Estatística Aplicada II

Segunda Lista de Exercícios

SAMUEL KOJICOVSKI

Utilizar a base de dados "prostate" que encontra-se na aba arquivos do TEAMS, explicações do que se trata esta base de dados pode ser encontrado em: https://rafalab.github.io/pages/649/prostate.html

Com a base de dados "prostate" obter os seguintes resultados com o auxílio do "R"

a) Elaborar a regressão linear preliminar com as seguintes variáveis:

Variável dependente: Icavol;

Variáveis explicativas: lweight, age, lbph, svi, lcp, gleason, pgg45, lpsa

```
lm(formula = lcavol \sim lweight + age + lbph + svi + lcp + gleason +
    pgg45 + 1psa, data = prostate
Residuals:
                    Median
    Min
               10
                                 30
-1.88603 -0.47346 -0.03987 0.55719 1.86870
Coefficients:
             Estimate Std. Error t value
                                              Pr(>|t|)
                        1.259683
                                 -1.794
(Intercept) -2.260101
                                                0.0762
lweight
           -0.073166
                        0.174450
                                 -0.419
                                                0.6759
            0.022736
                        0.010964
                                   2.074
                                                0.0410 *
age
1bph
                        0.058084
                                 -1.506
                                                0.1358
            -0.087449
svi
            -0.153591
                        0.253932
                                  -0.605
                                                0.5468
            0.367300
                        0.081689
                                   4.496 0.00002098941 ***
1cp
            0.190759
                        0.154283
                                   1.236
                                                0.2196
gleason
pgg45
            -0.007158
                        0.004326 -1.654
                                                0.1016
            0.572797
                        0.085790
                                   6.677 0.00000000211 ***
lpsa
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 0.6998 on 88 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.6769,
                              Adjusted R-squared: 0.6475
F-statistic: 23.04 on 8 and 88 DF, p-value: < 2.2e-16
```

b) Testar outliers pelas técnicas de Grubbs, qui-quadrado, Bonferroni e da Distância de Cook e eliminar observações se necessário.

Teste de Grubbs

Como p-value é maior que 0.05, não há necessidade de remoção de outlier.

```
Grubbs test for one outlier

data: prostate$residuos
G.69 = 2.81502, U = 0.91659, p-value = 0.3996
alternative hypothesis: lowest value -1.88603397103562 is an outlier
```

Teste qui-quadrado

Como p-value é menor que 0.05, existe outlier e o seu valor é -1.88603397103562

```
chi-squared test for outlier

data: prostate$residuos

X-squared.69 = 7.9244, p-value = 0.004877

alternative hypothesis: lowest value -1.88603397103562 is an outlier
```

Nova rodada com qui-quadrado, com p-value agora menor que 0,05.

```
chi-squared test for outlier
data: prostate$residuos
X-squared.69 = 7.9244, p-value = 0.004877
alternative hypothesis: lowest value -1.88603397103562 is an outlier
```

Teste Bonferroni

```
No Studentized residuals with Bonferroni p < 0.05
Largest |rstudent|:
    rstudent unadjusted p-value Bonferroni p
69 -2.976271     0.0037776     0.36643
```

Nova rodada com teste Bonferroni, agora com p-value maior que 0,05, portanto, não necessário remoção de outlier.

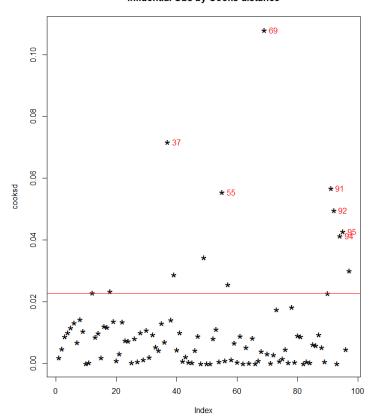
```
No Studentized residuals with Bonferroni p < 0.05
Largest |rstudent|:
   rstudent unadjusted p-value Bonferroni p
55 2.875127 0.0050893 0.48858
```

Distância de cook

Outliers encontrados no teste

7	‡ A tik	ble	: 7 x 1	.3								
	1cavo	ol 1	weight	age	1bph	svi	1cp	gleason	pgg45	1psa	ObsNumber	residuos
	<db< td=""><td>7></td><td><db1></db1></td><td><db7></db7></td><td><db1></db1></td><td><db1></db1></td><td><db1></db1></td><td>_ <db1></db1></td><td><db1></db1></td><td><db1></db1></td><td><int></int></td><td><db1></db1></td></db<>	7>	<db1></db1>	<db7></db7>	<db1></db1>	<db1></db1>	<db1></db1>	_ <db1></db1>	<db1></db1>	<db1></db1>	<int></int>	<db1></db1>
:	1.42	2	3.66	73		0	1.66	8	15	2.16	37	-1.02
1	3.1	5	3.52	59		0		7	5	2.70	55	1.87
	-0.44		4.41	69		0		6	0	2.96	69	-1.89
4	3.25	5	4.10	68		0		6	0	4.03	91	1.20
!	2.53	}	3.68	61	1.35	1		7	15	4.13	92	0.863
(3.82	2	3.90	44		1	2.17	7	40	4.68	94	0.869
7	2.91	L	3.40	52		1	2.46	7	10	5.14	95	-0.849
7	‡ v	vith	2 more	varia	ıbles:	cooksd	<db1>,</db1>	, outlie	r <chr></chr>	-		

Influential Obs by Cooks distance



c) Testar normalidade por Kolmogorov-Smirnov e Shapiro-Wilk.

Kolmogorov-Smirnov

Para n=96 → D= 1/raiz(96) = 0,102, como D calculado é menor que tabelado, aceita-se H0. Portanto, como p-value é maior que 0.05, a distribuição é normal, aceita-se a normalidade.

```
Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
data: residuos
D = 0.066595, p-value = 0.3689
```

Shapiro-Wilk

Valor de "W" calculado menor que "W" tabelado, portanto, aceita-se H0. Com um p-value maior que 0.05, distribuição normal.

```
Shapiro-Wilk normality test
data: residuos
W = 0.98198, p-value = 0.2106
```

d) Testar autocorrelação e corrigir com HAC se for o caso.

Dwtest

Não há autocorrelação, dado que p-value é maior que 0,05.

```
Durbin-Watson test

data: lcavol ~ lweight + age + lbph + svi + lcp + gleason + pgg45 + lpsa

DW = 2.3129, p-value = 0.9318

alternative hypothesis: true autocorrelation is greater than 0
```

e) Testar heterocedasticidade e corrigir se for o caso, com regressão robusta ou HC1.

Bptest

```
Breusch-Pagan test

data: lcavol ~ lweight + age + lbph + svi + lcp + gleason + pgg45 + lpsa
BP = 14.854, df = 8, p-value = 0.06205
```

```
> chisup <- qchisq(0.95, df=8)
> chisup
[1] 15.50731
```

Como o resultado do teste BP (14.854) é menor que o tabelado (15.50731), aceita-se a hipótese de homoscedasticidade.

f) Fazer regressão stepwise e obter a melhor regressão, apresentar o resultado do modelo.

Melhor modelo stepwise → result stepwise

```
lm(formula = lcavol ~ lcp + lpsa, data = prostate)
Residuals:
                  1Q Median
-1.65744 -0.54398 -0.05502 0.57163 2.07959
Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
                                        (Intercept) 0.09135
                            0.20527
                0.32837
                             0.06193
1cp
lpsa
                0.53162
                            0.07501
Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' 1
Residual standard error: 0.7092 on 94 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.6455, Adjusted R-squared: 0.65
F-statistic: 85.57 on 2 and 94 DF, p-value: < 2.2e-16
                                   Adjusted R-squared: 0.6379
```

g) Obter o AIC, BIC e AICc do melhor modelo selecionado.

O modelo selecionado para os testes AIC, BIC e AICc é o modelo utilizando todas as variáveis, pois, o melhor modelo stepwise teve um rendimento menor que o modelo preliminar.

```
> AIC (result)
[1] 216.5729
> BIC (result)
[1] 242.32
> library(AICcmodavg)
Warning message:
package 'AICcmodavg' was built under R version 4.0.5
> # AICc used for small samples
> AICc (result)
[1] 219.131
```

h) Estimar os Intervalos de confiança dos parâmetros.

Teste de performance e intervalos de confiança, comparando melhor modelo stepwise com modelo preliminar utilizando todas as variáveis.

```
model_performance(result)
              BIC |
                       R2 | R2 (adj.) | RMSE | Sigma
AIC
                                0.647 | 0.667 | 0.700
216.573 | 242.320 | 0.677 |
> model_performance(result_stepwise)
AIC
              BIC |
                       R2 | R2 (adj.) |
                                          RMSE | Siama
213.564 | 223.863 | 0.645 |
                                0.638 | 0.698 | 0.709
> confint(result)
                               97.5 %
                    2.5 %
(Intercept) -4.7634552328 0.243253740
            -0.4198499330 0.273517018
lweight
age
             0.0009476298 0.044524471
1bph
            -0.2028782827 0.027979871
            -0.6582274921 0.351044923
svi
1cp
             0.2049612566 0.529638732
gleason
            -0.1158467106 0.497363732
            -0.0157554674 0.001440317
pgg45
             0.4023082197 0.743286502
lpsa
> confint(result_stepwise)
                 2.5 %
                          97.5 %
(Intercept) -0.3162228 0.4989147
             0.2054207 0.4513289
1cp
             0.3826856 0.6805565
lpsa
```