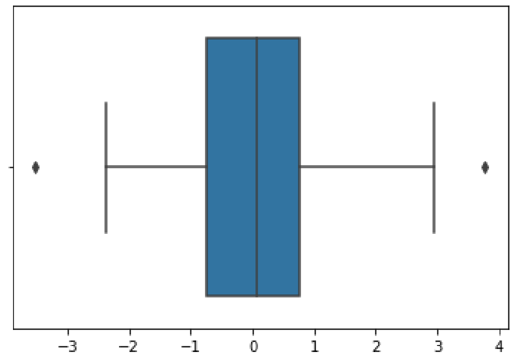
e=residuos.drop([30],axis=0)

e
anderson(e)
anderson(e, dist="norm")

Vemos así que ya podemos quedarnos con hipótesis nula, es decir, los errores se ajustan a una distribución normal.

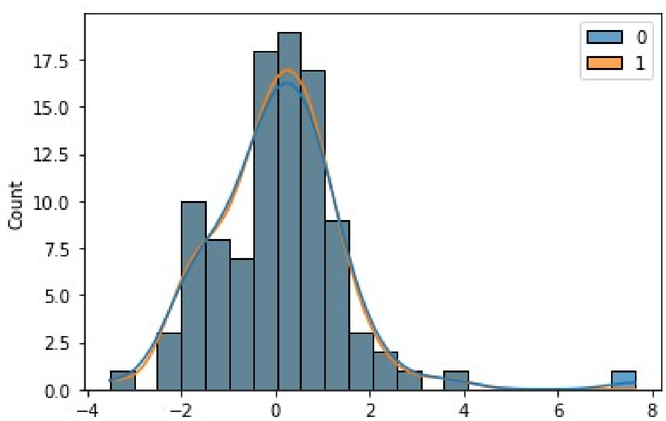
```
n [126]: e=residuos.drop([30],axis=0)

n [127]: e
ut[127]:
    -0.389228
    -0.403938
    -0.966974
    -0.326869
     1.385161
       ...
5   -1.076079
5    0.340400
7   -0.066062
3   -2.376323
9    0.365127
ength: 99, dtype: float64

n [128]: anderson(e)
ut[128]: AndersonResult(statistic=0.4621465346816507, critical_values=array([0.555, 0.632, 0.758, 0.885, 1.052]), significance_level=array([15. , 10. ,  5. ,  2.5,  1. ]))

n [129]: anderson(e, dist="norm")
ut[129]: AndersonResult(statistic=0.4621465346816507, critical_values=array([0.555, 0.632, 0.758, 0.885, 1.052]), significance_level=array([15. , 10. ,  5. ,  2.5,  1. ]))

n [130]:
```

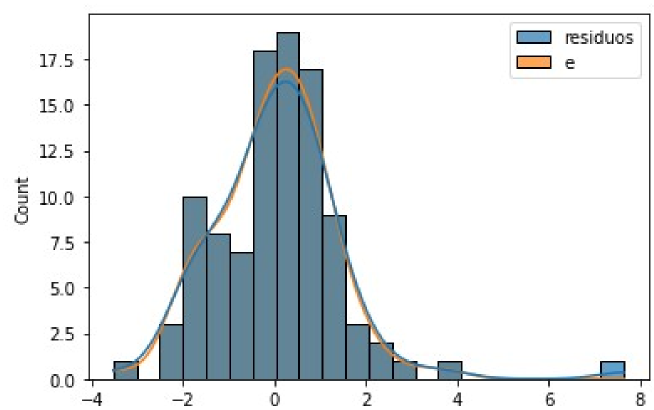




l=pd.concat([residuos, e], axis=1)

sns.histplot(data=l,alpha=0.7, kde=True)






```
In [164]: l
Out[164]:
           0         1
0  -0.389228 -0.389228
1  -0.403938 -0.403938
2  -0.966974 -0.966974
3  -0.326869 -0.326869
4   1.385161  1.385161
..       ...       ...
95 -1.076079 -1.076079
96  0.340400  0.340400
97 -0.066062 -0.066062
98 -2.376323 -2.376323
99  0.365127  0.365127
```

```
In [166]: l.columns=["residuos", "e"]

In [167]: l
Out[167]:
    residuos         e
0  -0.389228 -0.389228
1  -0.403938 -0.403938
2  -0.966974 -0.966974
3  -0.326869 -0.326869
4   1.385161  1.385161
..       ...       ...
95 -1.076079 -1.076079
96  0.340400  0.340400
97 -0.066062 -0.066062
98 -2.376323 -2.376323
99  0.365127  0.365127

[100 rows x 2 columns]

In [168]: sns.histplot(data=l,alpha=0.7, kde=True)
Out[168]: <AxesSubplot:ylabel='Count'>
```

Otra Prueba de Normalidad

Prueba de Shapiro-Wilk

La prueba de Shapiro-Wilk evalúa una muestra de datos y cuantifica la probabilidad de que los datos se extraigan de una distribución gaussiana, llamada así por Samuel Shapiro y Martin Wilk.

```
from scipy.stats import shapiro

# normality test
shapiro(residuos)

shapiro(e)
```

```
In [132]: from scipy.stats import shapiro

In [133]: shapiro(residuos)
Out[133]: ShapiroResult(statistic=0.9032313823699951, pvalue=2.012452569033485e-06)

In [134]: shapiro(e)
Out[134]: ShapiroResult(statistic=0.9870081543922424, pvalue=0.4455476403236389)
```

 **Una prueba más de Normalidad**

Kolmogorov-Smirnov Test

from scipy.stats import kstest

kstest(residuos, "norm")
kstest(e, "norm")

```
In [138]: kstest(residuos, "norm")
Out[138]: KstestResult(statistic=0.08234536077916449, pvalue=0.48128415844485674)

In [139]: kstest(e, "norm")
Out[139]: KstestResult(statistic=0.08375950219330588, pvalue=0.4658928333292498)

In [140]:
```

Test de Normalidad, **¡OK!**

3. Igualdad de la varianza (**Heterocedasticidad**)

Una Prueba de Breusch-Pagan Utiliza las siguientes hipótesis nula H_0 y alternativa H_1.

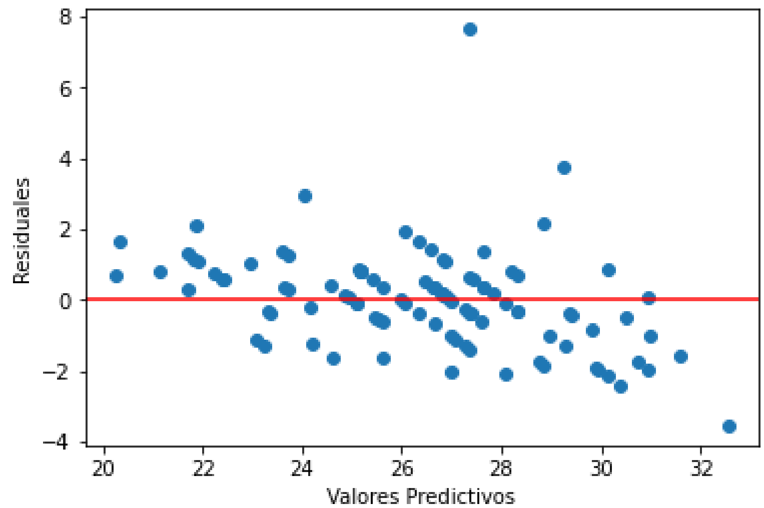
H_0 : **No hay varianza constante (i,e Hay Homocedasticidad)**
H_1 : **Hay varianza constante (Existe Heterocedasticidad)**

Ayuda: Poner teclas **Ctrl + Alt + Enter** , salto de instrucción)

plt.scatter(modelo.predict(),**residuos**)

plt.axhline(0, color="red")
plt.xlabel("Valores Predictivos")
plt.ylabel("Residuales")

```
dtype: float64

In [11]: import matplotlib.pyplot as plt

In [12]: plt.scatter(modelo.predict(), residuales)
    ...: plt.axhline(0, color="red")
    ...: plt.xlabel("Valores Predictivos")
    ...: plt.ylabel("Residuales")
    ...:
Out[12]: Text(0, 0.5, 'Residuales')
```



Método estadístico para detectar Heteroscedasticidad (varianza constante):

import pandas as pd

df=pd.read_csv("low_birth_weight_infants.txt" , sep="\s+")
import statsmodels.formula.api as sm
modelo=sm.ols(formula="headcirc ~ gestage + birthwt -1 ", data=df).fit()
import statsmodels.stats.diagnostic as smd
breush_pagan_p = smd.het_breuschpagan(modelo.resid, modelo.model.exog)[1]

```
In [1]: import pandas as pd

In [2]: df=pd.read_csv("low_birth_weight_infants.txt" , sep="\s+")

In [3]: import statsmodels.formula.api as sm

In [4]: modelo=sm.ols(formula="headcirc ~ gestage + birthwt -1 ", data=df).fit()

In [5]: import statsmodels.stats.diagnostic as smd

In [6]: breush_pagan_p = smd.het_breuschpagan(modelo.resid, modelo.model.exog)[1]

In [7]: breush_pagan_p
Out[7]: 0.0006722650506343095      <-- <0.05

In [8]:
```

4. Independencia de los errores (Autocorelacción)

H_0 (hipótesis nula): No existe correlación entre los residuos.

H_A (hipótesis alternativa): Los residuos están autocorrelacionados.

Método estadístico para detectar autocorrelación

Test de de ***Durbin-Watson***
El estadístico de prueba siempre estará entre 0 y 4 con la siguiente interpretación:

- Una estadística de prueba de **2** indica que no hay correlación serial.

- Cuanto más cerca de **0** estén las estadísticas de la prueba, mayor será la evidencia de correlación serial positiva.
- Cuanto más cerca estén las estadísticas de la prueba de **4** , más evidencia de correlación serial negativa.

Regla: Los valores estadísticos de prueba entre el rango $[1.5, 2.5]$ se consideran que no hay problema de autocorrelación. Sin embargo, los valores fuera de este rango podrían indicar que la autocorrelación es un problema.

Veamos en nuestro ejemplo:

from statsmodels.stats.stattools import durbin_watson

durbin_watson (modelo.resid)

durbin_watson (e)

```
from statsmodels.stats.stattools import durbin_watson

durbin_watson (modelo.resid)
1.9129122348393195

durbin_watson (e)
1.7302364395630123
```

Independencia de los errores, Autocorelación.

Finalmente se cumplen los cuatro supuestos del error quitando los valores en la base que generaron el error.

```
In [224]: df.iloc[30]
Out[224]:
headcirc     35
length       36
gestage      31
birthwt     900
momage       23
toxemia       0
Name: 30, dtype: int64
```

df2=df.drop([30], axis=0)

modelo2=sm.osl(formula=”headcirc ~ gestage + birthwt -1”, data=df2).fit()
modelo2.summary()

Nuestro modelo final sin este renglón es

```
                                 OLS Regression Results
=======================================================================================
Dep. Variable:               headcirc   R-squared (uncentered):                   0.998
Model:                            OLS   Adj. R-squared (uncentered):              0.998
Method:                 Least Squares   F-statistic:                          2.362e+04
Date:                Wed, 12 Oct 2022   Prob (F-statistic):                   4.10e-131
Time:                        20:01:56   Log-Likelihood:                         -158.39
No. Observations:                  99   AIC:                                      320.8
Df Residuals:                      97   BIC:                                      326.0
Df Model:                           2
Covariance Type:            nonrobust
==============================================================================
                 coef    std err          t      P>|t|      [0.025      0.975]
------------------------------------------------------------------------------
gestage        0.7604      0.022     34.624      0.000       0.717       0.804
birthwt        0.0040      0.001      7.037      0.000       0.003       0.005
==============================================================================
Omnibus:                        1.811   Durbin-Watson:                   1.697
Prob(Omnibus):                  0.404   Jarque-Bera (JB):                1.340
Skew:                          -0.038   Prob(JB):                        0.512
Kurtosis:                       3.565   Cond. No.                         205.
==============================================================================
```

Antes de Limpiar era

modelo.summary()

```
                                 OLS Regression Results
=======================================================================================
Dep. Variable:               headcirc   R-squared (uncentered):                   0.997
Model:                            OLS   Adj. R-squared (uncentered):              0.997
Method:                 Least Squares   F-statistic:                          1.705e+04
Date:                Wed, 12 Oct 2022   Prob (F-statistic):                   2.57e-125
Time:                        20:14:11   Log-Likelihood:                         -177.14
No. Observations:                 100   AIC:                                      358.3
Df Residuals:                      98   BIC:                                      363.5
Df Model:                           2
Covariance Type:            nonrobust
==============================================================================
                 coef    std err          t      P>|t|      [0.025      0.975]
------------------------------------------------------------------------------
gestage        0.7815      0.026     30.326      0.000       0.730       0.833
birthwt        0.0035      0.001      5.259      0.000       0.002       0.005
==============================================================================
Omnibus:                       47.080   Durbin-Watson:                   1.913
Prob(Omnibus):                  0.000   Jarque-Bera (JB):              233.872
Skew:                           1.407   Prob(JB):                     1.64e-51
Kurtosis:                       9.943   Cond. No.                         203.
==============================================================================
```

Date: Jueves 14 Octubre
Versión: 0.1

Clase No, 19 Bloque 2

Seleccionar filas, columnas o registros en DataFrame

En los DataFrames de Pandas existen diferentes formas de seleccionar los registros de las filas y columnas. Siendo dos de las más importantes **iloc y loc**. La primera (iloc) permite seleccionar los elementos en base a la posición, mientras que la segunda (loc) permite seleccionar mediante etiquetas o declaraciones condicionales.

Veamos prinmero el caso iloc

import pandas as pd

df=pd.data_read(“https://reneshbedre.github.io/assets/posts/reg/bp.csv”)

df[0,0] = ?   # Vemos el contenido del registro en filo 0, columna 0

df.iloc[0] = # Primera Renglón