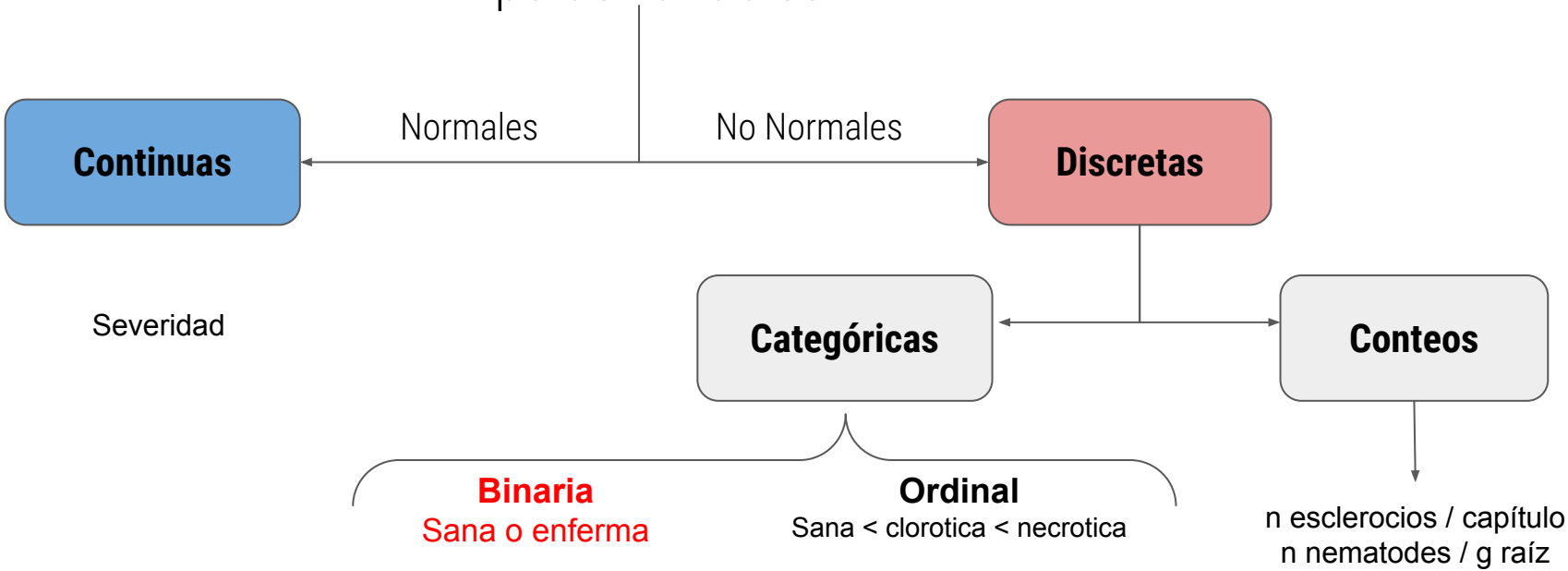

75 AÑOS INTA BALCARCE
Ciclo de workshops de análisis de datos en epidemiología
10 de JUNIO 10 am
GLM para análisis de datos en fitopatología (I)
Dr. Juan Edwards Molina (INTA Balcarce)
Inscripción gratuita
https://bit.ly/workshopanalisis
Probability
10
15
20
25
30
35
Your X Variable
Proyectos INTA I090 - I074
Programa Nacional Protección Vegetal de INTA
INTA
Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca
Argentina

Evaluación visual de enfermedades



Normal	Binomial	Reg. ordinal o multinomial	Poisson
Modelos Lineales **LM**	Modelos lineales generalizados - **GLM**		

¿Qué hacemos?

¿Adecuamos nuestros datos a las técnicas analíticas?

o mejor

¿las técnicas analíticas a nuestros datos?

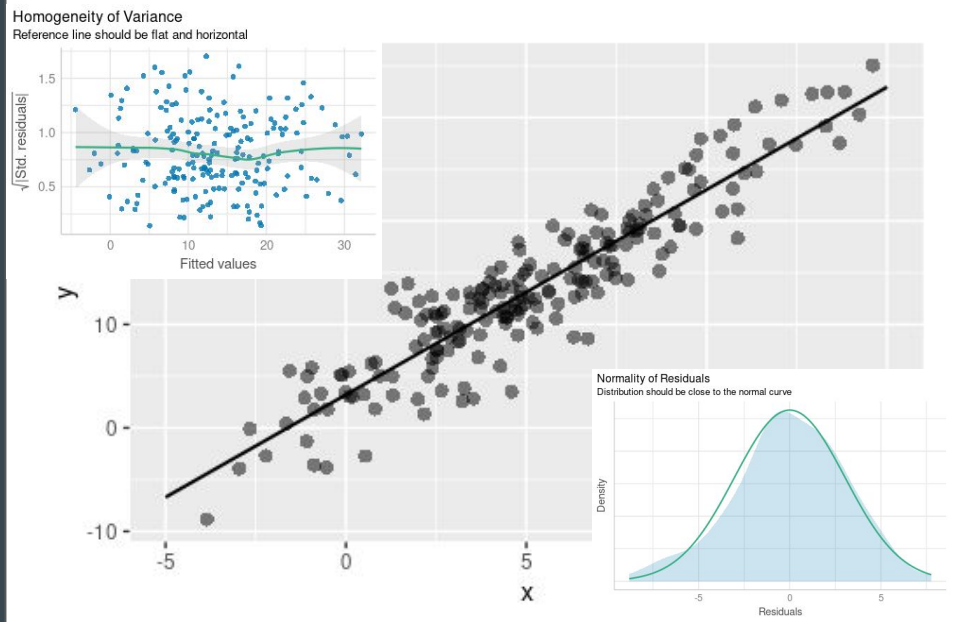
Modelos lineales (LM)

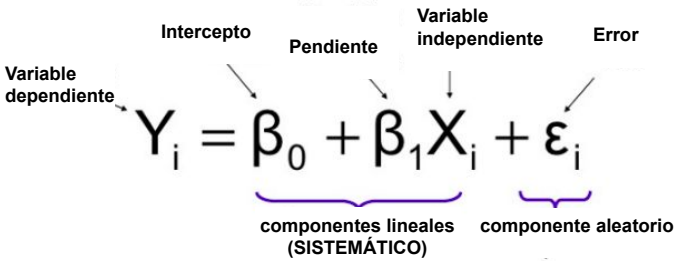
Técnica estadística para modelar **relaciones lineales** entre una variable dependiente y una o múltiple variables independientes.

Supuestos:

- independencia de las observaciones
- homocedasticidad de la varianza
- normalidad de los residuos

Regresión lineal





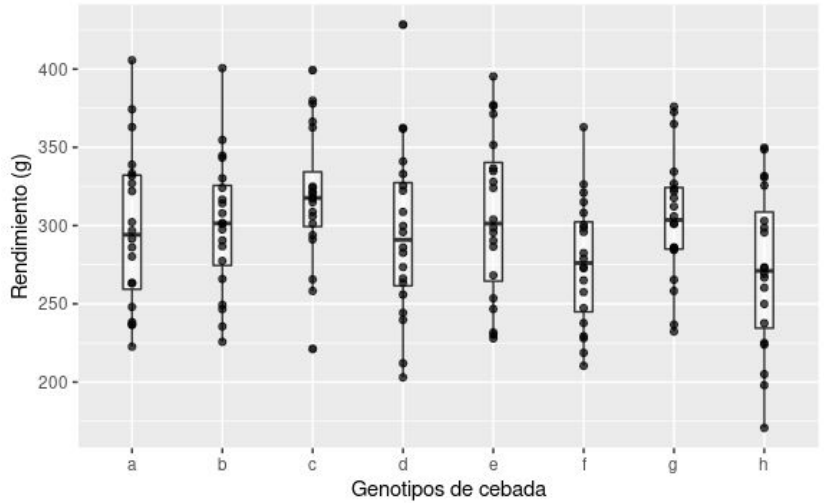
Modelos lineales (LM)

Técnica estadística para modelar **relaciones lineales** entre una variable dependiente y una o múltiple variables independientes.

Supuestos:

- independencia de las observaciones
- homocedasticidad de la varianza
- normalidad de los residuos

DBCA



Variable respuesta para el i-trt en el j-bk | **Constante Media gral.** | **Efecto del *i*-trt** | **Efecto del *j*-bk** | **Residual**

$$Y_{ij} = \theta + \tau_i + b_j + e_{ij}$$

$e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$

$b_j \sim N(0, \sigma_b^2)$

Modelos lineales generalizados (GLM)

Generalización flexible de los LM que admite variables respuesta con distribución de error distinta de una normal, al permitir que el componente lineal se relacione con la variable respuesta a través de una **función de enlace** (link).

Una propiedad de distribuciones no-normales, en general, es que la **varianza** de la distribución es **función de la media.** Esto significa que los niveles de un factor (tratamientos) tendrán diferentes varianzas (violación a los supuestos de los LM : varianzas constantes)

Supuestos

- Independencia de Y (como fueron tomados los datos? qué tipo?)
- Correcta función de enlace
- Ausencia de observaciones influyentes

LM

Componente sistemático (pred. lineal)

$$\mu = \beta_0 + \beta_1 x$$

Componente aleatorio

$$y_i = \text{Normal}(\mu_i)$$

GLM

Componente sistemático (pred. lineal)

$$\eta = \beta_0 + \beta_1 x$$

Función de enlace

$$\eta = \text{link}(\mu)$$

Componente aleatorio

$$y_i = \text{distribución}(\mu_i)$$

GLM
para variable binomial

Regresión logística

Componente sistemático

$$\eta = \beta_0 + \beta_1 x$$

Función de enlace

$$\eta = \text{logit}(\mu_i) = \log(\mu_i / 1-\mu_i)$$

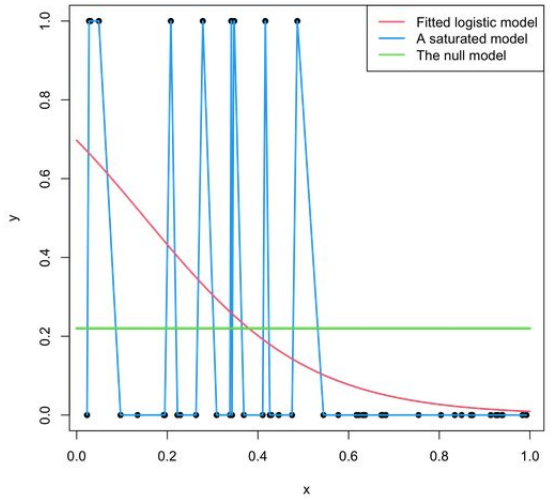
Componente aleatorio

$$y_i = \text{binomial}(\mu_i)$$

GLM
para variable binomial

Análisis de deviance

Generalización del análisis de la varianza para los GLM obtenido para una secuencia de modelos anidados (cada uno incluyendo más términos que los anteriores).
La deviance mide la desviación del GLM con respecto a un modelo perfecto para la muestra (modelo saturado), la cual se ajusta perfectamente a los datos



Modelo lineal generalizado para variable conteo

Regresión poisson

Componente sistematico

$$\eta = \beta_0 + \beta_1 x$$

Función de enlace

$$\eta = \log(\mu)$$

Componente aleatorio

$$y_i = \text{poisson}(\mu_i)$$

Variables Binomiales I

Incidencia

- Nivel intra-planta
  - frutas de naranja con antracnosis 10.1094/PDIS-01-19-0068-RE
  - virus: ToCV en hojas de tomate ($elisa^-$=0 ; $elisa^+$=1) 10.1094/phyto-06-18-0203-r
- Nivel parcela
  - Vainas de maní fuera del estándar comercial (No=1; Si=0) 10.1016/j.cropro.2020.105403
- Nivel lote
  - CABMV virus en plantas de maracuya (0-1) 10.1111/ppa.13054

Prevalencia

- Ausencia / presencia de phomopsis del girasol en un lote

Otros

- ¿Se solventó el tratamiento fungicida? No=0; Si=1
- ¿Se alcanzó el umbral de aplicación? No=0; Si=1

Medidas de frecuencia

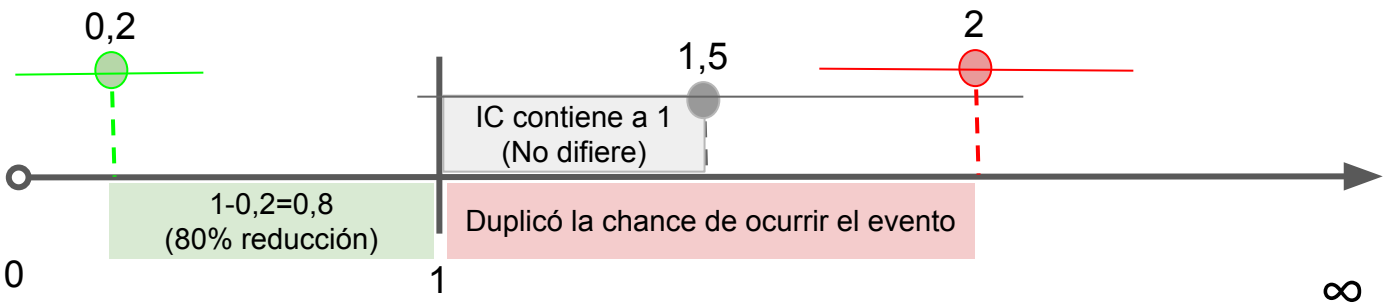
Medida de efecto

Probabilidad	Nº de eventos favorables / Nº de eventos **totales**	**[0;1]**
Riesgo	Probabilidad de que ocurra un evento "negativo"	
Odds	Nº de eventos favorables / Nº de eventos **desfavorables**	

Odds = $p/(1-p)$ = *p* de que ocurra / *p* de que no ocurra

Odds ratio = $\text{Odds}_{trat} / \text{Odds}_{control}$

Interpretación



log odds	$$logit(p_i) = log\left(\frac{p_i}{1-p_i}\right) = \alpha + \beta_1 x_1 + \cdots + \beta_n x_n$$
odds	$$\frac{p}{1-p} = exp(\beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i})$$
p(Y|X)	$$Pr(y_i = 1) = \frac{exp(\beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i})}{1 + exp(\beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i})}$$

Así se estiman los coeficientes con GLM

así podemos reportar los efectos de las predictoras

predecimos la probabilidad para valores de X

R - Outline

1. Repaso de conceptos básicos
2. DBCA (análisis de deviance) - *data phomopsis*
    a. Ajuste mediante LM y GLM - comparación
    b. Diagnósticos
    c. Interpretacion de coeficientes (log OR, OR, p)
3. Regresión logística - *data maracuyá*
    a. Single / multiple-point assessment
    b. Curva de progreso de la incidencia
    c. Predicciones

Conclusiones

1. Ajustamos la técnica de análisis a la naturaleza de nuestros datos
    a. Vimos que no llegamos a conclusiones similares mediante LM vs GLM
2. Los modelos mixtos nos permiten lidiar con la violacion de algunos supuestos de los GLM (independencia de las observaciones)
3. Actualmente hay paquetes de R para realizar el workflow completo de análisis (sin recurrir a cálculos manuales)

Sintaxis en R

Efectos fijos	Efectos mixtos
• {stats} lm	• {lme4} lmer • {nlme} lme +permite modelar varianza
• {stats} **glm** +family=quasibinomial	• {lme4} **glmer** • {glmmTMB} glmmTMB +tienen muchas alternativas de distribuciones • {MASS} glmmPQL (Penalized Quasi-Likelihood)

Distribución Binomial - propiedades

Y: Número de individuos con cierta carácter (EXITOS, ej., enfermedad) en una unidad experimental o muestral (ej., parcela, planta) – respuesta
n: Número de individuos observados para el carácter (ej., plantas)
p: Parámetro de localización: probabilidad de un carácter, como una enfermedad (ej., probabilidad de que una hoja, planta, etc., está enferma) (análogo a μ de normal)

- Para una simple muestra aleatoria de n plantas, la incidencia de la enfermedad (como proporción) es una estimación de **p**
- La varianza de la distribución condicional de Y es **np(1-p)** , completamente definida por **n** y **p**

Cuanto mayor n, Bin(p, n) se aproxima a la distribución normal para una muestra simple, con media **np** , y varianza **np(1-p)**

Recursos

Workshop 6: Generalized linear models

Chapter 5 Generalized linear models | Notes for Predictive Modeling

Logistic regression

Regresion Logistica: Interpretacion de Coeficientes. Pronosticos.

https://stats.oarc.ucla.edu/r/dae/logit-regression/

Using R to make sense of the generalised linear model | BARELY SIGNIFICANT

https://rpubs.com/benhorvath/logistic_regression

https://sphweb.bumc.bu.edu/otlt/mph-modules/bs/bs704-ep713_multivariablemethods/BS704-EP713_MultivariableMethods4.html

http://umh1480.edu.umh.es/wp-content/uploads/sites/44/2013/02/tema_5_1.pdf

http://glmm.wikidot.com/examples

https://stats.stackexchange.com/questions/185491/diagnostics-for-generalized-linear-mixed-models-specifically-residuals