Modelos estadísticos

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

David García Callejas 01/2021

Hasta ahora:

Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población

- Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población
- Sabemos los fundamentos del diseño experimental

- Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población
- Sabemos los fundamentos del diseño experimental
- Sabemos cómo comparar dos muestras

- Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población
- Sabemos los fundamentos del diseño experimental
- Sabemos cómo comparar dos muestras
- Pero aun queda todo un mundo de preguntas que podemos resolver:

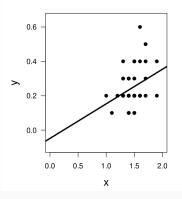
- Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población
- Sabemos los fundamentos del diseño experimental
- Sabemos cómo comparar dos muestras
- Pero aun queda todo un mundo de preguntas que podemos resolver:
 - ¿Cómo afecta una variable independiente a una respuesta?

- Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población
- Sabemos los fundamentos del diseño experimental
- Sabemos cómo comparar dos muestras
- Pero aun queda todo un mundo de preguntas que podemos resolver:
 - ¿Cómo afecta una variable independiente a una respuesta?
 - ¿Podemos predecir una variable en función de otras?

- Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población
- Sabemos los fundamentos del diseño experimental
- Sabemos cómo comparar dos muestras
- Pero aun queda todo un mundo de preguntas que podemos resolver:
 - ¿Cómo afecta una variable independiente a una respuesta?
 - ¿Podemos predecir una variable en función de otras?
 - ¿Qué ocurre cuando tenemos más de dos tratamientos en una población?

$$y_{i} = a + bx_{i} + \varepsilon_{i}$$

$$\varepsilon_{i} \sim N\left(0, \sigma^{2}\right)$$



Data

y = response variable

x = predictor

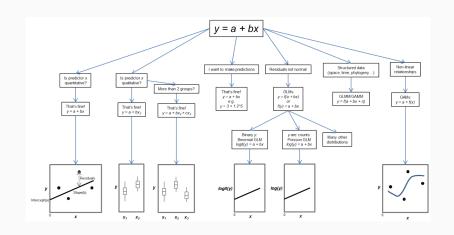
Parameters

a = intercept

 $b = \mathsf{slope}$

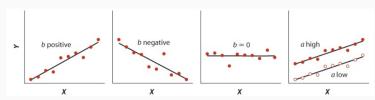
 $\sigma = {\sf residual} \ {\sf variation}$

 $\varepsilon = \mathsf{residuals}$



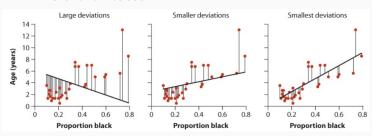
Regresión lineal:

• Relación lineal entre las variables

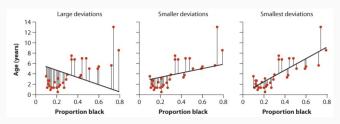


Regresión lineal:

■ Minimiza el *error residual*



 ¿Cómo calcular la recta con menor error residual? Método de mínimos cuadrados



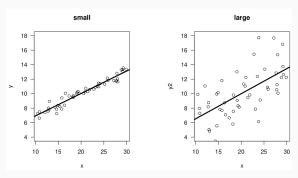
$$b = \frac{\sum (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sum (x_i - x)^2}$$
 (1)

$$a = \bar{y} - b\bar{x} \tag{2}$$

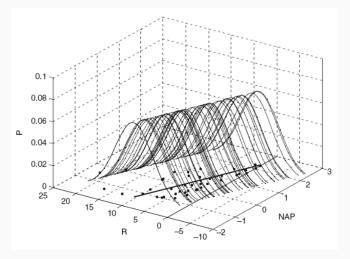
- Residuos: diferencia entre valor observado y predicho
- Recuerda:

$$y_i = a + bx_i + \varepsilon_i$$
$$\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$$

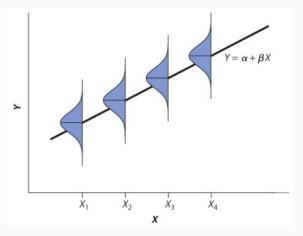
• Residuos: diferencia entre valor observado y predicho



- Para que la estimación sea correcta, la distribución de residuos debe ser normal
- y la varianza debe ser homogénea



 Again: Para que la estimación sea correcta, la distribución de residuos debe ser normal y la varianza residual, homogénea



Asunciones de la regresión lineal:

variable respuesta: normal

Asunciones de la regresión lineal:

- variable respuesta: normal
- distribución de residuos: normal

Asunciones de la regresión lineal:

- variable respuesta: normal
- distribución de residuos: normal
- varianza residual: homogénea

Asunciones de la regresión lineal:

- variable respuesta: normal
- distribución de residuos: normal
- varianza residual: homogénea
- observaciones independientes entre sí

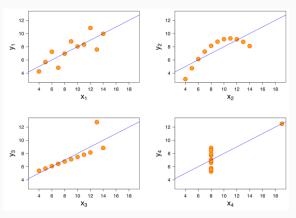
¿Podemos predecir la altura de un árbol a partir de su dbh?

```
trees <- read.csv(here::here("datasets","trees.csv"))
head(trees)</pre>
```

```
##
    site
         dbh height sex dead
      4 29.68 36.1 male
## 1
      5 33.29 42.3 male
## 2
                           0
## 3 2 28.03 41.9 female
                           0
## 4 5 39.86 46.5 female
                           0
## 5 1 47.94 43.9 female
                           0
   1 10.82 26.2 male
## 6
                           0
```

Siempre

Visualiza los datos como primer paso



Visualizando el cuarteto de Anscombe

```
aq <- datasets::anscombe
head(aq)</pre>
```

```
## x1 x2 x3 x4 y1 y2 y3 y4

## 1 10 10 10 8 8.04 9.14 7.46 6.58

## 2 8 8 8 8 6.95 8.14 6.77 5.76

## 3 13 13 13 8 7.58 8.74 12.74 7.71

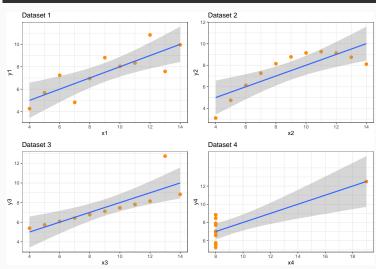
## 4 9 9 9 8 8.81 8.77 7.11 8.84

## 5 11 11 11 8 8.33 9.26 7.81 8.47

## 6 14 14 14 8 9.96 8.10 8.84 7.04
```

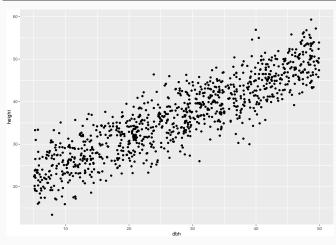
```
p1 <- ggplot(aq,aes(x1, y1)) +
   geom_point(color = "darkorange", size = 2.5) +
   scale_x_continuous(breaks = seq(0,20,2)) +
   scale_y_continuous(breaks = seq(0,12,2)) +
   # expand_limits(x = 0, y = 0) +
   labs(x = "x1", y = "y1",
        title = "Dataset 1" ) +
   geom_smooth(method = "lm") +
   theme_bw()</pre>
```

library(patchwork)
wrap_plots(p1,p2,p3,p4)



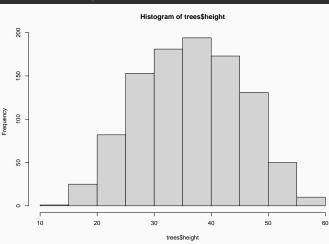
Volvemos a nuestros datos de árboles: ¿Hay outliers en los datos?

```
ggplot(trees, aes(dbh, height)) +
geom_point()
```



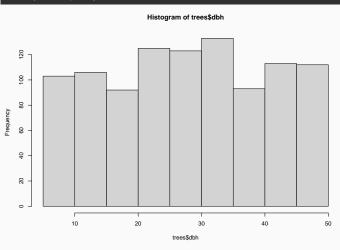
¿Cómo están distribuidas las variables independientes y respuesta?

hist(trees\$height)



¿Cómo están distribuidas las variables independientes y respuesta?

hist(trees\$dbh)



Después del análisis exploratorio, si no hay nada raro, ajustamos el modelo:

que se corresponde con:

$$height_i = a + b \cdot DBH_i + \varepsilon_i$$

 $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$

```
¿Y ahora?
```

m1

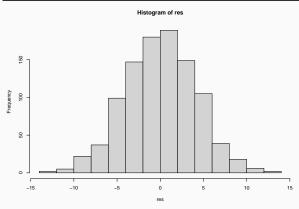
```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ dbh, data = trees)
##
## Coefficients:
## (Intercept) dbh
## 19.3392 0.6157
```

summary(m1)

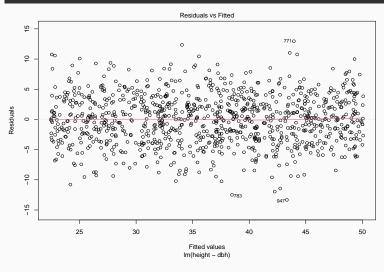
```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ dbh, data = trees)
##
## Residuals:
##
      Min 1Q Median 3Q
                                      Max
## -13.3270 -2.8978 0.1057 2.7924 12.9511
##
## Coefficients:
##
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 19.33920 0.31064 62.26 <2e-16 ***
## dbh 0.61570 0.01013 60.79 <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 4.093 on 998 degrees of freedom
## Multiple R-squared: 0.7874, Adjusted R-squared: 0.7871
```

Antes de interpretar el resultado, comprobamos que los residuos se ajustan a una distribución normal

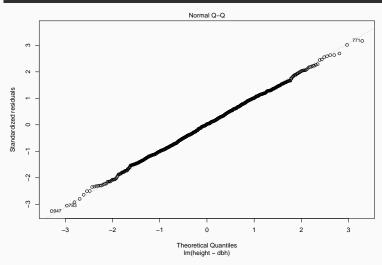
```
res <- resid(m1)
hist(res)</pre>
```



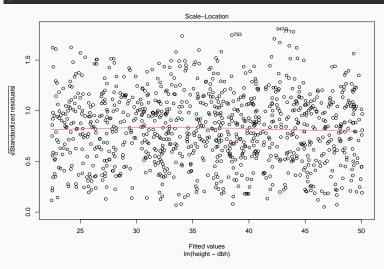
plot(m1)



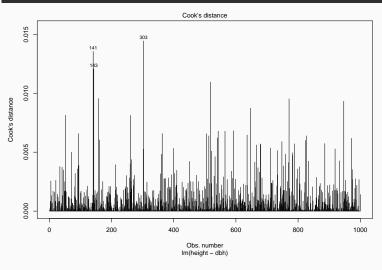
plot(m1)



plot(m1)



plot(m1)



Una vez comprobamos que el modelo ajusta bien, interpretamos los resultados

summary(m1)

```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ dbh, data = trees)
##
## Residuals:
      Min 1Q Median 3Q
##
                                      Max
## -13.3270 -2.8978 0.1057 2.7924 12.9511
##
## Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
##
## (Intercept) 19.33920 0.31064 62.26 <2e-16 ***
        0.61570 0.01013 60.79 <2e-16 ***
## dbh
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
```

```
library(broom)
tidy(m1)
```

Cada coeficiente tiene un valor estimado, el error asociado a ese valor (recordad el error estándar asociado a una muestra), y un p-valor.

Podemos recuperar los coeficientes directamente con

coef(m1)

```
## (Intercept) dbh
## 19.3391968 0.6157036
```

Nuestro modelo es:

$$\textit{height}_i = 19.3392 + 0.6 \cdot \textit{dbh}_i$$

Y los intervalos de confianza (al 95%) para los coeficientes son

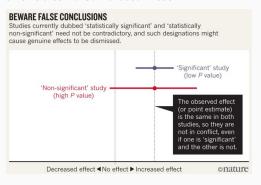
confint(m1)

```
## 2.5 % 97.5 %
## (Intercept) 18.7296053 19.948788
## dbh 0.5958282 0.635579
```

Recordad que un intervalo al 95% es, aproximadamente, $\mu \pm 2\sigma$. La desviación típica asociada a cada coeficiente es su error estándar. Así pues, para la pendiente de la recta (el coeficiente asociado a la DBH), $0.61 \pm 2 \cdot 0.01$ nos da los valores del intervalo.

¿Cómo interpretar el p-valor asociado a un coeficiente?

Generalmente, se dice que si p < 0.05, la variable independiente tiene una relación significativa (diferente de cero) con la respuesta. Esto no es necesariamente así. Ya sabemos que 0.05 es un valor arbitrario, y que las relaciones entre variables no son dicotómicas.



Ver: https://doi.org/10.1038/d41586-019-00857-9

¿Cómo interpretar el p-valor asociado a un coeficiente?

Es mucho más informativo comunicar el efecto asociado a una variable (e.g. aumentar una unidad de DBH implica aumentar en 0.6 unidades la altura de un árbol) y su incertidumbre asociada (su intervalo de confianza o su error estándar).

We found a significant positive relationship between tree DBH and height (p < 0.05) (b = 0.61, SE = 0.01)

El último parámetro de interés es el "coeficiente de determinación", R^2 . Nos informa de cómo de bueno es el ajuste de nuestro modelo. Literalmente, nos dice qué proporción de la varianza en los datos viene explicada por nuestro modelo. En nuestro caso,

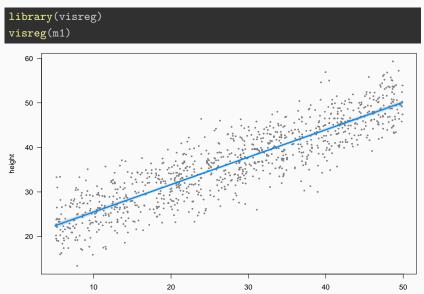
summary(m1)\$adj.r.squared

[1] 0.7871477

La variación en altura entre los árboles de nuestra muestra viene explicada en un 79% por su variación en DBH. Existe un 21% de variación en altura que responde potencialmente a otros factores, sean estocásticos, errores muestrales, o ecológicos.

 nota: un R² de 0.79 es realmente alto para los estándares de estudios en ecología...

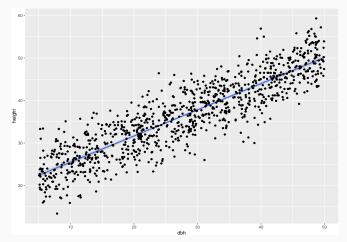
Visualización del modelo:



37

Visualización del modelo:

```
ggplot(trees, aes(x = dbh, y = height)) +
  geom_smooth(method = "lm") +
  geom_point()
```



¿Podemos predecir la altura de un árbol nuevo, en función de su DBH?

$$height_i = 19.3392 + 0.6 \cdot dbh_i$$

```
new.dbh <-data.frame(dbh =c(12))
predict(m1, new.dbh,se.fit =TRUE)
## $fit
##
## 26.72764
##
## $se.fit
## [1] 0.2064598
##
## $df
## [1] 998
##
## $residual.scale
## [1] 4.092629
```

¿Podemos predecir la altura de un árbol nuevo, en función de su DBH?

$$height_i = 19.3392 + 0.6 \cdot dbh_i$$

```
predict(m1, new.dbh,interval ="confidence")

## fit lwr upr

## 1 26.72764 26.32249 27.13279

predict(m1, new.dbh,interval ="prediction")

## fit lwr upr

## 1 26.72764 18.68628 34.769
```

Estos intervalos nos ayudan a entender los dos tipos de predicciones asociadas a un modelo de regresión:

- Predecir el valor medio de la variable respuesta para un valor determinado de la variable predictora
- Predecir el valor concreto de la variable respuesta para un valor determinado de la variable predictora

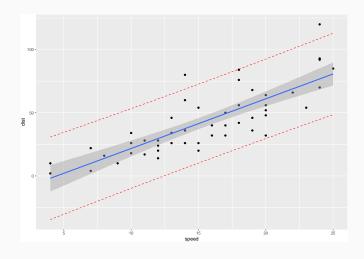
En nuestro ejemplo, esto se traduce en dos cuestiones:

- Predecir la altura media de los árboles con una DBH determinada
- Predecir la altura de un individuo con una DBH determinada

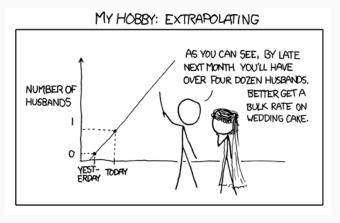
Aunque el valor predicho será el mismo en ambos casos, la incertidumbre asociada a las predicciones es diferente. La primera predicción tiene asociado un intervalo de confianza, la segunda predicción tiene asociado un intervalo de predicción.

Ejemplo con otros datos (en los datos de árboles el intervalo de confianza es muy pequeño)

```
data("cars", package = "datasets")
model <- lm(dist ~ speed, data = cars)</pre>
pred.int <- predict(model, interval = "prediction")</pre>
mydata <- cbind(cars, pred.int)</pre>
# visualizar recta de regresión e intervalos
library("ggplot2")
p <- ggplot(mydata, aes(speed, dist)) +</pre>
  geom_point() +
  stat_smooth(method = lm) +
  # intervalos de predicción
  geom_line(aes(y = lwr), color = "red", linetype = "dashed") +
  geom_line(aes(y = upr), color = "red", linetype = "dashed")
```



Los modelos estadísticos permiten predecir datos que están fuera del rango de las observaciones... cuidado con ello...



Recordatorio

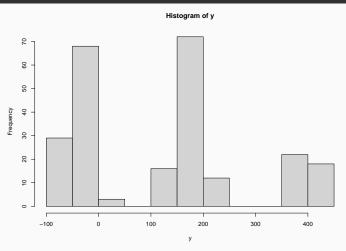
En general, esperamos que la variable respuesta tenga una distribución normal. Pero esto no siempre es necesario: es mucho más importante la distribución de los residuos, que como hemos visto nos ayudan a calcular el error asociado al modelo y los intervalos de confianza.

Ejemplo con datos simulados

```
Ns \leftarrow c(100,100,40)
ms \leftarrow c(-10,44,100)
x <- pmap(list(Ns,ms), function(n,m){</pre>
  rnorm(n, mean = m, sd = 5)) %>%
  flatten() %>%
  as_vector()
beta <- 4
err <- 10
y <- rnorm(sum(Ns), beta * x, sd = err)
df \leftarrow data.frame(x = x, y = y)
```

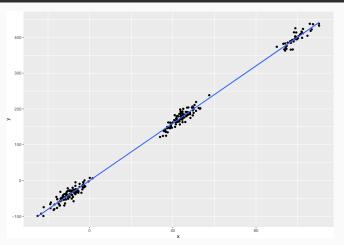
Ejemplo con datos simulados

hist(y)

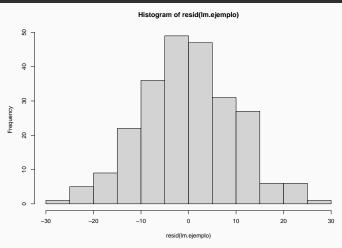


Ejemplo con datos simulados

```
ggplot(df, aes(x = x, y = y)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm")
```



```
lm.ejemplo <- lm(y~x, data = df)
hist(resid(lm.ejemplo))</pre>
```



Pasos en la elaboración de modelos estadísticos

Análisis exploratorio y visualización

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos
- Visualizar modelo

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos
- Visualizar modelo
- Interpretar resultados

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos
- Visualizar modelo
- Interpretar resultados
- Predicción

Otros casos:

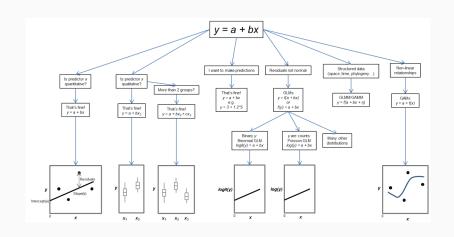
• variable independiente categórica

Otros casos:

- variable independiente categórica
- múltiples variables independientes

Otros casos:

- variable independiente categórica
- múltiples variables independientes
- datos más complejos: residuos no normales, variable respuesta discreta...



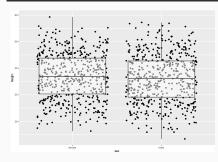
 Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?

head(trees)

```
##
          dbh height sex dead
    site
## 1
      4 29.68 36.1 male
                             0
## 2
      5 33.29 42.3 male
                             0
## 3
    2 28.03 41.9 female
                             0
## 4
    5 39.86 46.5 female
                             0
   1 47.94 43.9 female
## 5
                             0
## 6
      1 10.82 26.2 male
                             0
```

- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?
 - Visualización

```
ggplot(trees, aes(x = sex, y = height)) +
  geom_point(position = position_jitter()) +
  geom_boxplot(alpha = 0.5)
```



- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?
 - Ajustar modelo

que se corresponde con

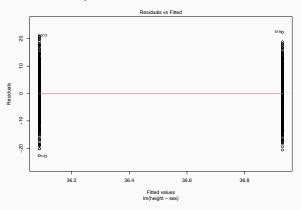
height_i =
$$a + b_{male} + \varepsilon_i$$

 $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$

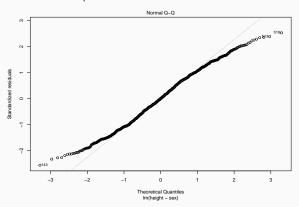
summary(m2)

```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ sex, data = trees)
##
## Residuals:
##
      Min 1Q Median 3Q
                                      Max
## -22.6881 -6.7881 -0.0097 6.7261 22.3687
##
## Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
##
## (Intercept) 36.9312 0.3981 92.778 <2e-16 ***
## sexmale -0.8432 0.5607 -1.504 0.133
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 8.865 on 998 degrees of freedom
## Multiple R-squared: 0.002261, Adjusted R-squared: 0.001261
```

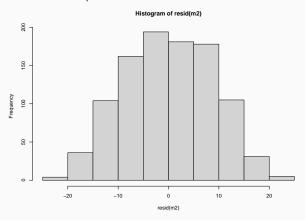
- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?
 - Comprobar residuos



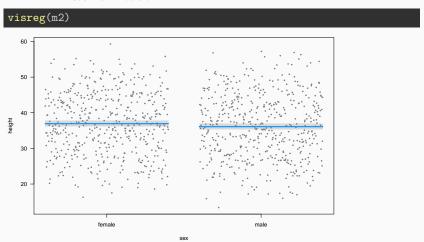
- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?
 - Comprobar residuos



- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?
 - Comprobar residuos



- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?
 - Visualizar modelo



- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del sexo?
 - Interpretar resultados

```
confint(m2)
```

```
## 2.5 % 97.5 %
## (Intercept) 36.150120 37.7123803
## sexmale -1.943447 0.2571379
```

summary(m2)\$adj.r.squared

```
## [1] 0.001260919
```

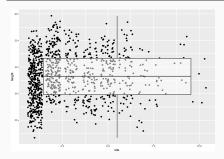
• Un predictor categórico con varias categorías: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?

head(trees)

```
##
          dbh height sex dead
    site
       4 29.68 36.1 male
## 1
                             0
## 2
      5 33.29 42.3 male
                             0
    2 28.03 41.9 female
## 3
                             0
## 4 5 39.86 46.5 female
                             0
      1 47.94 43.9 female
## 5
                             0
## 6
       1 10.82 26.2 male
                             0
```

- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Visualización

```
ggplot(trees, aes(x = site, y = height)) +
  geom_point(position = position_jitter()) +
  geom_boxplot(alpha = 0.5)
```



¿Qué ocurre?

str(trees)

```
## 'data.frame': 1000 obs. of 5 variables:
## $ site : int 4 5 2 5 1 1 2 2 2 1 ...
## $ dbh : num 29.7 33.3 28 39.9 47.9 ...
## $ height: num 36.1 42.3 41.9 46.5 43.9 26.2 29.8 35.6 42.1 36.5 ..
## $ sex : chr "male" "female" "female" ...
## $ dead : int 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
```

• "Site" es una variable numérica... debería ser categórica!

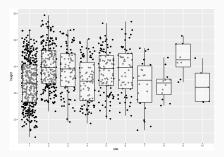
str(trees)

```
## 'data.frame': 1000 obs. of 5 variables:
## $ site : int 4 5 2 5 1 1 2 2 2 1 ...
## $ dbh : num 29.7 33.3 28 39.9 47.9 ...
## $ height: num 36.1 42.3 41.9 46.5 43.9 26.2 29.8 35.6 42.1 36.5 ..
## $ sex : chr "male" "female" "female" ...
## $ dead : int 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
```

• "Site" es una variable numérica... debería ser categórica!

trees\$site <- as.factor(trees\$site)</pre>

```
ggplot(trees, aes(x = site, y = height)) +
  geom_point(position = position_jitter()) +
  geom_boxplot(alpha = 0.5)
```



- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Ajustar modelo

que se corresponde con

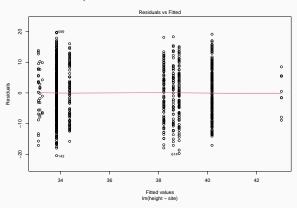
height_i =
$$a + b_{site2} + c_{site3} + d_{site4} + ... + \varepsilon_i$$

 $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$

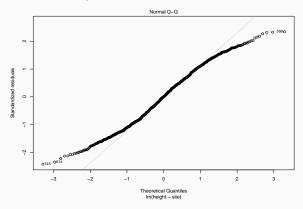
summary(m3)

```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ site, data = trees)
##
## Residuals:
       Min
                10 Median
                                 30
                                        Max
## -20.4416 -6.9004 0.0379 6.3051 19.7584
##
## Coefficients:
##
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 33.8416
                         0.4266 79.329 < 2e-16 ***
## site2
               6.3411
                        0.7126 8.899 < 2e-16 ***
## site3
              4.9991
                        0.9828 5.086 4.36e-07 ***
## site4
              0.5329
                        0.9872 0.540 0.58949
              4.3723
## site5
                        0.9425 4.639 3.97e-06 ***
              4.7601
                       1.1709 4.065 5.18e-05 ***
## site6
## site7
              -0.7416
                       1.8506 -0.401 0.68871
## site8
              -0.6832
                        2,4753 -0,276 0,78258
## site9
               9.1709
                         3.0165 3.040 0.00243 **
## site10
              -0.5816
                         3.8013 -0.153 0.87843
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 8.446 on 990 degrees of freedom
## Multiple R-squared: 0.1016, Adjusted R-squared: 0.09344
## F-statistic: 12.44 on 9 and 990 DF, p-value: < 2.2e-16
```

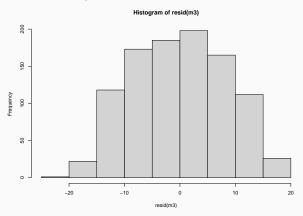
- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Comprobar residuos



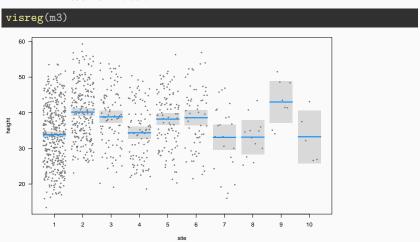
- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Comprobar residuos



- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Comprobar residuos



- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Visualizar modelo



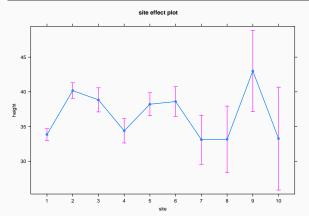
- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Visualizar modelo

```
library(effects)
allEffects(m3)
```

```
## model: height ~ site
##
## site effect
## site
## 1 2 3 4 5 6 7 8
## 33.84158 40.18265 38.84066 34.37444 38.21386 38.60167 33.10000 33.15833
## 9 10
## 43.01250 33.26000
```

- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Visualizar modelo

```
library(effects)
plot(allEffects(m3))
```



confint(m3)

site6

site7

site10

site9

- Un predictor categórico: ¿Varía la altura de los árboles en función del lugar de muestreo?
 - Interpretar resultados

```
## 2.5 % 97.5 %
## (Intercept) 33.004441 34.678723
## site2 4.942777 7.739357
## site3 3.070436 6.927719
## site4 -1.404455 2.470181
## site5 2.522750 6.221810
```

site8 -5.540590 4.174094

2.462391 7.057779

-4.373093 2.889930

3.251437 15.090399

-8.041067 6.877904

summary(m3)\$adj.r.squared

```
## [1] 0.09343655
```

Recordemos las asunciones de los modelos lineales:

- variable respuesta: normal
- distribución de residuos: normal
- varianza residual: homogénea
- observaciones independientes entre sí

En este caso, las observaciones entre lugares de muestreo claramente *no son* independientes entre sí (en el modelo anterior hemos observado un efecto del lugar de muestreo sobre la altura de los árboles). Por otro lado, ya sabemos que la DBH es una variable importante, así que podemos pensar en un modelo que incluya ambos factores.

Combinando predictores categóricos y numéricos: ¿Varía la altura de los árboles en función de su DBH y el lugar de muestreo?

que se corresponde con

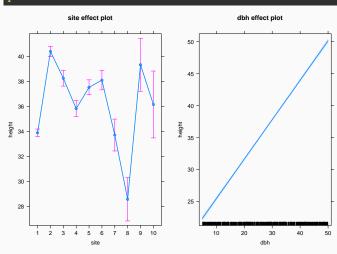
height_i =
$$a + b_{site2} + c_{site3} + d_{site4} + ... + k \cdot DBH_i + \varepsilon_i$$

 $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$

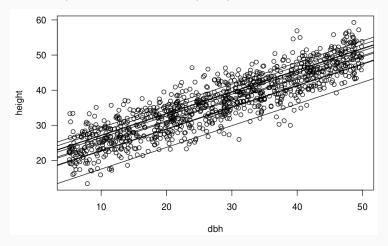
summary(m4)

```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ site + dbh, data = trees)
## Residuals:
##
       Min
                 1Q
                     Median
                                  3Q
                                          Max
## -10.1130 -1.9885
                     0.0582 2.0314 11.3320
##
## Coefficients:
               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
##
## (Intercept) 16.699037   0.260565   64.088   < 2e-16 ***
## site2
               6.504303   0.256730   25.335   < 2e-16 ***
## site3
              4.357457 0.354181 12.303 < 2e-16 ***
## site4
              1.934650
                        0.356102
                                   5.433 6.98e-08 ***
## site5
               3.637432
                        0.339688 10.708 < 2e-16 ***
## site6
              4.204511
                        0.421906
                                   9.966 < 2e-16 ***
## site7
              -0.176193
                        0.666772 -0.264 0.7916
## site8
              -5.312648
                        0.893603 -5.945 3.82e-09 ***
## site9
              5.437049
                         1.087766
                                   4.998 6.84e-07 ***
## site10
               2.263338
                        1.369986
                                   1.652 0.0988 .
## dbh
               0.617075
                         0.007574 81.473 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 3.043 on 989 degrees of freedom
## Multiple R-squared: 0.8835, Adjusted R-squared: 0.8823
## F-statistic: 750 on 10 and 989 DF, p-value: < 2.2e-16
```

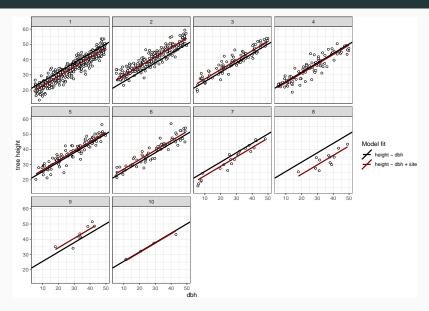
plot(allEffects(m4))



 Hemos ajustado un modelo con diferentes puntos de corte (uno por cada site) y una sola pendiente (DBH)



```
trees$fitted.m4 <- fitted(m4)
ggplot(trees ,aes(x=dbh,y=height))+
 geom_point(show.legend = FALSE, shape = 21, fill = "white") +
 facet wrap(~site)+
 geom_abline(aes(intercept = coef(m1)[[1]],
                  slope = coef(m1)[[2]],
                  color = 'black').size = 1) +
 geom_line(aes(x=dbh,y=fitted.m4, color = "darkred"),size=1)+
 scale_color_identity(labels=c("height ~ dbh",
                                "height ~ dbh + site"),
                       guide="legend")+
 labs(x = "dbh",y = "tree height",color="Model fit") +
 theme_bw()
```



- Hemos ajustado un modelo con diferentes puntos de corte (uno por cada site) y una sola pendiente (DBH)
- ¿varía la relación altura-DBH (= la pendiente) entre diferentes lugares de muestreo?

• Interacciones entre predictores: ¿Varía la relación altura-DBH en función del lugar de muestreo?

que se corresponde con

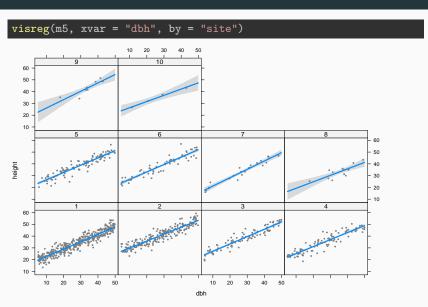
height_i =
$$a + b_{site2} + c_{site3} + d_{site4} + ... +$$
 (3)
 $k \cdot DBH + I \cdot DBH_{i,site2} + m \cdot DBH_{i,site3} + ... + \varepsilon_i$
 $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$

summary(m5)

```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ site * dbh, data = trees)
##
## Residuals:
##
        Min
                       Median
                                    30
                                            Max
## -10.1017 -1.9839
                       0.0645 2.0486 11.1789
##
## Coefficients:
##
                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 16.359437
                           0.360054 45.436 < 2e-16 ***
## site2
               7.684781
                           0.609657 12.605 < 2e-16 ***
## site3
               4.518568
                           0.867008
                                     5.212 2.28e-07 ***
## site4
               2.769336
                           0.813259
                                    3.405 0.000688 ***
## site5
               3.917607
                           0.870983
                                    4.498 7.68e-06 ***
                                      4.117 4.17e-05 ***
## site6
               4.155161
                           1.009379
## site7
               -2.306799
                           1.551303
                                    -1.487 0.137334
## site8
               -2.616095
                           4.090671 -0.640 0.522630
## site9
               2,621560
                           5.073794
                                     0.517 0.605492
## site10
               4.662340
                           2.991072
                                     1.559 0.119378
## dbh
               0.629299
                           0.011722
                                     53.685 < 2e-16 ***
               -0.042784
                           0.020033
                                     -2.136 0.032950 *
## site2:dbh
               -0.006031
                           0.027640
                                    -0.218 0.827312
## site3:dbh
## site4:dbh
               -0.031633
                           0.028225
                                    -1.121 0.262677
## site5:dbh
               -0.010173
                           0.027887
                                    -0.365 0.715334
## site6:dbh
              0.001337
                           0.032109
                                      0.042 0.966797
## site7:dbh
              0.079728
                           0.052056
                                     1.532 0.125951
## site8:dbh
               -0.079027
                           0.113386
                                     -0.697 0.485984
## site9:dbh
               0.081035
                           0.146649
                                     0.553 0.580679
## site10:dbh -0.101107
                           0.114520
                                    -0.883 0.377522
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
```

Interpretar coeficientes en modelos con interacciones sigue la misma filosofía que hemos visto en modelos más sencillos:

- El punto de corte representa la categoría base: para DBH 0, en en site 1, la altura esperada es 16.3594372 (lo cual tiene poco sentido biológico). Igualmente, el efecto asociado a dbh nos da la pendiente de la recta para el site 1 (una unidad de DBH aumenta la altura en 0.6292993)
- Los efectos asociados a sites (site2,site3,etc) nos dan la diferencia en altura, para DBH = 0, con respecto al site 1 (categoría base). Por ejemplo, los árboles de DBH = 0 en el site 2 tienen una altura esperada de 16.3594372 + 7.6847807.
- Los efectos compuestos, por ejemplo site2:dbh, nos dicen la diferencia en el efecto de la DBH con respecto al efecto base para cada site.
 Por ejemplo, el efecto de aumentar una unidad de DBH en el site 2 es de 0.6292993 + -0.0427843.



Otros puntos a tener en cuenta:

Las variables independientes no deben estar correlacionadas entre sí.
 Cuando ajustamos modelos con múltiples variables numéricas, es importante comprobar previamente la correlación entre ellas (ver sección test de hipótesis) y eliminar las variables correlacionadas.

Otros puntos a tener en cuenta:

- Las variables independientes no deben estar correlacionadas entre sí.
 Cuando ajustamos modelos con múltiples variables numéricas, es importante comprobar previamente la correlación entre ellas (ver sección test de hipótesis) y eliminar las variables correlacionadas.
- Un modelo lineal en el que la variable independiente es categórica con varios factores es equivalente a una ANOVA (ver, por ejemplo, aquí)

Otros puntos a tener en cuenta:

- Las variables independientes no deben estar correlacionadas entre sí.
 Cuando ajustamos modelos con múltiples variables numéricas, es importante comprobar previamente la correlación entre ellas (ver sección test de hipótesis) y eliminar las variables correlacionadas.
- Un modelo lineal en el que la variable independiente es categórica con varios factores es equivalente a una ANOVA (ver, por ejemplo, aquí)
- A veces puede ser importante centrar y/o estandarizar las variables independientes. Ver, por ejemplo, discusión aquí

Resumen de modelos lineales

 permiten predecir una variable respuesta en función de variables independientes

Resumen de modelos lineales

- permiten predecir una variable respuesta en función de variables independientes
- modelan relaciones lineales

Resumen de modelos lineales

- permiten predecir una variable respuesta en función de variables independientes
- modelan relaciones lineales
- son la base para muchas de las técnicas estadísticas que trabajaréis

Pasos en la elaboración de modelos estadísticos

Análisis exploratorio y visualización

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos
- Visualizar modelo

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos
- Visualizar modelo
- Interpretar resultados

- Análisis exploratorio y visualización
- Ajustar modelo
- Comprobar residuos
- Visualizar modelo
- Interpretar resultados
- Predicción

Recetario de R

- Ajustar un modelo: modelo <- lm(respuesta ~ predictores, data = datos)
- comprobar residuos: plot(modelo), resid(modelo)
- visualizar modelo: visreg(modelo), allEffects(modelo)
- coeficientes: coef(modelo), tidy(modelo)
- intervalos de confianza: confint(modelo)
- coeficiente de determinación: summary(modelo)\$adj.r.squared

Otros recursos:

- https://bookdown.org/speegled/foundations-of-statistics/
- $\blacksquare \ \, \mathsf{https:}//\mathsf{bookdown.org/egarpor/PM-UC3M}/$