Modelos estadísticos II: Modelos lineales generalizados

Técnicas estadísticas avanzadas para la conservación de la biodiversidad - Universidad de Huelva

David García Callejas 01/2021

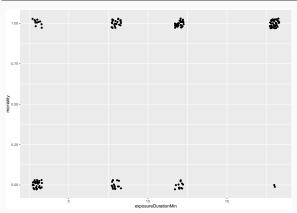
 Hasta ahora: modelos lineales con variable respuesta continua y residuos normales

```
## fish exposureDurationMin mortality
## 1 1 3 1
## 2 2 3 3 1
## 3 3 1
## 4 4 3 1
## 5 5 3 1
## 6 6 3 1
```

- Hasta ahora: modelos lineales con variable respuesta continua y residuos normales
- ¿podemos modelar variables con respuestas discretas? Por ejemplo, mortalidad de peces en función de tiempo de exposición a temperaturas de 5ºC:

##		fish	${\tt exposureDurationMin}$	mortality
##	1	1	3	1
##	2	2	3	1
##	3	3	3	1
##	4	4	3	1
##	5	5	3	1
##	6	6	3	1

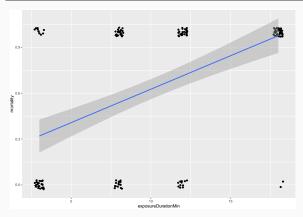
```
ggplot(gupp, aes(x = exposureDurationMin,y = mortality)) +
  geom_point(position = position_jitter(width = .3,height = .03))
```



- ¿Podemos aplicar una regresión lineal a estos datos?
- ¿la relación entre X e Y es lineal?

- ¿Podemos aplicar una regresión lineal a estos datos?
- ¿la relación entre X e Y es lineal?
- ¿esperamos que los residuos sean normales?

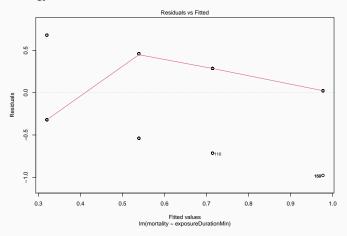
```
lmgupp <- lm(mortality ~ exposureDurationMin, data = gupp)
ggplot(gupp, aes(x = exposureDurationMin,y = mortality)) +
  geom_point(position = position_jitter(width = .3,height = .03)) +
  geom_smooth(method = "lm")</pre>
```



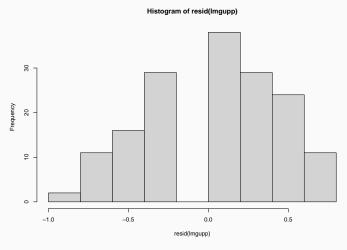
- Para valores muy bajos o muy altos de exposición, la mortalidad es < 0 o > 1

- Para valores muy bajos o muy altos de exposición, la mortalidad es < 0 o > 1
- ¿y los residuos?

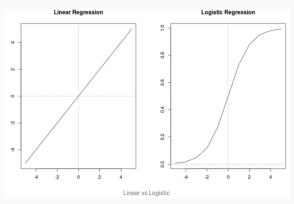
- Para valores muy bajos o muy altos de exposición, la mortalidad es < 0 o > 1
- ¿y los residuos?

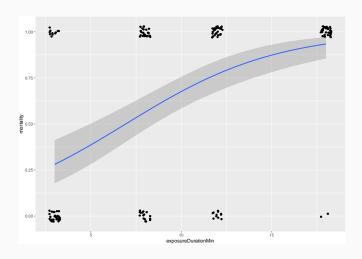


- $\, \blacksquare \,$ Para valores muy bajos o muy altos de exposición, la mortalidad es < 0 o > 1
- ¿y los residuos?



En este caso, queremos modelar la probabilidad de mortalidad en función del tiempo de exposición a temperaturas bajas, con una función limitada entre $0\ y\ 1$





Este tipo de modelos, que permiten modelar respuestas *no normales*, se llaman **Modelos lineales generalizados** (*Generalized Linear Models*, GLM).

Tienen tres componentes:

Distribución estadística de la variable respuesta

Este tipo de modelos, que permiten modelar respuestas *no normales*, se llaman **Modelos lineales generalizados** (*Generalized Linear Models*, GLM).

Tienen tres componentes:

- Distribución estadística de la variable respuesta
- Variables predictoras

Este tipo de modelos, que permiten modelar respuestas *no normales*, se llaman **Modelos lineales generalizados** (*Generalized Linear Models*, GLM).

Tienen tres componentes:

- Distribución estadística de la variable respuesta
- Variables predictoras
- Función de enlace

 En un modelo con variable respuesta binaria, la distribución es la distribución binomial.

- En un modelo con variable respuesta binaria, la distribución es la distribución binomial.
- Las variables predictoras son equivalentes a un modelo lineal.

- En un modelo con variable respuesta binaria, la distribución es la distribución binomial.
- Las variables predictoras son equivalentes a un modelo lineal.
- La función de enlace nos permite modelar nuestra respuesta $a+b\cdot x_i$ en el intervalo [0,1], en vez de que tome cualquier valor entre $[-\infty,\infty]$

Función de enlace

Usamos la función logística:

$$Pr(mortalidad_i) = \frac{e^{a+bx_i}}{1+e^{a+bx_i}}$$

* La función enlace se aplica a la variable respuesta, por lo que reordenamos la ecuación previa:

$$Pr(mortalidad_i) = p_i = g(a + bx_i)$$
$$g^{-1}(p_i) = a + bx_i$$
(1)

La función inversa de la logística se llama "logit". Esta, por fin, es nuestra función de enlace:

$$logit(p_i) = a + bx_i$$

De esta manera, para cualquier valor de a, b, x_i , la respuesta estará acotada entre [0, 1].

Función de enlace: Transforma la estimación del modelo para que se ajuste a la distribución de la variable respuesta.

Ya tenemos todos los ingredientes para ajustar nuestro primer GLM

que se corresponde con

$$logit(Pr(mortalidad_i))a + bexposure_i)$$

summary(glm1)

```
##
## Call:
## glm(formula = mortality ~ exposureDurationMin, family = "binomial",
##
      data = gupp)
##
## Deviance Residuals:
##
      Min
               10 Median 30 Max
## -2.3332 -0.8115 0.3688 0.7206 1.5943
##
## Coefficients:
##
                     Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -1.66081 0.40651 -4.086 4.40e-05 ***
## exposureDurationMin 0.23971 0.04245 5.646 1.64e-08 ***
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
  (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##
      Null deviance: 209.55 on 159 degrees of freedom
## Residual deviance: 164.69 on 158 degrees of freedom
```

coef(glm1)

```
## (Intercept) exposureDurationMin
## -1.6608075 0.2397113
```

Estos coeficientes están en escala logit. Debemos transformarlos a escala natural (probabilidades) para interpretarlos. Para ello, usamos la función logística:

plogis(coef(glm1))

```
## (Intercept) exposureDurationMin
## 0.1596536 0.5596425
```

La probabilidad de que un pez muera en condiciones basales es del 0.16

distribuciones continuas y discretas

- distribuciones continuas y discretas
- likelihood (WS p814)

- distribuciones continuas y discretas
- likelihood (WS p814)
- esquema general: distribución de residuos, fórmula, función de enlace

- distribuciones continuas y discretas
- likelihood (WS p814)
- esquema general: distribución de residuos, fórmula, función de enlace
- regresión logística (WS p701)

- distribuciones continuas y discretas
- likelihood (WS p814)
- esquema general: distribución de residuos, fórmula, función de enlace
- regresión logística (WS p701)
- regresión de conteos (poisson, negbin)

- distribuciones continuas y discretas
- likelihood (WS p814)
- esquema general: distribución de residuos, fórmula, función de enlace
- regresión logística (WS p701)
- regresión de conteos (poisson, negbin)
- selección de modelos (AIC)