

Capítulo_5 _Logit_y_otros _análisis

Econometría para la Gestión (ECO_EPG) - FEN UAH

Tabla de contenidos

1	1. Material descargable	2
2	Configuración inicial en R	3
2.1	Carga de librerías	3
2.2	Ruta de trabajo (si la necesitas)	4
3	Parte 1: Modelo Logit con datos de ranas (frogs)	4
3.1	Exploración inicial de los datos	4
3.2	Mapa de puntos con presencia/ausencia	5
3.3	Relación entre variables explicativas	6
3.4	Densidades y posibles transformaciones	7
3.5	Correlaciones entre variables climáticas	10
3.6	Modelo logit: especificación y ajuste	12
3.6.1	Modelo logit inicial (<code>frogs.glm0</code>)	12
3.6.2	Modelo logit reducido (<code>frogs.glm1</code>)	13
3.7	Tipos de predicción	14
3.8	Aporte de cada variable: <code>termplot</code>	15
3.9	Validación cruzada del modelo logit	16
3.10	Odds Ratios (OR) e intervalos de confianza	17
3.11	Matriz de confusión y precisión	18
3.12	Curva ROC y AUC con <code>ROCR</code>	20
4	Parte 2: Modelo logit con tablas de contingencia y ANOVA univariado	21
4.1	Caso UCBAdmissions (logit con categorías)	21
4.1.1	Modelo logit con interacción Dept * Gender	23
4.2	ANOVA de un factor: dataset <code>sugar</code>	25
4.2.1	Ajuste del modelo ANOVA	26
4.2.2	Medias y comparaciones múltiples (Tukey)	28
4.3	ANOVA de dos factores: <code>appletaste</code>	30
4.3.1	ANOVA con panelista y producto	31

5 Parte 3: MANOVA y análisis multivariante con datos de ratas	37
5.1 Generar el dataset	38
5.2 Boxplots exploratorios	38
5.3 Estadísticos agrupados (media, n, sd)	40
5.4 Normalidad univariada por grupo	40
5.5 Modelos MANOVA	41
5.6 ANOVA univariados asociados	42
5.6.1 Tamaño de efecto (eta cuadrado)	44
5.6.2 Comparaciones múltiples (Tukey) para una de las ANOVA	44
6 Cierre del laboratorio	45

1. 1. Material descargable

Descargar PDF de contenidos teóricos

Descargar PDF de contenidos teóricos

El documento “**Capítulo 5 Logit y otros análisis**” desarrolla, entre otros, los siguientes puntos:

- Complementos a la regresión múltiple lineal.
- **Modelo Logit:**
 - Formulación del modelo logístico para variables binarias.
 - Función logit e inversa logística.
 - Interpretación de los coeficientes como **odds ratios (OR)**.
 - Validación mediante matrices de confusión y partición de datos (train/test).
- **Análisis de la Varianza (ANOVA):**
 - Factores y comparación de medias.
 - Uso del test de Tukey para comparar pares de medias.
- **MANOVA:**
 - Análisis de varianza con múltiples variables respuesta.

- Supuestos de normalidad y homogeneidad de varianzas.

En este laboratorio llevamos esa teoría a la práctica con distintos ejemplos en R.

2. Configuración inicial en R

2.1. Carga de librerías

En este capítulo usamos varias librerías especializadas:

```
#install.packages(c(
#  "openxlsx",
#  "DAAG",
#  "ROCR",
#  "ROCit",
#  "caret",
#  "pROC",
#  "plotROC",
#  "lattice",
#  "ggpubr",
#  "MVN",
#  "biotools",
#  "car",
#  "lsr",
#  "ggplot2"
#))
library(openxlsx)
library(DAAG)      # contiene datasets como frogs, sugar, appletaste, UCBAdmissions
library(ROCR)      # curvas ROC y AUC
library(ROCit)     # otra forma de construir ROC
library(caret)     # matriz de confusión y métricas de clasificación
library(pROC)      # ROC con intervalos de confianza
library(plotROC)   # ROC con ggplot2
library(lattice)   # gráficos tipo trellis (para sugar, appletaste)
library(ggpubr)    # boxplots lindos para datos de ratas
library(MVN)       # pruebas de normalidad multivariante
library(biotools)  # Box's M
library(car)        # Levene (homogeneidad de varianzas)
library(lsr)        # etaSquared (tamaño de efecto)
library(ggplot2)
```

2.2. Ruta de trabajo (si la necesitas)

En este lab la mayoría de los datos vienen de **paquetes de R**, no de archivos externos. Pero mantenemos la misma lógica de ruta de tu proyecto por consistencia:

```
ruta_datos <- "C:/Users/manue/Desktop/lab-econometria/labs_epg/data_epg"  
  
# Puedes revisar qué archivos tienes ahí (opcional)  
list.files(ruta_datos)
```

```
[1] "annos_mantenimiento.xlsx"  "auto_peso_consumo.xlsx"  
[3] "costos.xlsx"              "data_PCA_Decathlon.csv"  
[5] "data_PCA_ExpertWine.csv"  "Ejemplo1.xlsx"  
[7] "Ejemplo2.xlsx"            "millaje.txt"  
[9] "orange.csv"               "tabla_ejemplo_R.xlsx"
```

3. Parte 1: Modelo Logit con datos de ranas (frogs)

En este ejemplo trabajamos con el dataset **frogs** del paquete **DAAG**, que registra la **presencia o ausencia** de una especie de rana en distintos sitios de observación, junto con variables ambientales.

- Variable respuesta:
 - `pres.abs` (0 = ausencia, 1 = presencia).
- Variables explicativas:
 - `distance`, `NoOfPools`, `NoOfSites`, `avrain`, `altitude`, `meanmin`, `meanmax`, etc.

3.1. Exploración inicial de los datos

```
data(frogs) # carga el dataset desde DAAG  
str(frogs)
```

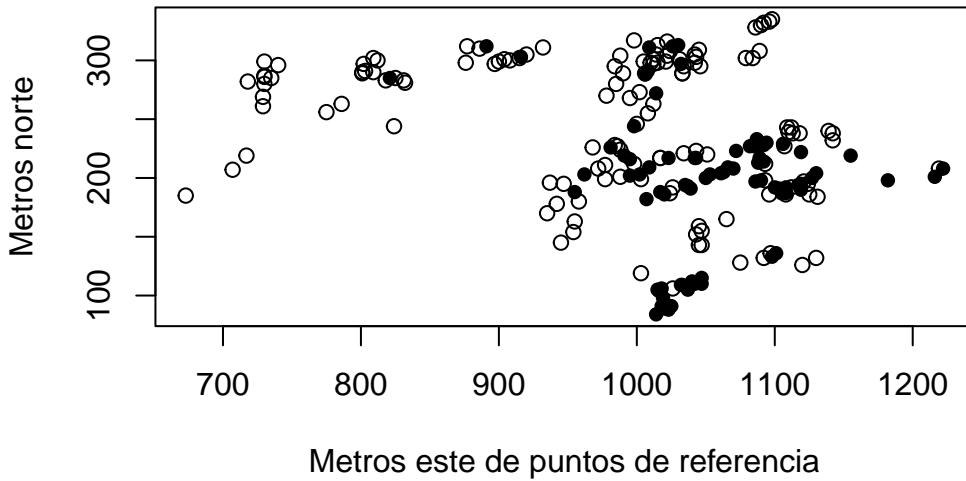
```
'data.frame': 212 obs. of 10 variables:
 $ pres.abs : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ northing : num 115 110 112 109 109 106 105 84 88 91 ...
 $ easting : num 1047 1042 1040 1033 1032 ...
 $ altitude : num 1500 1520 1540 1590 1590 1600 1600 1560 1560 1560 ...
 $ distance : num 500 250 250 250 250 500 250 750 250 250 ...
 $ NoOfPools: num 232 66 32 9 67 12 30 13 4 14 ...
 $ NoOfSites: num 3 5 5 5 5 4 3 2 3 4 ...
 $ avrain : num 155 158 160 165 165 ...
 $ meanmin : num 3.57 3.47 3.4 3.2 3.2 ...
 $ meanmax : num 14 13.8 13.6 13.2 13.2 ...
```

```
head(frogs)
```

	pres.abs	northing	easting	altitude	distance	NoOfPools	NoOfSites	avrain
2	1	115	1047	1500	500	232	3	155.0000
3	1	110	1042	1520	250	66	5	157.6667
4	1	112	1040	1540	250	32	5	159.6667
5	1	109	1033	1590	250	9	5	165.0000
6	1	109	1032	1590	250	67	5	165.0000
7	1	106	1018	1600	500	12	4	167.3333
	meanmin	meanmax						
2	3.566667	14.00000						
3	3.466667	13.80000						
4	3.400000	13.60000						
5	3.200000	13.16667						
6	3.200000	13.16667						
7	3.133333	13.06667						

3.2. Mapa de puntos con presencia/ausencia

```
plot(
  northing ~ easting,
  data = frogs,
  pch = c(1, 16)[frogs$pres.abs + 1],
  xlab = "Metros este de puntos de referencia",
  ylab = "Metros norte"
)
```

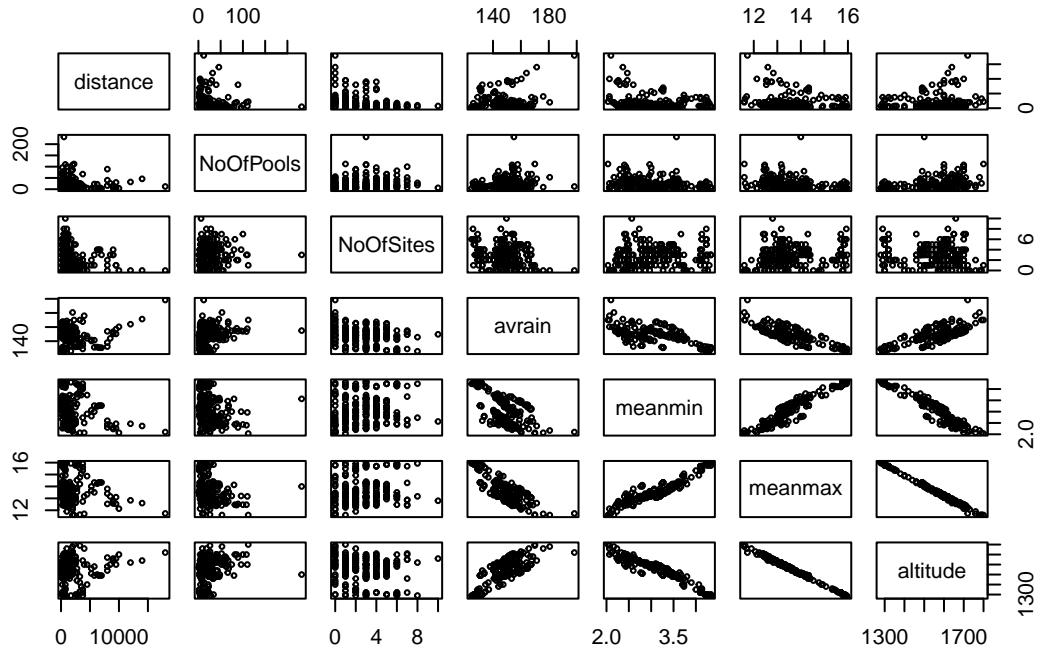


i Nota

- Círculos y puntos sólidos representan sitios con **ausencia/presencia**.
- Esto ayuda a ver si hay patrones espaciales (por ejemplo, la especie se concentra en ciertas zonas).

3.3. Relación entre variables explicativas

```
pairs(frogs[, c(5:10, 4)],
      oma = c(2, 2, 2, 2),
      cex = 0.5)
```

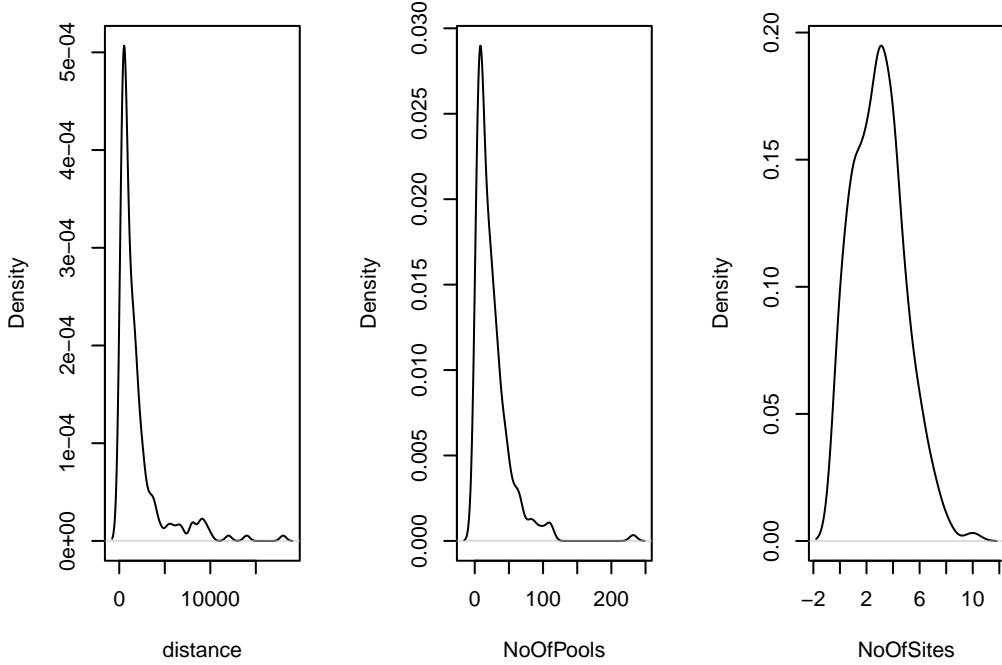


Aquí exploramos cómo se relacionan entre sí variables ambientales como `distance`, `NoOfPools`, `NoOfSites`, `avrain`, `altitude`, `meanmin`, `meanmax`.

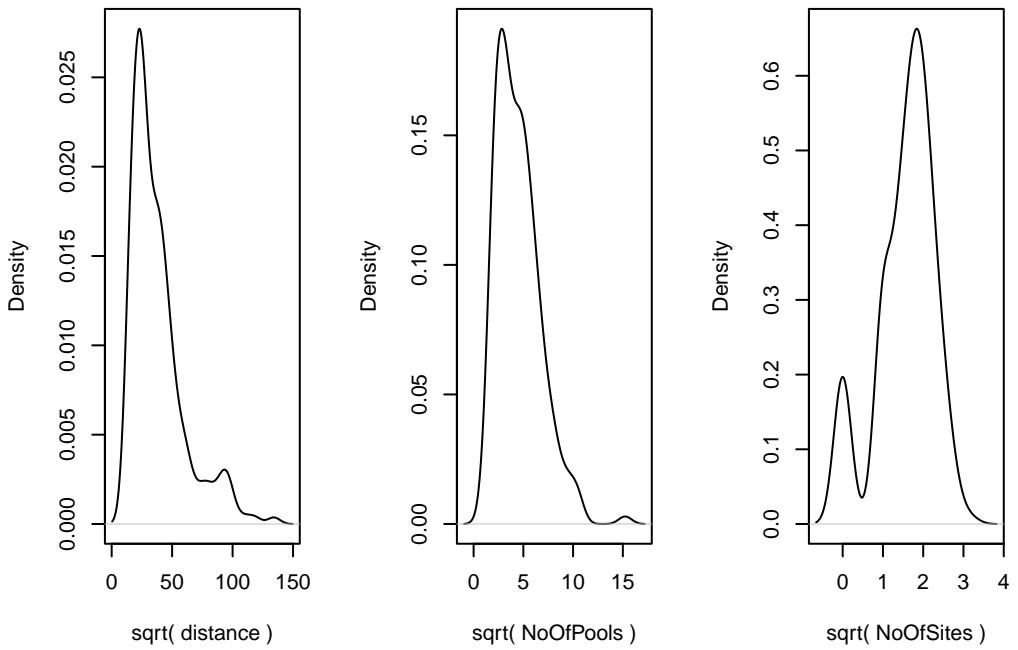
3.4. Densidades y posibles transformaciones

La idea es ver la distribución de algunas variables clave y pensar en transformaciones que las hagan más “amigables” para el modelo (por ejemplo, simétricas o menos sesgadas).

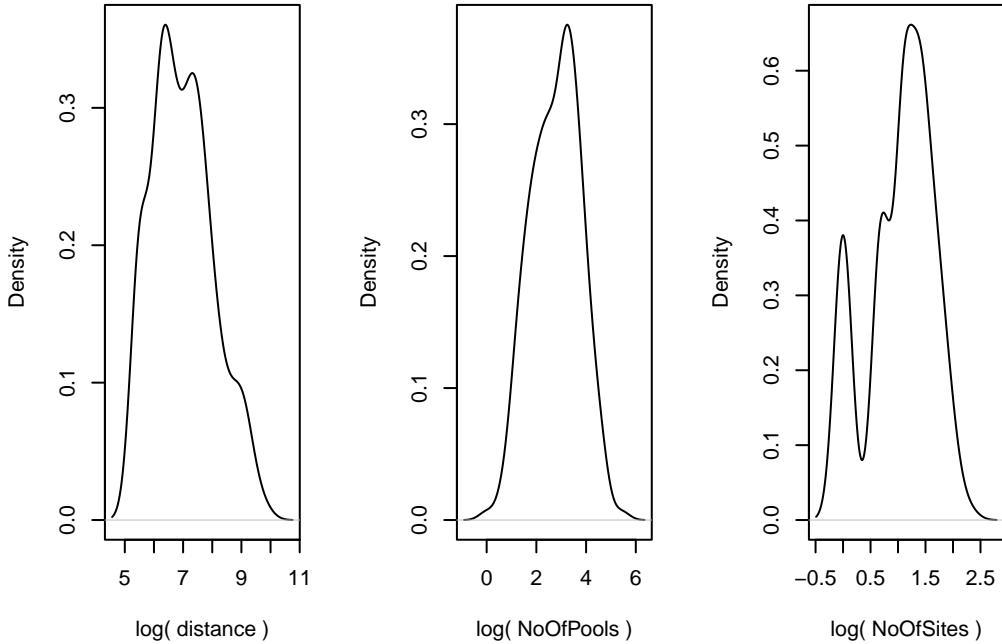
```
par(mfrow = c(1, 3))
for(nam in c("distance", "NoOfPools", "NoOfSites")){
  y <- frogs[, nam]
  plot(density(y), main = "", xlab = nam)
}
```



```
par(mfrow = c(1, 3))
for(nam in c("distance", "NoOfPools", "NoOfSites")){
  y <- frogs[, nam]
  plot(density(sqrt(y)), main = "", xlab = paste("sqrt(", nam, ")"))
}
```



```
par(mfrow = c(1, 3))
for(nam in c("distance", "NumberOfPools", "NumberOfSites")){
  y <- frogs[, nam]
  plot(density(log(y)), main = "", xlab = paste("log(", nam, ")"))
}
```



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



Tip

En el PDF se comenta que para algunas variables conviene usar:

- `log(distance)`
- `log(NumberOfPools)`
- Transformaciones sobre `NumberOfSites` y combinaciones de temperaturas (`meanmax + meanmin`, `meanmax - meanmin`).

3.5. Correlaciones entre variables climáticas

```
with(frogs, cor(altitude, meanmax))
```

```
[1] -0.996557
```

```

with(frogs, cor(cbind(
  altitude,
  "meanmax+meanmin" = meanmin + meanmax,
  "meanmax-meanmin" = meanmin - meanmax
)))

```

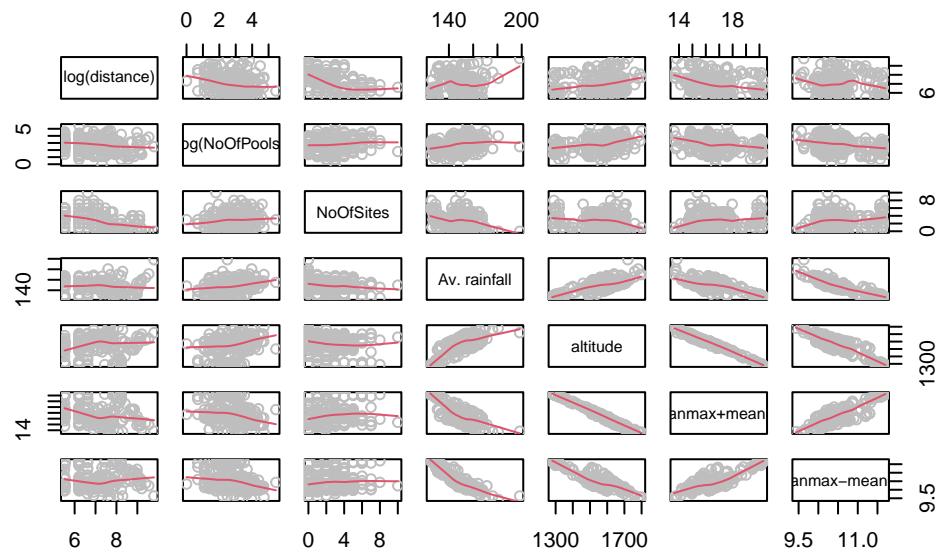
	altitude	meanmax+meanmin	meanmax-meanmin
altitude	1.0000000	-0.9933266	0.9094551
meanmax+meanmin	-0.9933266	1.0000000	-0.8730120
meanmax-meanmin	0.9094551	-0.8730120	1.0000000

Y un gráfico de pares con transformaciones:

```

with(frogs,
  pairs(
    cbind(
      log(distance), log(NoOfPools), NoOfSites,
      avrain, altitude, meanmax + meanmin, meanmax - meanmin
    ),
    col = "gray",
    labels = c("log(distance)", "log(NoOfPools)", "NoOfSites",
              "Av. rainfall", "altitude",
              "meanmax+meanmin", "meanmax-meanmin"),
    panel = panel.smooth
  )
)

```



3.6. Modelo logit: especificación y ajuste

Recordemos que un modelo logit asume:

$$\Pr(\text{pres.abs} = 1 \mid X) = \frac{1}{1 + e^{-(X\beta)}},$$

y que el **logit** de la probabilidad es lineal en las X:

$$\log\left(\frac{p}{1-p}\right) = X\beta.$$

3.6.1. Modelo logit inicial (`frogs.glm0`)

```
frogs.glm0 <- glm(
  pres.abs ~ log(distance) + log(NoOfPools) + NoOfSites +
    avrain + I(meanmin + meanmax) + I(meanmin - meanmax),
  family = binomial,
```

```

  data    = frogs
)

summary(frogs.glm0)

```

Call:

```
glm(formula = pres.abs ~ log(distance) + log(NoOfPools) + NoOfSites +
    avrain + I(meanmin + meanmax) + I(meanmin - meanmax), family = binomial,
    data = frogs)
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	18.2688999	16.1381912	1.132	0.25762
log(distance)	-0.7583198	0.2558117	-2.964	0.00303 **
log(NoOfPools)	0.5708953	0.2153335	2.651	0.00802 **
NoOfSites	-0.0036201	0.1061469	-0.034	0.97279
avrain	0.0007003	0.0411710	0.017	0.98643
I(meanmin + meanmax)	1.4958055	0.3153152	4.744	2.1e-06 ***
I(meanmin - meanmax)	3.8582668	1.2783921	3.018	0.00254 **

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

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 279.99 on 211 degrees of freedom
 Residual deviance: 197.65 on 205 degrees of freedom
 AIC: 211.65

Number of Fisher Scoring iterations: 5

3.6.2. Modelo logit reducido (frogs.glm1)

Quitamos algunas variables para ver si un modelo más simple puede funcionar bien:

```

frogs.glm1 <- glm(
  pres.abs ~ log(distance) + log(NoOfPools) +
    I(meanmin + meanmax) + I(meanmin - meanmax),
  family = binomial,
  data    = frogs
)

```

```
summary(frogs.glm1)
```

Call:

```
glm(formula = pres.abs ~ log(distance) + log(NoOfPools) + I(meanmin +
meanmax) + I(meanmin - meanmax), family = binomial, data = frogs)
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	18.5268	5.2673	3.517	0.000436 ***
log(distance)	-0.7547	0.2261	-3.338	0.000844 ***
log(NoOfPools)	0.5707	0.2152	2.652	0.007999 **
I(meanmin + meanmax)	1.4985	0.3088	4.853	1.22e-06 ***
I(meanmin - meanmax)	3.8806	0.9002	4.311	1.63e-05 ***

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

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 279.99 on 211 degrees of freedom

Residual deviance: 197.66 on 207 degrees of freedom

AIC: 207.66

Number of Fisher Scoring iterations: 5

i Nota

- **Signo** del coeficiente: indica si la variable aumenta o reduce la probabilidad de presencia.
- **Magnitud**: se interpreta mejor usando la exponencial (odds ratios).
- **p-value**: indica si la variable aporta significativamente al modelo logit.

3.7. Tipos de predicción

```
# Probabilidades ajustadas
head(fitted(frogs.glm1))
```

```
2           3           4           5           6           7  
0.9416691 0.9259228 0.9029415 0.8119619 0.9314070 0.7278038
```

```
# Probabilidades con predict(type = "response")  
head(predict(frogs.glm1, type = "response"))
```

```
2           3           4           5           6           7  
0.9416691 0.9259228 0.9029415 0.8119619 0.9314070 0.7278038
```

```
# Escala lineal del predictor (logit)  
head(predict(frogs.glm1, type = "link"))
```

```
2           3           4           5           6           7  
2.7815212 2.5256832 2.2303441 1.4628085 2.6085055 0.9835086
```

```
# Valores ajustados en la escala lineal con errores estándar  
pred_link <- predict(frogs.glm1, type = "link", se.fit = TRUE)  
str(pred_link)
```

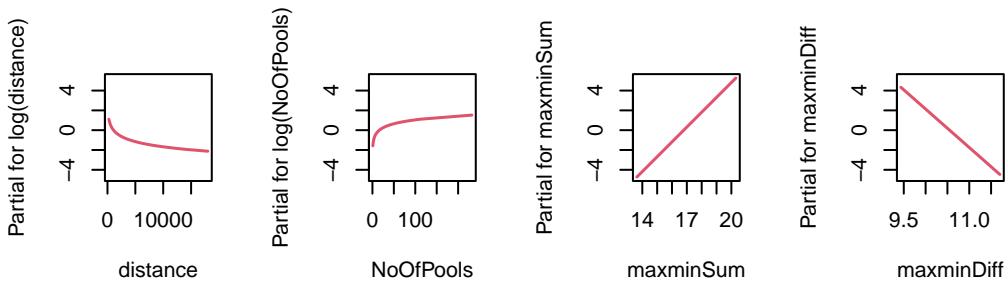
```
List of 3  
$ fit          : Named num [1:212] 2.78 2.53 2.23 1.46 2.61 ...  
..- attr(*, "names")= chr [1:212] "2" "3" "4" "5" ...  
$ se.fit        : Named num [1:212] 0.686 0.485 0.438 0.481 0.529 ...  
..- attr(*, "names")= chr [1:212] "2" "3" "4" "5" ...  
$ residual.scale: num 1
```

3.8. Aporte de cada variable: termplot

```
par(mfrow = c(1, 4), pty = "s")  
  
frogs$maxminSum <- with(frogs, meanmax + meanmin)  
frogs$maxminDiff <- with(frogs, meanmax - meanmin)  
  
frogs.glm <- glm(  
  pres.abs ~ log(distance) + log(NoOfPools) +  
  maxminSum + maxminDiff,  
  family = binomial,  
  data   = frogs
```

```
)
```

```
termplot(frogs.glm)
```



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

Nota

Cada gráfico muestra cómo se relaciona la **respuesta en escala logit** con una variable, manteniendo las demás fijas. Es un análogo al “efecto parcial” de cada regresor.

3.9. Validación cruzada del modelo logit

```
CVbinary(frogs.glm0)
```

```
Fold: 3 1 2 8 9 7 6 10 4 5  
Internal estimate of accuracy = 0.778  
Cross-validation estimate of accuracy = 0.769
```

```
CVbinary(frogs.glm)
```

```
Fold: 9 2 8 1 3 4 5 6 10 7  
Internal estimate of accuracy = 0.778  
Cross-validation estimate of accuracy = 0.774
```

Estas funciones entregan estimaciones de error de clasificación usando validación cruzada, lo que ayuda a medir la capacidad predictiva del modelo.

3.10. Odds Ratios (OR) e intervalos de confianza

```
exp(coef(frogs.glm))
```

```
(Intercept) log(distance) log(NoOfPools) maxminSum maxminDiff  
1.112001e+08 4.701711e-01 1.769536e+00 4.474929e+00 2.063873e-02
```

```
exp(cbind(OR = coef(frogs.glm),  
confint(frogs.glm)))
```

```
OR      2.5 %      97.5 %  
(Intercept) 1.112001e+08 5.328174e+03 5.519123e+12  
log(distance) 4.701711e-01 2.964833e-01 7.226771e-01  
log(NoOfPools) 1.769536e+00 1.176801e+00 2.747499e+00  
maxminSum     4.474929e+00 2.514265e+00 8.487274e+00  
maxminDiff    2.063873e-02 3.247202e-03 1.122666e-01
```



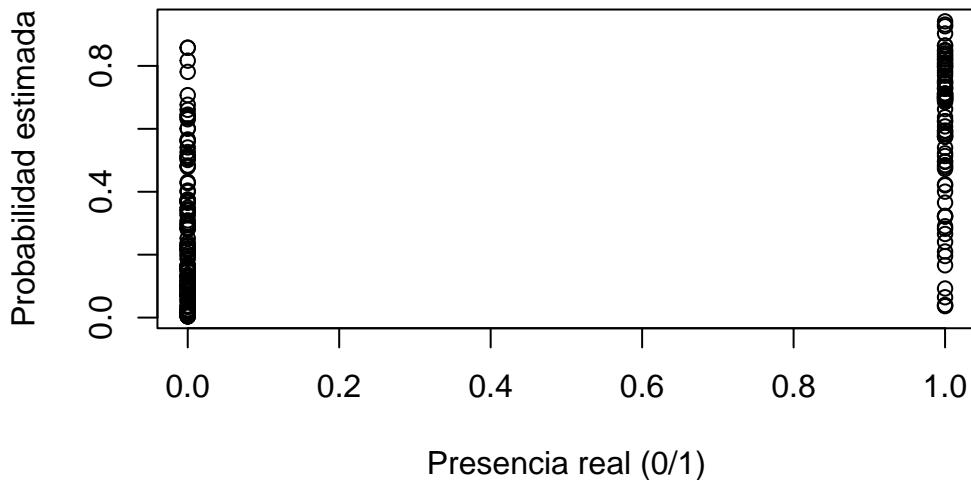
Tip

- Un OR > 1 indica que una **mayor X** está asociada a **mayor riesgo** de presencia (o ser clasificado como 1).
- Un OR < 1 indica un efecto protector (menor probabilidad de presencia).

3.11. Matriz de confusión y precisión

Primero calculamos las probabilidades y luego definimos una **regla de corte** (threshold) para clasificar 0/1:

```
frogs$rankP <- predict(frogs.glm, newdata = frogs, type = "response")
plot(frogs$pres.abs, frogs$rankP,
      xlab = "Presencia real (0/1)", ylab = "Probabilidad estimada")
```



```
fitted.results <- predict(frogs.glm, newdata = frogs, type = "response")
fitted.results <- ifelse(fitted.results > 0.399779, 1, 0)

misClasificError <- mean(fitted.results != frogs$pres.abs)
print(paste("Accuracy", 1 - misClasificError))
```

```
[1] "Accuracy 0.787735849056604"
```

```
matrizConfusion <- table(Real = frogs$pres.abs,
                           Predicho = fitted.results)
matrizConfusion
```

Predicho		
Real	0	1
0	104	29
1	16	63

Usando `caret::confusionMatrix`:

```
CM_logit <- confusionMatrix(
  as.factor(fitted.results),
  as.factor(frogs$pres.abs)
)
CM_logit
```

Confusion Matrix and Statistics

		Reference
Prediction	0	1
0	104	16
1	29	63

Accuracy : 0.7877
 95% CI : (0.7265, 0.8408)
 No Information Rate : 0.6274
 P-Value [Acc > NIR] : 3.685e-07

Kappa : 0.5607

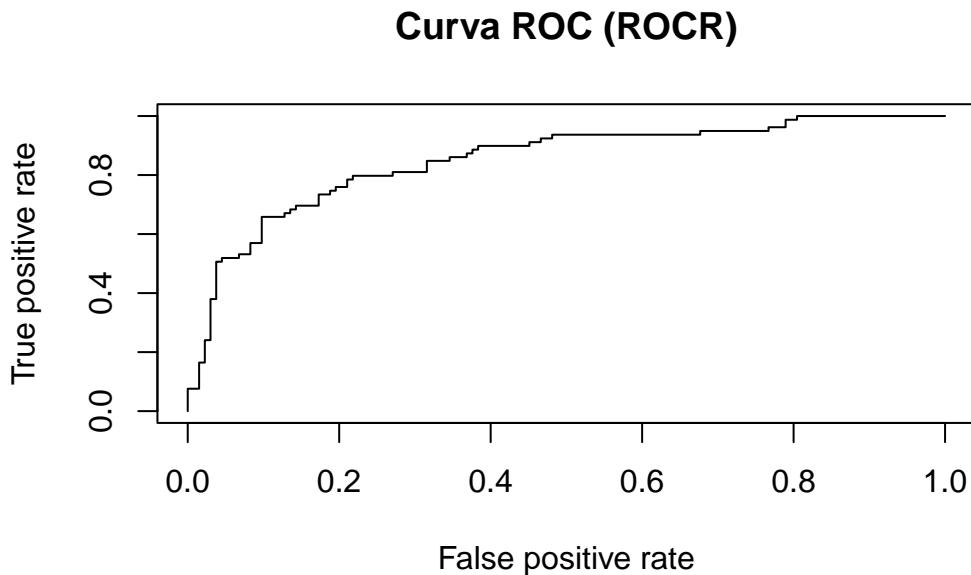
McNemar's Test P-Value : 0.07364

Sensitivity : 0.7820
 Specificity : 0.7975
 Pos Pred Value : 0.8667
 Neg Pred Value : 0.6848
 Prevalence : 0.6274
 Detection Rate : 0.4906
 Detection Prevalence : 0.5660
 Balanced Accuracy : 0.7897

'Positive' Class : 0

3.12. Curva ROC y AUC con ROCR

```
p <- predict(frogs.glm, newdata = frogs, type = "response")
pr <- prediction(p, frogs$pres.abs)
prf <- performance(pr, measure = "tpr", x.measure = "fpr")
plot(prf, main = "Curva ROC (ROCR)")
```



```
cutoffs <- data.frame(
  cut = prf@alpha.values[[1]],
  fpr = prf@x.values[[1]],
  tpr = prf@y.values[[1]]
)

head(subset(cutoffs, fpr <= 0.2))
```

	cut	fpr	tpr
1	Inf	0	0.00000000
2	0.9416691	0	0.01265823
3	0.9314070	0	0.02531646
4	0.9259228	0	0.03797468

```
5 0.9029415 0 0.05063291
6 0.8648604 0 0.06329114
```

```
auc <- performance(pr, measure = "auc")
auc <- auc@y.values[[1]]
auc
```

```
[1] 0.8499096
```

4. Parte 2: Modelo logit con tablas de contingencia y ANOVA univariado

En esta parte veremos tres ejemplos más cortos:

1. Un modelo logit usando la tabla **UCBAdmissions**.
2. Un ANOVA de un factor con el dataset **sugar**.
3. Un ANOVA de dos factores con **appletaste**.

4.1. Caso **UCBAdmissions** (logit con categorías)

UCBAdmissions es una tabla 2x2x6 que contiene:

- Admisión (Admitted / Rejected)
- Género (Male / Female)
- Departamento (A–F)

```
UCBAdmissions
```

```
, , Dept = A

      Gender
Admit    Male Female
  Admitted 512     89
```

Rejected 313 19

, , Dept = B

Gender
Admit Male Female
Admitted 353 17
Rejected 207 8

, , Dept = C

Gender
Admit Male Female
Admitted 120 202
Rejected 205 391

, , Dept = D

Gender
Admit Male Female
Admitted 138 131
Rejected 279 244

, , Dept = E

Gender
Admit Male Female
Admitted 53 94
Rejected 138 299

, , Dept = F

Gender
Admit Male Female
Admitted 22 24
Rejected 351 317

```
dimnames(UCBAdmissions)
```

```
$Admit  
[1] "Admitted" "Rejected"
```

```
$Gender
[1] "Male"    "Female"

$Dept
[1] "A" "B" "C" "D" "E" "F"
```

Construimos un `data.frame` con admitidos y rechazados:

```
UCB <- as.data.frame.table(UCBAdmissions["Admitted", , ])
names(UCB)[3] <- "admit"

UCB$reject <- as.data.frame.table(UCBAdmissions["Rejected", , ])$Freq

UCB$Gender <- relevel(UCB$Gender, ref = "Male")

UCB$total <- UCB$admit + UCB$reject
UCB$p      <- UCB$admit / UCB$total

head(UCB)
```

	Gender	Dept	admit	reject	total	p
1	Male	A	512	313	825	0.6206061
2	Female	A	89	19	108	0.8240741
3	Male	B	353	207	560	0.6303571
4	Female	B	17	8	25	0.6800000
5	Male	C	120	205	325	0.3692308
6	Female	C	202	391	593	0.3406408

4.1.1. Modelo logit con interacción Dept * Gender

```
UCB.glm <- glm(
  p ~ Dept * Gender,
  family = binomial,
  data   = UCB,
  weights = total
)

anova(UCB.glm, test = "Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: binomial, link: logit

Response: p

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)						
NULL			11	877.06							
Dept	5	855.32	6	21.74	< 2.2e-16 ***						
Gender	1	1.53	5	20.20	0.215928						
Dept:Gender	5	20.20	0	0.00	0.001144 **						

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

```
summary(UCB.glm)
```

Call:

```
glm(formula = p ~ Dept * Gender, family = binomial, data = UCB,  
weights = total)
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	0.49212	0.07175	6.859	6.94e-12 ***
DeptB	0.04163	0.11319	0.368	0.71304
DeptC	-1.02764	0.13550	-7.584	3.34e-14 ***
DeptD	-1.19608	0.12641	-9.462	< 2e-16 ***
DeptE	-1.44908	0.17681	-8.196	2.49e-16 ***
DeptF	-3.26187	0.23120	-14.109	< 2e-16 ***
GenderFemale	1.05208	0.26271	4.005	6.21e-05 ***
DeptB:GenderFemale	-0.83205	0.51039	-1.630	0.10306
DeptC:GenderFemale	-1.17700	0.29956	-3.929	8.53e-05 ***
DeptD:GenderFemale	-0.97009	0.30262	-3.206	0.00135 **
DeptE:GenderFemale	-1.25226	0.33032	-3.791	0.00015 ***
DeptF:GenderFemale	-0.86318	0.40267	-2.144	0.03206 *

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

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```

Null deviance: 8.7706e+02 on 11 degrees of freedom
Residual deviance: -3.4195e-14 on 0 degrees of freedom
AIC: 92.94

```

Number of Fisher Scoring iterations: 3

```
summary(UCB.glm)$coef
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	0.49212143	0.07174966	6.8588682	6.940825e-12
DeptB	0.04162783	0.11318919	0.3677721	7.130431e-01
DeptC	-1.02763967	0.13549685	-7.5842331	3.344593e-14
DeptD	-1.19607953	0.12640656	-9.4621632	3.016374e-21
DeptE	-1.44908321	0.17681152	-8.1956378	2.492678e-16
DeptF	-3.26186520	0.23119594	-14.1086615	3.358928e-45
GenderFemale	1.05207596	0.26270810	4.0047336	6.208742e-05
DeptB:GenderFemale	-0.83205342	0.51039480	-1.6302153	1.030560e-01
DeptC:GenderFemale	-1.17699758	0.29955796	-3.9291147	8.525915e-05
DeptD:GenderFemale	-0.97008876	0.30261874	-3.2056467	1.347593e-03
DeptE:GenderFemale	-1.25226298	0.33032201	-3.7910371	1.500195e-04
DeptF:GenderFemale	-0.86318013	0.40266653	-2.1436600	3.206014e-02

i Nota

- El modelo captura cómo la probabilidad de admisión cambia por **departamento** y **género**, incluyendo la **interacción** entre ambos.
- El resultado ilustra el clásico ejemplo de **sesgo aparente** por género y cómo la estructura por departamentos altera la interpretación (paradoja de Simpson).

4.2. ANOVA de un factor: dataset sugar

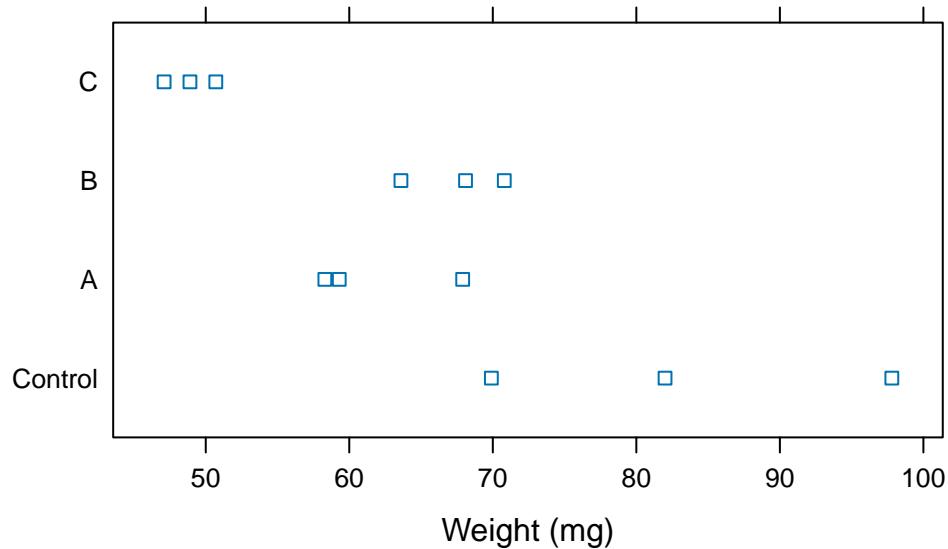
Este ejemplo se centra en un **diseño de tratamientos** (trt) y la variable respuesta **weight** (peso).

```
data(sugar)
head(sugar)
```

```
weight      trt
```

```
1 82.0 Control
2 97.8 Control
3 69.9 Control
4 58.3      A
5 67.9      A
6 59.3      A
```

```
library(lattice)
stripplot(trt ~ weight,
          pch = 0,
          xlab = "Weight (mg)",
          data = sugar,
          aspect = 0.5)
```



```
levels(sugar$trt)
```

```
[1] "Control" "A"        "B"        "C"
```

4.2.1. Ajuste del modelo ANOVA

```
sugar.aov <- aov(weight ~ trt, data = sugar)
model.matrix(sugar.aov)
```

```
(Intercept) trtA trtB trtC
1           1   0   0   0
2           1   0   0   0
3           1   0   0   0
4           1   1   0   0
5           1   1   0   0
6           1   1   0   0
7           1   0   1   0
8           1   0   1   0
9           1   0   1   0
10          1   0   0   1
11          1   0   0   1
12          1   0   0   1
attr(,"assign")
[1] 0 1 1 1
attr(,"contrasts")
attr(,"contrasts")$trt
[1] "contr.treatment"
```

```
summary.lm(sugar.aov)
```

Call:
aov(formula = weight ~ trt, data = sugar)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-13.3333	-2.7833	-0.6167	2.1750	14.5667

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	83.233	4.473	18.609	7.17e-08 ***
trtA	-21.400	6.325	-3.383	0.009597 **
trtB	-15.733	6.325	-2.487	0.037680 *
trtC	-34.333	6.325	-5.428	0.000625 ***

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

```
Residual standard error: 7.747 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.7915,    Adjusted R-squared:  0.7133
F-statistic: 10.12 on 3 and 8 DF,  p-value: 0.004248
```

i Nota

- El intercepto está asociado a una categoría base (por ejemplo, **Control**).
- Cada coeficiente representa la **diferencia** de cada tratamiento respecto al control.
- Probamos si hay diferencias significativas en el peso promedio entre tratamientos.

4.2.2. Medias y comparaciones múltiples (Tukey)

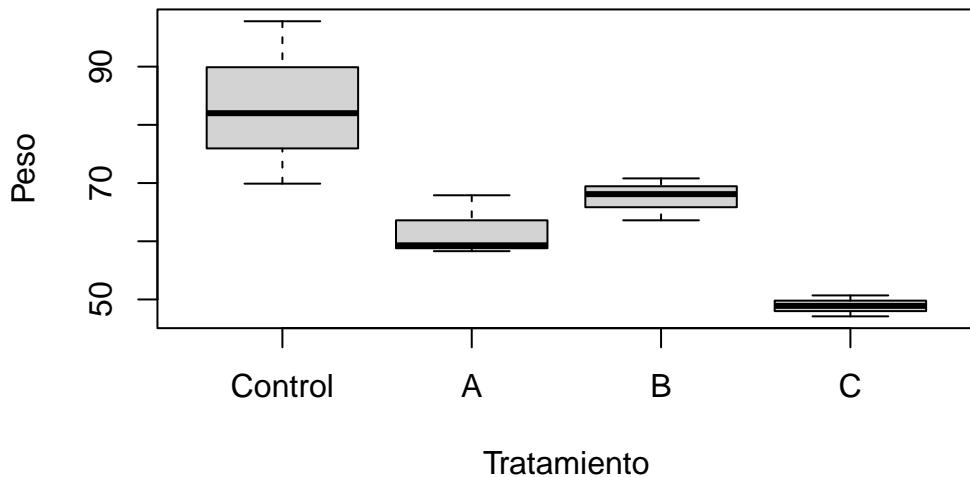
```
predict(sugar.aov)
```

```
1          2          3          4          5          6          7          8
83.23333 83.23333 83.23333 61.83333 61.83333 61.83333 67.50000 67.50000
9          10         11         12
67.50000 48.90000 48.90000 48.90000
```

```
sem <- summary.lm(sugar.aov)$sigma / sqrt(3) # 3 observaciones por grupo

boxplot(sugar$weight ~ sugar$trt,
        xlab = "Tratamiento", ylab = "Peso",
        main = "Distribución de peso por tratamiento")
```

Distribución de peso por tratamiento



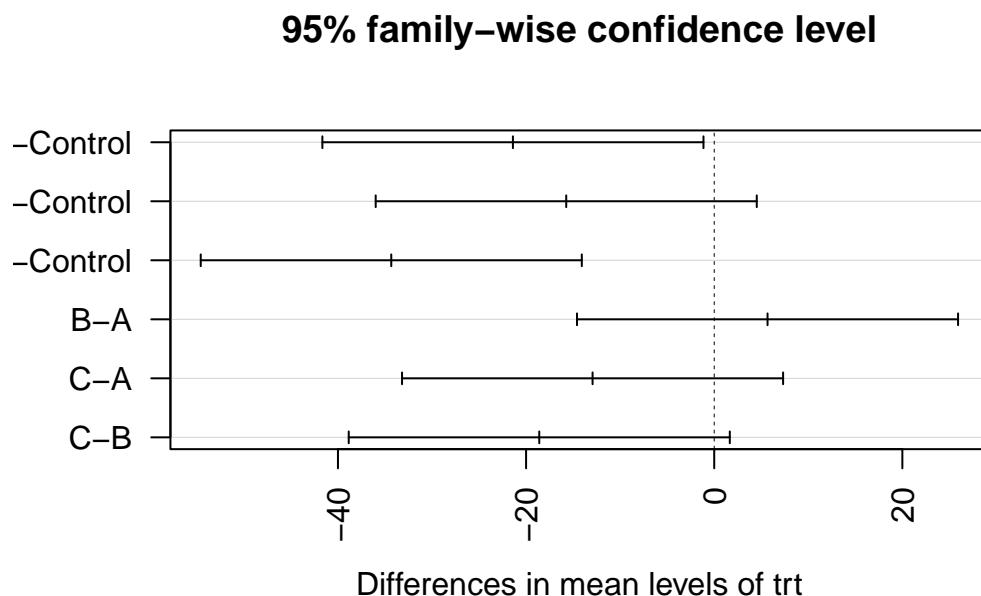
```
TukeyHSD(sugar.aov, conf.level = 0.95)
```

Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

```
Fit: aov(formula = weight ~ trt, data = sugar)
```

```
$trt
    diff      lwr      upr     p adj
A-Control -21.400000 -41.65627 -1.143735 0.0388013
B-Control -15.733333 -35.98960   4.522932 0.1368094
C-Control -34.333333 -54.58960 -14.077068 0.0027770
B-A        5.666667 -14.58960  25.922932 0.8074414
C-A       -12.933333 -33.18960   7.322932 0.2491650
C-B       -18.600000 -38.85627   1.656265 0.0723466
```

```
plot(TukeyHSD(sugar.aov, conf.level = 0.95), las = 2)
```



4.3. ANOVA de dos factores: appletaste

Este dataset contiene evaluaciones de aftertaste (sabor residual) de distintos productos de manzana por distintos panelistas.

```
data(appletaste)
head(appletaste)
```

	aftertaste	panelist	product
1	89	a	937
2	98	a	298
3	108	a	493
4	13	b	937
5	55	b	298
6	104	b	493

```
# Eliminamos un panelista en particular (k)
appletaste1 <- appletaste[appletaste$panelist != "k", ]

table(appletaste1$product, appletaste1$panelist)
```

```
a b c d e f g h i j k l m n o p q r s t  
298 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 1 1 1 1 1 1 1 1 1  
493 1 1 1 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 1 1 1 1 1 1  
649 0 0 0 0 0 1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 1 1 1  
937 1 1 1 1 1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 0 0 0 0 0
```

```
sapply(appletaste1, is.factor)
```

```
aftertaste panelist product  
FALSE      TRUE     TRUE
```

4.3.1. ANOVA con panelista y producto

```
appletaste.aov <- aov(aftertaste ~ panelist + product,  
                        data = appletaste1)
```

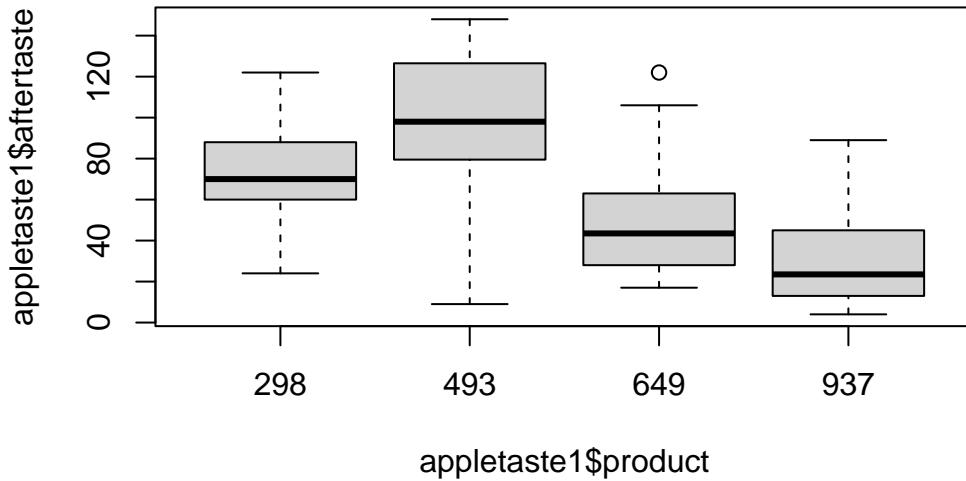
```
summary(appletaste.aov)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
panelist	18	25396	1411	1.913	0.0492 *
product	3	35073	11691	15.851	1.12e-06 ***
Residuals	35	25815	738		

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

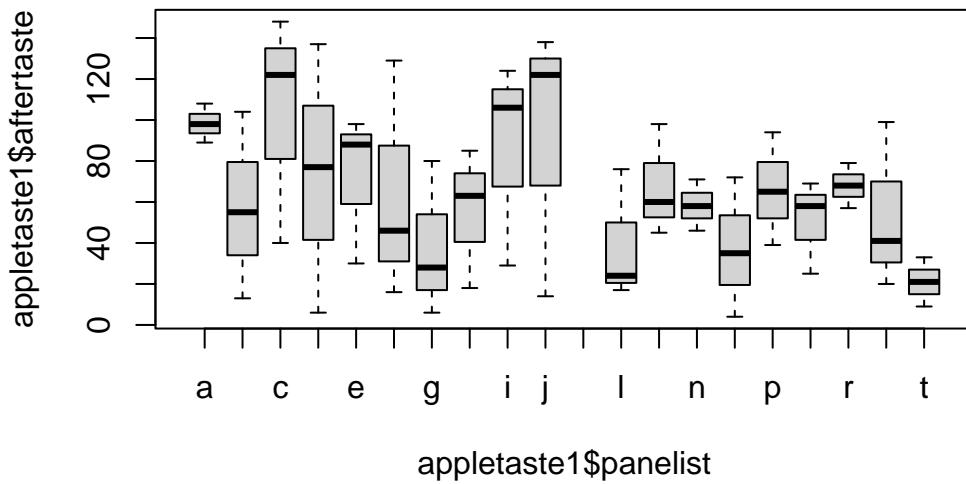
```
boxplot(appletaste1$aftertaste ~ appletaste1$product,  
        main = "Aftertaste por producto")
```

Aftertaste por producto



```
boxplot(appletaste1$aftertaste ~ appletaste1$panelist,
        main = "Aftertaste por panelista")
```

Aftertaste por panelista



```
TukeyHSD(appletaste.aov, conf.level = 0.95)
```

Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = aftertaste ~ panelist + product, data = appletaste1)

\$panelist

	diff	lwr	upr	p	adj
b-a	-41.000000	-125.08231	43.082307	0.9239145	
c-a	5.000000	-79.08231	89.082307	1.0000000	
d-a	-25.000000	-109.08231	59.082307	0.9995641	
e-a	-26.333333	-110.41564	57.748974	0.9991587	
f-a	-34.666667	-118.74897	49.415641	0.9822057	
g-a	-60.333333	-144.41564	23.748974	0.4246450	
h-a	-43.000000	-127.08231	41.082307	0.8920491	
i-a	-12.000000	-96.08231	72.082307	1.0000000	
j-a	-7.000000	-91.08231	77.082307	1.0000000	
l-a	-59.333333	-143.41564	24.748974	0.4530346	
m-a	-30.666667	-114.74897	53.415641	0.9949812	
n-a	-40.000000	-124.08231	44.082307	0.9372358	
o-a	-61.333333	-145.41564	22.748974	0.3970457	
p-a	-32.333333	-116.41564	51.748974	0.9911582	
q-a	-47.666667	-131.74897	36.415641	0.7913417	
r-a	-30.333333	-114.41564	53.748974	0.9955513	
s-a	-45.000000	-129.08231	39.082307	0.8532101	
t-a	-77.333333	-161.41564	6.748974	0.1012762	
c-b	46.000000	-38.08231	130.082307	0.8312840	
d-b	16.000000	-68.08231	100.082307	0.9999993	
e-b	14.666667	-69.41564	98.748974	0.9999998	
f-b	6.333333	-77.74897	90.415641	1.0000000	
g-b	-19.333333	-103.41564	64.748974	0.9999875	
h-b	-2.000000	-86.08231	82.082307	1.0000000	
i-b	29.000000	-55.08231	113.082307	0.9973249	
j-b	34.000000	-50.08231	118.082307	0.9852771	
l-b	-18.333333	-102.41564	65.748974	0.9999943	
m-b	10.333333	-73.74897	94.415641	1.0000000	
n-b	1.000000	-83.08231	85.082307	1.0000000	
o-b	-20.333333	-104.41564	63.748974	0.9999740	
p-b	8.666667	-75.41564	92.748974	1.0000000	
q-b	-6.666667	-90.74897	77.415641	1.0000000	
r-b	10.666667	-73.41564	94.748974	1.0000000	

s-b	-4.0000000	-88.08231	80.082307	1.0000000
t-b	-36.3333333	-120.41564	47.748974	0.9723614
d-c	-30.0000000	-114.08231	54.082307	0.9960668
e-c	-31.3333333	-115.41564	52.748974	0.9936600
f-c	-39.6666667	-123.74897	44.415641	0.9412994
g-c	-65.3333333	-149.41564	18.748974	0.2963345
h-c	-48.0000000	-132.08231	36.082307	0.7828845
i-c	-17.0000000	-101.08231	67.082307	0.9999982
j-c	-12.0000000	-96.08231	72.082307	1.0000000
l-c	-64.3333333	-148.41564	19.748974	0.3199219
m-c	-35.6666667	-119.74897	48.415641	0.9766966
n-c	-45.0000000	-129.08231	39.082307	0.8532101
o-c	-66.3333333	-150.41564	17.748974	0.2738830
p-c	-37.3333333	-121.41564	46.748974	0.9647639
q-c	-52.6666667	-136.74897	31.415641	0.6522222
r-c	-35.3333333	-119.41564	48.748974	0.9786603
s-c	-50.0000000	-134.08231	34.082307	0.7293259
t-c	-82.3333333	-166.41564	1.748974	0.0603829
e-d	-1.3333333	-85.41564	82.748974	1.0000000
f-d	-9.6666667	-93.74897	74.415641	1.0000000
g-d	-35.3333333	-119.41564	48.748974	0.9786603
h-d	-18.0000000	-102.08231	66.082307	0.9999957
i-d	13.0000000	-71.08231	97.082307	1.0000000
j-d	18.0000000	-66.08231	102.082307	0.9999957
l-d	-34.3333333	-118.41564	49.748974	0.9837980
m-d	-5.6666667	-89.74897	78.415641	1.0000000
n-d	-15.0000000	-99.08231	69.082307	0.9999997
o-d	-36.3333333	-120.41564	47.748974	0.9723614
p-d	-7.3333333	-91.41564	76.748974	1.0000000
q-d	-22.6666667	-106.74897	61.415641	0.9998811
r-d	-5.3333333	-89.41564	78.748974	1.0000000
s-d	-20.0000000	-104.08231	64.082307	0.9999796
t-d	-52.3333333	-136.41564	31.748974	0.6621111
f-e	-8.3333333	-92.41564	75.748974	1.0000000
g-e	-34.0000000	-118.08231	50.082307	0.9852771
h-e	-16.6666667	-100.74897	67.415641	0.9999987
i-e	14.3333333	-69.74897	98.415641	0.9999999
j-e	19.3333333	-64.74897	103.415641	0.9999875
l-e	-33.0000000	-117.08231	51.082307	0.9890877
m-e	-4.3333333	-88.41564	79.748974	1.0000000
n-e	-13.6666667	-97.74897	70.415641	0.9999999
o-e	-35.0000000	-119.08231	49.082307	0.9804949
p-e	-6.0000000	-90.08231	78.082307	1.0000000

q-e	-21.3333333	-105.41564	62.748974	0.9999487
r-e	-4.0000000	-88.08231	80.082307	1.0000000
s-e	-18.6666667	-102.74897	65.415641	0.9999926
t-e	-51.0000000	-135.08231	33.082307	0.7010209
g-f	-25.6666667	-109.74897	58.415641	0.9993900
h-f	-8.3333333	-92.41564	75.748974	1.0000000
i-f	22.6666667	-61.41564	106.748974	0.9998811
j-f	27.6666667	-56.41564	111.748974	0.9984622
l-f	-24.6666667	-108.74897	59.415641	0.9996335
m-f	4.0000000	-80.08231	88.082307	1.0000000
n-f	-5.3333333	-89.41564	78.748974	1.0000000
o-f	-26.6666667	-110.74897	57.415641	0.9990169
p-f	2.3333333	-81.74897	86.415641	1.0000000
q-f	-13.0000000	-97.08231	71.082307	1.0000000
r-f	4.3333333	-79.74897	88.415641	1.0000000
s-f	-10.3333333	-94.41564	73.748974	1.0000000
t-f	-42.6666667	-126.74897	41.415641	0.8978483
h-g	17.3333333	-66.74897	101.415641	0.9999976
i-g	48.3333333	-35.74897	132.415641	0.7742833
j-g	53.3333333	-30.74897	137.415641	0.6323007
l-g	1.0000000	-83.08231	85.082307	1.0000000
m-g	29.6666667	-54.41564	113.748974	0.9965317
n-g	20.3333333	-63.74897	104.415641	0.9999740
o-g	-1.0000000	-85.08231	83.082307	1.0000000
p-g	28.0000000	-56.08231	112.082307	0.9982261
q-g	12.6666667	-71.41564	96.748974	1.0000000
r-g	30.0000000	-54.08231	114.082307	0.9960668
s-g	15.3333333	-68.74897	99.415641	0.9999996
t-g	-17.0000000	-101.08231	67.082307	0.9999982
i-h	31.0000000	-53.08231	115.082307	0.9943522
j-h	36.0000000	-48.08231	120.082307	0.9745987
l-h	-16.3333333	-100.41564	67.748974	0.9999990
m-h	12.3333333	-71.74897	96.415641	1.0000000
n-h	3.0000000	-81.08231	87.082307	1.0000000
o-h	-18.3333333	-102.41564	65.748974	0.9999943
p-h	10.6666667	-73.41564	94.748974	1.0000000
q-h	-4.6666667	-88.74897	79.415641	1.0000000
r-h	12.6666667	-71.41564	96.748974	1.0000000
s-h	-2.0000000	-86.08231	82.082307	1.0000000
t-h	-34.3333333	-118.41564	49.748974	0.9837980
j-i	5.0000000	-79.08231	89.082307	1.0000000
l-i	-47.3333333	-131.41564	36.748974	0.7996494
m-i	-18.6666667	-102.74897	65.415641	0.9999926

n-i	-28.000000	-112.08231	56.082307	0.9982261
o-i	-49.3333333	-133.41564	34.748974	0.7476743
p-i	-20.3333333	-104.41564	63.748974	0.9999740
q-i	-35.6666667	-119.74897	48.415641	0.9766966
r-i	-18.3333333	-102.41564	65.748974	0.9999943
s-i	-33.0000000	-117.08231	51.082307	0.9890877
t-i	-65.3333333	-149.41564	18.748974	0.2963345
l-j	-52.3333333	-136.41564	31.748974	0.6621111
m-j	-23.6666667	-107.74897	60.415641	0.9997873
n-j	-33.0000000	-117.08231	51.082307	0.9890877
o-j	-54.3333333	-138.41564	29.748974	0.6021671
p-j	-25.3333333	-109.41564	58.748974	0.9994834
q-j	-40.6666667	-124.74897	43.415641	0.9285454
r-j	-23.3333333	-107.41564	60.748974	0.9998240
s-j	-38.0000000	-122.08231	46.082307	0.9589140
t-j	-70.3333333	-154.41564	13.748974	0.1957341
m-l	28.6666667	-55.41564	112.748974	0.9976605
n-l	19.3333333	-64.74897	103.415641	0.9999875
o-l	-2.0000000	-86.08231	82.082307	1.0000000
p-l	27.0000000	-57.08231	111.082307	0.9988552
q-l	11.6666667	-72.41564	95.748974	1.0000000
r-l	29.0000000	-55.08231	113.082307	0.9973249
s-l	14.3333333	-69.74897	98.415641	0.9999999
t-l	-18.0000000	-102.08231	66.082307	0.9999957
n-m	-9.3333333	-93.41564	74.748974	1.0000000
o-m	-30.6666667	-114.74897	53.415641	0.9949812
p-m	-1.6666667	-85.74897	82.415641	1.0000000
q-m	-17.0000000	-101.08231	67.082307	0.9999982
r-m	0.3333333	-83.74897	84.415641	1.0000000
s-m	-14.3333333	-98.41564	69.748974	0.9999999
t-m	-46.6666667	-130.74897	37.415641	0.8157955
o-n	-21.3333333	-105.41564	62.748974	0.9999487
p-n	7.6666667	-76.41564	91.748974	1.0000000
q-n	-7.6666667	-91.74897	76.415641	1.0000000
r-n	9.6666667	-74.41564	93.748974	1.0000000
s-n	-5.0000000	-89.08231	79.082307	1.0000000
t-n	-37.3333333	-121.41564	46.748974	0.9647639
p-o	29.0000000	-55.08231	113.082307	0.9973249
q-o	13.6666667	-70.41564	97.748974	0.9999999
r-o	31.0000000	-53.08231	115.082307	0.9943522
s-o	16.3333333	-67.74897	100.415641	0.9999990
t-o	-16.0000000	-100.08231	68.082307	0.9999993
q-p	-15.3333333	-99.41564	68.748974	0.9999996

```

r-p  2.0000000 -82.08231  86.082307 1.0000000
s-p -12.6666667 -96.74897  71.415641 1.0000000
t-p -45.0000000 -129.08231  39.082307 0.8532101
r-q  17.3333333 -66.74897 101.415641 0.9999976
s-q  2.6666667 -81.41564  86.748974 1.0000000
t-q -29.6666667 -113.74897  54.415641 0.9965317
s-r -14.6666667 -98.74897  69.415641 0.9999998
t-r -47.0000000 -131.08231  37.082307 0.8078023
t-s -32.3333333 -116.41564  51.748974 0.9911582

```

```

$product
      diff      lwr      upr      p adj
493-298 17.84286 -9.37496 45.060674 0.3054791
649-298 -12.52381 -40.20692 15.159303 0.6185367
937-298 -46.04762 -73.73073 -18.364507 0.0004190
649-493 -30.36667 -57.58448 -3.148850 0.0238482
937-493 -63.89048 -91.10829 -36.672659 0.0000017
937-649 -33.52381 -61.20692 -5.840697 0.0124799

```

i Nota

- El ANOVA permite separar el efecto del **producto** del efecto del **panelista**.
- En la práctica, nos interesa si el **producto** tiene un efecto significativo en la evaluación, más allá de la variabilidad entre panelistas.

5. Parte 3: MANOVA y análisis multivariante con datos de ratas

En este último ejemplo se trabaja con datos simulados de ratas con:

- y1: peso inicial.
- y2: peso final.
- y3: peso del tumor.
- Factores: **temp** (temperatura ambiental) y **sex** (sexo).

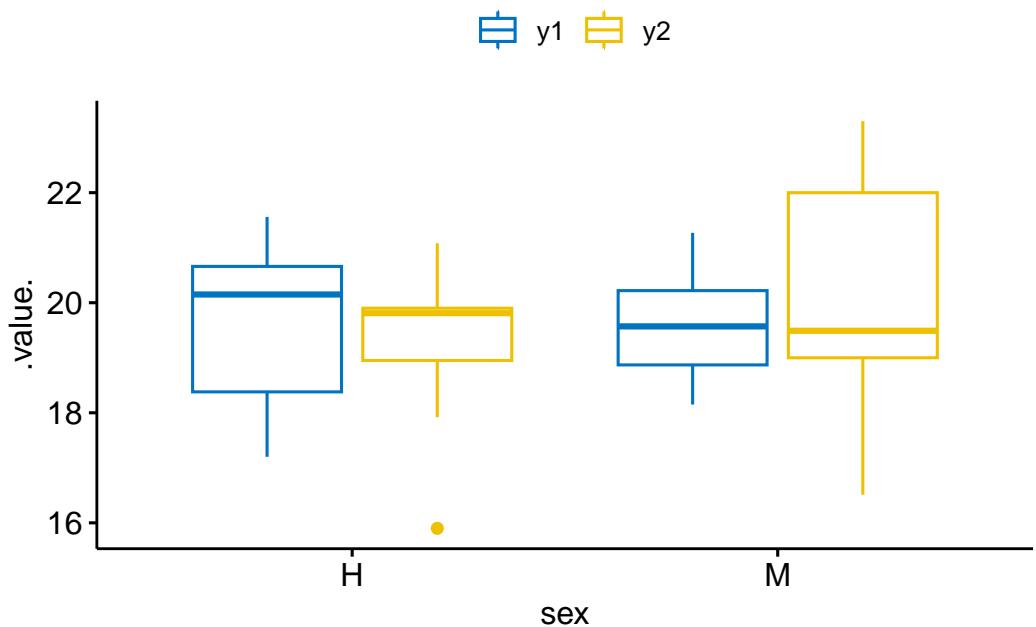
5.1. Generar el dataset

```
pesos <- c(  
 18.15, 16.51, 0.24, 19.15, 19.49, 0.16, 18.68,  
 19.50, 0.32, 18.35, 19.81, 0.17, 19.54, 19.84,  
 0.20, 20.58, 19.44, 0.22, 21.27, 23.30, 0.33,  
 18.87, 22.00, 0.25, 19.57, 22.30, 0.45, 20.66,  
 21.08, 0.20, 20.15, 18.95, 0.35, 21.56, 20.34,  
 0.20, 20.74, 16.69, 0.31, 20.22, 19.00, 0.18,  
 20.02, 19.26, 0.41, 18.38, 17.92, 0.30, 17.20,  
 15.90, 0.28, 20.85, 19.90, 0.17  
)  
  
y1 <- pesos[c(TRUE, FALSE, FALSE)]  
y2 <- pesos[c(FALSE, TRUE, FALSE)]  
y3 <- pesos[c(FALSE, FALSE, TRUE)]  
  
temp <- factor(c(rep(4, 6), rep(20, 6), rep(34, 6)))  
sex <- factor(rep(c(rep("M", 3), rep("H", 3)), 3))  
  
ratas <- data.frame(y1, y2, y3, temp, sex)  
head(ratas)
```

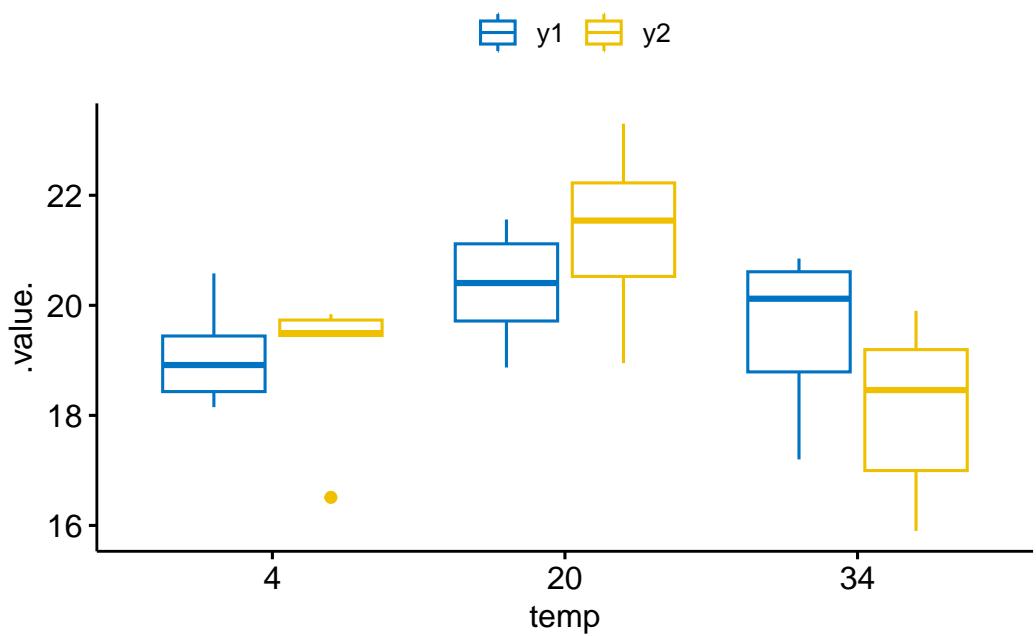
	y1	y2	y3	temp	sex
1	18.15	16.51	0.24	4	M
2	19.15	19.49	0.16	4	M
3	18.68	19.50	0.32	4	M
4	18.35	19.81	0.17	4	H
5	19.54	19.84	0.20	4	H
6	20.58	19.44	0.22	4	H

5.2. Boxplots exploratorios

```
ggbboxplot(ratas, x = "sex", y = c("y1", "y2"),  
merge = TRUE, palette = "jco")
```



```
ggbboxplot(ratas, x = "temp", y = c("y1", "y2"),
            merge = TRUE, palette = "jco")
```



5.3. Estadísticos agrupados (media, n, sd)

```
aggregate(ratas[, 1:3], list(sex = ratas$sex, temp = ratas$temp), mean)
```

	sex	temp	y1	y2	y3
1	H	4	19.49000	19.69667	0.1966667
2	M	4	18.66000	18.50000	0.2400000
3	H	20	20.79000	20.12333	0.2500000
4	M	20	19.90333	22.53333	0.3433333
5	H	34	18.81000	17.90667	0.2500000
6	M	34	20.32667	18.31667	0.3000000

```
aggregate(ratas[, 1:3], list(sex = ratas$sex, temp = ratas$temp), length)
```

	sex	temp	y1	y2	y3
1	H	4	3	3	3
2	M	4	3	3	3
3	H	20	3	3	3
4	M	20	3	3	3
5	H	34	3	3	3
6	M	34	3	3	3

```
aggregate(ratas[, 1:3], list(sex = ratas$sex, temp = ratas$temp), sd)
```

	sex	temp	y1	y2	y3
1	H	4	1.1158405	0.2227854	0.02516611
2	M	4	0.5002999	1.7233978	0.08000000
3	H	20	0.7139328	1.0814034	0.08660254
4	M	20	1.2342339	0.6806859	0.10066446
5	H	34	1.8626057	2.0000333	0.07000000
6	M	34	0.3716629	1.4147202	0.11532563

5.4. Normalidad univariada por grupo

Definimos una función que calcula el p-value del test de Shapiro–Wilk:

```

normal <- function(vec){
  shapiro.test(vec)$p.value
}

aggregate(ratas[, 1:3], list(sex = ratas$sex, temp = ratas$temp), normal)

```

	sex	temp	y1	y2	y3
1	H	4	0.9258674	0.128686974	0.7804408
2	M	4	0.9338670	0.005540978	1.0000000
3	H	20	0.6975632	0.666926507	0.0000000
4	M	20	0.5491264	0.424350926	0.7804408
5	H	34	0.6155710	0.988973545	0.2737737
6	M	34	0.5202800	0.175746733	0.8564460

i Nota

- P-values grandes sugieren que **no podemos rechazar** normalidad para esa combinación de grupo y variable.
- Esto es un requisito para aplicar ANOVA/MANOVA de forma estricta.

5.5. Modelos MANOVA

Planteamos distintos modelos multivariantes:

```

mod1 <- manova(cbind(y1, y2, y3) ~ sex + temp, data = ratas)
summary(mod1)

```

```

Df Pillai approx F num Df den Df Pr(>F)
sex      1 0.21483   1.0945     3     12 0.38905
temp      2 0.80234   2.9030     6     26 0.02656 *
Residuals 14
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```

mod1.1 <- manova(cbind(y1, y2, y3) ~ temp, data = ratas)
summary(mod1.1)

```

```

Df Pillai approx F num Df den Df Pr(>F)
temp      2 0.76682   2.9018      6     28 0.02503 *
Residuals 15
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```
mod2 <- manova(cbind(y1, y2, y3) ~ sex * temp, data = ratas)
summary(mod2)
```

```

Df Pillai approx F num Df den Df Pr(>F)
sex       1 0.27510   1.2650      3     10 0.33838
temp      2 0.97019   3.4544      6     22 0.01475 *
sex:temp  2 0.75271   2.2128      6     22 0.08041 .
Residuals 12
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

i Nota

- MANOVA evalúa si los factores (sexo, temperatura, e interacción) tienen efectos **conjuntos** sobre el vector (y_1, y_2, y_3).
- Si hay significancia, se justifica mirar luego análisis univariados para cada variable por separado.

5.6. ANOVA univariados asociados

```

m1 <- aov(y1 ~ temp,           data = ratas)
m2 <- aov(y2 ~ temp,           data = ratas)
m3 <- aov(y3 ~ temp,           data = ratas)
m4 <- aov(y1 ~ temp * sex,    data = ratas)
m5 <- aov(y2 ~ temp * sex,    data = ratas)
m6 <- aov(y3 ~ temp * sex,    data = ratas)

summary(m1)

```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
temp	2	4.933	2.466	1.856	0.19
Residuals	15	19.935	1.329		

```
summary(m2)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
temp	2	32.59	16.293	7.538	0.00542 **
Residuals	15	32.42	2.161		

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

```
summary(m3)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
temp	2	0.01963	0.009817	1.398	0.278
Residuals	15	0.10537	0.007024		

```
summary(m4)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
temp	2	4.933	2.466	2.074	0.168
sex	1	0.020	0.020	0.017	0.899
temp:sex	2	5.643	2.821	2.372	0.135
Residuals	12	14.272	1.189		

```
summary(m5)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
temp	2	32.59	16.293	9.176	0.00382 **
sex	1	1.32	1.318	0.742	0.40590
temp:sex	2	9.79	4.897	2.758	0.10339
Residuals	12	21.31	1.776		

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

```
summary(m6)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
temp	2	0.01963	0.009817	1.374	0.290
sex	1	0.01742	0.017422	2.439	0.144
temp:sex	2	0.00221	0.001106	0.155	0.858
Residuals	12	0.08573	0.007144		

5.6.1. Tamaño de efecto (eta cuadrado)

```
etaSquared(m2)
```

```
  eta.sq eta.sq.part  
temp  0.5012788  0.5012788
```

```
etaSquared(m5)
```

```
  eta.sq eta.sq.part  
temp    0.50127879  0.60463503  
sex     0.02026862  0.05823481  
temp:sex 0.15067126  0.31491368
```

Nota

Regla de interpretación de **eta²** (aproximada):

- 0.01 → efecto pequeño.
- 0.06 → efecto mediano.
- 0.14 → efecto grande.

Esto ayuda a complementar la **significancia estadística** con una medida de **magnitud del efecto**.

5.6.2. Comparaciones múltiples (Tukey) para una de las ANOVA

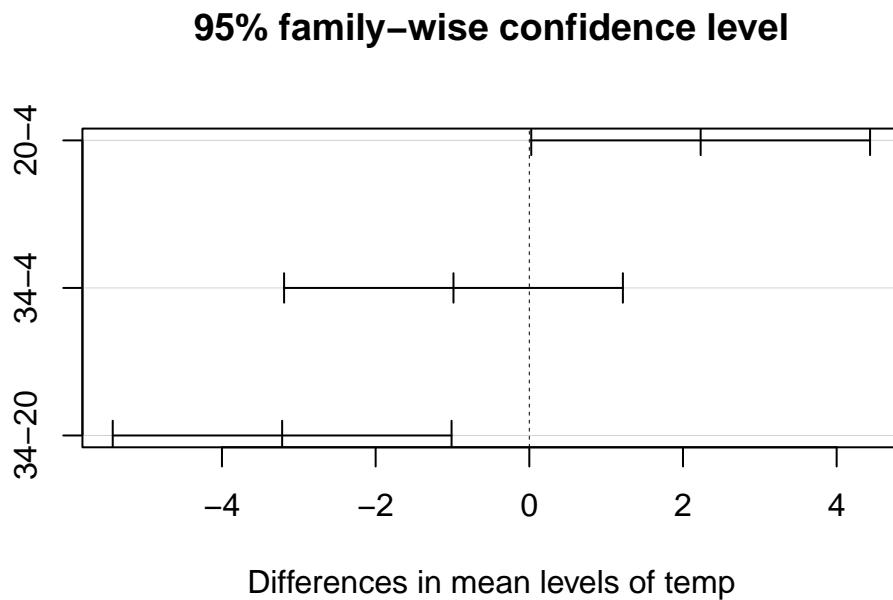
```
post <- TukeyHSD(m2)  
post
```

```
Tukey multiple comparisons of means  
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = y2 ~ temp, data = ratas)
```

```
$temp
      diff      lwr      upr     p adj
20-4   2.2300000  0.02527797 4.434722 0.0472590
34-4  -0.9866667 -3.19138869 1.218055 0.4924782
34-20 -3.2166667 -5.42138869 -1.011945 0.0047632
```

```
plot(post)
```



6. Cierre del laboratorio

En este capítulo trabajaste con:

- **Modelos logit** en contexto espacial (**frogs**) y con tablas de contingencia (**UCBAdmissions**), aprendiendo a:
 - Interpretar coeficientes en términos de **odds ratios**.
 - Evaluar desempeño mediante **ROC**, **AUC**, matrices de confusión y accuracy.

- **ANOVA** para comparar medias entre tratamientos (**sugar**) y para diseños con dos factores (**appletaste**).
- **MANOVA** y análisis multivariante (**ratas**), incluyendo:
 - Comprobación de supuestos (normalidad, homogeneidad de varianzas).
 - Interpretación de efectos conjuntos e individuales.
 - Tamaño de efecto mediante **eta²**.

Estos procedimientos son la base para muchos análisis empíricos modernos en economía, negocios, salud y ciencias sociales, más allá del modelo de regresión lineal clásico.