# Ejemplo Practico

1. **Relevancia Teórica**:
   * **Género (fem)**: Hay un interés teórico en cómo el género puede influir en la producción académica, dado que existen estudios previos que indican diferencias de género en la producción científica.
   * **Producción del Mentor (ment)**: El desempeño del mentor es una variable relevante, ya que puede reflejar el apoyo y la calidad de la supervisión académica, lo cual podría influir directamente en la productividad del estudiante.

**Diversidad de Tipos de Variables**:

* **Categórica (fem)**: Es una variable categórica que permite observar diferencias entre grupos.
* **Continua (ment)**: Es una variable continua que permite examinar la relación lineal y no lineal con la producción de artículos

**Diversidad de Tipos de Variables**:

* **Categórica (fem)**: Es una variable categórica que permite observar diferencias entre grupos.
* **Continua (ment)**: Es una variable continua que permite examinar la relación lineal y no lineal con la producción de artículos

# ***CODIGO:***

# Instalar y cargar paquetes necesarios

install.packages("pscl")

install.packages("ggplot2")

library(pscl)

library(ggplot2)

# Cargar los datos

data(bioChemists)

?bioChemists

# Ajustar modelos de exceso de ceros

# Modelo ZIP con 'fem'

zip\_model\_fem <- zeroinfl(art ~ fem | fem, data = bioChemists, dist = "poisson")

summary(zip\_model\_fem)

# Modelo ZINB con 'fem'

zinb\_model\_fem <- zeroinfl(art ~ fem | fem, data = bioChemists, dist = "negbin")

summary(zinb\_model\_fem)

# Modelo ZIP con 'ment'

zip\_model\_ment <- zeroinfl(art ~ ment | ment, data = bioChemists, dist = "poisson")

summary(zip\_model\_ment)

# Modelo ZINB con 'ment'

zinb\_model\_ment <- zeroinfl(art ~ ment | ment, data = bioChemists, dist = "negbin")

summary(zinb\_model\_ment)

# Comparación de AIC de todos los modelos ajustados

aic\_values <- AIC(zip\_model\_fem, zinb\_model\_fem, zip\_model\_ment, zinb\_model\_ment)

print(aic\_values)

# Visualización de los modelos ajustados

# Residuales del modelo ZINB con 'fem'

residuals\_zinb\_fem <- residuals(zinb\_model\_fem, type = "pearson")

ggplot(data.frame(residuals = residuals\_zinb\_fem), aes(x = residuals)) +

geom\_histogram(binwidth = 0.5, fill = "blue", color = "black") +

labs(title = "Distribución de los Residuales Pearson del Modelo ZINB (fem)", x = "Residuales", y = "Frecuencia")

# Residuales del modelo ZINB con 'ment'

residuals\_zinb\_ment <- residuals(zinb\_model\_ment, type = "pearson")

ggplot(data.frame(residuals = residuals\_zinb\_ment), aes(x = residuals)) +

geom\_histogram(binwidth = 0.5, fill = "blue", color = "black") +

labs(title = "Distribución de los Residuales Pearson del Modelo ZINB (ment)", x = "Residuales", y = "Frecuencia")

#COMPARACION POR R CUADRADO Y OTRO METODO

install.packages('performance')

library(performance) # Para calcular R^2

# Calcular R^2 para modelos

r2\_zip\_fem <- model\_performance(zip\_model\_fem)

r2\_zinb\_fem <- model\_performance(zinb\_model\_fem)

r2\_zip\_ment <- model\_performance(zip\_model\_ment)

r2\_zinb\_ment <- model\_performance(zinb\_model\_ment)

# Mostrar los resultados

r2\_zip\_fem

r2\_zinb\_fem

r2\_zip\_ment

r2\_zinb\_ment

###DISENO BONITO

library(knitr)

# Crear las tablas

tabla\_r2\_zip\_fem <- kable(as.data.frame(r2\_zip\_fem), caption = "R^2 para modelo ZIP con 'fem'", align = "c")

tabla\_r2\_zinb\_fem <- kable(as.data.frame(r2\_zinb\_fem), caption = "R^2 para modelo ZINB con 'fem'", align = "c")

tabla\_r2\_zip\_ment <- kable(as.data.frame(r2\_zip\_ment), caption = "R^2 para modelo ZIP con 'ment'", align = "c")

tabla\_r2\_zinb\_ment <- kable(as.data.frame(r2\_zinb\_ment), caption = "R^2 para modelo ZINB con 'ment'", align = "c")

# Combinar las tablas en una sola

tabla\_completa <- cbind(tabla\_r2\_zip\_fem, tabla\_r2\_zinb\_fem, tabla\_r2\_zip\_ment, tabla\_r2\_zinb\_ment)

# Mostrar la tabla completa

tabla\_completa

#DISENO

library(plotly)

# Crear los datos

modelos <- c("ZIP con fem", "ZINB con fem", "ZIP con ment", "ZINB con ment")

r2\_values <- c(r2\_zip\_fem$r.squared, r2\_zinb\_fem$r.squared, r2\_zip\_ment$r.squared, r2\_zinb\_ment$r.squared)

# Crear el gráfico interactivo

plot\_ly(x = modelos, y = r2\_values, type = 'bar', name = 'R^2') %>%

layout(title = "Comparación de R^2 para modelos ZIP y ZINB",

xaxis = list(title = "Modelos"),

yaxis = list(title = "R^2"),

barmode = 'group')

#

# Instalar y cargar paquetes necesarios

install.packages("plotly")

library(plotly)

# Convertir los resultados a formato de data frame

df\_r2\_zip\_fem <- as.data.frame(r2\_zip\_fem)

df\_r2\_zinb\_fem <- as.data.frame(r2\_zinb\_fem)

df\_r2\_zip\_ment <- as.data.frame(r2\_zip\_ment)

df\_r2\_zinb\_ment <- as.data.frame(r2\_zinb\_ment)

# Crear tablas en formato HTML

tabla\_r2\_zip\_fem <- plot\_ly(type = "table", header = list(values = colnames(df\_r2\_zip\_fem)), cells = list(values = df\_r2\_zip\_fem)) %>%

layout(title = "R^2 para modelo ZIP con 'fem'")

tabla\_r2\_zinb\_fem <- plot\_ly(type = "table", header = list(values = colnames(df\_r2\_zinb\_fem)), cells = list(values = df\_r2\_zinb\_fem)) %>%

layout(title = "R^2 para modelo ZINB con 'fem'")

tabla\_r2\_zip\_ment <- plot\_ly(type = "table", header = list(values = colnames(df\_r2\_zip\_ment)), cells = list(values = df\_r2\_zip\_ment)) %>%

layout(title = "R^2 para modelo ZIP con 'ment'")

tabla\_r2\_zinb\_ment <- plot\_ly(type = "table", header = list(values = colnames(df\_r2\_zinb\_ment)), cells = list(values = df\_r2\_zinb\_ment)) %>%

layout(title = "R^2 para modelo ZINB con 'ment'")

# Combinar las tablas

tabla\_completa <- subplot(tabla\_r2\_zip\_fem, tabla\_r2\_zinb\_fem, tabla\_r2\_zip\_ment, tabla\_r2\_zinb\_ment, nrows = 2, shareX = TRUE)

# Mostrar la tabla completa

tabla\_completa

# CODIGO DE MAS ANTES DONDE ESTAN ALGUNOS MODELOS:

install.packages("pscl")

library(pscl)

data(package = "pscl")

library(pscl)

# Cargar el conjunto de datos bioChemists

data("bioChemists")

# Mostrar las primeras filas del conjunto de datos

head(bioChemists)

# Verificar si alguna variable tiene un exceso de ceros

summary(bioChemists)

View(bioChemists)

?bioChemists

hist(bioChemists$art)

hist(bioChemists$fem)

hist(bioChemists$mar)

hist(bioChemists$kid5)

hist(bioChemists$phd)

hist(bioChemists$ment)

str(bioChemists)

##

install.packages("pscl")

library(pscl)

# Supongamos que deseas ajustar un modelo ZI a la variable "art" en tus datos

# Primero, crea un data frame solo con la variable de interés

datos\_art <- data.frame(bioChemists)

# Ajustar un modelo ZI a los datos

modelo\_zi <- zeroinfl(art ~ ., data = bioChemists, dist = "negbin")

?zeroinfl

# Resumen del modelo

summary(modelo\_zi)

mejor\_modelo <- stepAIC(modelo\_zi, direction = "both")

print(summary(mejor\_modelo))

#mejor modelo

modelo\_zi <- zeroinfl(art ~ fem + mar + kid5 + ment, data = bioChemists, dist = "negbin")

summary(modelo\_zi)

###

install.packages("pscl")

library(pscl)

# Calcula el pseudo-R^2 para el modelo ZI

pseudo\_R2 <- pR2(modelo\_zi)

# Calcular el R^2 de McFadden

pseudo\_R2 <- pR2(modelo\_zi)

pseudo\_R2["McFadden"]

###

# Ajustar el modelo ZI con distribución de Poisson

modelo\_zi\_poisson <- zeroinfl(art ~ fem + mar + kid5 + ment, data = bioChemists, dist = "poisson")

summary(modelo\_zi\_poisson)

# Instalar y cargar el paquete "pscl"

# Calcular el pseudo-R^2 para el modelo ZI con distribución de Poisson

pseudo\_R2\_poisson <- pR2(modelo\_zi\_poisson)

# Mostrar el R^2 de McFadden

pseudo\_R2\_poisson["McFadden"]

##

# Ajustar el modelo Hurdle a tus datos

modelo\_hurdle <- hurdle(art ~ fem + mar + kid5 + ment, data = bioChemists, dist = "negbin")

# Resumen del modelo

summary(modelo\_hurdle)

bioChemists$fem <- as.numeric(bioChemists$fem) - 1 # Suponiendo que "Men" es 0 y "Women" es 1

bioChemists$mar <- as.numeric(bioChemists$mar) - 1 # Suponiendo que "Single" es 0 y "Married" es 1

modelo\_nb\_cuadratico <- zeroinfl(art ~ fem + mar + kid5 + ment + I(fem^2) + I(mar^2) + I(kid5^2) + I(ment^2),

data = bioChemists, dist = "negbin")

# Resumen del modelo binomial negativo cuadrático

summary(modelo\_nb\_cuadratico)