1.1. Correlación

(a)

(b)

(c)

(a)

(b)

(c)

(d)

(e)

Ejercicio 1.3. El archivo peso_edad_colest.xlsx disponible contiene registros correspondientes a 25 individuos respecto de su peso, su edad y el nivel de colesterol total en sangre.

(a)

(b)

(c)

(d)

(e)

1.3. Transformación de Variables

Ejercicio 1.4.

(a)

(b)

(c)

(d)

Trabajo Practico Regresión Avanzada

Code

Jose Valdes

2023-06-05

Hide

```
#limpio la memoria
rm( list= ls(all.names= TRUE) )  #remove all objects
gc( full= TRUE )                 #garbage collection
```

```
##          used (Mb) gc trigger (Mb) max used (Mb)
## Ncells 511186 27.4    1138408 60.8   644245 34.5
## Vcells 909998  7.0    8388608 64.0  1635137 12.5
```

Se realiza validación de la instalación de los paquetes necesarios para ejecutar el script

Hide

```
# Bibliotecas a cargar

check_packages <- function(packages) {
  if (all(packages %in% rownames(installed.packages()))) {
    TRUE
  } else{
    cat(
      "Instalar los siguientes packages antes de ejecutar el presente script\n",
      packages[!(packages %in% rownames(installed.packages()))],
      "\n"
    )
  }
}
packages_needed <- c("readxl","ggplot2","MVN","gridExtra","aod")

# Se llama a la funcion check_packages
check_packages(packages_needed)
```

```
## [1] TRUE
```

Hide

```
library(readxl)
library(ggplot2)
library(MVN)
library(gridExtra)
library(aod)
```

1.1. Correlación

Ejercicio 1.1.

En el archivo grasacerdos.xlsx se encuentran los datos del peso vivo (PV, en Kg) y al espesor de grasa dorsal (EGD, en mm) de 30 lechones elegidos al azar de una población de porcinos Duroc Jersey del Oeste de la provincia de Buenos Aires. Se pide

(a)

Dibujar el diagrama de dispersión e interpretarlo.

Hide

```
library(readxl)
library(ggplot2)
library(MVN)
library(gridExtra)

grasacerdos<-read_excel("C:/Users/Josvaldes/Documents/Maestria/Austral/1ano/regresionAvanz
ada/TPRegresion/TPRegresion/grasacerdos.xlsx")
dim(grasacerdos)
```

```
## [1] 30  3
```

Hide

```
head(grasacerdos)
```

Obs	PV	EGD
<dbl>	<chr>	<chr>
1	56,81	16,19
2	70,40	22,00
3	71,73	19,52
4	75,10	31,00
5	79,65	23,58
6	51,43	16,58

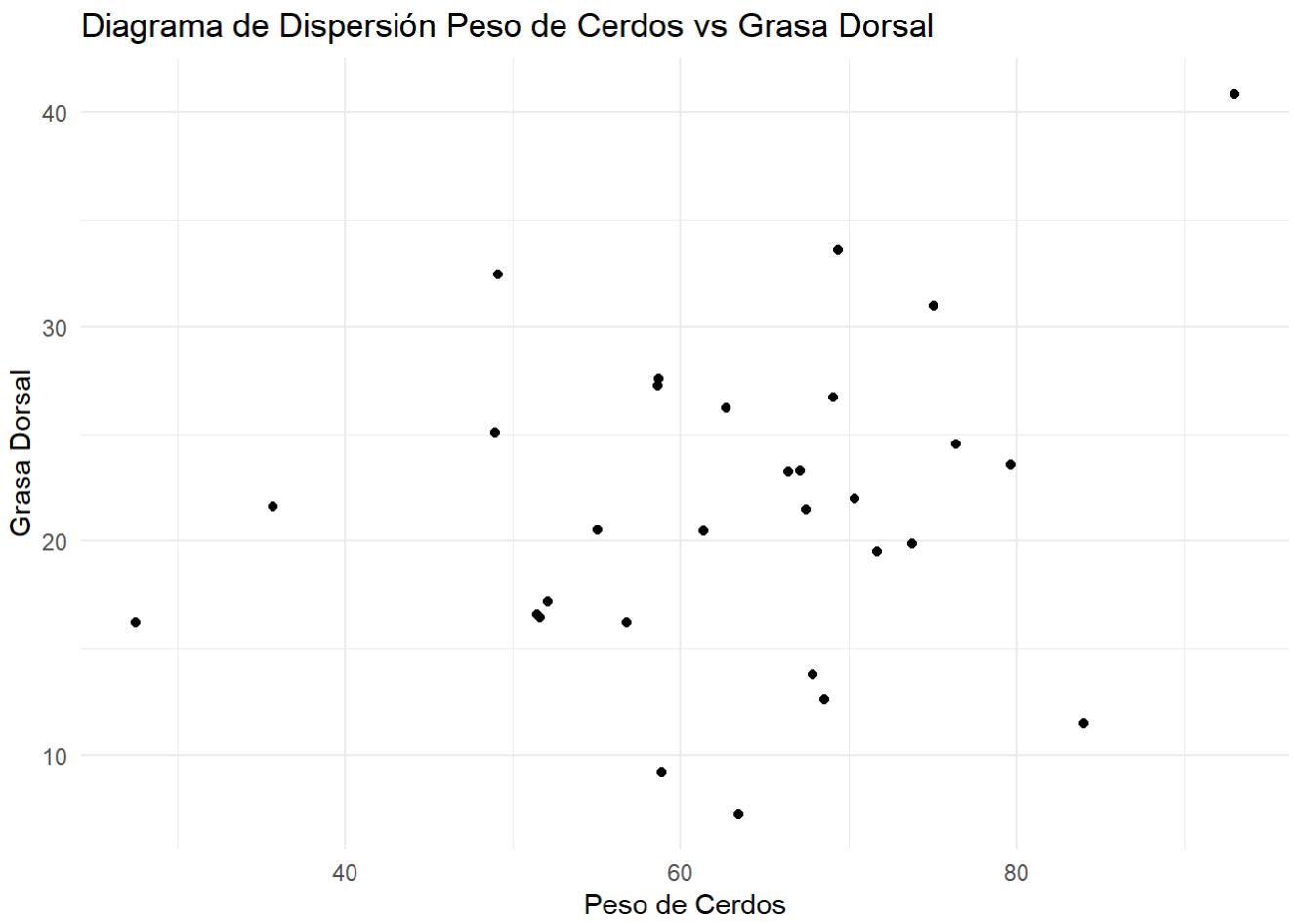
6 rows

Hide

```
grasacerdos$PV <- as.numeric(gsub(",", ".", grasacerdos$PV))
grasacerdos$EGD <- as.numeric(gsub(",", ".", grasacerdos$EGD))
```

Hide

```
ggplot(grasacerdos, aes(PV, EGD)) +
  geom_point() +
  theme_minimal() +
  labs(x = "Peso de Cerdos", y = "Grasa Dorsal",
       title = ("Diagrama de Dispersi\u00F3n Peso de Cerdos vs Grasa Dorsal")) # se deja l
a letra "ó" con \u00F3, que
es la representación Unicode de esa letra
```



No se observa corelación entre las variables

(b)

Calcular el coeficiente de correlación muestral y explíquelo.

Hide

```
biNormTest <- mvn(grasacerdos, mvnTest = "hz")
print(biNormTest$multivariateNormality)
```

```
##           Test        HZ   p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.6379234 0.3891766 YES
```

Por el resultado se puede sostener el supuesto de una distribución normal bivariada para estas variables. En tal sentido, se procede a realizar el test de Pearson para determinar la relación de las variables:

Hide

```
corCoeff <- cor(grasacerdos$PV,grasacerdos$EGD, method = "pearson")
corCoeff
```

```
## [1] 0.2543434
```

La prueba de correlación de Pearson muestra que existe una correlación positiva débil entre las variables. Esto significa que hay una tendencia a que los valores de las variables aumenten juntos, pero la relación no es muy fuerte.

(c)

¿Hay suficiente evidencia para admitir asociación entre el peso y el espesor de grasa? (α = 0,05). Verifique los supuestos para decidir el indicador que va a utilizar.

Para determinar si hay suficiente evidencia para admitir una asociación entre el peso y el espesor de grasa, es necesario verificar los supuestos y luego utilizar un indicador apropiado para evaluar la correlación entre las variables.

A continuación, se describen los supuestos que se deben verificar antes de seleccionar el indicador:

1 - Supuesto de normalidad: Se debe verificar si las variables peso y espesor de grasa siguen una distribución normal. Esto se puede hacer mediante métodos gráficos, como histogramas o gráficos de Q-Q, y pruebas estadísticas, como el test de normalidad (por ejemplo, el test de Shapiro-Wilk).

Hide

```
shapiro.test(grasacerdos$PV)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  grasacerdos$PV
## W = 0.97533, p-value = 0.6925
```

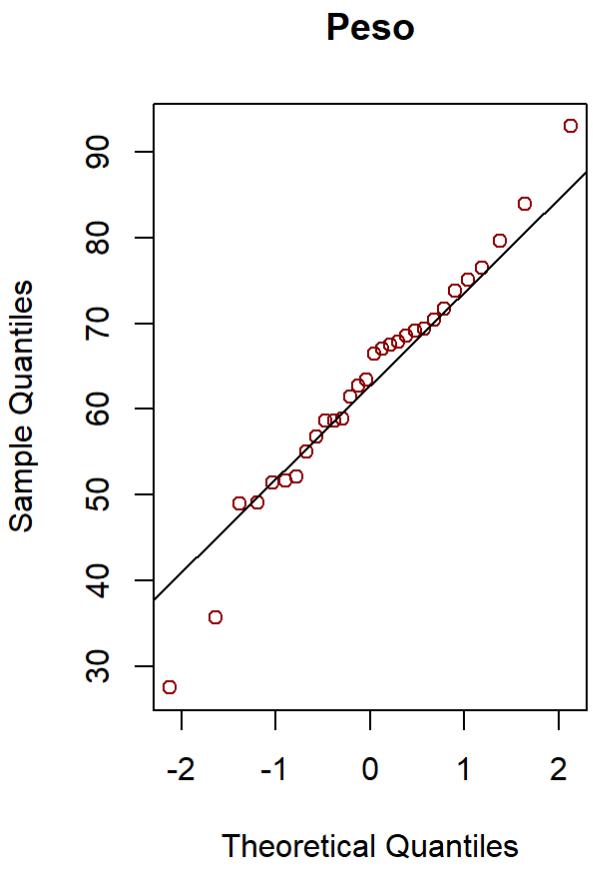
Hide

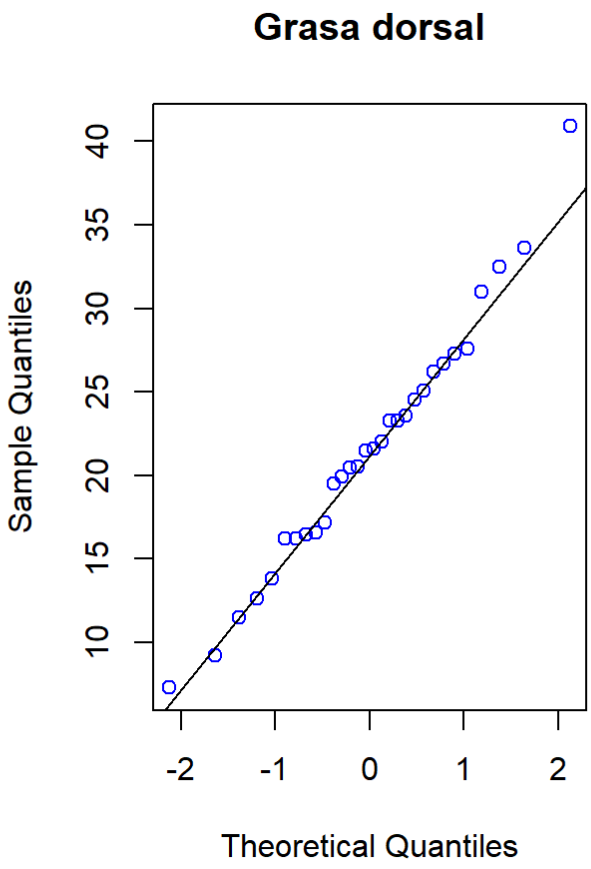
```
shapiro.test(grasacerdos$EGD)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  grasacerdos$EGD
## W = 0.98514, p-value = 0.9395
```

Hide

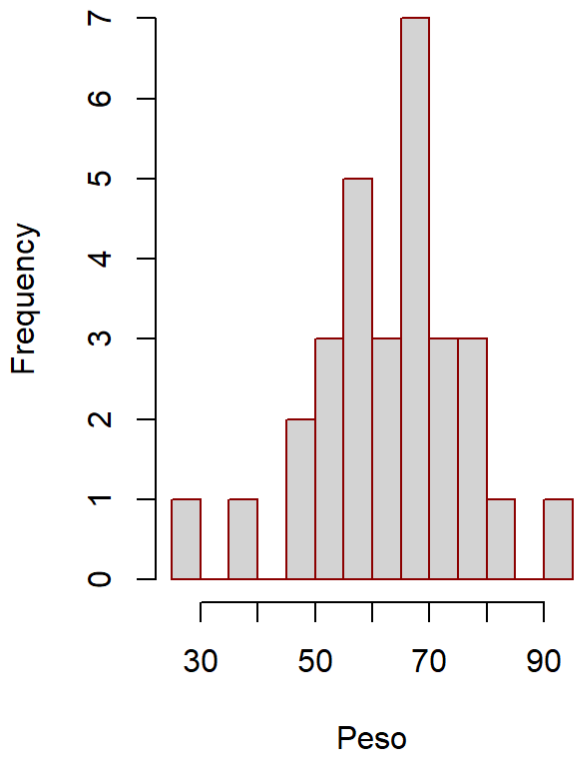
```
par(mfrow = c(1, 2))
qqnorm(grasacerdos$PV, main = "Peso", col = "darkred")
qqline(grasacerdos$PV)
qqnorm(grasacerdos$EGD, main = "Grasa dorsal", col = "blue")
qqline(grasacerdos$EGD)
```

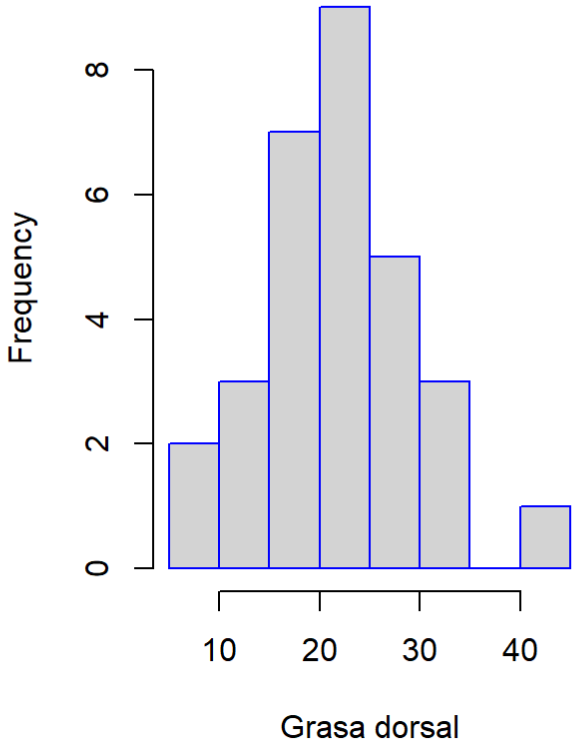




Hide

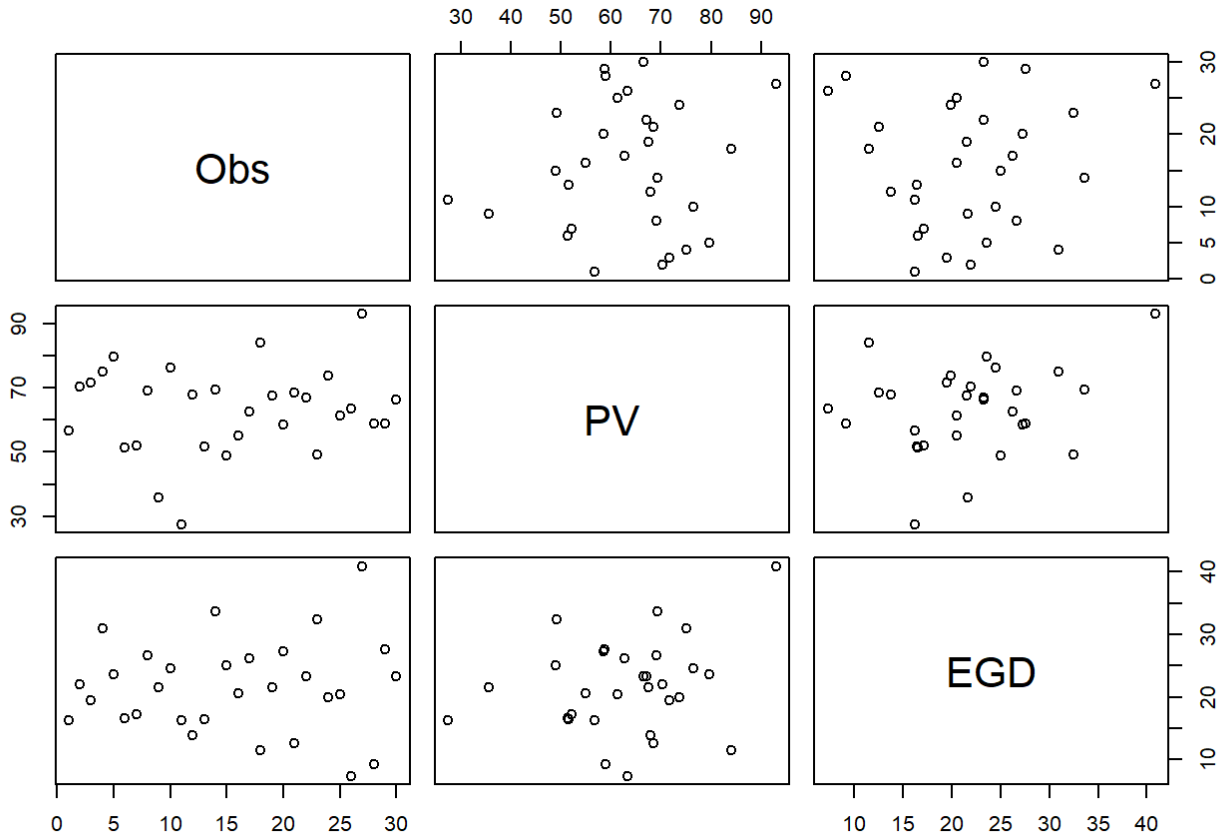
```
par(mfrow = c(1, 2))
hist(grasacerdos$PV, breaks = 10, main = "", xlab = "Peso", border = "darkred")
hist(grasacerdos$EGD, breaks = 10, main = "", xlab = "Grasa dorsal", border = "blue")
```





Hide

```
par(bg="white")
pairs(grasacerdos) # representa todos los diagramas de dispersión de a pares
```



2 - Supuesto de linealidad: Se debe verificar si la relación entre el peso y el espesor de grasa es lineal. Esto se puede explorar mediante un diagrama de dispersión o mediante técnicas de análisis exploratorio de datos.

3 - Supuesto de homogeneidad de varianzas: Se debe verificar si la varianza del espesor de grasa es constante en diferentes niveles de peso. Esto se puede evaluar mediante gráficos de dispersión y pruebas estadísticas, como el test de Levene.

Una vez que se han verificado los supuestos, puedes seleccionar un indicador apropiado para evaluar la asociación entre el peso y el espesor de grasa. Dado que estamos analizando una relación entre dos variables continuas, el coeficiente de correlación de Pearson sería un indicador adecuado.

Para determinar si hay suficiente evidencia para admitir la asociación entre el peso y el espesor de grasa, se puede realizar una prueba de hipótesis utilizando el coeficiente de correlación de Pearson. El enunciado de las hipótesis sería:

Hipótesis nula (H0): No hay asociación entre el peso y el espesor de grasa ($\rho = 0$). Hipótesis alternativa (HA): Hay asociación entre el peso y el espesor de grasa ($\rho \neq 0$).

Hide

```
corTest <- cor.test(grasacerdos$PV,grasacerdos$EGD, method = "pearson")
corTest
```

```
##
##  Pearson's product-moment correlation
##
## data:  grasacerdos$PV and grasacerdos$EGD
## t = 1.3916, df = 28, p-value = 0.175
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.1166112  0.5630217
## sample estimates:
##       cor
## 0.2543434
```

El resultado del test de correlación de Pearson como se mostró en el punto b corresponde a una correlacion positiva baja entre las variables y un P-valor de 0.1749942 que seria mayor que el nivel de significancia α = 0,05 de la prueba, por tal razon, no se puede afirmar la presencia de una asociación significativa entre las variables.

Ejercicio 1.2.Los datos del cuarteto de Anscombe se encuentran en el archivo anscombe.xlsx

Se pide explorar los datos de la siguiente manera:

(a)

Graficar los cuatro pares de datos en un diagrama de dispersión cada uno.

Hide

```
# se observa que el archivo esta incompleto anscombe.xlsx (dimensiones 6x8), se busca en i
nternet y se trabaja con Anscombe's Quartet.xlsx (dimensiones 12x8)
anscombe<-read_excel("C:/Users/Josvaldes/Documents/Maestria/Austral/1ano/regresionAvanzad
a/TPRegresion/TPRegresion/Anscombe's Quartet.xlsx")
dim(anscombe)
```

```
## [1] 11  8
```

Hide

```
head(anscombe)
```

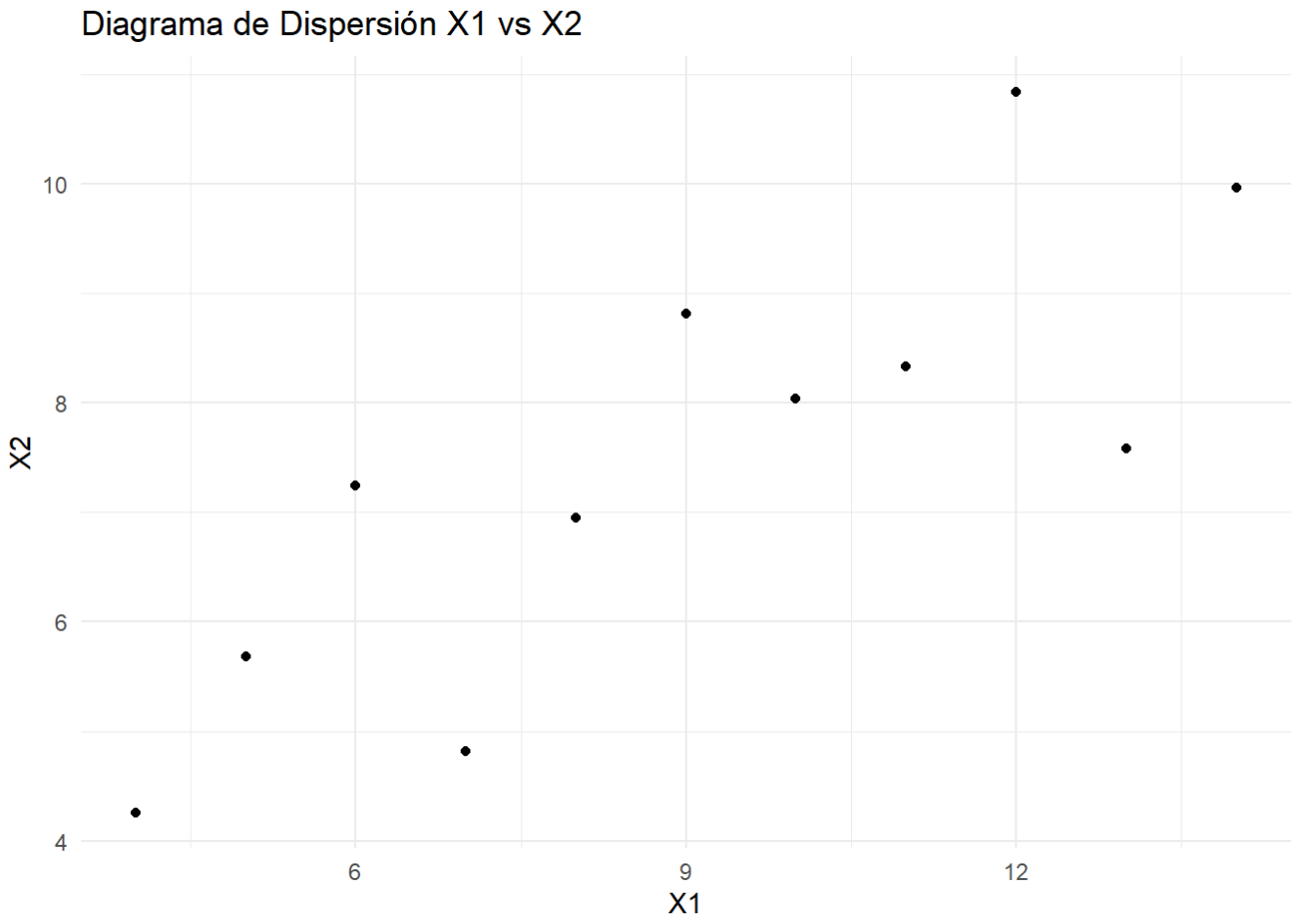
X1 <dbl>	X2 <dbl>	X3 <dbl>	X4 <dbl>	X5 <dbl>	X6 <dbl>	X7 <dbl>	X8 <dbl>
10	8.04	10	9.14	10	7.46	8	6.58
8	6.95	8	8.14	8	6.77	8	5.76
13	7.58	13	8.74	13	12.74	8	7.71
9	8.81	9	8.77	9	7.11	8	8.84

X1 <dbl>	X2 <dbl>	X3 <dbl>	X4 <dbl>	X5 <dbl>	X6 <dbl>	X7 <dbl>	X8 <dbl>
11	8.33	11	9.26	11	7.81	8	8.47
14	9.96	14	8.10	14	8.84	8	7.04

6 rows

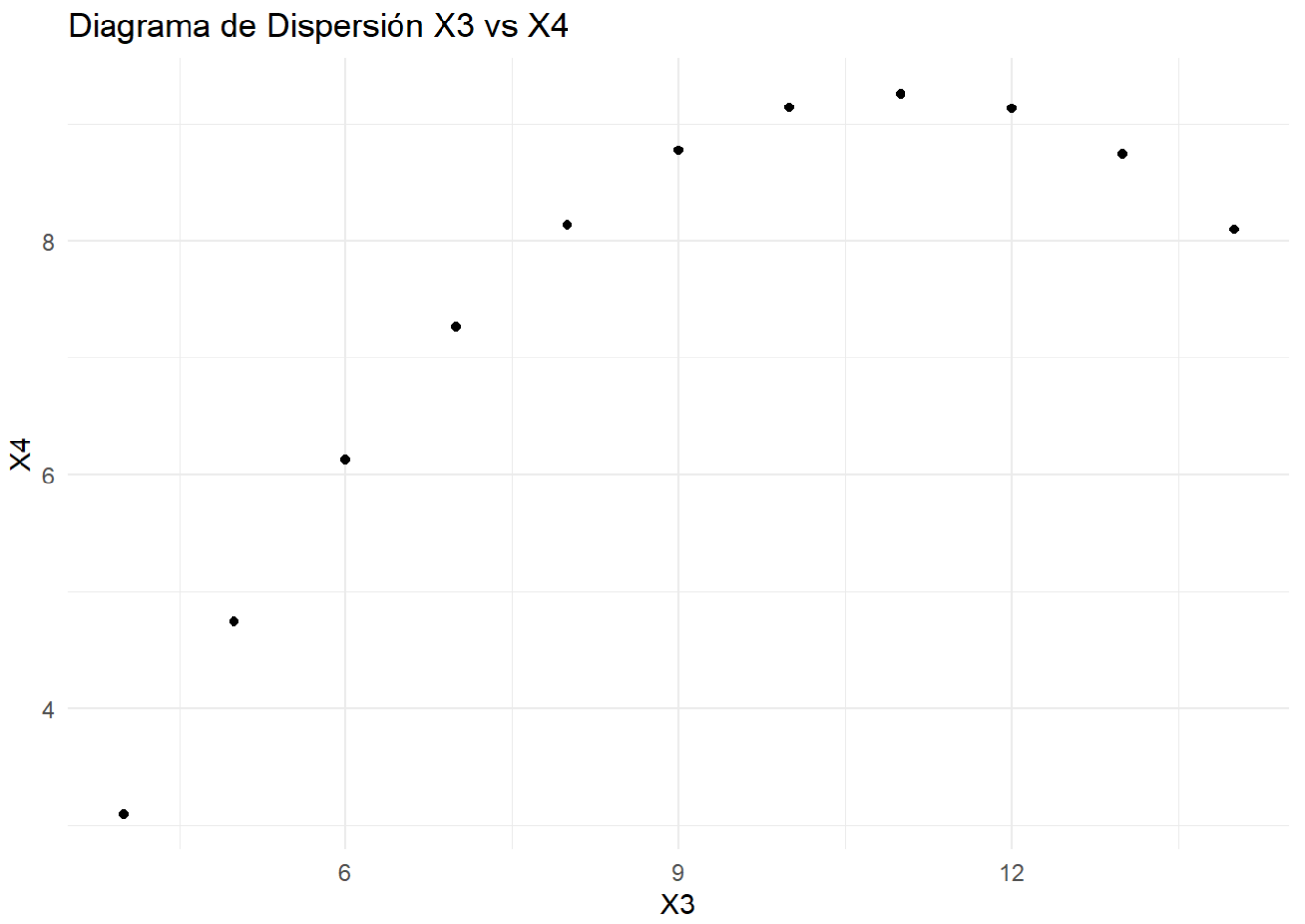
Hide

```
dd1=ggplot(anscombe, aes(X1, X2)) +
  geom_point() + theme_minimal() + labs(title = "Diagrama de Dispersi\u00F3n X1 vs X2")
dd1
```



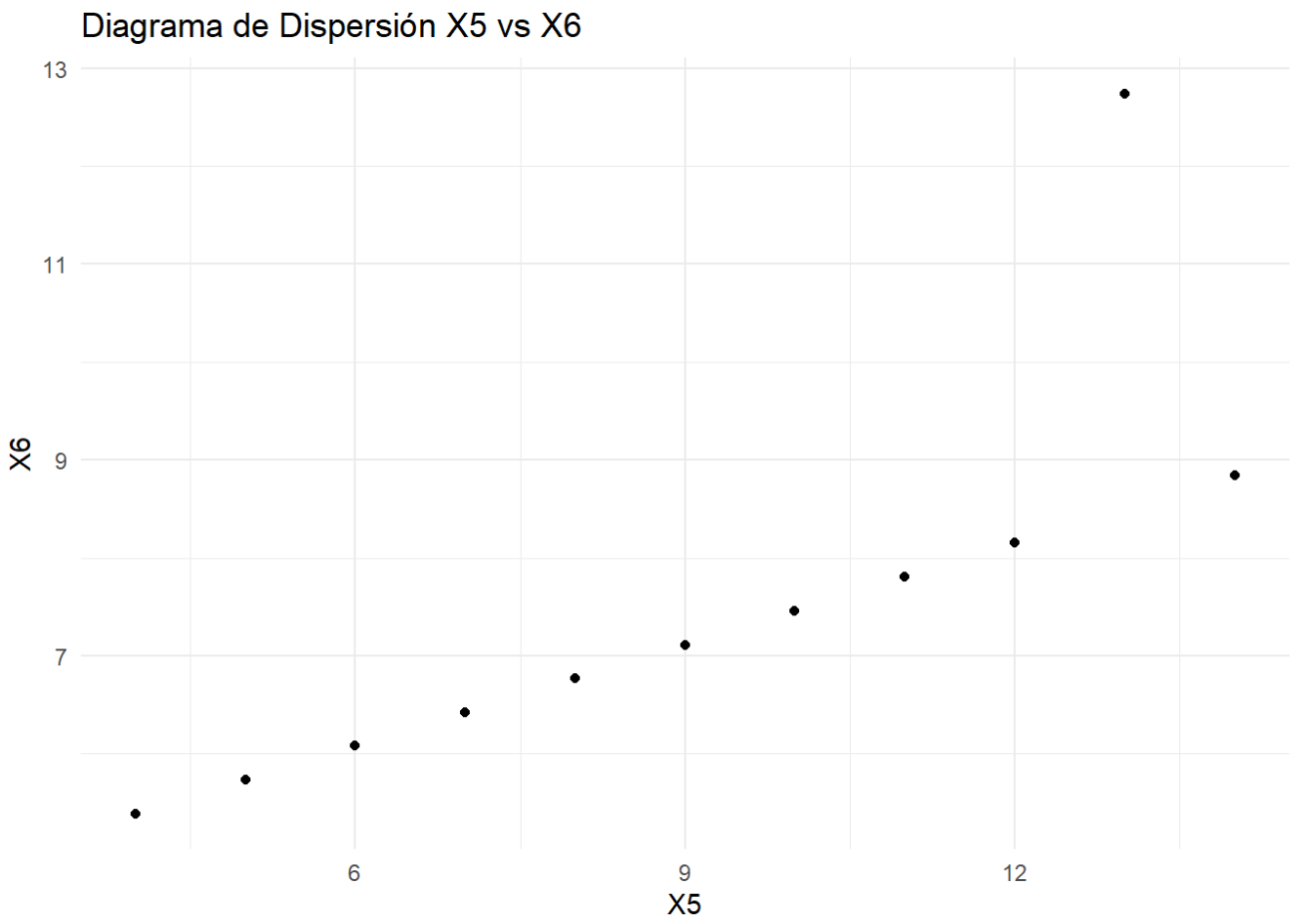
Hide

```
dd2=ggplot(anscombe, aes(X3, X4)) +
  geom_point() + theme_minimal() + labs(title = "Diagrama de Dispersi\u00F3n X3 vs X4")
dd2
```



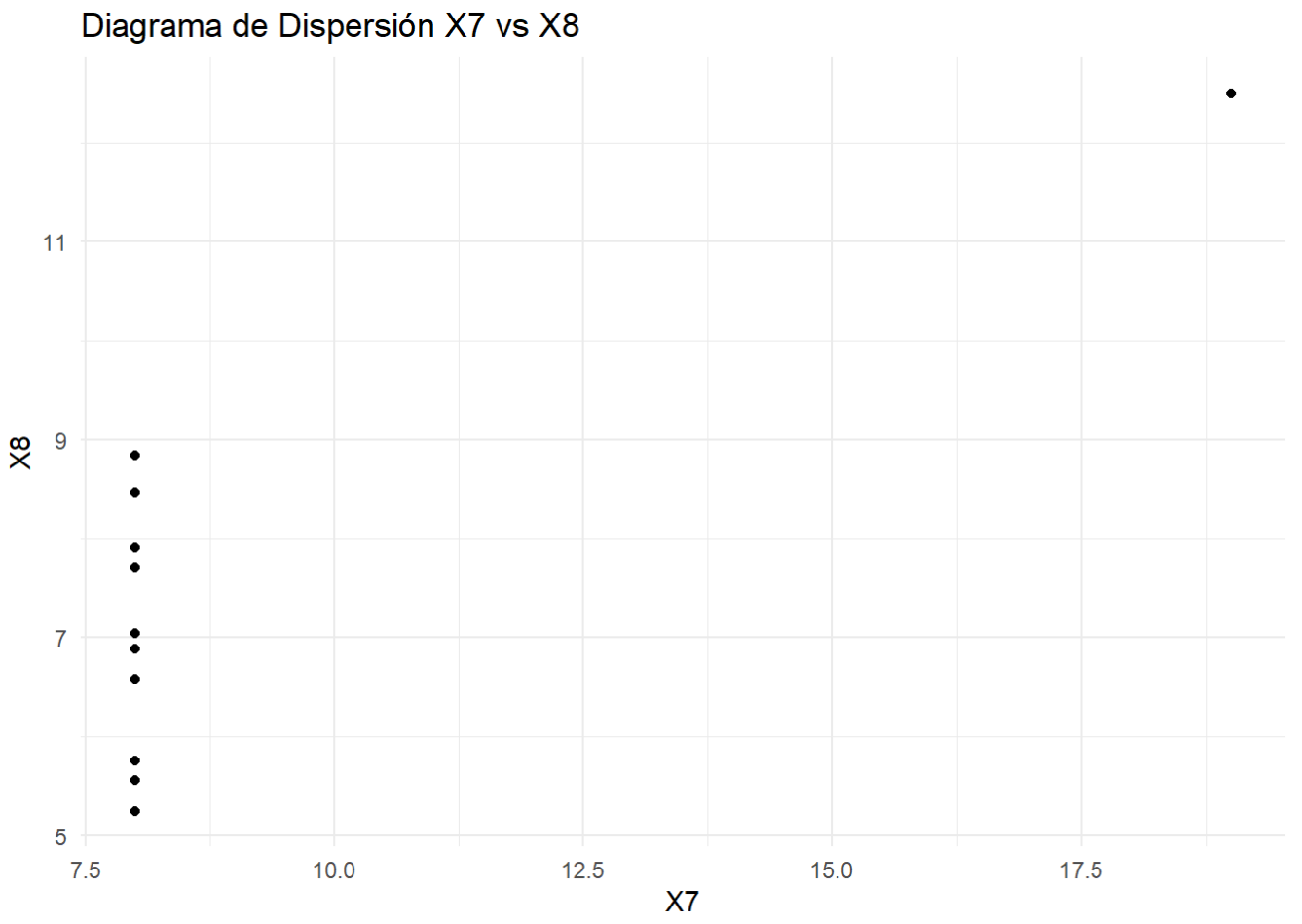
Hide

```
dd3=ggplot(anscombe, aes(X5, X6)) +
  geom_point() + theme_minimal() + labs(title = "Diagrama de Dispersi\u00F3n X5 vs X6")
dd3
```



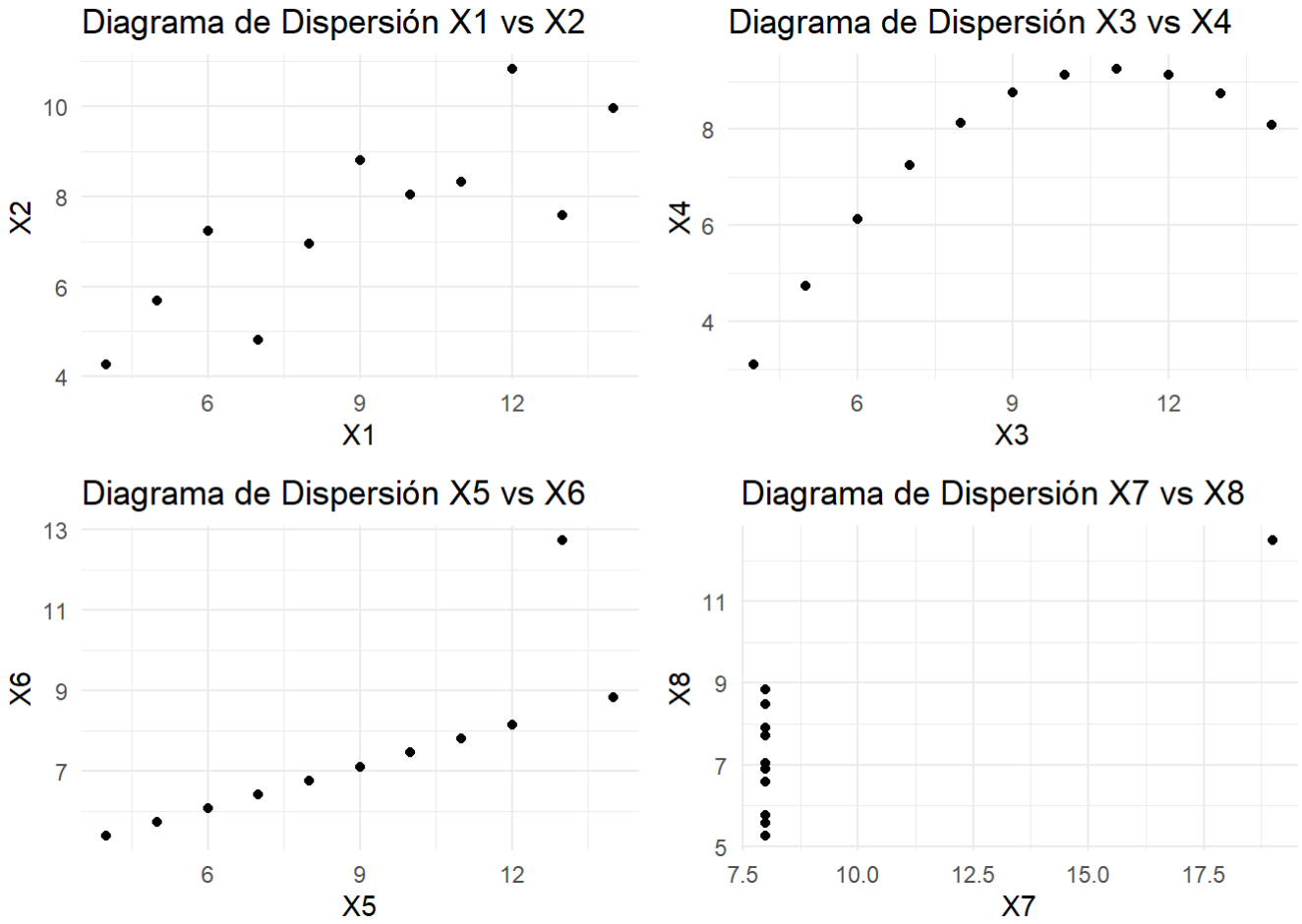
Hide

```
dd4=ggplot(anscombe, aes(X7, X8)) +
  geom_point() + theme_minimal() + labs(title = "Diagrama de Dispersi\u00F3n X7 vs X8")
dd4
```



Hide

```
#resumen
grid.arrange(dd1,dd2,dd3,dd4, ncol = 2, nrow = 2)
```



(b)

Hallar los valores medios de las variables para cada par de datos.

Hide

```
colMeans(anscombe)
```

```
##       X1       X2       X3       X4       X5       X6       X7       X8
## 9.000000 7.500909 9.000000 7.500909 9.000000 7.500000 9.000000 7.500909
```

(c)

Hallar los valores de la dispersión para cada conjunto de datos.

Hide

```
sapply(anscombe, sd)
```

```
##       X1       X2       X3       X4       X5       X6       X7       X8
## 3.316625 2.031568 3.316625 2.031657 3.316625 2.030424 3.316625 2.030579
```

(d)

Hallar el coeficiente muestral de correlación lineal en cada caso.

Hide

```
mvn(data = anscombe[c(1,2)], mvnTest = "hz")$multivariateNormality$MVN
```

```
## [1] "YES"
```

Hide

```
mvn(data = anscombe[c(3,4)], mvnTest = "hz")$multivariateNormality$MVN
```

```
## [1] "NO"
```

Hide

```
mvn(data = anscombe[c(5,6)], mvnTest = "hz")$multivariateNormality$MVN
```

```
## [1] "NO"
```

Hide

```
mvn(data = anscombe[c(7,8)], mvnTest = "hz")$multivariateNormality$MVN
```

```
## [1] "NO"
```

Hide

```
cor.test(anscombe$X1,anscombe$X2,method="pearson")$p.value
```

```
## [1] 0.002169629
```

Hide

```
cor.test(anscombe$X3,anscombe$X4,method="spearman")$p.value
```

```
## [1] 0.02305887
```

Hide

```
cor.test(anscombe$X5,anscombe$X6,method="spearman")$p.value
```

```
## [1] 0
```

Hide

```
cor.test(anscombe$X7,anscombe$X8,method="spearman")$p.value
```

```
## Warning in cor.test.default(anscombe$X7, anscombe$X8, method = "spearman"):
## Cannot compute exact p-value with ties
```

```
## [1] 0.1173068
```

Debido al Warning obtenido (Cannot compute exact p-value with ties[1] 0.1173068), se calcula el coeficiente de correlación con el método de Spearman, aun así que el test de Henze-Zirkler dice como resultado NO.

Hide

```
cor.test(anscombe$X7,anscombe$X8,method="pearson")$p.value
```

```
## [1] 0.002164602
```

(e)

Observar, comentar y concluir.

Por los resultados obtenidos en el primer par de variables se utiliza el coeficiente de correlación de Pearson y para los tres paredes restantes el de Spearman. Aunque para la relación de variables X7 y X8 aunque se obtuvo con test de Henze-Zirkler como resultado NO, se recibe una warning por el cual se hace la prueba con el test de Pearson.

1.2. Modelo Lineal Simple

Ejercicio 1.3. El archivo peso_edad_colest.xlsx disponible contiene registros correspondientes a 25 individuos respecto de su peso, su edad y el nivel de colesterol total en sangre.

Se pide:

(a)

Realizar el diagrama de dispersión de colesterol en función de la edad y de colesterol en función de peso. Le parece adecuado ajustar un modelo lineal para alguno de estos dos pares de variables?

Hide

```
#Se cargan los datos
colesterol <- read_excel('peso_edad_colest.xlsx')

#Se visualizan la estructura
head(colesterol)
```

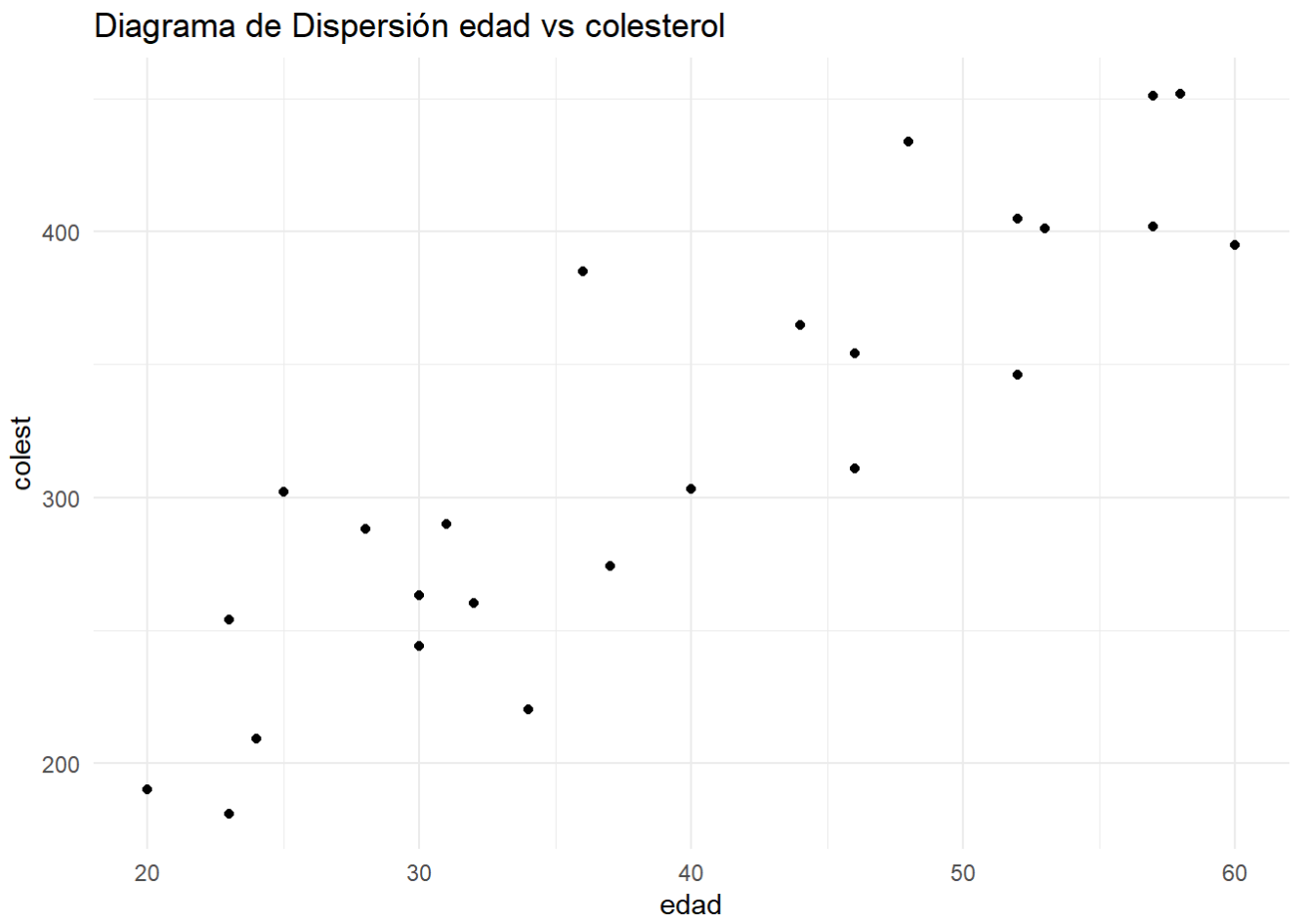
peso <dbl>	edad <dbl>	colest <dbl>
84	46	354
73	20	190
65	52	405
70	30	263
76	57	451
69	25	302

6 rows

Se realizan los diagramas de dispersión solicitados

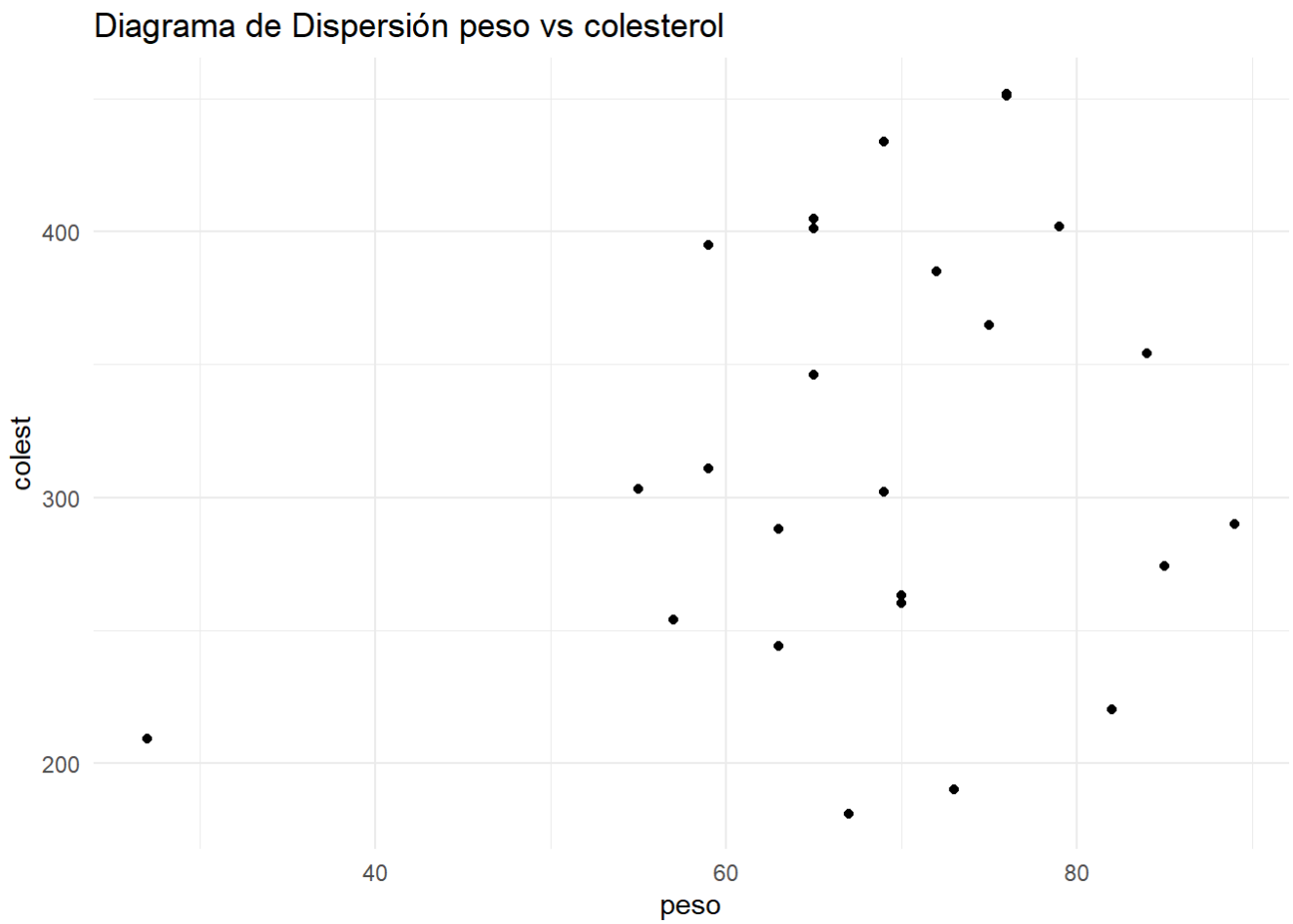
Hide

```
#Diagrama de dispersión colesterol en función de la edad
dd112=ggplot(colesterol, aes(edad, colest)) +
  geom_point() + theme_minimal() + labs(title = "Diagrama de Dispersi\u00F3n edad vs coles
terol")
dd112
```



Hide

```
#Diagrama de dispersión colesterol en función del peso
dd212=ggplot(colesterol, aes(peso, colest)) +
  geom_point() + theme_minimal() + labs(title = "Diagrama de Dispersi\u00F3n peso vs coles
terol")
dd212
```



Por las gráficas se podría pensar que se ajuste un modelo lineal entre las variables edad y colesterol.

(b)

Estime los coeficientes del modelo lineal para el colesterol en función de la edad.

Coeficientes

Hide

```
#Modelo lineal para el colesterol en función de la edad.
model <- lm(colest ~ edad, data = colesterol)
model$coefficients
```

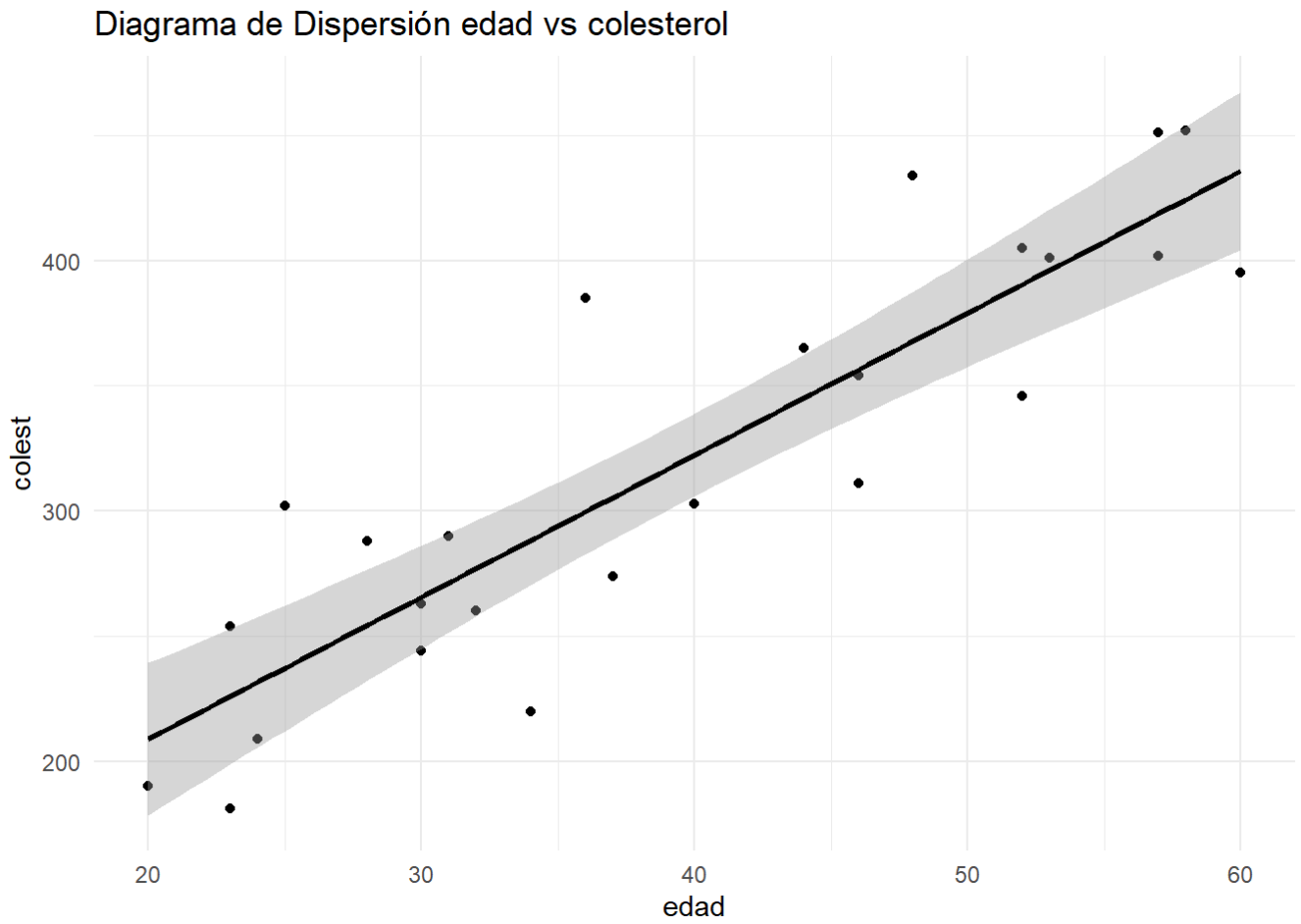
```
## (Intercept)        edad
##   95.502004    5.670842
```

Grafica del modelo y las bandas de error estándar alrededor de la línea de regresión

Hide

```
(dd112+ geom_smooth(method = "lm", se = TRUE, color = "black") )
```

```
## `geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```



(c)

Estime intervalos de confianza del 95% para los coeficientes del modelo y compare estos resultados con el test de Wald para los coeficientes. Le parece que hay asociación entre estos test y el test de la regresión?

Hide

```
ic <- confint(model, level = 0.95)
ic
```

```
##                2.5 %     97.5 %
## (Intercept) 41.190390 149.813618
## edad         4.358216   6.983467
```

Test de Wald

Hide

```
library(aod)
coef(model)
```

```
## (Intercept)        edad
##   95.502004    5.670842
```

Hide

```
testWald=wald.test(Sigma = vcov(model), b = coef(model), Terms = 1)
testWald
```

```
## Wald test:
## ----------
##
## Chi-squared test:
## X2 = 13.2, df = 1, P(> X2) = 0.00028
```

Las anteriores salidas muestra los coeficientes estimados del modelo de regresión lineal y los resultados del test de Wald para evaluar la significancia de los coeficientes.

Los coeficientes del modelo indican lo siguiente:

- El coeficiente de intercepto (Intercept) es de aproximadamente 95.502004.
- El coeficiente para la variable “edad” es de aproximadamente 5.670842.

El test de Wald se utiliza para evaluar la significancia estadística de los coeficientes del modelo. En este caso, se realiza el test de Wald para el coeficiente del intercepto (intercept). El resultado del test muestra que el estadístico de prueba chi-cuadrado (X2) es de 13.2, con 1 grado de libertad y un valor p (P(>X2)) de 0.00028.

Se puede concluir lo siguiente:

El coeficiente de intercepto es significativamente diferente de cero, debido a que el valor p es muy pequeño (0.00028). Esto indica que hay evidencia de una asociación entre la variable de respuesta y la variable de intercepto.

En cuanto al coeficiente de la variable “edad”, se realizan los siguientes cancululos para obtener el test de wald:

Hide

```
# Se obtiene la matriz de varianza-covarianza de los coeficientes del modelo
vcov_model <- vcov(model)

# Se obtienen los coeficientes estimados del modelo
coef_model <- coef(model)

# Calculo del estadístico de prueba utilizando la fórmula del test de Wald:
wald_stat <- (coef_model["edad"] - 0) / sqrt(vcov_model["edad", "edad"])

# Calculo del valor p correspondiente al estadístico de prueba
p_value <- 1 - pchisq(wald_stat^2, df = 1)

# Imprimir resultado
cat("Test de Wald para la variable 'edad':\n")
```

```
## Test de Wald para la variable 'edad':
```

Hide

```
cat("------------------------\n")
```

```
## ------------------------
```

Hide

```
cat("Estadístico de prueba:", wald_stat, "\n")
```

```
## Estadístico de prueba: 8.937073
```

Hide

```
cat("Valor p:", p_value, "\n")
```

```
## Valor p: 0
```

En resumen, hay evidencia de asociación entre el coeficiente de intercepto y la variable de respuesta según el test de Wald.Para la variable “edad” se tiene un estadístico de prueba de 8.937073 y un valor p de 0. Esto indica que hay evidencia significativa para rechazar la hipótesis nula de que el coeficiente de “edad” sea igual a cero.

(d)

A partir de esta recta estime los valores de E(Y) para x = 25 años y x = 48 años. Podría estimarse el valor de E(Y) para x = 80 años?

Para estimar los valores de E(Y) para diferentes valores de x utilizando la recta ajustada en el modelo de regresión, se pueden utilizar los coeficientes del modelo.

En este caso, los coeficientes del modelo son:

Intercepto: 95.502004 Coeficiente para la variable “edad”: 5.670842

E(Y) = Intercepto + Coeficiente * x

Hide

```
predict(model, newdata = data.frame(edad = c(25,80)))
```

```
##        1        2
## 237.2730 549.1693
```

Sin embargo, para valores de x más allá del rango de los datos observados, como x = 80 años, la extrapolación puede no ser confiable. La recta ajustada se basa en los datos observados y su validez puede estar limitada a ese rango. Por lo tanto, no se recomienda estimar el valor de E(Y) para x = 80 años utilizando este modelo de regresión.

(e)

Testee la normalidad de los residuos y haga un gráfico para ver si son homocedásticos.

Hide

```
# Prueba de normalidad de Shapiro-Wilk
residuos <- residuals(model)
shapiro.test(residuos)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  residuos
## W = 0.96478, p-value = 0.5175
```

El resultado de esta prueba proporciona un valor p que indica que no hay suficiente evidencia para rechazar la hipótesis nula de normalidad de los residuos. Como el valor p es mayor que un umbral de significancia (por ejemplo, 0.05), se puede concluir que los residuos siguen una distribución normal.

Grafico de los residuos del modelo

Hide

```
plot(residuos ~ fitted.values(model), ylab = "Residuos", xlab = "Valores ajustados")
abline(h = 0, col = "red")
```

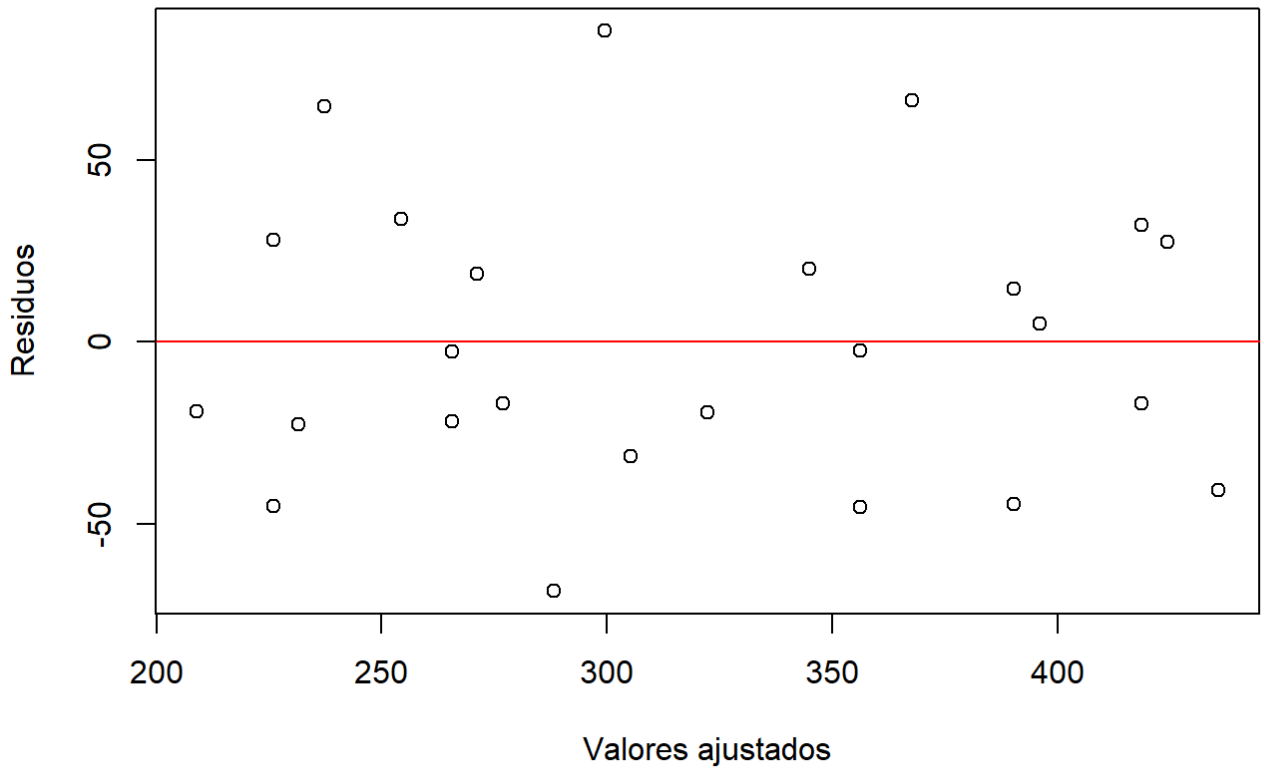


Grafico con lineas:

Hide

```
colest2<-colesterol
colest2$prediccion <- model$fitted.values
colest2$residuos <- model$residuals

ggplot(data = colest2, aes(x = prediccion, y = residuos)) +
  geom_point(aes(color = residuos)) +
  scale_color_gradient2(low = "blue3", mid = "grey", high = "red") +
  geom_hline(yintercept = 0) + geom_segment(aes(xend = prediccion, yend = 0), alpha = 0.2)
+
  labs(title = "Distribución de los residuos", x = "predicción modelo", y = "residuo") +
  theme_bw() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5), legend.position = "none")
```

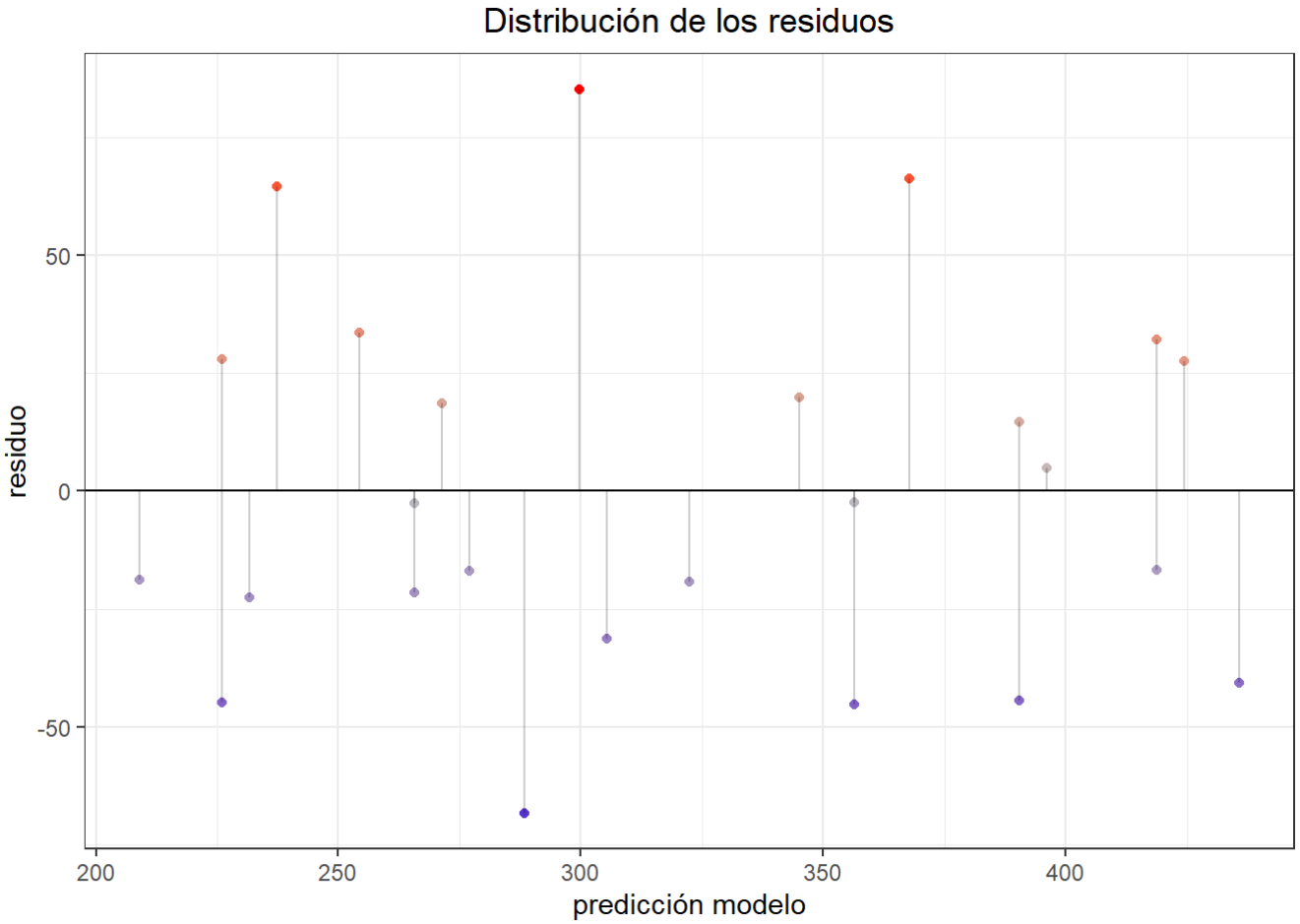


Grafico con histograma:

Hide

```
ggplot(data = colest2, aes(x = residuos)) + geom_histogram(aes(y = after_stat(density))) +
  labs(title = "Histograma de los residuos") + theme_bw() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```

```
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```

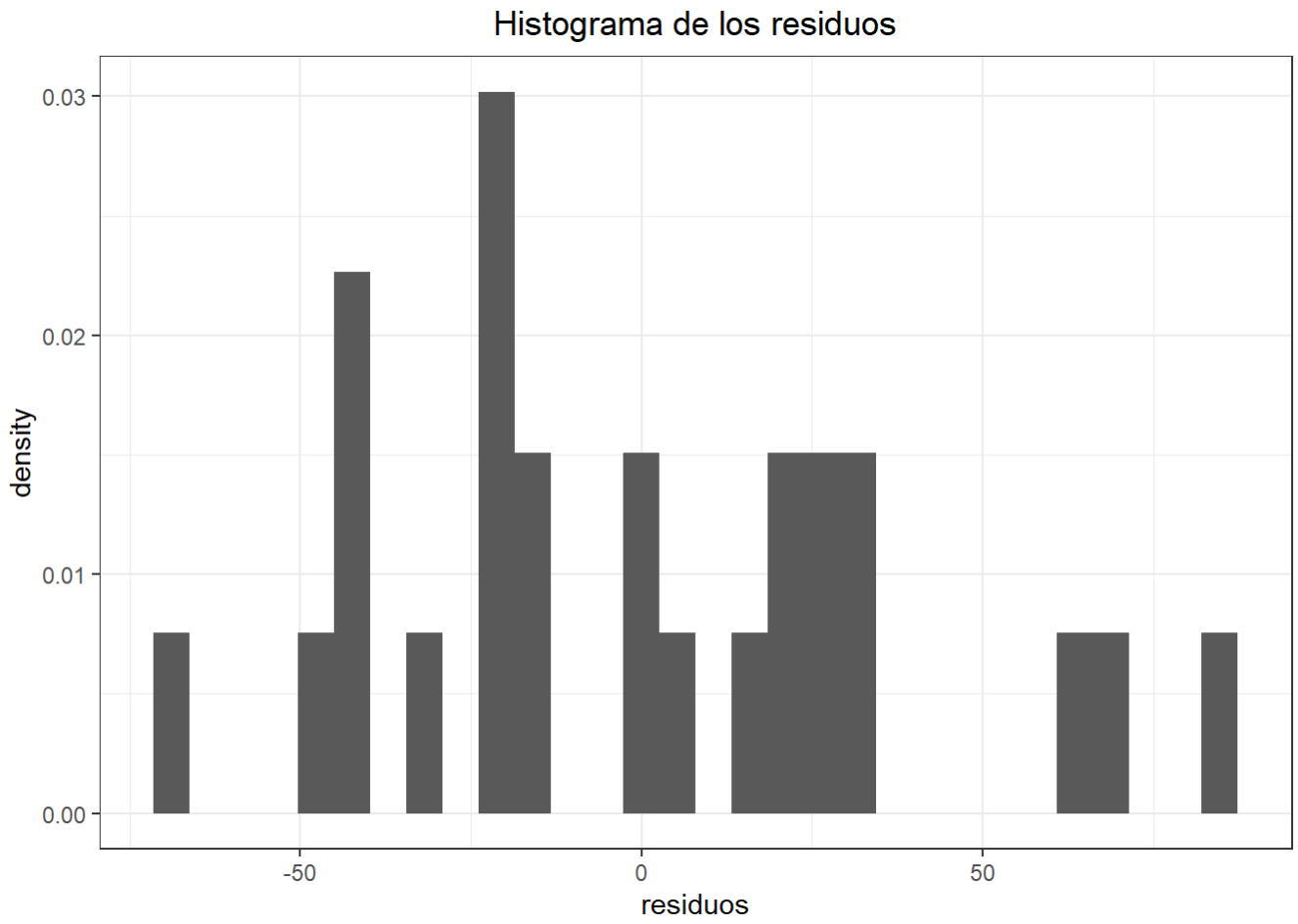
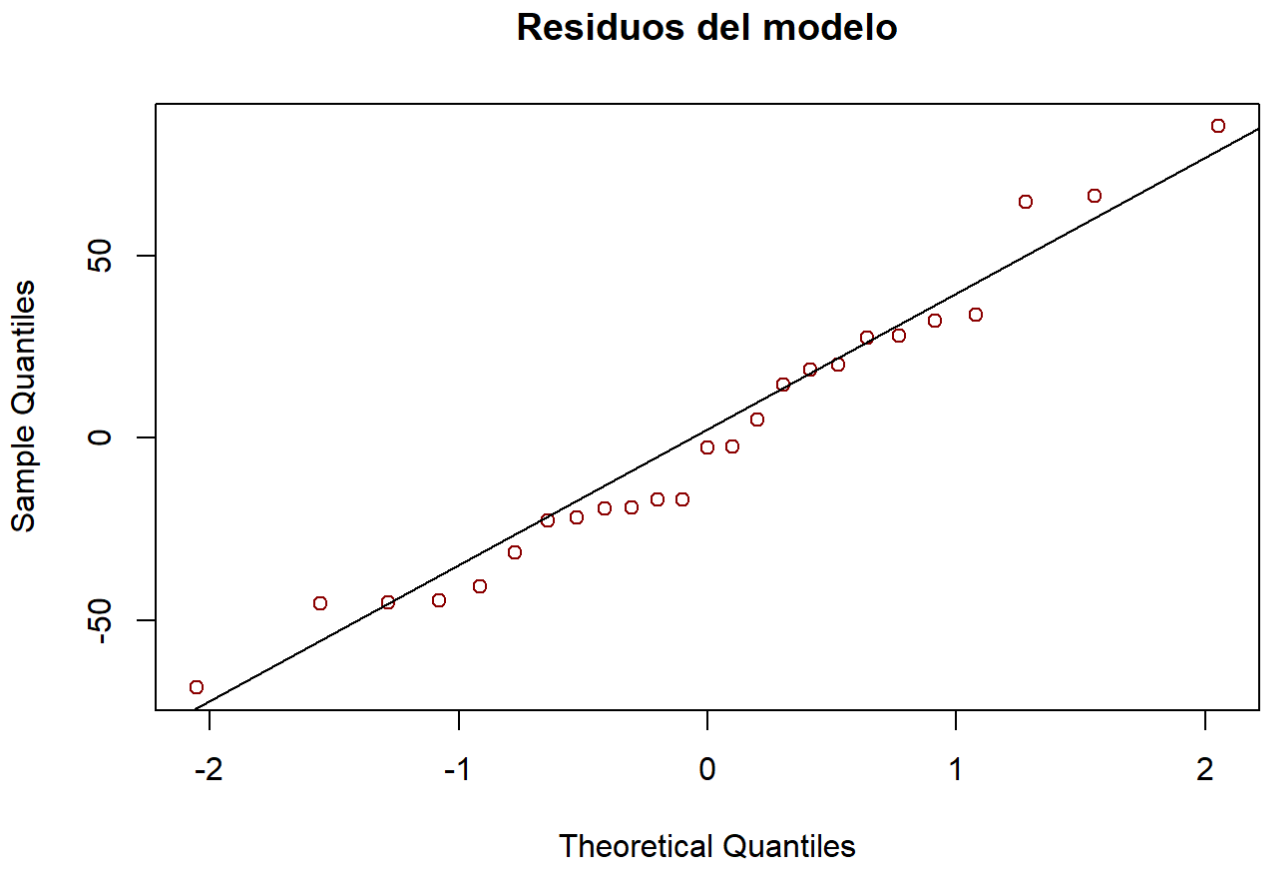


Grafico QQ

Hide

```
qqnorm(model$residuals, main = "Residuos del modelo", col = "darkred")
qqline(model$residuals)
```



De los resultados anteriores se puede suponer que los residuos del modelo siguen una distribución normal y no son homocedasticos.

1.3. Transformación de Variables

Ejercicio 1.4.

Una empresa desarrolló un sistema de energía solar para calentar el agua para una caldera que es parte del sistema de energía del proceso productivo. Existe el interés de controlar la estabilidad del sistema, para ello se monitorea el mismo y se registran los datos cada hora. Los datos se encuentran disponibles en el archivo energia.xlsx

(a)

Realizar el diagrama de dispersión y evaluar si un modelo de regresión lineal es adecuado.

(b)

Estimar un modelo lineal y verificar la normalidad de los residuos del mismo.

(c)

En caso de rechazar este supuesto buscar una transformación lineal para este modelo y aplicarla.

(d)

Realizar el análisis diagnóstico del nuevo modelo y estimar un intervalo de confianza y un intervalo de predicción para 27.5 hs con ambos modelos. Comparar los intervalos.