#### 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:

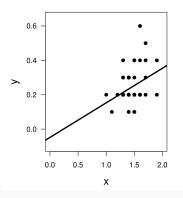
- Sabemos cómo cuantificar una muestra o una población
- Sabemos los fundamentos del diseño experimental
- Sabemos cómo comparar dos muestras
- Pero aun queda todo un mundo de preguntas que podemos resolver:
  - ¿Cómo afecta una variable independiente a una respuesta?

- 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?

- 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?
- Respuesta: y = a + bx

$$y_{i} = a + bx_{i} + \varepsilon_{i}$$
 
$$\varepsilon_{i} \sim N\left(0, \sigma^{2}\right)$$



#### Data

y = response variable

x = predictor

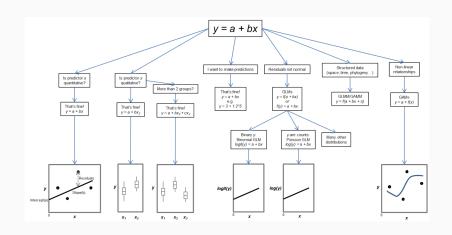
#### **Parameters**

a = intercept

 $b = \mathsf{slope}$ 

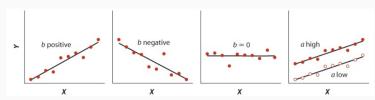
 $\sigma = {\sf residual} \ {\sf variation}$ 

 $\varepsilon = \mathsf{residuals}$ 



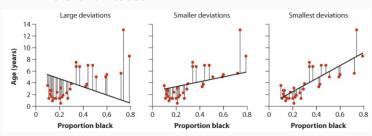
#### Regresión lineal:

• Relación lineal entre las variables

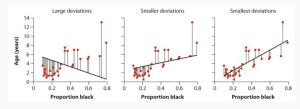


#### Regresión lineal:

■ Minimiza el *error residual* 



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



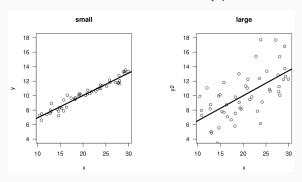
$$b = \frac{\sum (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sum (x_i - x)^2}$$
 (1)

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

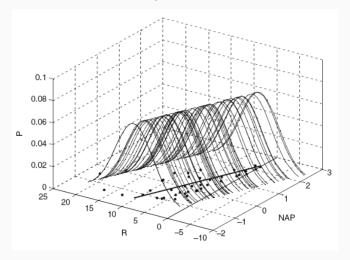
- Residuos: diferencia entre valor observado y predicho
- Recuerda:

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

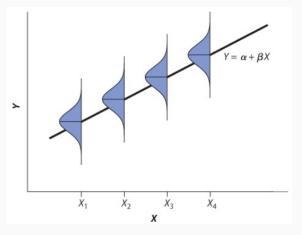
• Residuos: diferencia entre valor observado y predicho



- 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



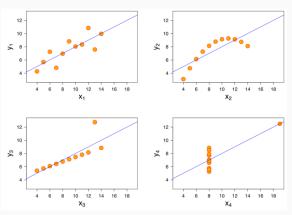
*Importante*: Esto no implica que la variable respuesta, o la variable independiente, deban tener una distribución normal!

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

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

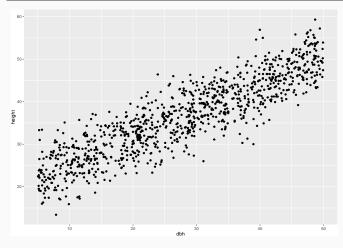
#### Siempre

Visualiza los datos como primer paso



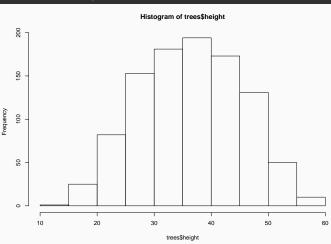
### ¿Hay outliers en los datos?

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



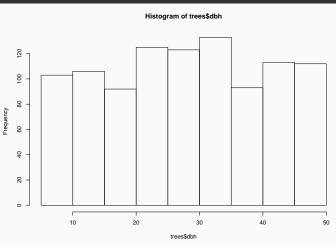
¿Cómo están distribuidas las variables independientes y respuesta?

hist(trees\$height)



 $\cite{C\'omo est\'an distribuidas las variables independientes y respuesta?}$ 

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?
```

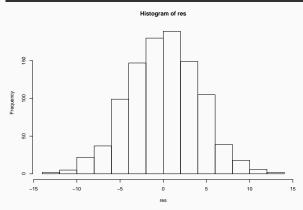
m1

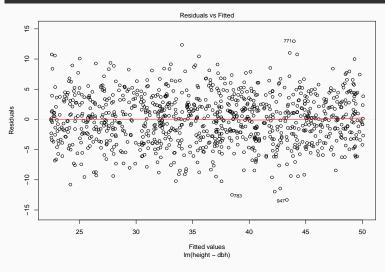
#### summary(m1)

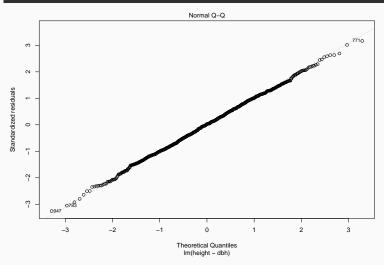
```
##
## Call:
## lm(formula = height ~ dbh, data = trees)
##
## Residuals:
##
      Min 1Q Median 3Q
                                      Max
## -13.3270 -2.8978 0.1057 2.7924 12.9511
##
## Coefficients:
##
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 19.33920 0.31064 62.26 <2e-16 ***
## 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
```

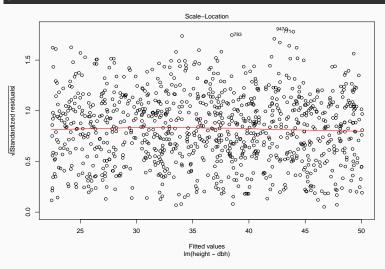
Antes de interpretar el resultado, comprobamos que los residuos se ajustan a una distribución normal

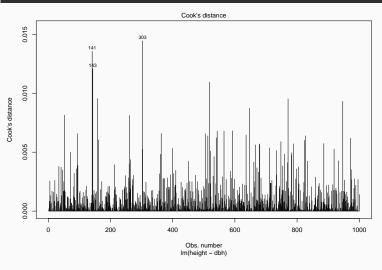
```
res <- resid(m1)
hist(res)</pre>
```











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

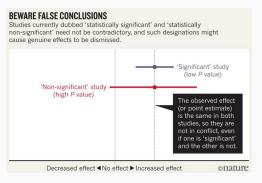
#### confint(m1)

```
## 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. cada unidad de DBH hace 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,

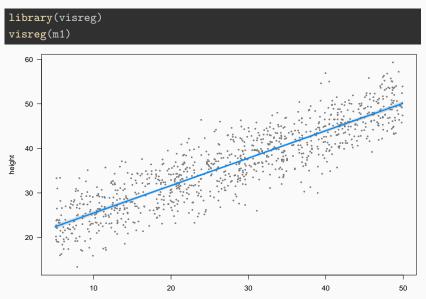
#### summary(m1)\$adj.r.squared

## [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.

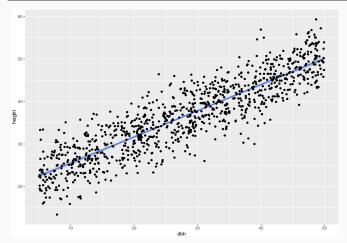
 nota: un R<sup>2</sup> de 0.79 es realmente alto para los estándares de estudios en ecología...

### Visualización del modelo:



#### 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 ="prediction")

```
## fit lwr upr
## 1 26.72764 18.68628 34.769
```

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:

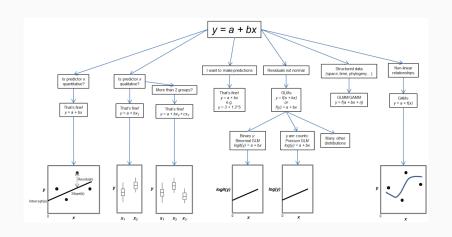
• variable independiente categórica

#### 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?

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

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

 Interacciones entre predictores: ¿Varía la relación altura-DBH entre lugares de muestreo?

https://bookdown.org/speegled/foundations-of-statistics/

marco general (UHU, WS p671)

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm
- visualización

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm
- visualización
- ajuste

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm
- visualización
- ajuste
- interpretación y comunicación de resultados (incluyendo effect sizes)

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm
- visualización
- ajuste
- interpretación y comunicación de resultados (incluyendo effect sizes)
- validación (asunciones)

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm
- visualización
- ajuste
- interpretación y comunicación de resultados (incluyendo effect sizes)
- validación (asunciones)
- predicción

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm
- visualización
- ajuste
- interpretación y comunicación de resultados (incluyendo effect sizes)
- validación (asunciones)
- predicción
- tipos de variables independientes (continuas y categóricas)

- marco general (UHU, WS p671)
- residuos (WS p689)
- distribucion normal
- datos paco trees, primer lm
- visualización
- ajuste
- interpretación y comunicación de resultados (incluyendo effect sizes)
- validación (asunciones)
- predicción
- tipos de variables independientes (continuas y categóricas)
- selección de modelos (R2)

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)