Integrantes da Dupla

Marcos Cavalcanti - 1920533

Carlos Santos - 1910425

PARTE I

n <- 47 → Número de observações da amostra

p <- 6 → Número de parâmetros do modelo

y <- swiss\$Fertility

agr <- swiss\$Agriculture

exm <- swiss\$Examination

edc <- swiss\$Education

cth <- swiss\$Catholic

imt <- swiss\$Infant.Mortality</pre>

summary($Im(y \sim agr + exm + edc + cth + imt)$

```
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|) 66.91518 10.70604 6.250 1.91e-07 ***
(Intercept) 66.91518
              -0.17211
                            0.07030
                                       -2.448
                                                 0.01873
                                       -1.016
              -0.25801
                             0.25388
exm
              -0.87094
                             0.18303
                                         4.758 2.43e-05 ***
edc
cth
               0.10412
                             0.03526
                                         2.953
                                                 0.00519
               1.07705
                             0.38172
imt
```

```
t_{exm} <- abs(-1.016) t_{exm} <- abs(-1.016) t_{exm} <- abs(-2.953) t_{exm} <- abs(-2.448) t_{exm} <- abs(-4.758) t_{exm} <- abs(-2.822)
```

alfa <- 0.005 → Escolhemos um alfa bastante conservador, de 0,5%.

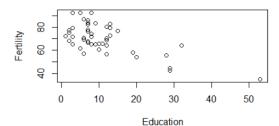
t <- abs(qt(alfa/2,n-p) → Agora vamos compará-lo com cada um dos 6 parâmetros do modelo.

t < t_icpt	t < t_exm	t < t_cth
[1] TRUE	[1] FALSE	[1] FALSE
t < t_agr	t < t_edc	t < t_imt
[1] FALSE	[1] TRUE	[1] FALSE

→ Interessante notar que quando optamos por um nível de significância bem restritivo, como o de 0,5%, apenas uma das variáveis regressoras se mostrou estatisticamente significativa. E, admiravelmente, essa variável foi o nível educacional da província.

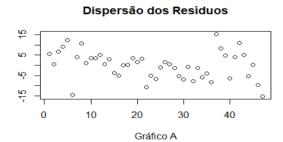
plot(edc,y,xlab = "Education",ylab = "Fertility", main = "Scatter Plot (edc,y)")

Scatter Plot (edc,y)



→ Agora vamos analisar a normalidade dos resíduos com um (a) gráfico de dispersão dos resíduos, (b) gráfico de probabilidade normal e (c) o nível de curtose da distribuição.

uhat <- residuals($Im(y \sim agr + exm + edc + cth + imt))$



Distribuição de Probabilidades Normal

curtose <- function(distribuicao) {mean(distribuicao^4)/(mean(distribuicao^2)^2)}

(c) curtose(uhat)

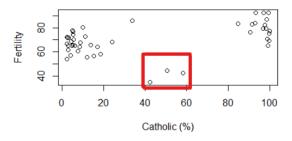
[1] 2.763938

→ Os resíduos parecem seguir uma característica normal, porém não *muito* forte. A medida da curtose ficou dentro de um intervalo considerável para uma v.a normal, [2.6,3.2], mas não tão próximo do resultado idealmente esperado que é o número 3.

PARTE II

plot(cth,y,xlab = "Catholic (%)",ylab = "Fertility",main = "Scatter Plot: (cth,y)")

Scatter Plot: (cth,y)



→ "min": população católica minoritária e "maj": população católica majoritária

fator <- c("min")

for(i in 2:n) { If(cth[i] < 50.00) { fator[i] <- c("min") } else { fator[i] <- c("maj") } }

fator <- factor(fator); anova(Im(y~fator))

. Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F) fator 1 1164.7 1164.68 8.7159 0.004998 ** Residuals 45 6013.3 133.63

→ Sim, é estatisticamente significativo! Podemos notar um valor-p abaixo de 0,05, o que nos fornece uma confiança de no mínimo 95%.