

# **Capítulo\_5 \_Logit\_y\_otros \_análisis**

Econometría para la Gestión (ECO\_EPG) - FEN UAH

## **Tabla de contenidos**

<b>1</b>	<b>1. Material descargable</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Configuración inicial en R</b>	<b>3</b>
2.1	Carga de librerías . . . . .	3
2.2	Ruta de trabajo (si la necesitas) . . . . .	4
<b>3</b>	<b>Parte 1: Modelo Logit con datos de ranas (frogs)</b>	<b>4</b>
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
<b>4</b>	<b>Parte 2: Modelo logit con tablas de contingencia y ANOVA univariado</b>	<b>21</b>
4.1	Caso UCBAdmissions (logit con categorías) . . . . .	21
4.1.1	Modelo logit con interacción <code>Dept * Gender</code> . . . . .	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>apple_taste</code> . . . . .	30
4.3.1	ANOVA con panelista y producto . . . . .	31

<b>5 Parte 3: MANOVA y análisis multivariante con datos de ratas</b>	<b>37</b>
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
<b>6 Cierre del laboratorio</b>	<b>45</b>

## 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)
```

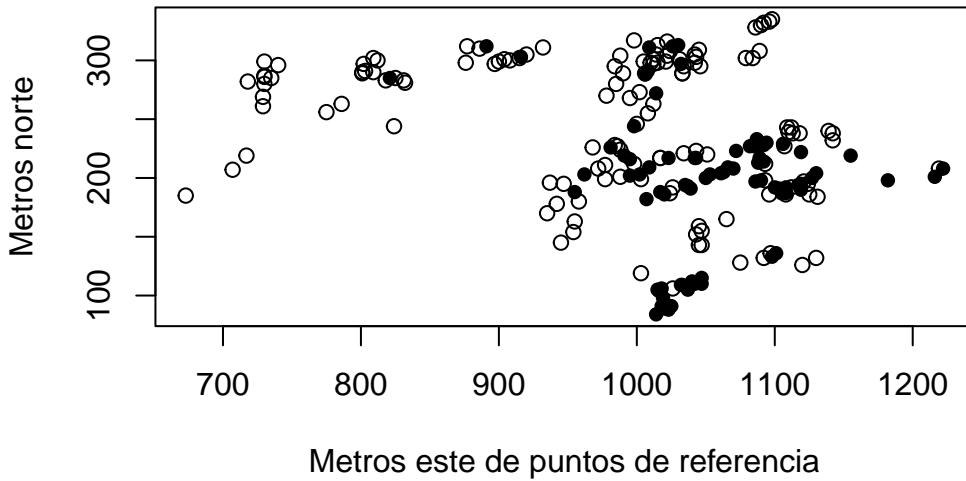
```
'data.frame': 212 obs. of 10 variables:
 $ pres.abs : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ northing : num 115 110 112 109 109 106 105 84 88 91 ...
 $ easting : num 1047 1042 1040 1033 1032 ...
 $ altitude : num 1500 1520 1540 1590 1590 1600 1600 1560 1560 1560 ...
 $ distance : num 500 250 250 250 250 500 250 750 250 250 ...
 $ 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"
)
```

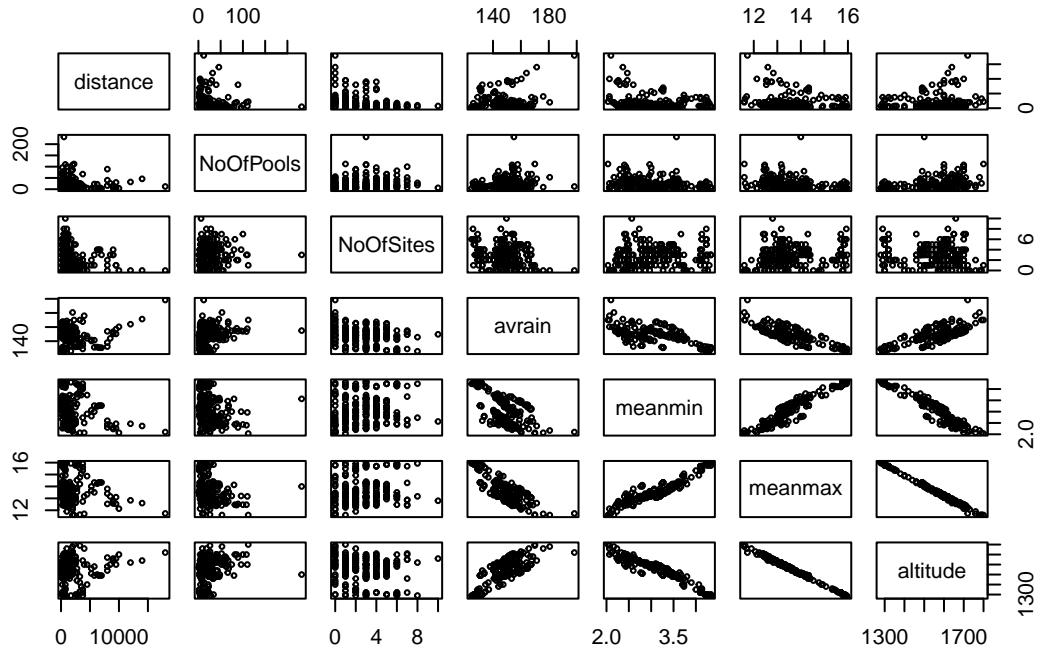


**i** Nota

- 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)
```

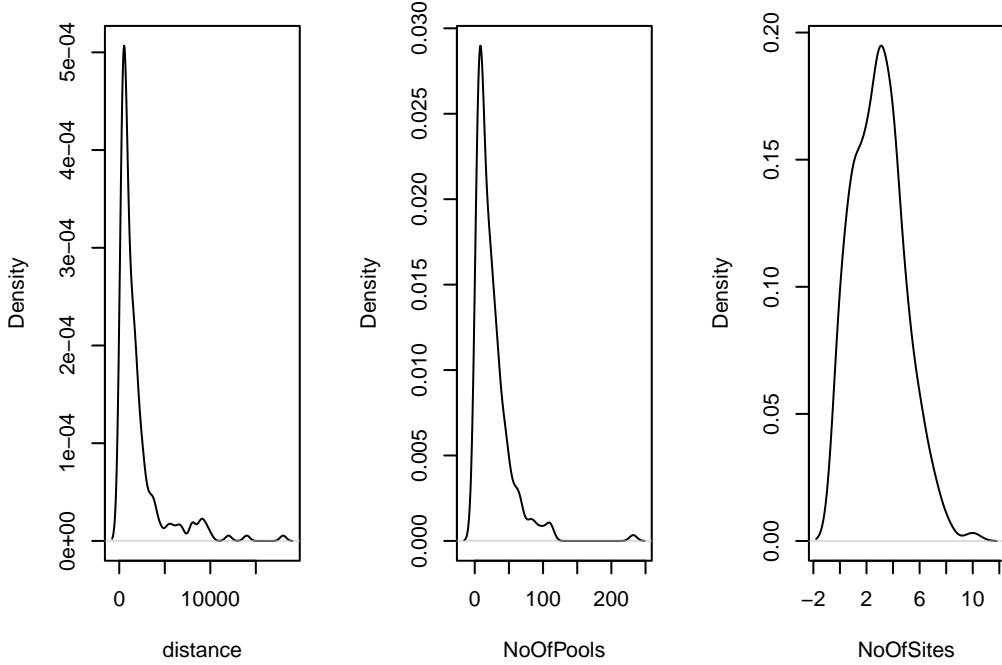


Aquí exploramos cómo se relacionan entre sí variables ambientales como `distance`, `NoOfPools`, `NoOfSites`, `avrain`, `altitude`, `meanmin`, `meanmax`.

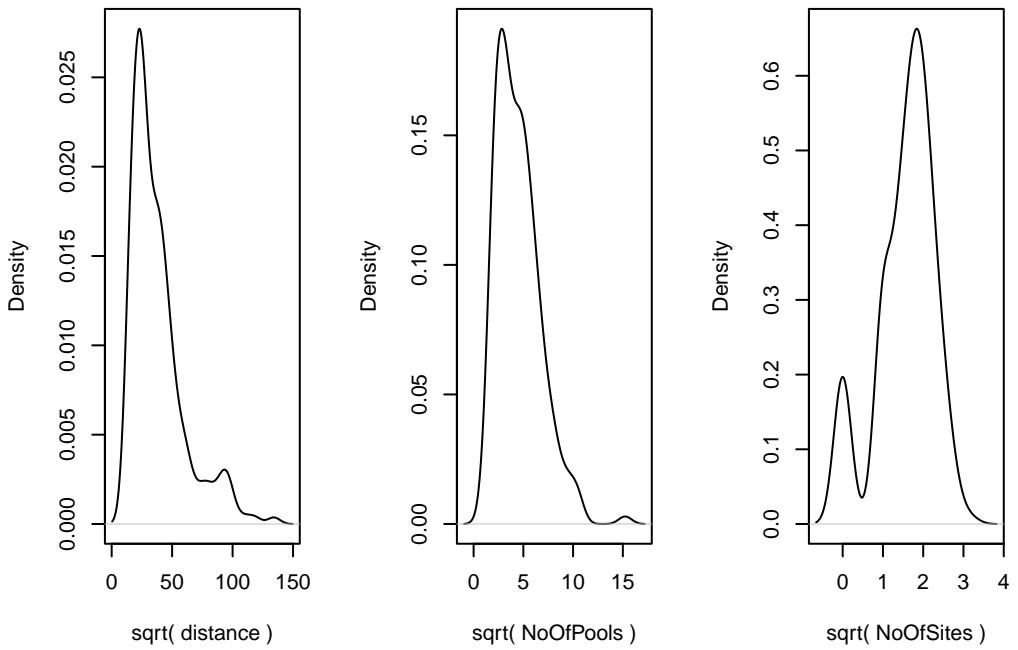
### 3.4. Densidades y posibles transformaciones

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).

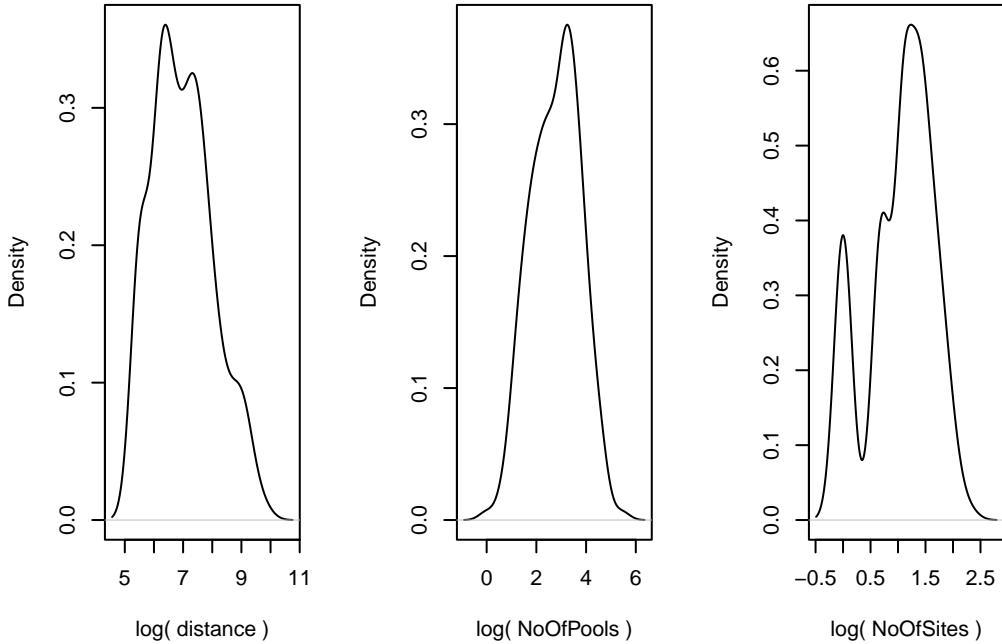
```
par(mfrow = c(1, 3))
for(nam in c("distance", "NoOfPools", "NoOfSites")){
  y <- frogs[, nam]
  plot(density(y), main = "", xlab = nam)
}
```



```
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:

- $\log(\text{distance})$
- $\log(\text{NumberOfPools})$
- Transformaciones sobre `NoOfSites` 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
)))

```

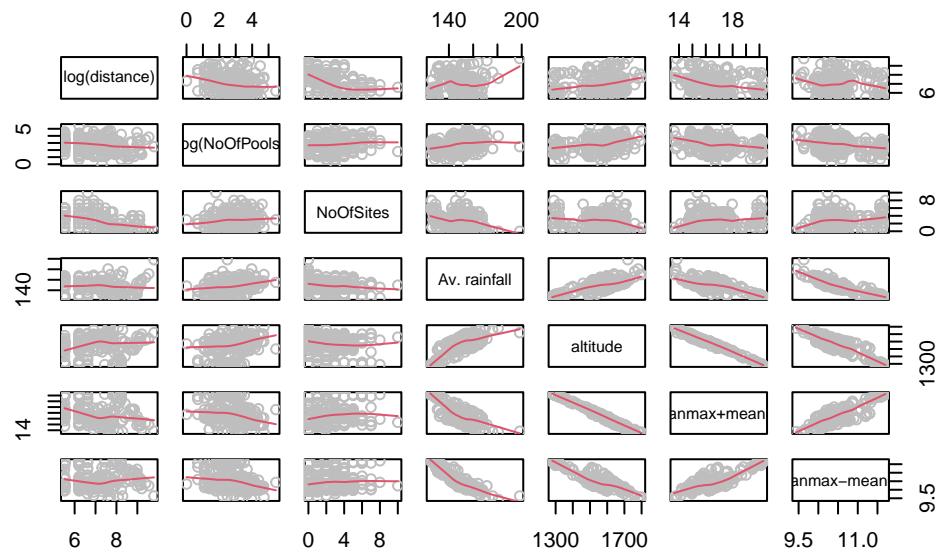
	altitude	meanmax+meanmin	meanmax-meanmin
altitude	1.0000000	-0.9933266	0.9094551
meanmax+meanmin	-0.9933266	1.0000000	-0.8730120
meanmax-meanmin	0.9094551	-0.8730120	1.0000000

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)
```

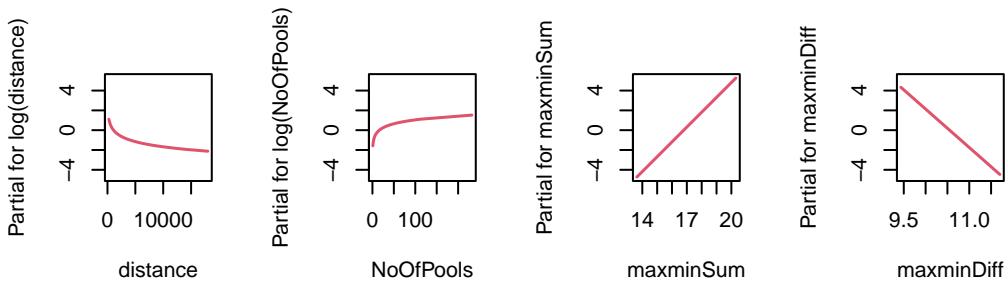
```
List of 3  
$ fit          : Named num [1:212] 2.78 2.53 2.23 1.46 2.61 ...  
..- attr(*, "names")= chr [1:212] "2" "3" "4" "5" ...  
$ se.fit        : Named num [1:212] 0.686 0.485 0.438 0.481 0.529 ...  
..- attr(*, "names")= chr [1:212] "2" "3" "4" "5" ...  
$ residual.scale: num 1
```

### 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))
```

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

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

```
Fold: 4 6 9 7 1 8 10 5 3 2  
Internal estimate of accuracy = 0.778  
Cross-validation estimate of accuracy = 0.764
```

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



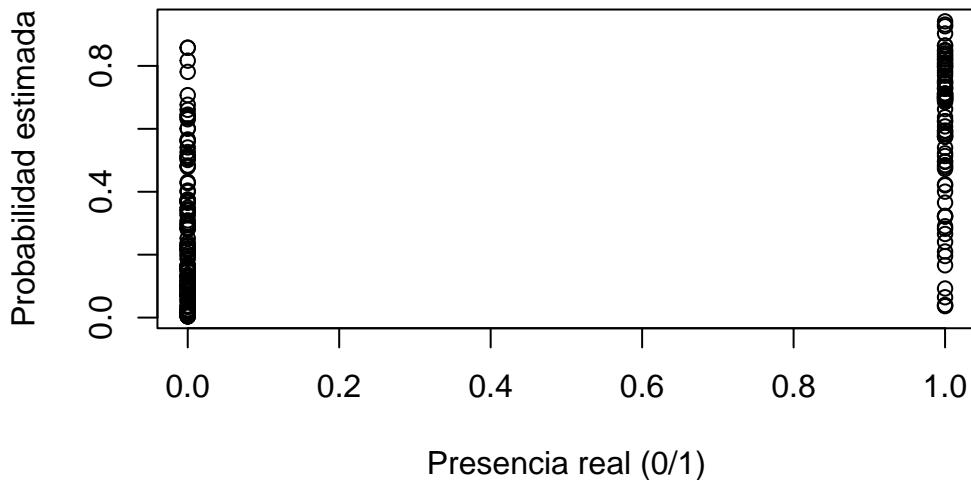
Tip

- 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

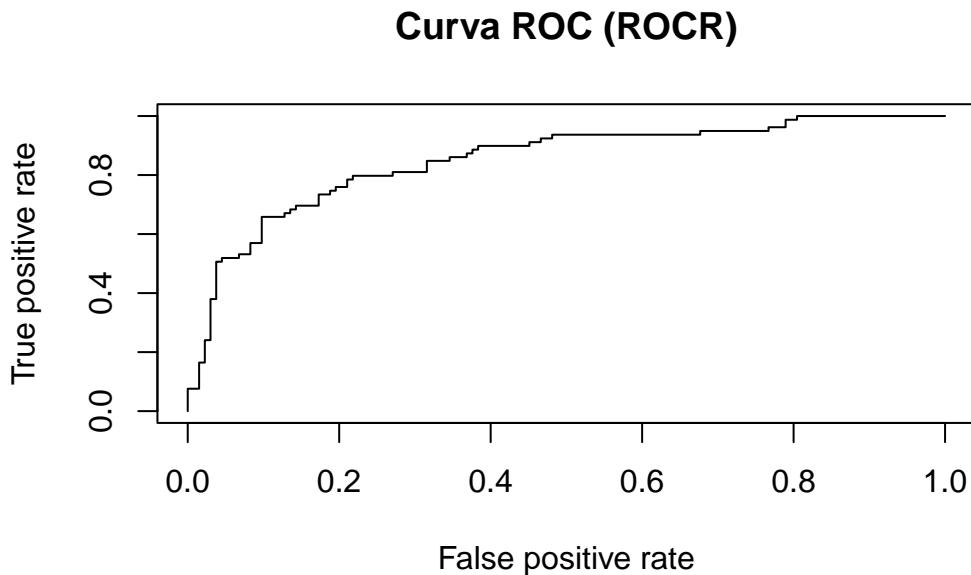
McNemar's Test P-Value : 0.07364

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

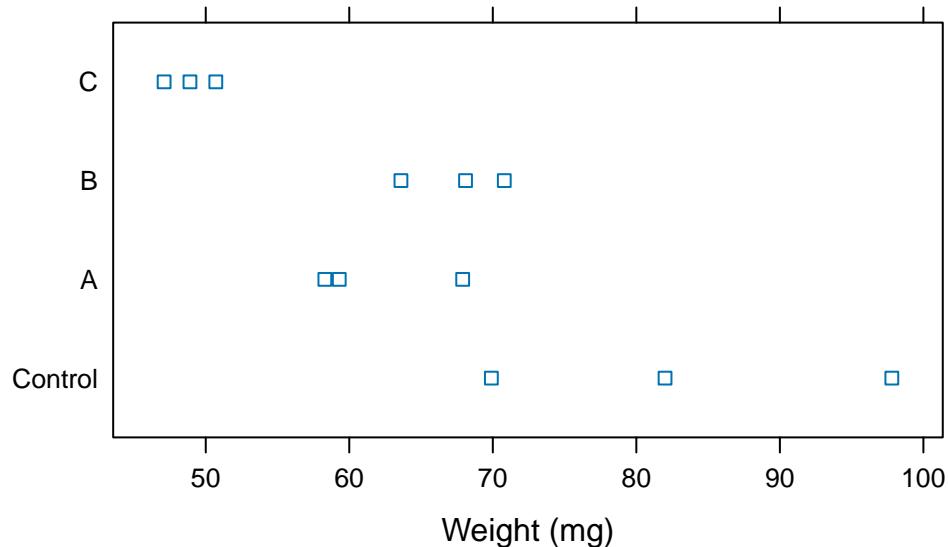
Este ejemplo se centra en un **diseño de tratamientos** (trt) y la variable respuesta **weight** (peso).

```
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)

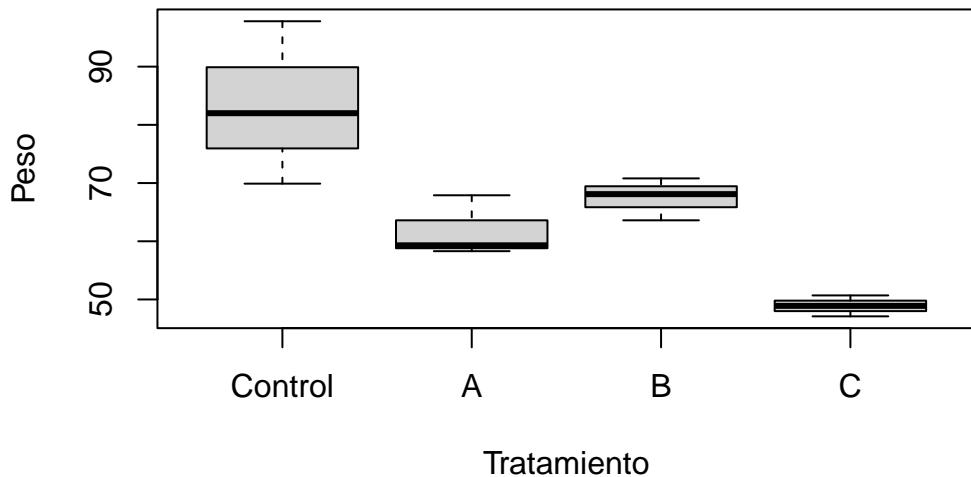
```
predict(sugar.aov)
```

```
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



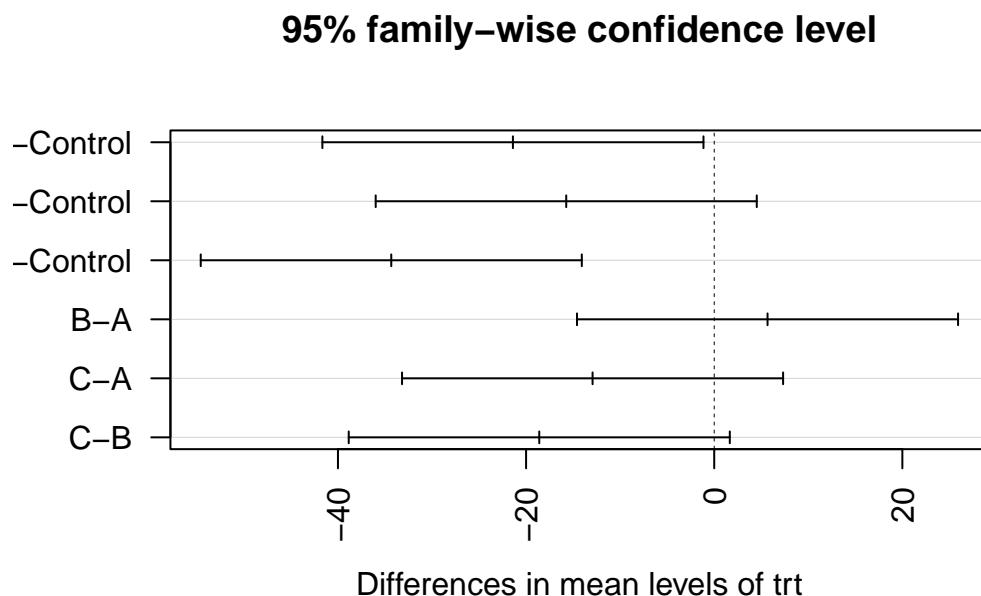
```
TukeyHSD(sugar.aov, conf.level = 0.95)
```

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)
```

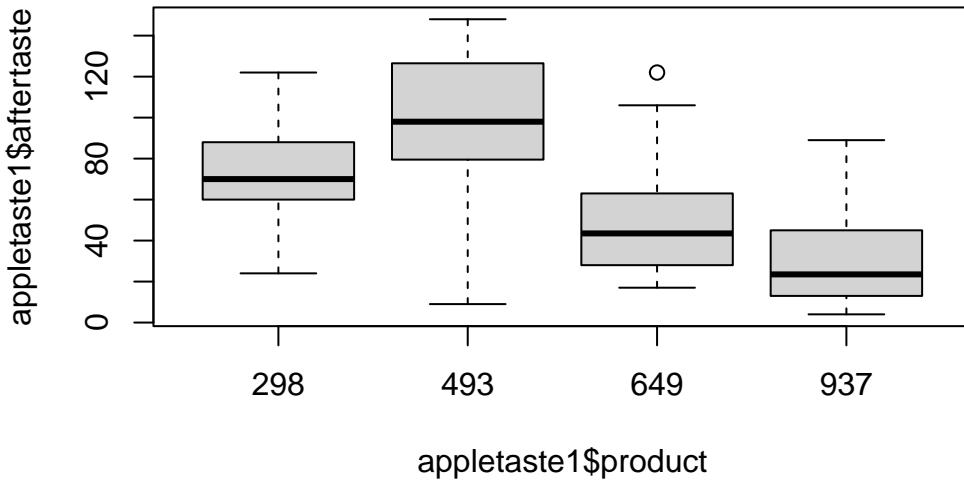
```
summary(appletaste.aov)
```

	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

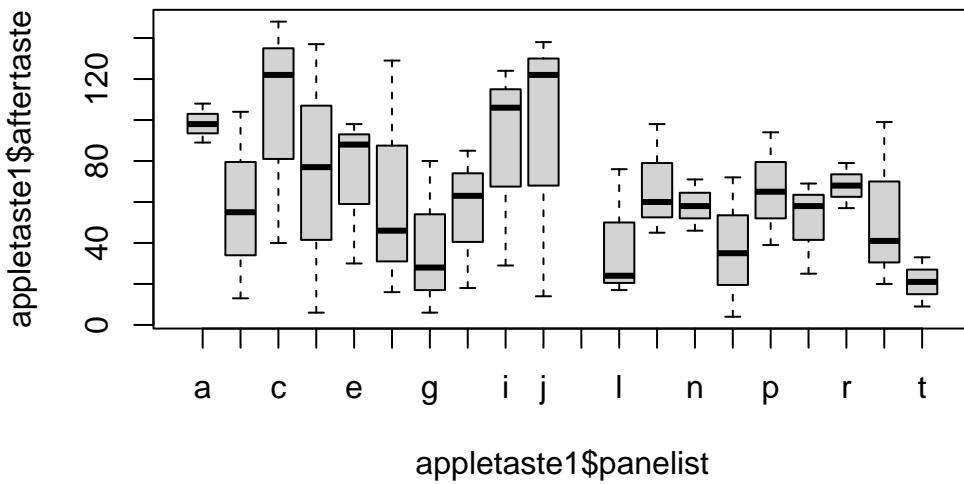
```
boxplot(appletaste1$aftertaste ~ appletaste1$product,  
        main = "Aftertaste por producto")
```

### 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).

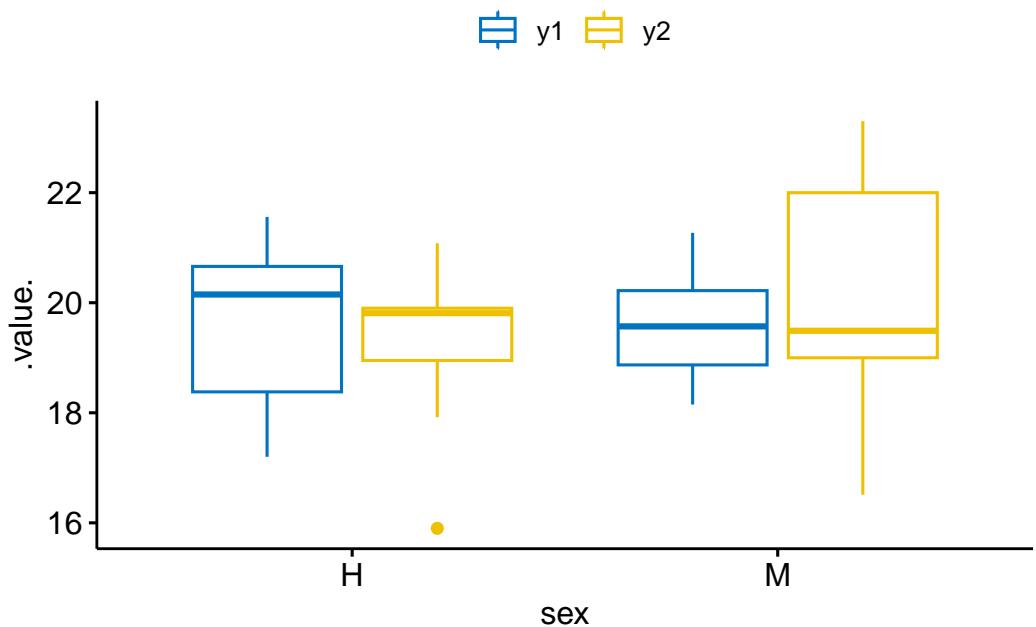
## 5.1. Generar el dataset

```
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)
```

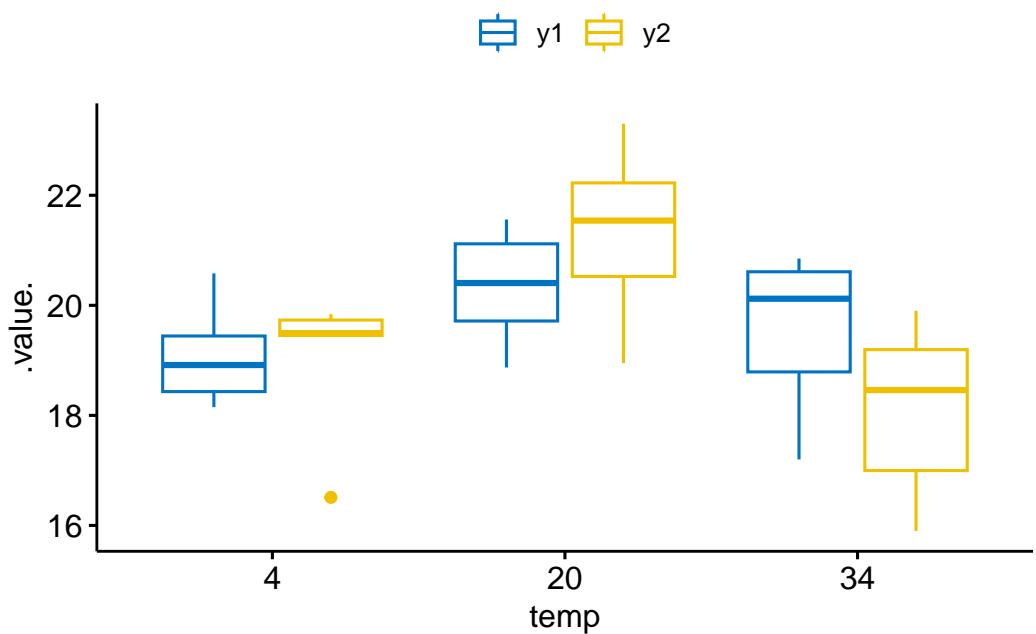
	y1	y2	y3	temp	sex
1	18.15	16.51	0.24	4	M
2	19.15	19.49	0.16	4	M
3	18.68	19.50	0.32	4	M
4	18.35	19.81	0.17	4	H
5	19.54	19.84	0.20	4	H
6	20.58	19.44	0.22	4	H

## 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 **eta<sup>2</sup>** (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

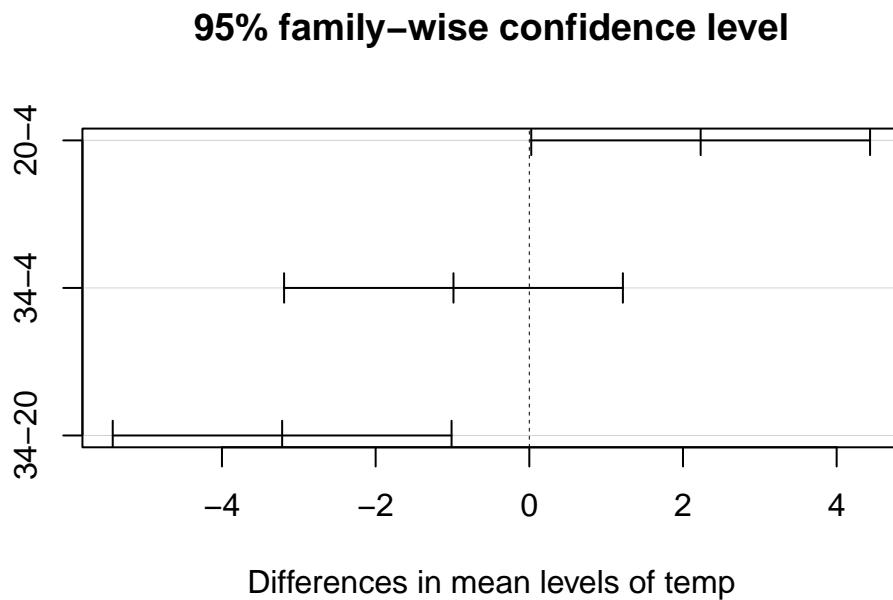
```
post <- TukeyHSD(m2)  
post
```

```
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 **eta<sup>2</sup>**.

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.