CE043 - GAMLSS

Silva, J.P; Taconeli, C.A.

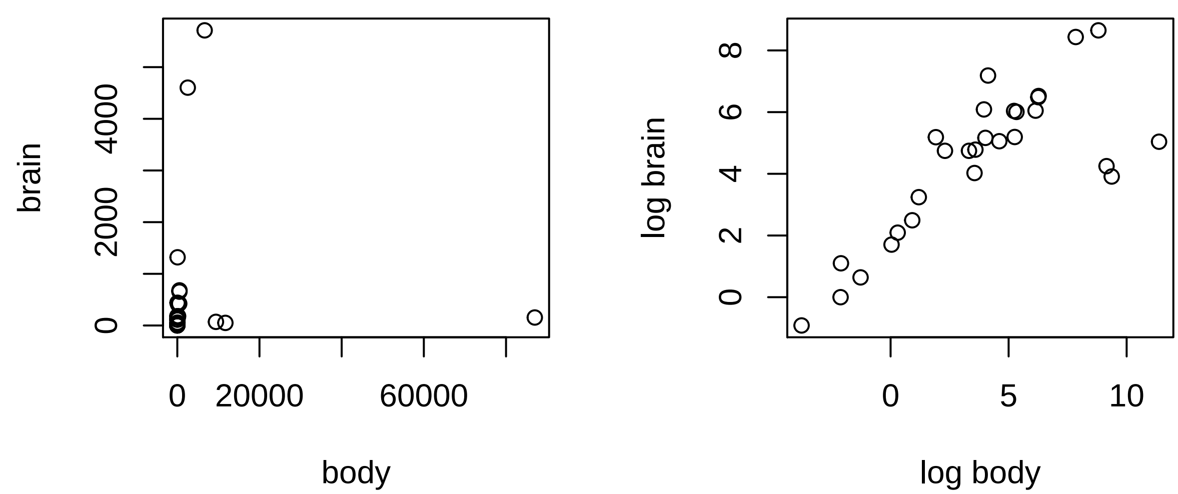
29 de agosto de 2020

Exemplo usando `gamlssNP()`: dados de cérebros de animais

O tamanho do cérebro (`brain`) e o peso corporal (`body`) foram registrados para 28 espécies de animais terrestres. Como a distribuição do tamanho do cérebro e do peso corporal são ambas altamente assimétricas, uma transformação logarítmica foi aplicada às variáveis. Assim, trabalharemos com as variáveis transformadas `lbrain` e `lbody`.

A seguir, gráfico dos dados resultantes.

```
library(gamlss.mx)
data(brains)
brains <- transform(brains, lbrain = log(brain), lbody = log(body))
par(mfrow=c(1,2))
with(brains, plot(brain~body, ylab="brain", xlab="body"))
with(brains, plot(lbrain~lbody, ylab="log brain", xlab="log body"))
```



Um modelo de regressão linear com erros normais para `lbrain` versus `lbody` tem uma inclinação altamente significativa para `lbody` mas se acredita que os dados possam representar diferentes estágios evolutivos e, portanto, um modelo de mistura será ajustado aos dados.

```r
summary(lm(lbrain ~ lbody, data = brains))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = lbrain ~ lbody, data = brains)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.2890 -0.6763  0.3316  0.8646  2.5835
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  2.55490    0.41314   6.184 1.53e-06 ***
## lbody        0.49599    0.07817   6.345 1.02e-06 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.532 on 26 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.6076, Adjusted R-squared:  0.5925
## F-statistic: 40.26 on 1 and 26 DF,  p-value: 1.017e-06
```

No modelo de mistura, a estágio evolutivo é representado por uma alteração no intercepto da equação do modelo. Modelos de mistura normal com 1, 2, 3 e 4 componentes são ajustados abaixo. Os modelos `br.2`, `br.3` e `br.4` são modelos com diferentes interceptos para os K componentes, i.e. $f_\kappa(y)$ é $NO(\mu_\kappa, \sigma)$, em que, para $\kappa = 1, 2, 3, 4$, temos:

$$\mu_\kappa = \beta_{0\kappa} + \beta_1 x, \ \ \kappa = 1, \ldots, K,$$

y é o logaritmo do tamanho do cérebro, e x é o logaritmo do peso corporal.

Já que as inclinações são as mesmas para os K componentes, são ajustadas retas paralelas. Aqui omitimos os gráficos das trajetórias do algoritmo EM na função `gamlssNP()`.

```r
br.1 <- gamlss(lbrain ~ lbody, data = brains,trace=FALSE)#mesmo que o anterior
br.2 <- gamlssNP(formula=lbrain~lbody, mixture="np", K=2, tol=1, data=brains, family=NO,
               plot.opt=0)
```

```
## 1 ..2 ..3 ..4 ..5 ..6 ..7 ..8 ..9 ..10 ..11 ..12 ..13 ..14 ..15 ..16 ..
## 17 ..18 ..19 ..20 ..21 ..22 ..23 ..24 ..25 ..26 ..27 ..28 ..29 ..30 ..31 ..32 ..33 ..
##
## EM algorithm met convergence criteria at iteration   33
```

```r
br.3 <- gamlssNP(formula=lbrain~lbody, mixture="np", K=3, tol=1, data=brains, family=NO,
               plot.opt=0)
```

```
## 1 ..2 ..3 ..4 ..5 ..6 ..7 ..8 ..9 ..10 ..11 ..12 ..13 ..14 ..
## EM algorithm met convergence criteria at iteration   14
```

```r
br.4 <- gamlssNP(formula=lbrain~lbody, mixture="np", K=4, tol=1, data=brains, family=NO,
               plot.opt=0)
```

```
## 1 ..2 ..3 ..4 ..5 ..6 ..7 ..8 ..9 ..10 ..11 ..12 ..13 ..14 ..15 ..16 ..
## 17 ..18 ..19 ..20 ..21 ..22 ..23 ..24 ..25 ..26 ..27 ..28 ..29 ..
## EM algorithm met convergence criteria at iteration   29
```

Comparamos os modelos pelos critérios AIC e BIC:

```
GAIC(br.1, br.2, br.3, br.4)
```

```
##      df       AIC
## br.3  7  79.15079
## br.4  9  83.15613
## br.2  5  85.95938
## br.1  3 107.25779
```

```
GAIC(br.1, br.2, br.3, br.4, k = log(length(brains$body)))
```

```
##      df       AIC
## br.3  7  88.47622
## br.2  5  92.62040
## br.4  9  95.14598
## br.1  3 111.25440
```

O modelo `br.3` com três componentes (i.e. três retas paralelas) é selecionado por ambos os critérios. A alteração dos valores iniciais testando diferentes valores para `tol` (e.g. testando cada um dos valores $0.1, 0.2, \ldots, 1$ um por vez), nos modelos `br.2`, `br.3` e `br.4`, não alterou os valores do AIC e BIC mostrados acima.

O modelo `br.3` e suas probabilidades estimadas $\hat{p}_{i\kappa}$ são dadas a seguir.

```
br.3
```

```
##
## Mixing Family:  c("NO Mixture with NP", "Normal Mixture with NP")
##
## Fitting method: EM algorithm
##
## Call:  gamlssNP(formula = lbrain ~ lbody, family = NO, data = brains,
##     K = 3, mixture = "np", tol = 1, plot.opt = 0)
##
## Mu Coefficients :
## (Intercept)        lbody        MASS2        MASS3
##     -3.0715       0.7499       4.9805       6.5530
## Sigma Coefficients :
## (Intercept)
##     -0.9387
##
## Estimated probabilities: 0.1071429 0.7514161 0.141441
##
## Degrees of Freedom for the fit: 7 Residual Deg. of Freedom   21
## Global Deviance:     65.1508
##             AIC:     79.1508
##             SBC:     88.4762
```

O modelo `br.3` pode ser representado como $Y \sim NO(\hat{\mu}, \hat{\sigma})$, em que

$$\hat{\mu} = \begin{cases} -3.072 + 0.750x, & \text{com probabilidade } 0.107 \\ 1.909 + 0.750x, & \text{com probabilidade } 0.751 \\ 3.482 + 0.750x, & \text{com probabilidade } 0.141 \end{cases}$$

e $\hat{\sigma} = \exp(-0.9387) = 0.391$. (Note que o intercepto para o segundo componente é obtido dos coeficientes estimados de μ fazendo $1.909 = -3.072 + 4.981$, já que `MASS2` dá o ajustamento para o intercepto para o segundo componente de mistura; similarmente para `MASS3`.)

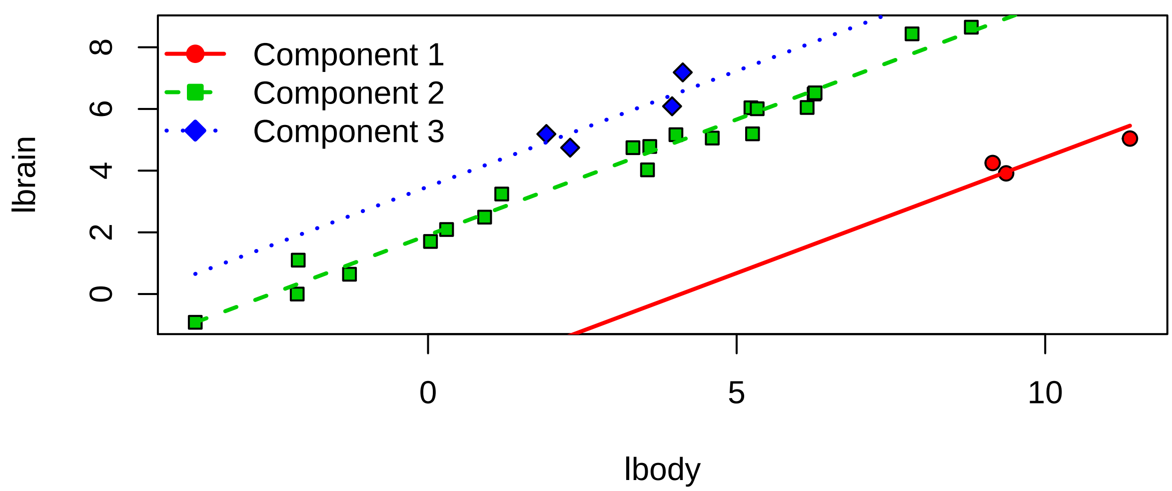
A saída dada por `br.3$post.prob` contém as probabilidades a posteriori estimadas $\hat{p}_{i\kappa}$ de cada observação pertencer a cada um dos três componentes dado que nós observamos a variável resposta `lbrain`.

```
head(br.3$post.prob[[1]])
```

```
##      [,1]      [,2]         [,3]
## [1,]    0 0.9999624 3.760045e-05
## [2,]    0 0.9999995 4.736429e-07
## [3,]    0 0.9996309 3.691210e-04
## [4,]    0 0.9979683 2.031733e-03
## [5,]    0 0.9999947 5.254125e-06
## [6,]    1 0.0000000 0.000000e+00
```

Um gráfico dos dados juntamente com os valores ajustados para o parâmetro μ no modelo `br.3` é mostrado na sequência. Cada observação foi alocada ao componente no qual tinha a maior probabilidade e as observações são mostradas usando diferentes símbolos para representear a alocação a cada um dos três componentes.

```
with(brains, plot(lbody, lbrain, pch = c(21, 22, 23)[max.col(br.3$post.prob[[1]])],
                  bg = c("red", "green3", "blue")[max.col(br.3$post.prob[[1]])]))
for (k in 1:3){
  with(brains,lines(fitted(br.3,K=k)[order(lbody)]~lbody[order(lbody)], lty = k, lwd=2,
                    col=c("red", "green3", "blue")[k]))}
legend("topleft",legend=c("Component 1","Component 2","Component 3"), pch=c(21, 22, 23),
       pt.bg=c("red", "green3", "blue"),lty=1:3,lwd=2,col=c("red", "green3", "blue"),bty="n")
```



Como o parâmetro μ neste caso é a média da distribuição, as linhas são as médias ajustadas das distribuições condicionais $f_\kappa(y)$ para $\kappa = 1, 2, 3$.

A média ponderada para o parâmetro (condicional) $\hat{\mu}$ para os K componentes para cada observação, i.e. $\sum_{\kappa=1}^{K} \hat{\pi}_\kappa \hat{\mu}_{i\kappa}$, é obtida fazendo:

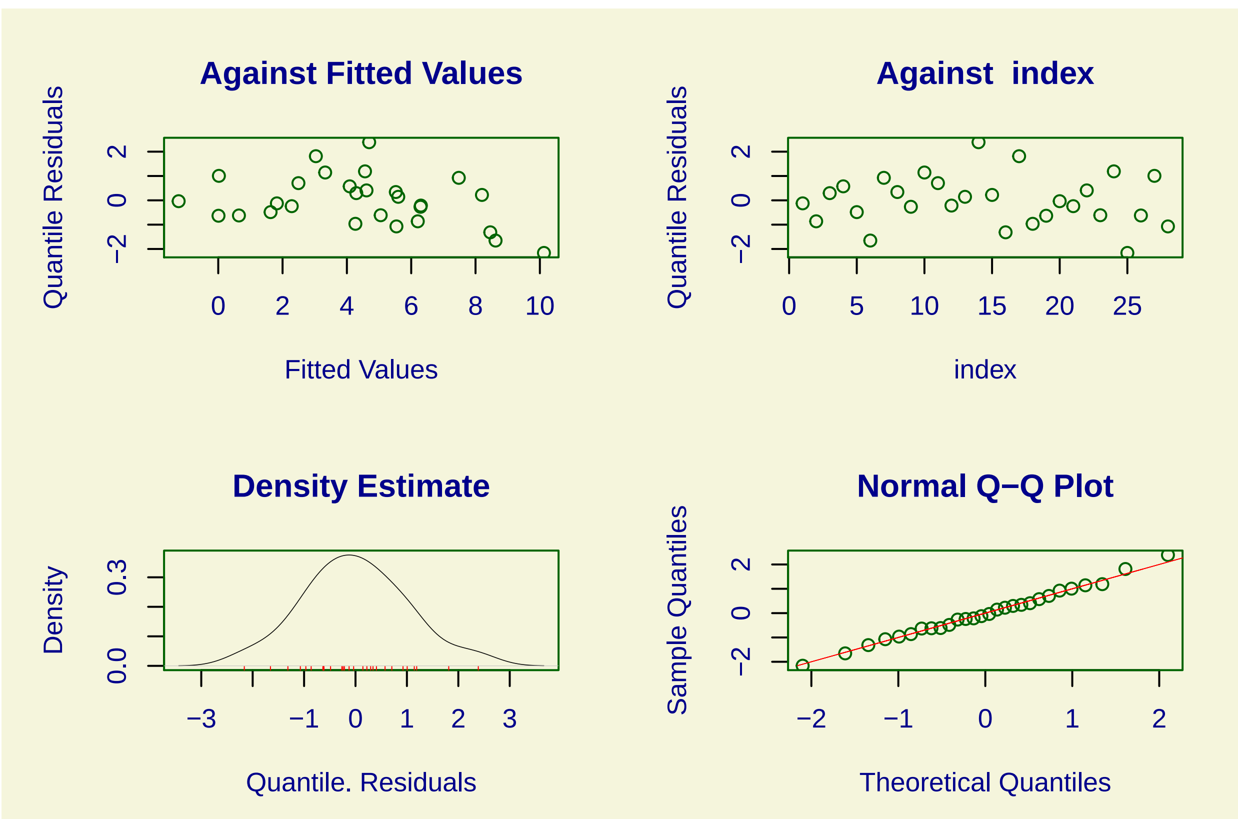
```r
fitted(br.3, K=0)
```

```
##  [1]  1.822865681  6.203952847  4.292065847  4.087590373  1.627218958
##  [6]  8.622732780  7.479322889  5.521213700  6.289230269  3.324601819
## [11]  2.493173634  6.300658116  5.597014099  4.692900590  8.199489796
## [16]  8.458586995  3.035378886  4.264096322  0.007739749 -1.231155903
## [21]  2.284967057  4.609843938  5.051397782  4.563297461 10.127347762
## [26]  0.643160576  0.020135700  5.540601200
```

Note como a média marginal, usando a função `fitted()`, se compara com as médias condicionais. Se o argumento K da função `fitted()` recebe um valor entre 1, 2 ou 3 (que são os valores possíveis para o modelo `br.3`), então a quantidade condicional μ_1, μ_2 ou μ_3 é dada. Para valor $K = 0$ a média μ é dada. Teremos a média marginal apenas se o parâmetro μ é a média da distribuição condicional de cada componente.

Um gráfico de resíduos do modelo de mistura é obtido da forma usual por meio da função `plot()`:

```r
plot(br.3)
```




```
## ******************************************************************
##   Summary of the Randomised Quantile Residuals
##                            mean   =  -0.004003875
##                        variance   =  1.052469
```

```
##                coef. of skewness  =  0.1668313
##                coef. of kurtosis  =  2.739025
## Filliben correlation coefficient  =  0.9962244
## ******************************************************************
```

Há vários modelos alternativos que nós poderíamos ajustar a esses dados, dependendo de quais parâmetros são comuns aos três componentes do modelo.

A tabela a seguir mostra possíveis modelos alternativos, que são ajustados na sequência.

modelo	μ intercepto	μ inclinação	σ
`br.3`	diferente	igual	igual
`br.31`	diferente	igual	diferente
`br.32`	diferente	diferente	igual
`br.33`	diferente	diferente	diferente

Note, contudo, que temos apenas 27 observações e, portanto, qualquer modelo de mistura deve ser tratado com grande cuidado!

```
br.31 <- gamlssNP(formula = lbrain ~ lbody, sigma.fo = ~MASS, mixture = "np", K = 3,
                  tol = 1, data = brains, family = NO, plot.opt=0)
```

```
## 1 ..2 ..3 ..4 ..5 ..6 ..7 ..8 ..9 ..10 ..11 ..12 ..13 ..14 ..15 ..16 ..
## 17 ..18 ..19 ..20 ..21 ..22 ..23 ..24 ..25 ..26 ..27 ..28 ..
## EM algorithm met convergence criteria at iteration   28
```

```
br.32 <- gamlssNP(formula = lbrain ~ lbody, random = ~lbody, sigma.fo = ~1, mixture = "np",
                  K = 3, tol = 1, data = brains, family = NO, plot.opt=0)
```

```
## 1 ..2 ..3 ..4 ..5 ..6 ..7 ..8 ..9 ..10 ..11 ..12 ..13 ..14 ..15 ..16 ..
##
## EM algorithm met convergence criteria at iteration   16
```

```
br.33 <- gamlssNP(formula = lbrain ~ lbody, random = ~lbody, sigma.fo = ~MASS, mixture = "np",
                  K = 3, tol = 1, data = brains, family = NO, plot.opt=0)
```

```
## 1 ..2 ..3 ..4 ..5 ..6 ..7 ..8 ..9 ..10 ..11 ..12 ..13 ..14 ..15 ..16 ..
## 17 ..
## EM algorithm met convergence criteria at iteration   17
```

Então comparamos os modelos via AIC e BIC:

```
GAIC(br.3, br.31, br.32, br.33)
```

```
##       df      AIC
## br.32  9 77.31133
## br.3   7 79.15079
## br.33 11 80.26824
## br.31  9 81.93037
```

```r
GAIC(br.3, br.31, br.32, br.33, k = log(length(brains$lbody)))
```

```
##       df      AIC
## br.3   7 88.47622
## br.32  9 89.30117
## br.31  9 93.92021
## br.33 11 94.92249
```

Considerações:

- O modelo `br.3` tem o menor valor de BIC. Note que o modelo `br.32` tem o menor valor de AIC, mas com tantos parâmetros e tão poucos dados o modelo pode produzir resultados que não fazem sentido.
- Note também que, em geral, já que o modelo `br.33` tem componentes sem parâmetros em comum, este modelo poderia ser ajustado usando a função `gamlssMX()`.
- Novamente, com apenas 27 observações qualquer modelo ajustado é muito sensível aos valores iniciais.

Exemplo usando `gamlssMX()`: dados de óculos de leitura

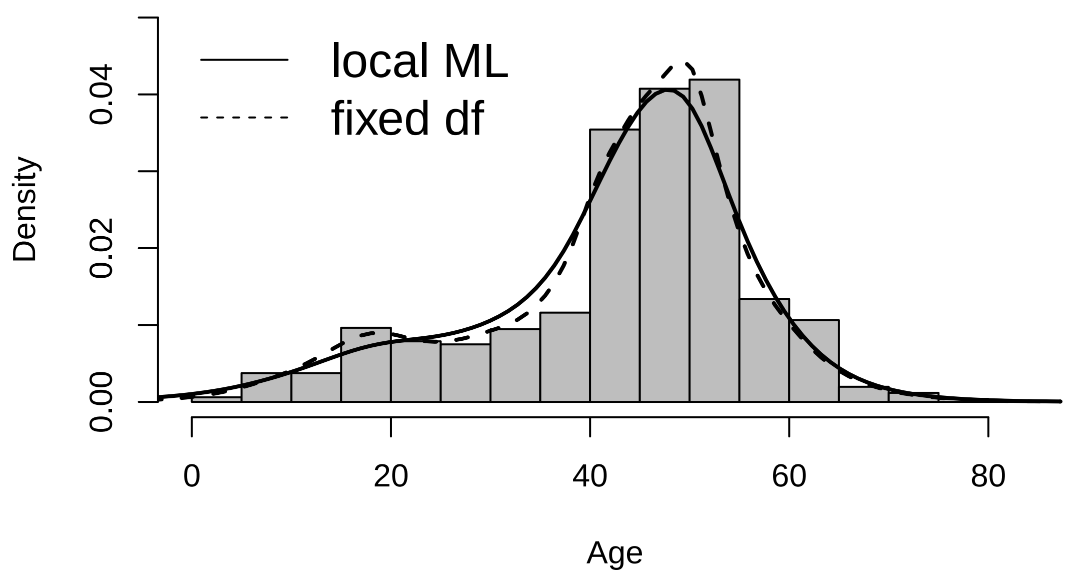
Os dados se referem à idade na qual os participantes ($n = 1016$) do estudo Blue Mountains Eye Study [Attebo et al., 1996] relataram que começaram a usar óculos de leitura (`ageread`). A única covariável é o sexo do indivíduo (`sex`).

```
library(gamlss)
data(glasses)
```

Primeiro, veremos como ajustar um modelo de mistura finita para `ageread` sem covariáveis, depois modelaremos `ageread` usando `sex` como variável explicativa.

A figura a seguir sugere que há duas subpopulações de indivíduos: aqueles que começaram a usar óculos na infância e início da idade adulta, e aqueles que começaram o uso mais tarde na vida. (As densidades foram criadas usando as funções `histSmo()` e `histSmoC()`.)

```
truehist(glasses$ageread,nbins=25, col="grey", xlab="Age",
ylab="Density", ylim=c(0,0.05))
lines(histSmo(glasses$ageread), lty=1, lwd=2)
lines(histSmoC(glasses$ageread, df=7), lty=2, lwd=2)
legend("topleft", legend=c("local ML","fixed df"), lty=1:2, cex=1.5, bty="n")
```



Modelo sem covariável

Vamos ajustar vários modelos de mistura de dois componentes para distribuições contínuas e então selecionar o 'melhor' ajuste usando o AIC. Misturas das distribuições *normal*, *gamma*, *inversa gaussiana*, *Weibull*, *Gumbel reversa* e *logística* são ajustadas usando a função `gamlssMX()`, e então comparadas via `AIC()`:

```r
library(gamlss.mx)
set.seed(3683)
readNO <- gamlssMX(ageread~1, family=NO, K=2, data=glasses, plot=FALSE)
readGA <- gamlssMX(ageread~1, family=GA, K=2, data=glasses, plot=FALSE)
readIG <- gamlssMX(ageread~1, family=IG, K=2, data=glasses, plot=FALSE)
readWEI <- gamlssMX(ageread~1, family=WEI, K=2, data=glasses, plot=FALSE)
readRG <- gamlssMX(ageread~1, family=RG, K=2, data=glasses, plot=FALSE)
readLO <- gamlssMX(ageread~1, family=LO, K=2, data=glasses, plot=FALSE)
AIC(readNO,readGA,readIG,readWEI,readRG,readLO)
```

```
##         df      AIC
## readLO   5 7930.470
## readGA   5 7930.677
## readRG   5 7949.452
## readWEI  5 7956.933
## readNO   5 7958.670
## readIG   5 7971.757
```

O melhor modelo é o logístico (`LO`), embora a gama (`GA`) retorne um ajuste comparável e possa ser preferido (porque assume uma resposta positiva). Vamos verificar que chegamos no máximo global usando a função `gamlssMXfits()` e ajustando cinco modelos com diferentes valores inicias:

```r
readLO1<-gamlssMXfits(n=5, ageread~1,family=LO,K=2,data=glasses)
```

Compare os resultados de `readLO1` e `readLO`:

```r
readLO
```

```
##
## Mixing Family:  c("LO", "LO")
##
## Fitting method: EM algorithm
##
## Call:  gamlssMX(formula = ageread ~ 1, family = LO, K = 2, data = glasses,
##     plot = FALSE)
##
## Mu Coefficients for model: 1
## (Intercept)
##       18.86
## Sigma Coefficients for model: 1
## (Intercept)
##       1.492
## Mu Coefficients for model: 2
## (Intercept)
##       47.04
## Sigma Coefficients for model: 2
## (Intercept)
##       1.553
##
## Estimated probabilities: 0.1663841 0.8336159
##
## Degrees of Freedom for the fit: 5 Residual Deg. of Freedom   1011
```

```
## Global Deviance:     7920.47
##             AIC:     7930.47
##             SBC:     7955.09
```

```r
readLO1
```

```
##
## Mixing Family:  c("LO", "LO")
##
## Fitting method: EM algorithm
##
## Call:  gamlssMX(formula = ageread ~ 1, family = LO, K = 2, data = glasses)
##
## Mu Coefficients for model: 1
## (Intercept)
##       47.04
## Sigma Coefficients for model: 1
## (Intercept)
##       1.553
## Mu Coefficients for model: 2
## (Intercept)
##       18.85
## Sigma Coefficients for model: 2
## (Intercept)
##       1.491
##
## Estimated probabilities: 0.8336322 0.1663678
##
## Degrees of Freedom for the fit: 5 Residual Deg. of Freedom   1011
## Global Deviance:     7920.47
##             AIC:     7930.47
##             SBC:     7955.09
```

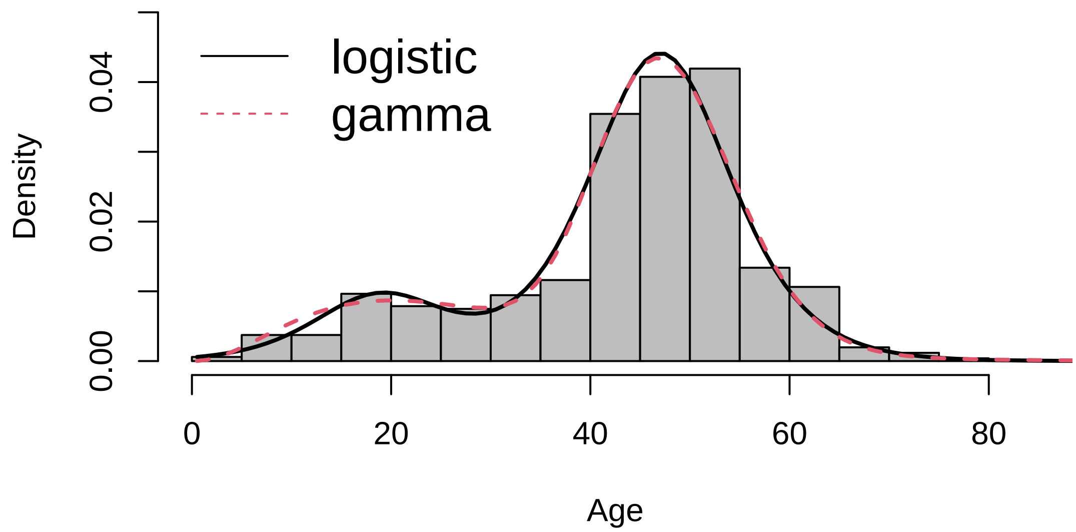
A distribuição logística tem função de ligação padrão identidade para μ e log para σ. O modelo estimado é dado por

$$\begin{aligned} f(y) =& \hat{\pi}_1 f_1(y) + \hat{\pi}_2 f_2(y) \\ =& 0.17 f_1(y) + 0.83 f_2(y) \end{aligned}$$

em que $f_1(y)$ é a densidade da distribuição logística, $LO(\mu_1, \sigma_1)$ com $\hat{\mu}_1 = 18.86$ e $\hat{\sigma}_1 = exp(1.492) = 4.45$ e $f_2(y)$ é a densidade da distribuição logística, $LO(\mu_2, \sigma_2)$ com $\hat{\mu}_2 = 47.04$ e $\hat{\sigma}_2 = exp(1.553) = 4.73$.

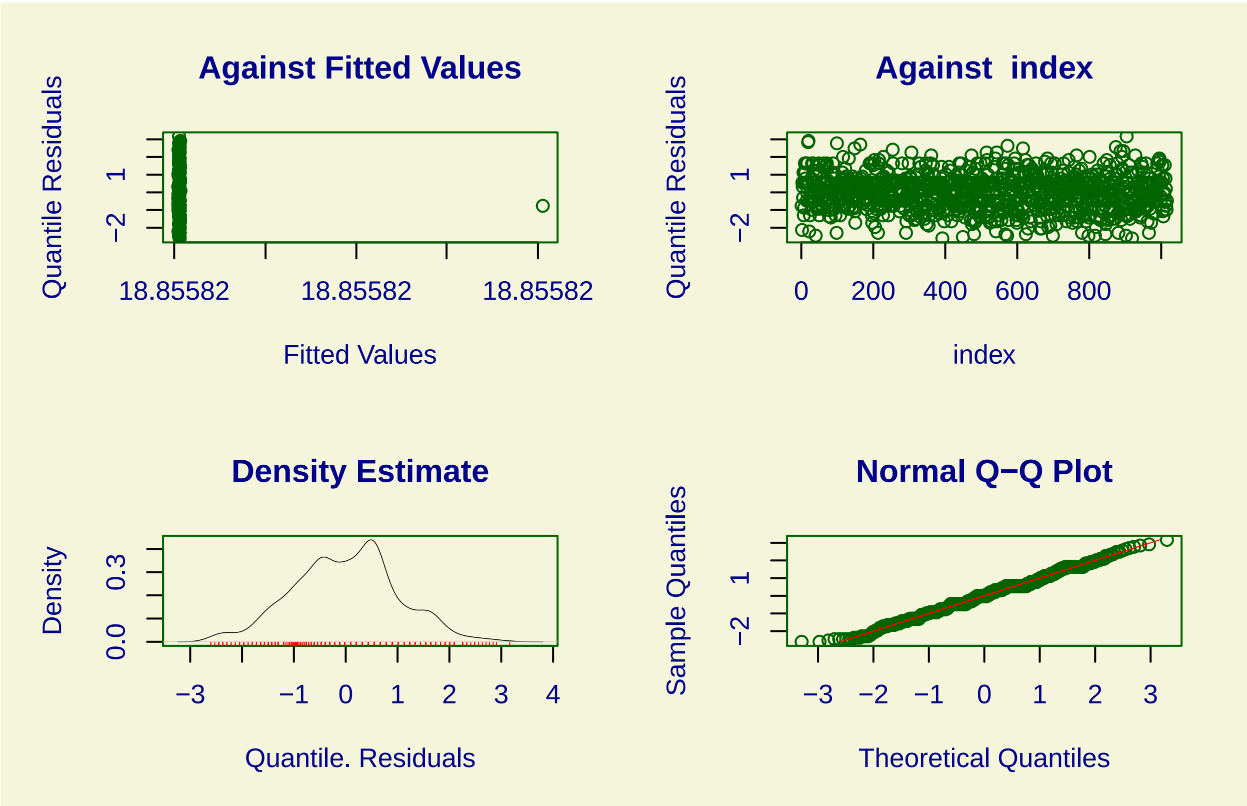
A seguir é mostrado o histograma dos dados juntamente com o modelo `LO` de dois componentes ajustado.

```r
### create a function to plot the fitted values of observation 1, i.e. case 1
fnLO <- getpdfMX(readLO, observation=1)
fnGA <- getpdfMX(readGA, observation=1)
truehist(glasses$ageread, nbins=25, col="grey", xlab="Age",
ylab="Density", ymax=0.05)
lines(seq(0.5,90.5,1),fnLO(seq(0.5,90.5,1)), lty=1, lwd=2)
lines(seq(0.5,90.5,1),fnGA(seq(0.5,90.5,1)), lty=2, lwd=2, col=2)
legend("topleft",legend=c("logistic","gamma"),lty=1:2, cex=1.5, col=1:2, bty="n")
```



O comando `getpdfMX(readLO, observation=1)` cria uma nova função que pode ser usada para plotar a distribuição ajustada para uma observação específica. A seguir são apresentados os gráficos de resíduos.

```
plot(readLO)
```



```
## ******************************************************************
##   Summary of the Randomised Quantile Residuals
##                            mean   =  -0.0001824348
##                        variance   =  0.9920201
##                coef. of skewness  =  0.02470025
##                coef. of kurtosis  =  2.922055
## Filliben correlation coefficient  =  0.9968217
## ******************************************************************
```

Note que o primeiro gráfico deve ser ignorado. Este é um gráfico dos resíduos versus valores preditos para μ, um gráfico útil para modelos de regressão com variáveis explicativas contínuas. Aqui, o modelo especifica uma constante para μ, assim todos os valores preditos são iguais e devem estar num linha vertical no gráfico. O fato de que um deles parece não estar nesta linha se deve a uma pequena discrepância numérica (veja a escala horizontal). Isso aparece frequentemente em casos em que não há variáveis explicativas envolvidas no ajuste, e deve ser ignorado.

Como exercício, verifique se o número K de componentes deve ser aumentado.

Modelo com variável

Consideramos agora a inclusão da variável `sex` no modelo. Vamos comparar modelos que incluem `sex` no modelo para μ, no modelo para π, e em ambos:

```r
readLO1 <- gamlssMX(ageread~sex,family=LO,K=2,data=glasses, plot=FALSE)
readLO2 <- gamlssMX(ageread~sex,pi.formula=~sex,family=LO,K=2, data=glasses, plot=FALSE)
readLO3 <- gamlssMX(ageread~1,pi.formula=~sex,family=LO,K=2, data=glasses, plot=FALSE)
AIC(readLO,readLO1,readLO2,readLO3)
```

```
##         df      AIC
## readLO2  8 7916.746
## readLO3  6 7918.782
## readLO1  7 7924.246
## readLO   5 7930.470
```

O modelo preferido é `readLO2`, que tem `sex` como covariável para μ e π:

```r
readLO2
```

```
##
## Mixing Family:  c("LO", "LO")
##
## Fitting method: EM algorithm
##
## Call:  gamlssMX(formula = ageread ~ sex, pi.formula = ~sex, family = LO,
##     K = 2, data = glasses, plot = FALSE)
##
## Mu Coefficients for model: 1
## (Intercept)         sex2
##     18.8519       0.2559
## Sigma Coefficients for model: 1
## (Intercept)
##       1.497
```

```
## Mu Coefficients for model: 2
## (Intercept)         sex2
##      46.417        1.483
## Sigma Coefficients for model: 2
## (Intercept)
##       1.546
## model for pi:
##          (Intercept)      sex2
## fac.fit2    1.368604 0.6525015
##
## Estimated probabilities:
##         pi1       pi2
## 1 0.1170047 0.8829953
## 2 0.2028455 0.7971545
## 3 0.2028455 0.7971545
## ...
##
## Degrees of Freedom for the fit: 8 Residual Deg. of Freedom   1008
## Global Deviance:     7900.75
##             AIC:     7916.75
##             SBC:     7956.14
```

As estimativas de μ_κ, σ_κ e π_κ para os componentes $\kappa = 1, 2$ são obtidas como:

- Componente 1:

$$
\begin{aligned}
\hat{\mu}_1 =& 18.8519 + 0.2559 I(sex = 2) \\
=& \begin{cases} 18.8519, & \text{para homens} \\ 19.1078, & \text{para mulheres} \end{cases} \\
\hat{\sigma}_1 =& exp(1.497) = 4.468 \\
\hat{\pi}_1 =& 1 - \hat{\pi}_2 \\
=& \begin{cases} 1 - 0.7972 = 0.2028, & \text{para homens} \\ 1 - 0.8830 = 0.1170, & \text{para mulheres} \end{cases}
\end{aligned}
$$

em que $\hat{\pi}_2$ é obtido do componente 2 abaixo

- Componente 2:

$$
\begin{aligned}
\hat{\mu}_2 =& 46.417 + 1.483 I(sex = 2) \\
=& \begin{cases} 46.4170, & \text{para homens} \\ 47.90, & \text{para mulheres} \end{cases} \\
\hat{\sigma}_2 =& exp(1.546) = 4.6930 \\
log\left(\frac{\hat{\pi}_2}{1 - \hat{\pi}_2}\right) =& 1.3686 + 0.6525 I(sex = 2) \\
=& \begin{cases} 1.3686, & \text{para homens} \\ 2.0211, & \text{para mulheres} \end{cases} \\
\hat{\pi}_2 =& \begin{cases} \frac{1}{1+exp(-1.3686)} = 0.7972, & \text{para homens} \\ \frac{1}{1+exp(-2.0211)} = 0.8830, & \text{para mulheres} \end{cases}
\end{aligned}
$$

Em resumo, temos a distribuição ajustada para a idade na qual se iniciou a usar óculos de leitura:

$$\text{Homens: } f(y) = 0.20 f_L(y|\hat{\mu}_1 = 18.85, \hat{\sigma}_1 = 4.47) + 0.80 fL(y|\hat{\mu}_2 = 46.42, \hat{\sigma}_2 = 4.69)$$
$$\text{Mulheres: } f(y) = 0.12 fL(y|\hat{\mu}_1 = 19.11, \hat{\sigma}_1 = 4.47) + 0.88 f_L(y|\hat{\mu}_2 = 47.90, \hat{\sigma}_2 = 4.69)$$

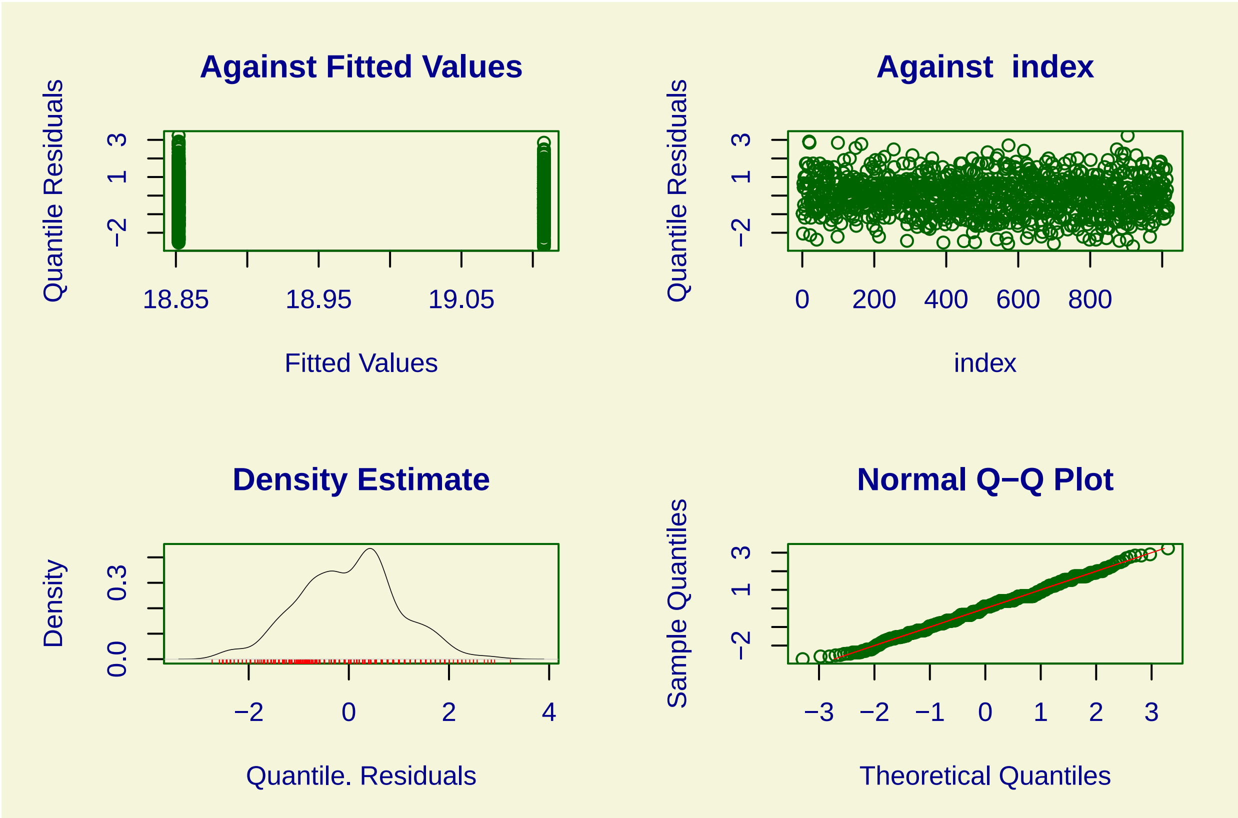
em que $f_L(\cdot|\mu, \sigma)$ corresponde à distribuição logística (`LO`). Entre os usuários de óculos, os homens têm maior probabilidade que mulheres de começar a usar óculos na infância ou início da vida adulta.

As densidades preditas são mostradas a seguir.

```
par(mfrow=c(1,2))
fnloFemale<-getpdfMX(readLO2, observation=1)#observation 1 is female
fnloMale<-getpdfMX(readLO2, observation=2)#observation 2 is male
truehist(glasses$ageread[glasses$sex==1],nbins=25,col="grey",
xlab="Age",ylab="Density",ymax=0.05, main="Males")
abline(h=(1:5)/100,lty=2,col="gray")
lines(seq(0.5,90.5,1),fnloMale(seq(0.5,90.5,1)), lwd=2)
truehist(glasses$ageread[glasses$sex==2],nbins=25,col="grey",
xlab="Age",ylab="Density",ymax=0.05, main="Females")
abline(h=(1:5)/100,lty=2,col="gray")
lines(seq(0.5,90.5,1),fnloFemale(seq(0.5,90.5,1)), lwd=2)
```

Por fim, diagnóstico do modelo:

```r
plot(readL02)
```




```
## ******************************************************************
##   Summary of the Randomised Quantile Residuals
##                            mean   =  -0.0006140894
##                        variance   =  0.9924708
##                coef. of skewness  =  0.02460349
##                coef. of kurtosis  =  2.936574
## Filliben correlation coefficient  =  0.9978332
## ******************************************************************
```