Hoja 7 de problemas y prácticas con R

Estadística Computacional I. Grado en Estadística

Marta Venegas Pardo

Contents

1 Ejercicio 1

1. Realizar un contraste bootstrap unilateral de hipótesis para comparar las desviaciones típicas a partir de las siguientes muestras:

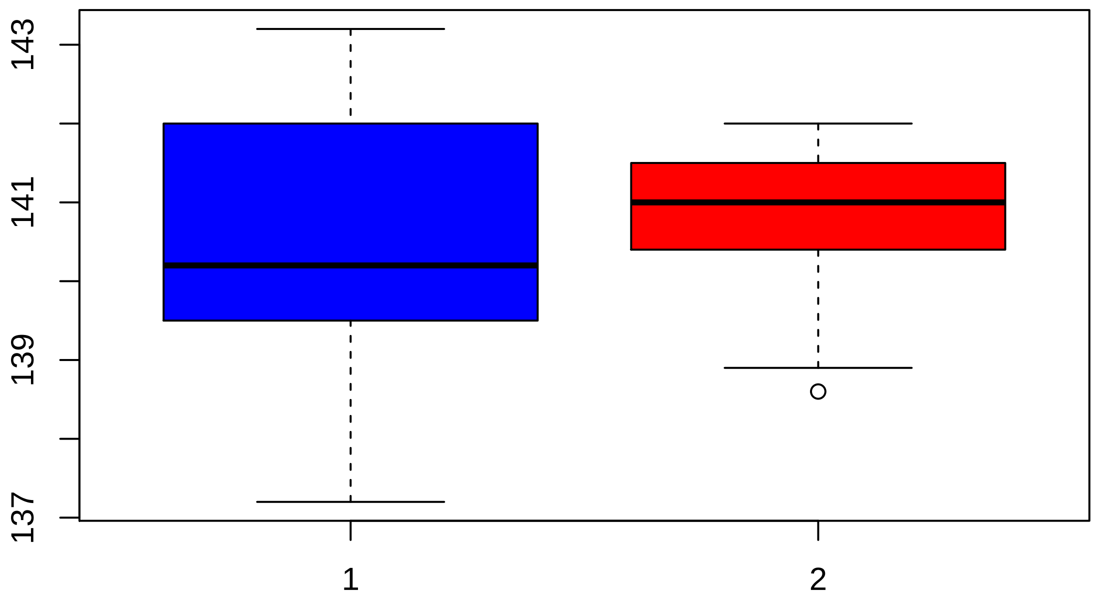
- x=c(137.9, 143, 143.2, 140, 140.2, 139.3, 141.4, 140.1, 142, 137.2, 139.5, 142.7, 141.3)
- y=c(141.6, 138.9, 140, 141.9, 140.5, 138.6, 141.5, 141.5, 140.7, 141.5, 140.4, 142,141)

$$H_0 : \sigma_1 \leq \sigma_2$$

Escribir las instrucciones R sin y con la librería boot.

1.1 Parte 1 (Contraste Bootstrap unilateral)

```
x<-c(137.9, 143, 143.2, 140, 140.2, 139.3, 141.4, 140.1, 142, 137.2, 139.5, 142.7, 141.3)
y<-c(141.6, 138.9, 140, 141.9, 140.5, 138.6, 141.5, 141.5, 140.7, 141.5, 140.4, 142,141)
nx<-length(x)
ny<-length(y)
boxplot(x,y,col=c("blue","red"))
```

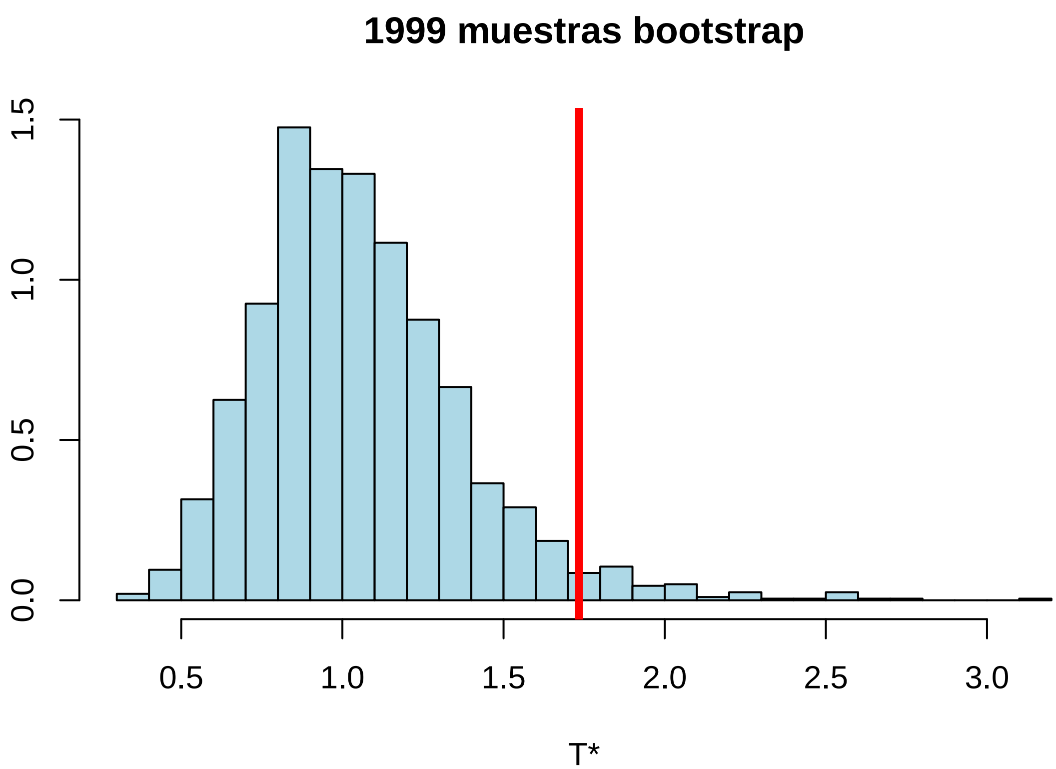



```
xy<-c(x,y)
nxy<-length(xy)
```

```
B<-1999
set.seed(125)
T0<-sd(x)/sd(y)
T0
```

```
## [1] 1.73431
```

```
Tast<-numeric(B)
for (b in 1:B)
  Tast[b]<-sd(sample(xy,nx,replace=TRUE))/sd(sample(xy,ny,replace=TRUE))

hist(Tast,br=30,col="lightblue",prob=TRUE,
     main=paste(B,"muestras bootstrap"),
     xlab="T*",ylab="")
abline(v=T0, lwd=4,col="red")
```




```
cat("p valor bootstrap unilateral (>) = ",(sum(Tast>=T0)+1)/(B+1),"\n")
```

```
## p valor bootstrap unilateral (>) =  0.0325
```

```
# Tast>=T0 Cuántas veces el estimador T asterisco es mayor que T0
```

Es menor que 0.05, por lo que rechazo H_0

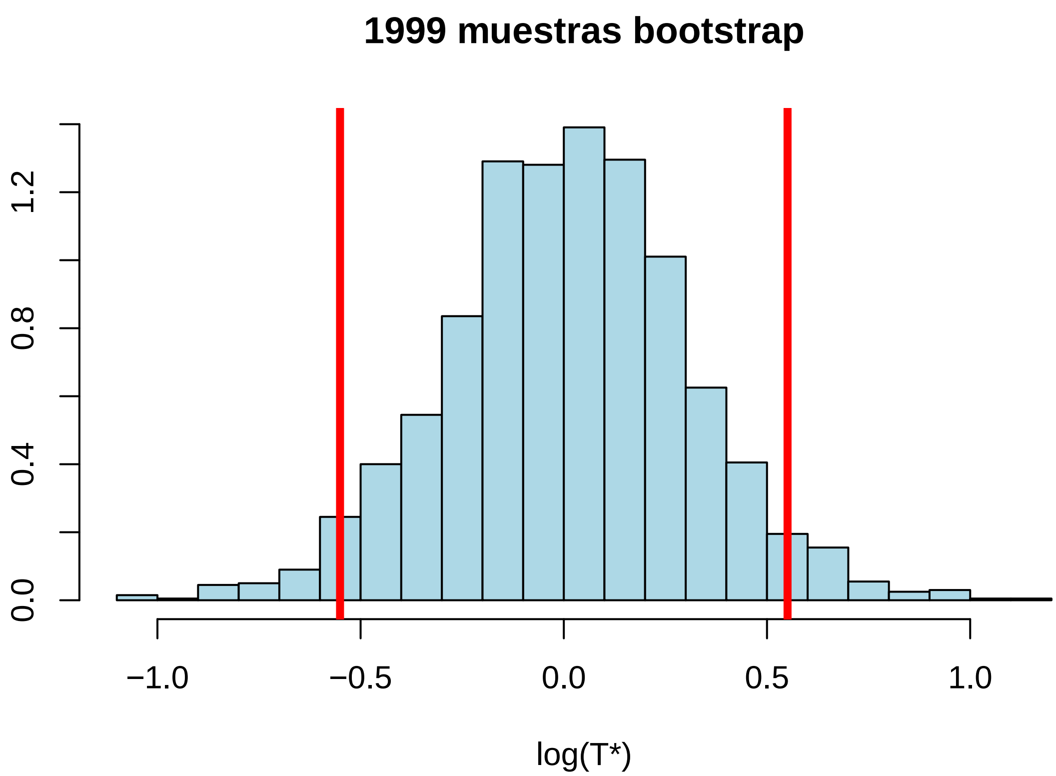
1.2 Paso 2 (bilateral)

Como tenemos cantidades positivas mayores que uno, es una buena opción para aplicar logaritmo.

```
#Para un contraste bilateral se puede trabajar con log(sd(x)/sd(y))
hist(log(Tast),br=30,col="lightblue",
     prob=TRUE, main=paste(B,"muestras bootstrap"),
     xlab="log(T*)",ylab="")
abline(v=log(T0), lwd=4,col="red")
cat("p valor bootstrap unilateral (>) = ",(sum(log(Tast)>=log(T0))+1)/(B+1),"\n")
```

```
## p valor bootstrap unilateral (>) =  0.0325
```

```
abline(v=-log(T0), lwd=4,col="red")
```



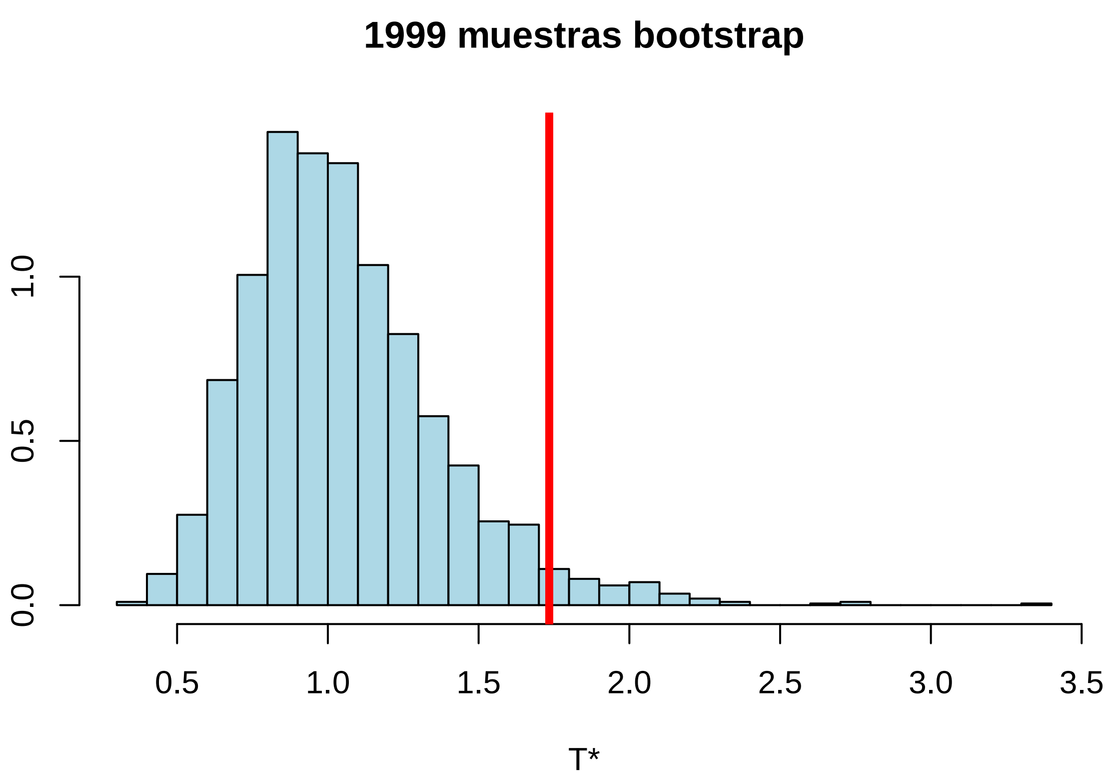

```r
cat("p valor bootstrap bilateral = ",
    (sum(abs(log(Tast))>=abs(log(T0)))+1)/(B+1),"\n")
```

```
## p valor bootstrap bilateral =  0.063
```

Acepto H_0

1.3 Parte 3 (Con la librería boot)

```r
library(boot)
cocboot=function(xy,indi,nx) {
  sd(xy[indi[1:nx]])/sd(xy[indi[-c(1:nx)]])
  }
resulboot=boot(xy,cocboot,nx=nx,R=1999)
hist(resulboot$t,br=30,col="lightblue",prob=TRUE,
     main=paste(B,"muestras bootstrap"),
     xlab="T*",ylab="")
abline(v=resulboot$t0, lwd=4,col="red")
```




```r
cat("p valor bootstrap unilateral (>) = ",
    (sum(resulboot$t>=resulboot$t0)+1)/(B+1),"\n")
```

```
## p valor bootstrap unilateral (>) =  0.038
```

P-valor muy pequeño, rechazo H_0

```r
T0
```

```
## [1] 1.73431
```

```r
resulboot$t0
```

```
## [1] 1.73431
```

```r
summary(Tast)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##  0.3414  0.8360  1.0135  1.0555  1.2233  3.1186
```

```r
summary(resulboot$t)
```

```
##        V1
##  Min.   :0.3874
##  1st Qu.:0.8283
##  Median :1.0076
##  Mean   :1.0558
##  3rd Qu.:1.2324
##  Max.   :3.3592
```

```r
cat("p valor bootstrap bilateral = ", (sum(abs(log(resulboot$t))>=abs(log(resulboot$t0)))+1)/(B+1),"\n")
```

```
## p valor bootstrap bilateral =  0.066
```

2 Ejercicio 2

2. Realizar mediante procedimientos bootstrap el contraste de hipótesis unilateral relativo a la posibilidad de que la primera componente principal del fichero iris de R explique más del 70% de la varianza total. Hacerlo directamente y con la ayuda de **boot**.

2.1 ACP

```
#Porcentaje de varianza explicada por la primera C.P.
##?Puede aceptarse que es superior al 70%?

##H0:PE1<=70; H1:PE1>70
set.seed(357)
data(iris) #?iris
```

```
ACP<- princomp(iris[,-5],cor=T)
summary(ACP)
```

```
## Importance of components:
##                           Comp.1    Comp.2     Comp.3      Comp.4
## Standard deviation     1.7083611 0.9560494 0.38308860 0.143926497
## Proportion of Variance 0.7296245 0.2285076 0.03668922 0.005178709
## Cumulative Proportion  0.7296245 0.9581321 0.99482129 1.000000000
```

```
ACP$loadings
```

```
##
## Loadings:
##              Comp.1 Comp.2 Comp.3 Comp.4
## Sepal.Length  0.521  0.377  0.720  0.261
## Sepal.Width  -0.269  0.923 -0.244 -0.124
## Petal.Length  0.580        -0.142 -0.801
## Petal.Width   0.565        -0.634  0.524
##
##                Comp.1 Comp.2 Comp.3 Comp.4
## SS loadings      1.00   1.00   1.00   1.00
## Proportion Var   0.25   0.25   0.25   0.25
## Cumulative Var   0.25   0.50   0.75   1.00
```

```
varcp<- ACP$sdev^2
sum(varcp)
```

```
## [1] 4
```

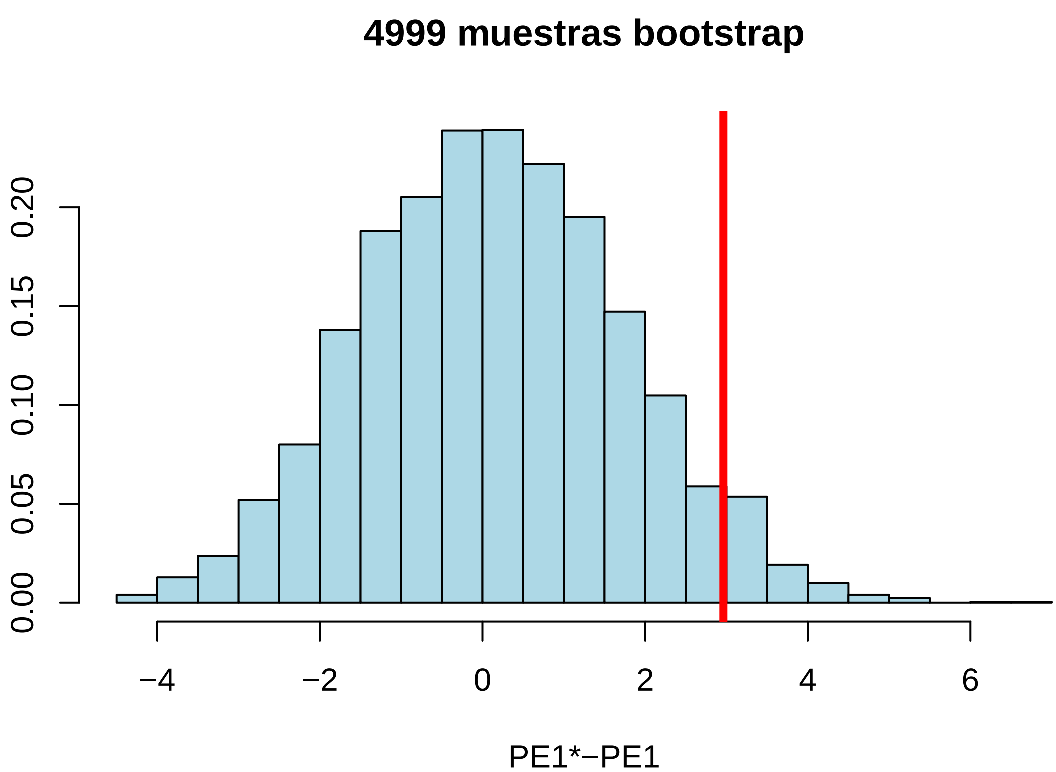
```
PE1_0<- 100*varcp[1]/sum(varcp)
dife0<- PE1_0-70
n<-nrow(iris)
indices<- 1:n

B<- 4999
difeBoot<- numeric(B)
for (i in 1:B)
  { if (i%%500==0) cat("Muestra bootstrap ",i,"\n")
  ACPBoot<- princomp(iris[sample(indices,rep=T),-5],cor=T)
  varcpboot<- ACPBoot$sdev^2
  PE1Boot<- 100*varcpboot[1]/sum(varcpboot)
```

```
  difeBoot[i]<- PE1Boot-PE1_0
  }
```

```
## Muestra bootstrap  500
## Muestra bootstrap  1000
## Muestra bootstrap  1500
## Muestra bootstrap  2000
## Muestra bootstrap  2500
## Muestra bootstrap  3000
## Muestra bootstrap  3500
## Muestra bootstrap  4000
## Muestra bootstrap  4500
```

2.2 Histograma y p-valor

```
hist(difeBoot,br=30, # 30 intervalos
     col="lightblue",prob=TRUE,
    main=paste(B,"muestras bootstrap"),
    xlab="PE1*-PE1",ylab="")
abline(v=dife0, lwd=4,col="red")
```



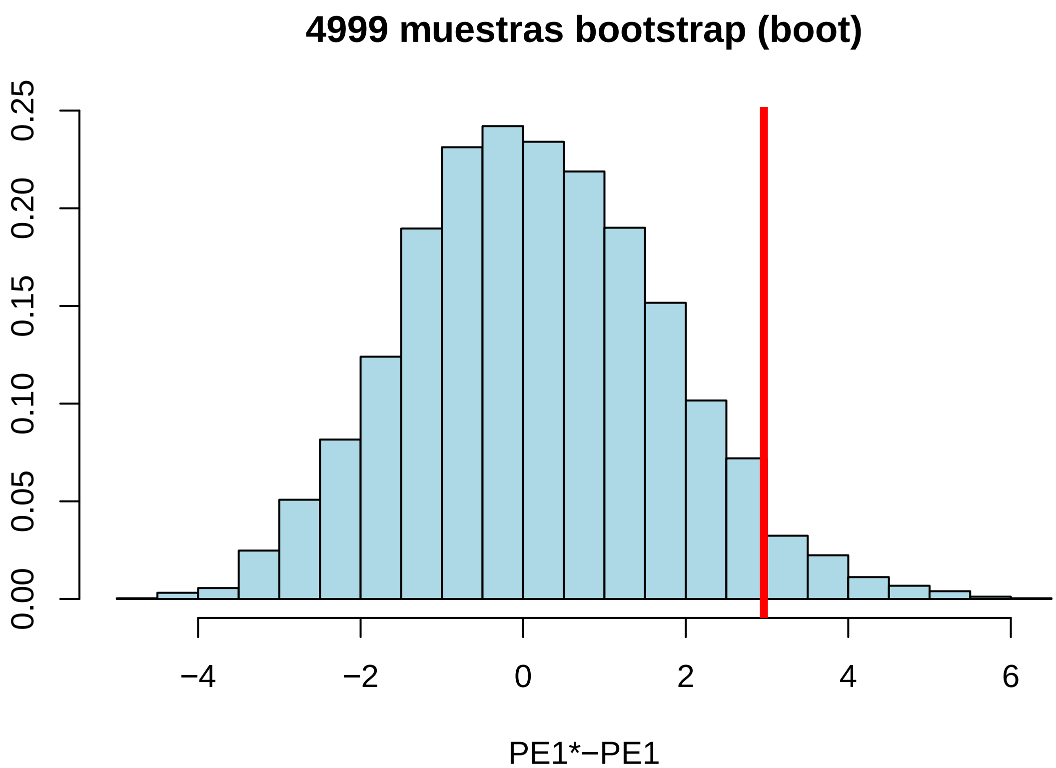

```
cat("p valor bootstrap unilateral (>) = ",
     (sum(difeBoot>=dife0)+1)/(B+1),"\n")
```

```
## p valor bootstrap unilateral (>) =  0.0472
```

2.3 Con librería BOOT

```r
library(boot)
calculoPE1boot=function(datos,indi) {
  ACPBoot<- princomp(iris[indi,-5],cor=T)
  varcpboot<- ACPBoot$sdev^2
  PE1<- 100*varcpboot[1]/sum(varcpboot)
  PE1
  }
resulboot=boot(iris,calculoPE1boot,R=4999)
```

```r
hist(resulboot$t-resulboot$t0, # hacemos la diferencia a la hora de representar
     br=30,
     col="lightblue",
     prob=TRUE,
     main=paste(B,"muestras bootstrap (boot)"),
     xlab="PE1*-PE1",ylab="")
abline(v=resulboot$t0-70, lwd=4,col="red")
```



3 Ejercicio 3 IC bootstrap para un cociente

3. Las siguientes instrucciones permiten definir dos variables en R que contienen las medidas de la corrosión (y) en 13 aleaciones de níquel-cobre, cada una de ellas con un contenido de hierro x. Es de interés el cambio en la corrosión cuando aumenta el nivel de hierro, comparado con la pérdida de corrosión cuando no hay hierro: β_1/β_0 en el modelo de regresión lineal.

Calcular intervalos de confianza bootstrap para dicho cociente.

- x<- c(0.01,0.48,0.71,0.95,1.19,0.01,0.48,1.44,0.71,1.96,0.01,1.44,1.96)
- y<- c(127.6,124,110.8,103.9,101.5,130.01,122,92.3,113.1,83.7,128,91.4,86.2)

Se sabe que un estimador de la varianza de β_1/β_0 mediante el método delta es:

$$\left(\frac{\hat{\beta}_1}{\hat{\beta}_0}\right)^2 \quad \left(\frac{\hat{v}(\hat{\beta}_1)}{\hat{\beta}_1^2} + \frac{\hat{v}(\hat{\beta}_0)}{\hat{\beta}_0^2} - \frac{2cov(\hat{\beta}_0, \hat{\beta}_1)}{\hat{\beta}_0\hat{\beta}_1}\right)$$

La función utilizada para calcular el estadístico de interés debe incluir también esta estimación de su varianza, para usarla en el método bootstrap-t.

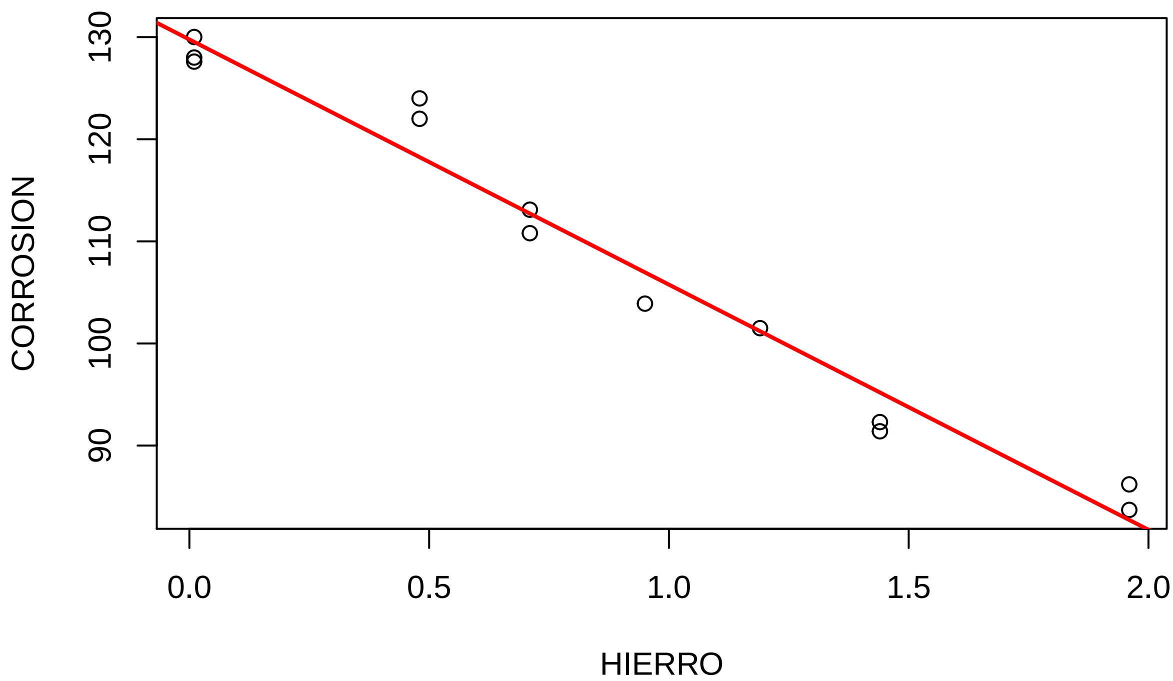
```
x<- c(0.01,0.48,0.71,0.95,1.19,0.01,0.48,1.44,0.71,1.96,0.01,1.44,1.96)
y<- c(127.6,124,110.8,103.9,101.5,130.01,122,92.3,113.1,83.7,128,91.4,86.2)
cor(x,y)
```

```
## [1] -0.9847401
```

```
plot(x,y,xlab="HIERRO",ylab="CORROSION",main="")
regrelin<- lm(y~x)
summary(regrelin)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = y ~ x)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.7987 -1.9277  0.2997  0.9845  5.7552
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  129.768      1.402   92.55  < 2e-16 ***
## x            -24.006      1.279  -18.77 1.06e-09 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 3.056 on 11 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9697, Adjusted R-squared:  0.967
## F-statistic: 352.2 on 1 and 11 DF,  p-value: 1.057e-09
```

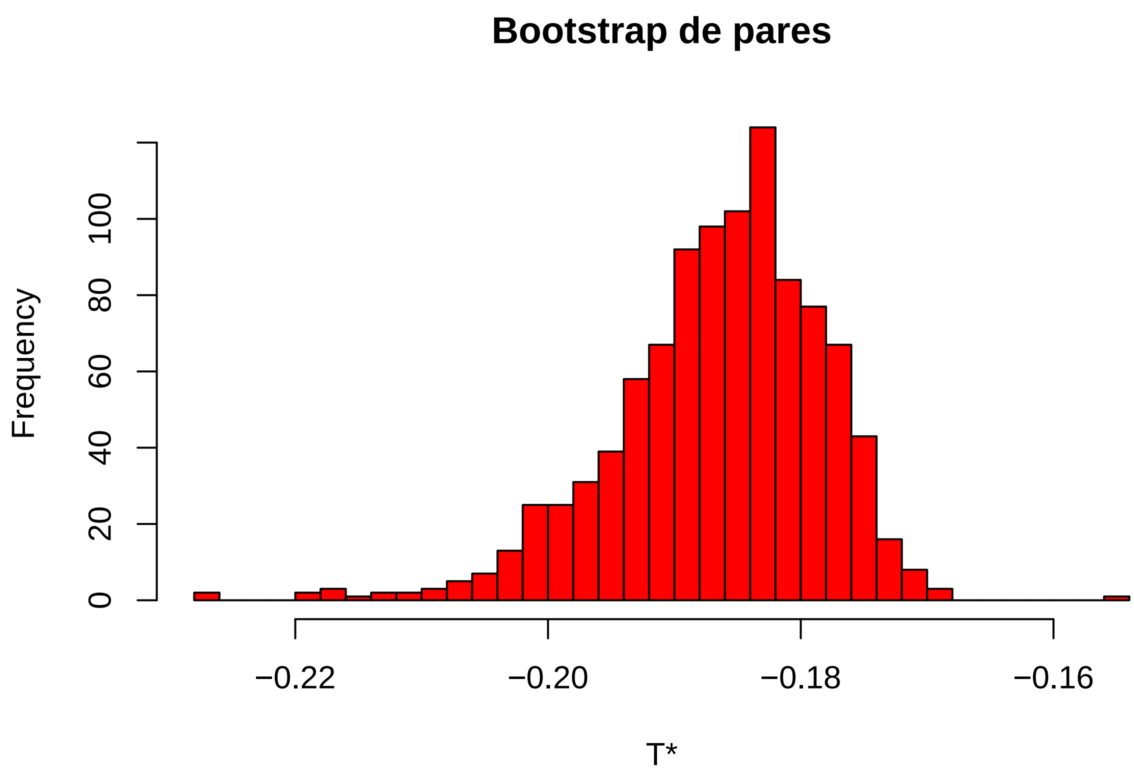
```
abline(regrelin,col="red",lwd=2)
```




```
coefici<- coef(regrelin)
print(T0<- coefici[2]/coefici[1])
```

```
##          x
## -0.1849942
```

```
alfa<-0.05
xydat<- data.frame(x,y)
library(boot)
#Para bootstrap de pares

calcuT<-function(xydat,indi)
  {
  regre<-lm(y~x,data=xydat[indi,])
  coefi<- regre$coefficients
  T<-coefi[2]/coefi[1]
  V<-vcov(regre) #cov(beta0,beta1)
  auxi<- (V[1,1]/(coefi[1]^2)) + (V[2,2]/(coefi[2]^2))-
    2*V[1,2]/(coefi[1]*coefi[2])
  varT<- (T^2) * auxi #var(T), método delta para bootstrap stud (t)
  c(T,varT)
}

Tbootpares<-boot(xydat,calcuT,1000) #Datos, estadístico, B

hist(Tbootpares$t[,1],br=30,main="Bootstrap de pares", col="red",xlab="T*")
```




```
boot.ci(Tbootpares, conf=1-alfa, type=c("norm","perc","stud","bca"),
        var.t = Tbootpares$t[,2]) # a boot.ci le paso lo que me ha devuelto
```

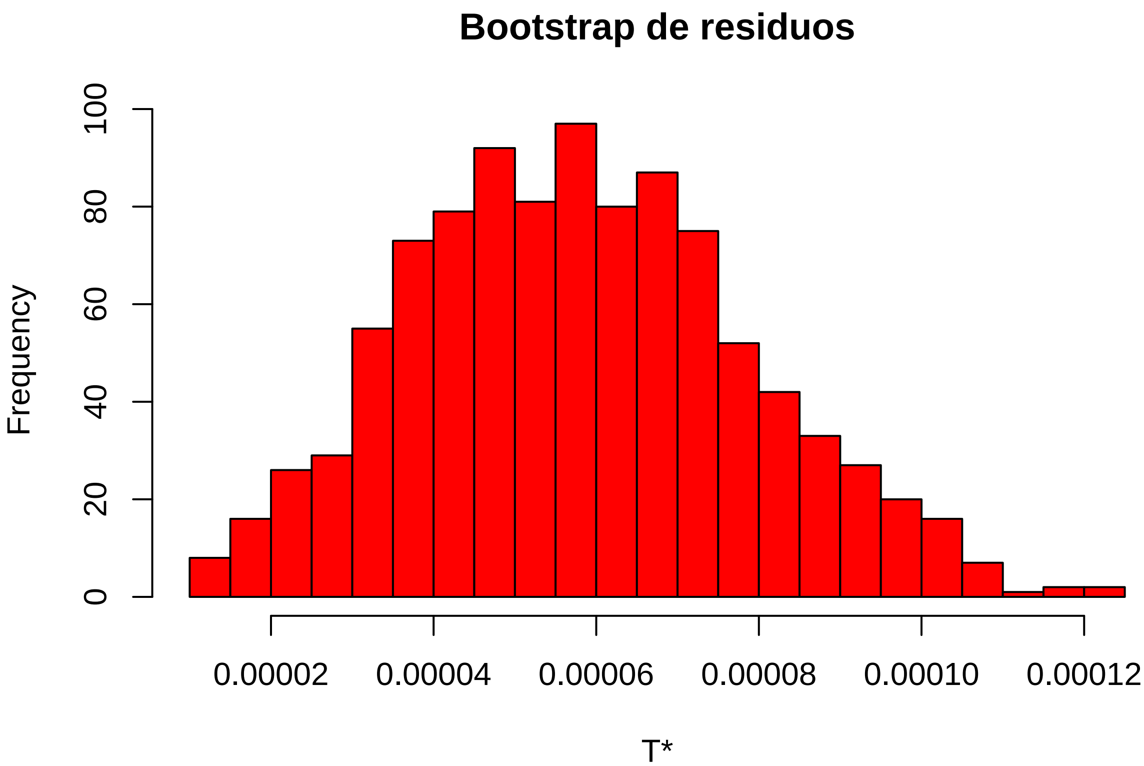
```
## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 1000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = Tbootpares, conf = 1 - alfa, type = c("norm",
##     "perc", "stud", "bca"), var.t = Tbootpares$t[, 2])
##
## Intervals :
## Level      Normal             Studentized
## 95%   (-0.1996, -0.1673 )   (-0.2020, -0.1658 )
##
## Level     Percentile            BCa
## 95%   (-0.2048, -0.1737 )   (-0.2012, -0.1718 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

```
# la función boot
```

```
#Bootstrap de residuos
calcuTres<-function(xydat,indi)
  { xydat$y<- predict(regrelin)+residuals(regrelin)[indi]
  regre<-lm(y~x,data=xydat)
  coefi<- regre$coefficients
  T<-coefi[2]/coefi[1]
  V<-vcov(regre)
  auxi<- (V[1,1]/(coefi[1]^2)) + (V[2,2]/(coefi[2]^2))-
    2*V[1,2]/(coefi[1]*coefi[2])
  varT<- (T^2) * auxi #var(T), m?todo delta para bootstrap stud (t) c(T,varT)
}
```

```r
Tbootresi<-boot(xydat,calcuTres,1000)
```

```r
hist(Tbootresi$t[,1],br=30,main="Bootstrap de residuos", col="red",xlab="T*")
```




```r
#boot.ci(Tbootresi,
#        conf=1-alfa,
#        type=c("norm","perc","stud","bca"),
#        var.t = Tbootresi$t[,2])
```

4 Ejercicio 4 IC bootstrap (Modelo Beverton-Holt)

4. El fichero "salmon.dat" contiene datos anuales sobre una población de salmones.

Las variables que aparecen son:

- R = "recruits" número de salmones que entran
- S = "spawners" número de salmones que están poniendo huevos, que mueren en cuanto lo hacen.

Para que la población se estabilice se requiere: R = S (en otro caso, o hay demasiados salmones para los mismos recursos, o bien no se repone la población).

Se desea calcular un I.C. bootstrap para el punto donde R = S, trabajando con el modelo de Beverton-Holt:

$$R = \frac{1}{\beta_0 + \beta_1/s}$$

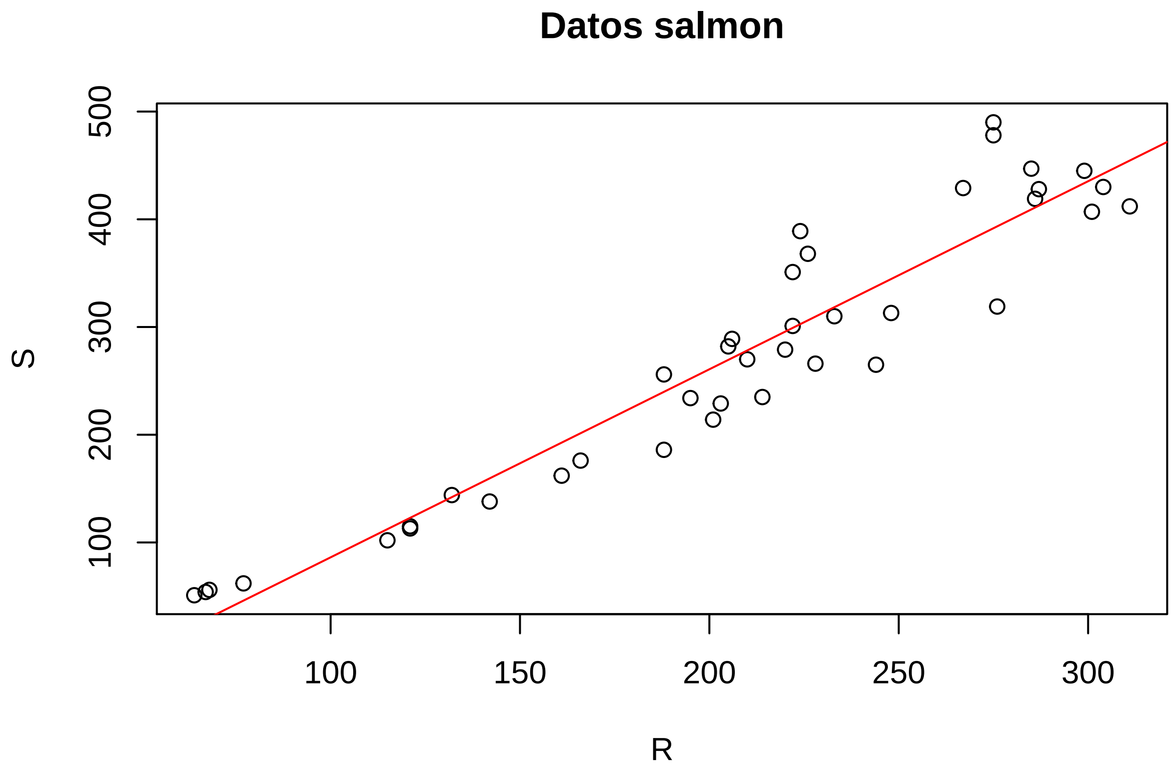
```r
#Se desea calcular un I.C. para el punto donde R=S

salmon<- read.table("datos/salmon.dat",header=T) #acceso a los datos salmon
salmon %>% head()
```

```
##     R   S
## 1  68  56
## 2  77  62
## 3 299 445
## 4 220 279
## 5 142 138
## 6 287 428
```

```
attach(salmon)
plot(R,S,main="Datos salmon") # Dibujamos la nube de puntos

regre1<- lm(S~R) # Modelo de regresión lineal
summary(regre1)
```

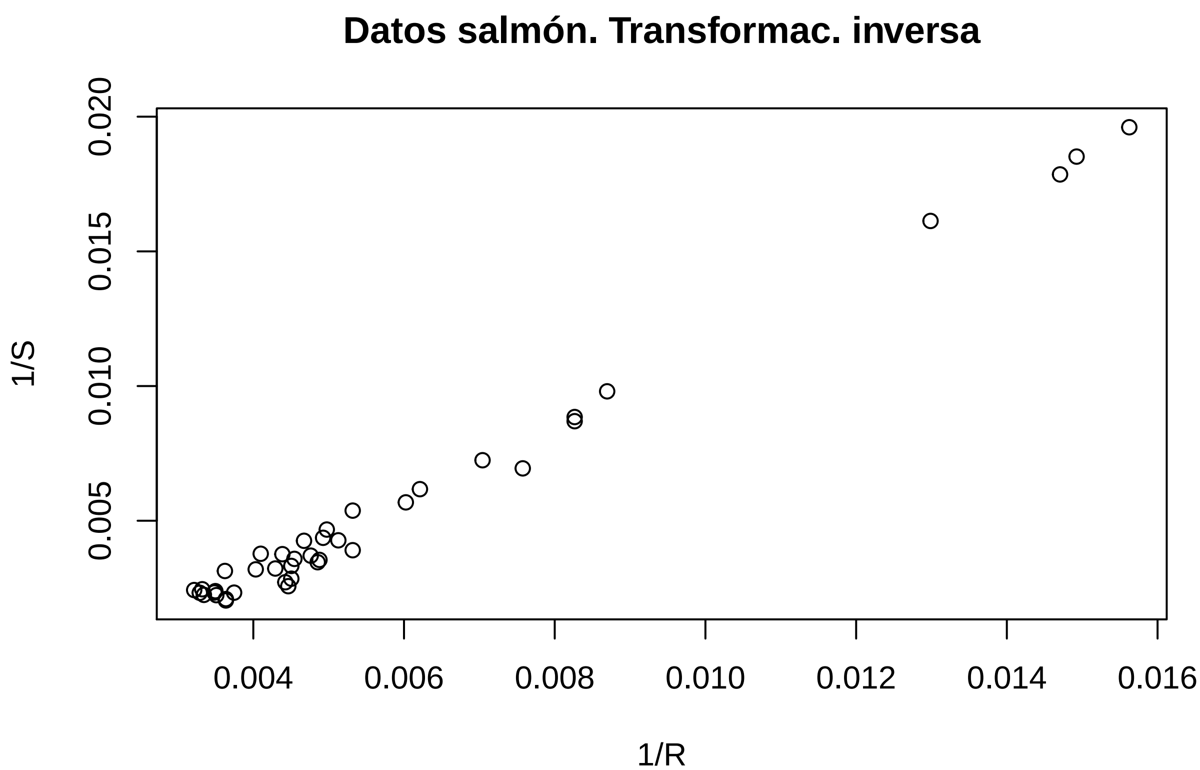
```
##
## Call:
## lm(formula = S ~ R)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -74.441 -30.233  -8.031  19.681  98.305
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -88.39825   20.90427  -4.229 0.000142 ***
## R             1.74579    0.09576  18.231  < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 42.12 on 38 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8974, Adjusted R-squared:  0.8947
## F-statistic: 332.4 on 1 and 38 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
abline(regre1,col="red")
```



Vemos que el ajuste no es malo, R^2= 0.89. Retenemos casi un 90% de la variabilidad total del experimento.

```
plot(1/R,1/S,main="Datos salmón. Transformac. inversa")
```




```
rt<- 1/R
st<- 1/S
```

```r
regre2<- lm(st~rt) #Modelo de Beverton-Holt
summary(regre2)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = st ~ rt)
##
## Residuals:
##        Min         1Q     Median         3Q        Max
## -1.001e-03 -2.545e-04  5.886e-05  3.120e-04  7.956e-04
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -0.0028000  0.0001556  -18.00   <2e-16 ***
## rt           1.4184178  0.0233598   60.72   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.0004793 on 38 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9898, Adjusted R-squared:  0.9895
## F-statistic:  3687 on 1 and 38 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Vemos que para el modelo inverso, el R^2 es mucho más alto. Casi un 99%.

La correlación:

```r
cor(R,1/predict(regre2))^2
```

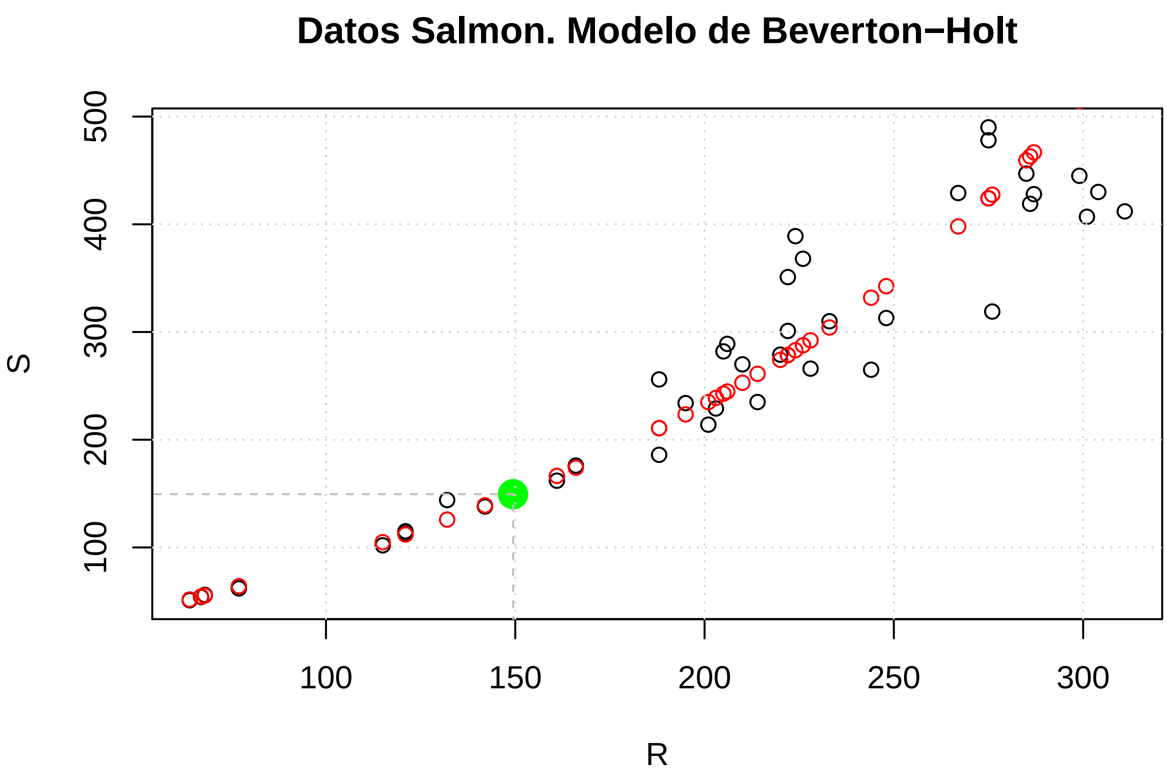
```
## [1] 0.9426389
```

Muy alta.

```r
plot(R,S,main="Datos Salmon. Modelo de Beverton-Holt")
points(R,1/predict(regre2),col="red")
#Punto de estabilizac., resolviendo en el modelo 1/R=prediccion(R)
coefi<- coef(regre2)
Restab0<-(1-coefi[2])/coefi[1]
c(Restab0,1/predict(regre2,data.frame(rt=1/Restab0)))
```

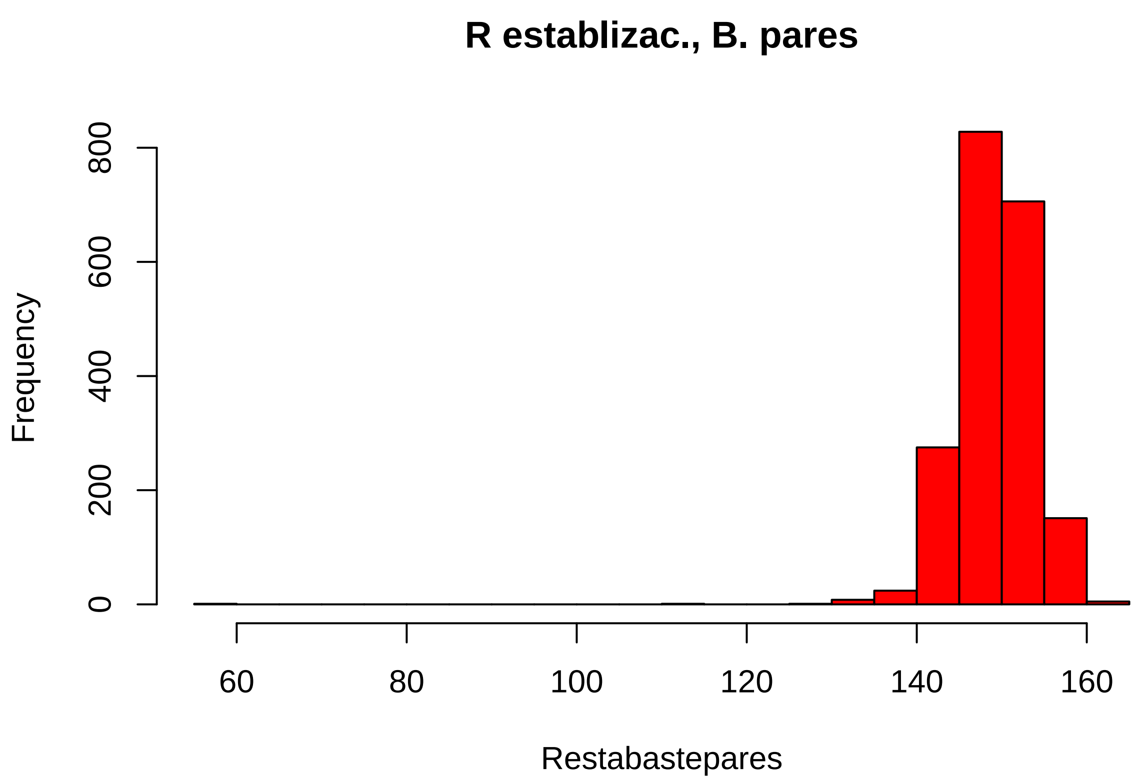
```
##       rt       rt
## 149.4358 149.4358
```

```r
points(Restab0,Restab0,col="green",lwd=8)
#lines(Restab,Restab,lty=2,type="h",col="grey") Equivale a la siguiente
segments(x0=Restab0, y0=0, x1 = Restab0, y1 = Restab0,lty=2,col="grey")
segments(0, Restab0, Restab0, Restab0,lty=2,col="grey")
grid()
```



Intervalo de confianza bootstrap:

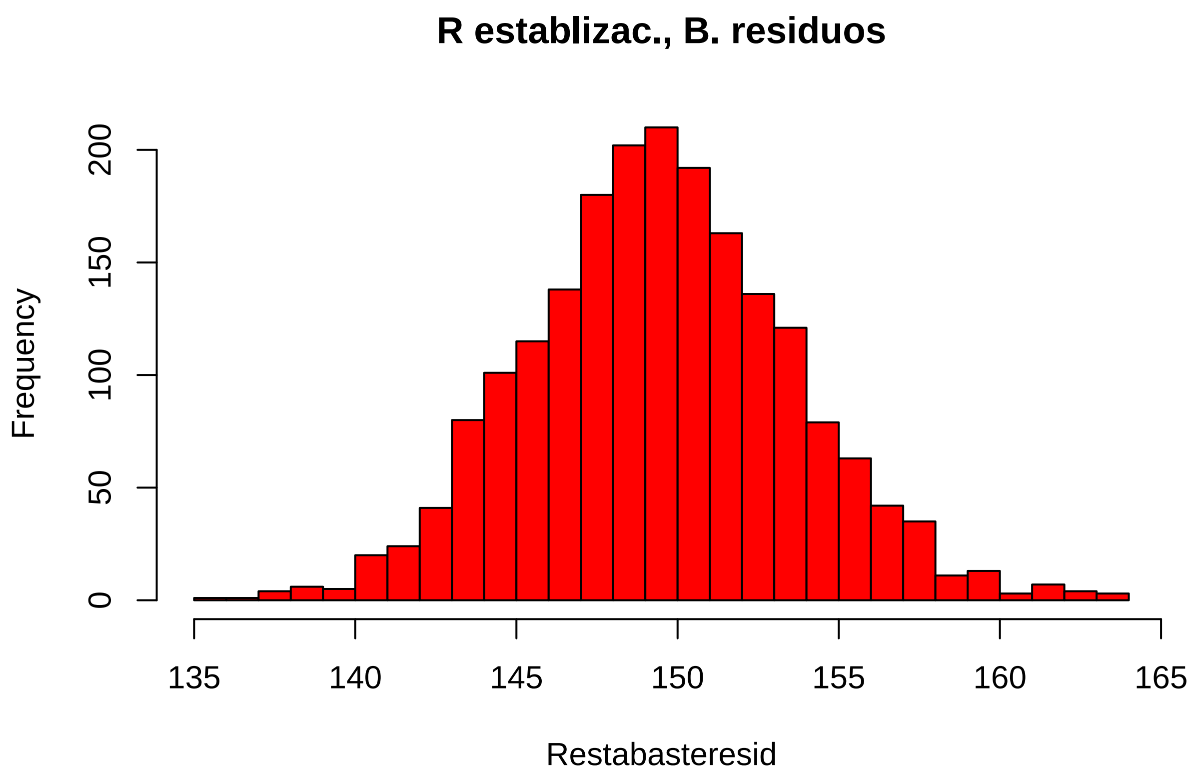
```
# Bootstrap
alfa=0.05

calcuRestabpares<-function(xydat,indi)
{coefi<- lsfit(xydat[indi,1],xydat[indi,2])$coefficients
  (1-coefi[2])/coefi[1]
}

library(boot)
xydat<- data.frame(rt,st)
##bootstrap de pares
bootpares<-boot(xydat,calcuRestabpares,2000) #Datos, estadístico, B
Restabastepares<-c(bootpares$t) #Lo de c() para que no sea matriz
hist(Restabastepares,br=30,main="R establizac., B. pares", col="red")
```




```
ICbootpares<- boot.ci(bootpares, conf=1-alfa, t=Restabastepares,t0=Restab0,
                      type=c("norm","perc","bca"))
```

```
##Bootstrap de residuos
calcuRestabresid<-function(xydat,indi) {
  coefi<-lsfit(xydat[,1], predict(regre2)+(residuals(regre2)[indi]))$coefficients
  (1-coefi[2])/coefi[1]
}

bootresi<-boot(xydat,calcuRestabresid,2000)
Restabasteresid<-c(bootresi$t)
```

```
hist(Restabasteresid,br=30,main="R establizac., B. residuos", col="red")
```



Por último, el IC bootstrap

```
ICbootresid<- boot.ci(bootresi,
                      conf=1-alfa,
                      t=Restabasteresid,
                      t0=Restab0,
                      type=c("norm","perc","bca"))
ICbootresid
```

```
## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 2000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = bootresi, conf = 1 - alfa, type = c("norm",
##     "perc", "bca"), t0 = Restab0, t = Restabasteresid)
##
## Intervals :
## Level      Normal             Percentile            BCa
## 95%   (141.3, 157.5 )   (141.3, 157.5 )   (141.2, 157.4 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

```
ICbootpares
```

```
## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 2000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = bootpares, conf = 1 - alfa, type = c("norm",
##     "perc", "bca"), t0 = Restab0, t = Restabastepares)
##
## Intervals :
## Level      Normal             Percentile            BCa
```

```
## 95%   (140.5, 159.0 )   (140.7, 157.0 )   (140.7, 157.1 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

```
#Estimac. corrigiendo el sesgo y estimac. de la varianza
sesgoB<- mean(Restabasteresid)-Restab0
Rcorreg<-Restab0-sesgoB
sd(Restabasteresid)
```

```
## [1] 4.111221
```

```
#IC normal
c(Rcorreg-qnorm(1-alfa/2)*sd(Restabasteresid),
  Rcorreg+qnorm(1-alfa/2)*sd(Restabasteresid))
```

```
##       rt       rt
## 141.3492 157.4649
```

5 Ejercicio 5

5. Diseñar un estudio empírico para analizar la efectividad de la transformación Z de Fisher en el cálculo de intervalos de confianza para el coeficiente de correlación lineal poblacional.

Por ejemplo, generar 100 muestras de tamaño 10 de una Normal bivariante de media 0, desviaciones típicas 1 y correlación 0.6 y calcular los I.C. al 95% con los métodos Percentil, Normal y BCa. Comparar los cubrimientos y las longitudes medias utilizando procedimientos numéricos y gráficos.

```
#5. Estudio la efectividad de la transformac. Z de Fisher
library(MASS) #para mvrnorm library(boot)
```

```
##
## Attaching package: 'MASS'

## The following object is masked from 'package:dplyr':
##
##     select
```

```
z.transform <- function(r) {.5*log((1+r)/(1-r))}
z.inversa <- function(z) (exp(2*z)-1)/(exp(2*z)+1)

cor.fun <- function(datos,i1,i2, indices) {
  x <- datos[indices,i1]
  y <- datos[indices,i2]
  cor(x, y)
  } #r directamente

zcor.fun <- function(datos,i1,i2, indices) {
  x <- datos[indices,i1]
  y <- datos[indices,i2]
z.transform(cor(x, y))
} #Con transf. Z de Fisher
```

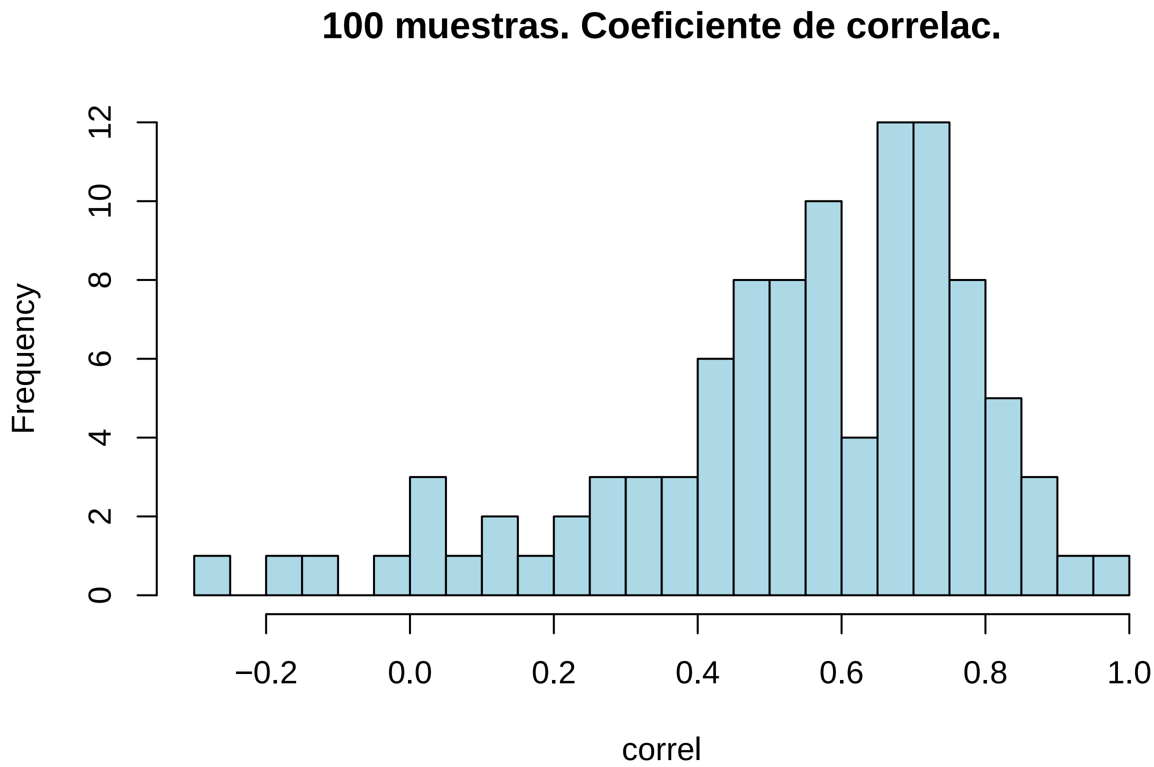
```
set.seed(13579)
M<- 100 #número de muestras, en la práctica se tomaría M=10000
n<-10 #tamaño muestral
pho<- 0.6
correl<- numeric(M)
Zcor<- numeric(M)
InterPerc<- matrix(NA,M,2)
```

```r
InterNorm<- matrix(NA,M,2)
InterBca<- matrix(NA,M,2)
InterPercZ<- matrix(NA,M,2)
InterNormZ<- matrix(NA,M,2)
InterBcaZ<- matrix(NA,M,2)

for (i in 1:M)
  { if (i%%10==0) cat("Muestra ",i,"\n")
xy<-data.frame(mvrnorm(n, c(0,0), matrix(c(1,pho,pho,1),2,2)))
correl[i]<- cor(xy)[1,2]
xy.boot1 <- boot(xy, cor.fun, i1=1,i2=2, R=999)
xy.boot2 <- boot(xy, zcor.fun,i1=1,i2=2, R=999)
InterPercZ[i,]<-z.inversa(boot.ci(xy.boot2, type="perc")$percent[4:5])
InterNormZ[i,]<-z.inversa(boot.ci(xy.boot2, type="norm")$normal[2:3])
InterBcaZ[i,]<-z.inversa(boot.ci(xy.boot2, type="bca")$bca[4:5])
InterPerc[i,]<-boot.ci(xy.boot1, type="perc")$percent[4:5]
InterNorm[i,]<-boot.ci(xy.boot2, type="norm")$normal[2:3]
InterBca[i,]<-boot.ci(xy.boot2, type="bca")$bca[4:5]
}
```

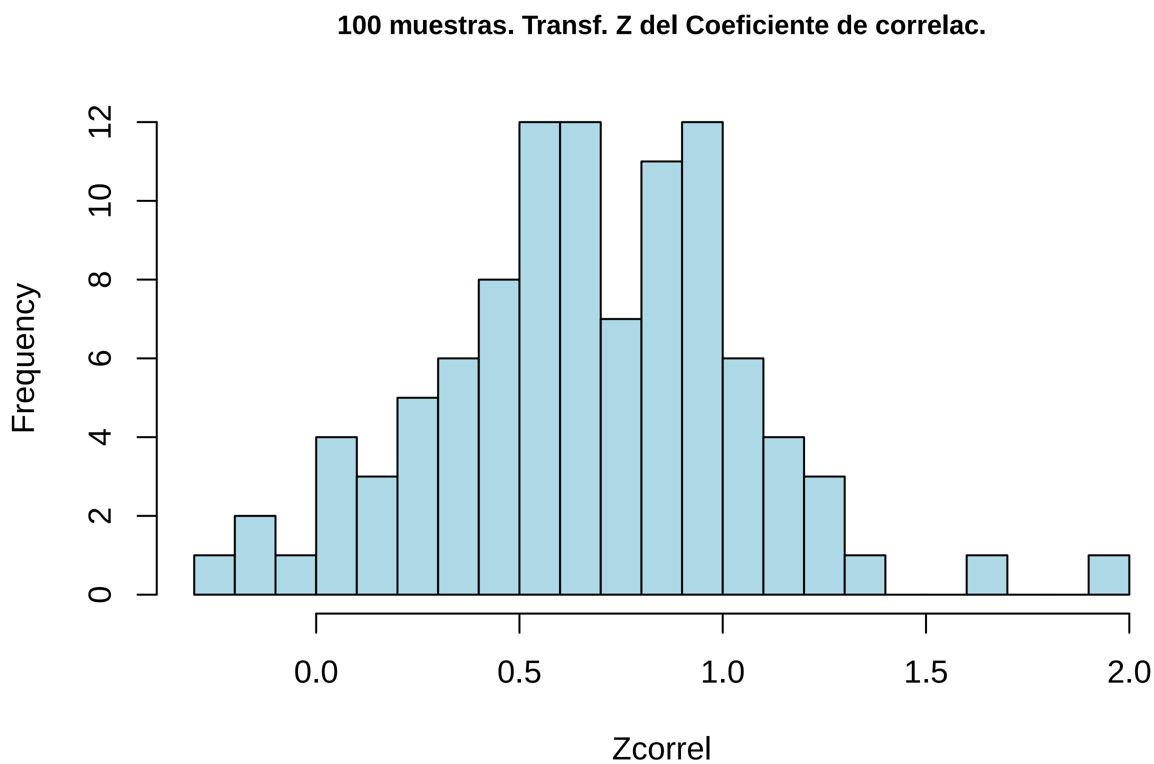
```
## Muestra  10
## Muestra  20
## Muestra  30
## Muestra  40
## Muestra  50
## Muestra  60
## Muestra  70
## Muestra  80
## Muestra  90
## Muestra  100
```

```r
Zcorrel<-z.transform(correl)
```

```r
hist(correl,br=20,
main=paste(M,"muestras. Coeficiente de correlac."),col="lightblue")
```




```
hist(Zcorrel,
     br=20,
     main=paste(M,"muestras. Transf. Z del Coeficiente de correlac."),
     cex.main=0.8,col="lightblue")
```

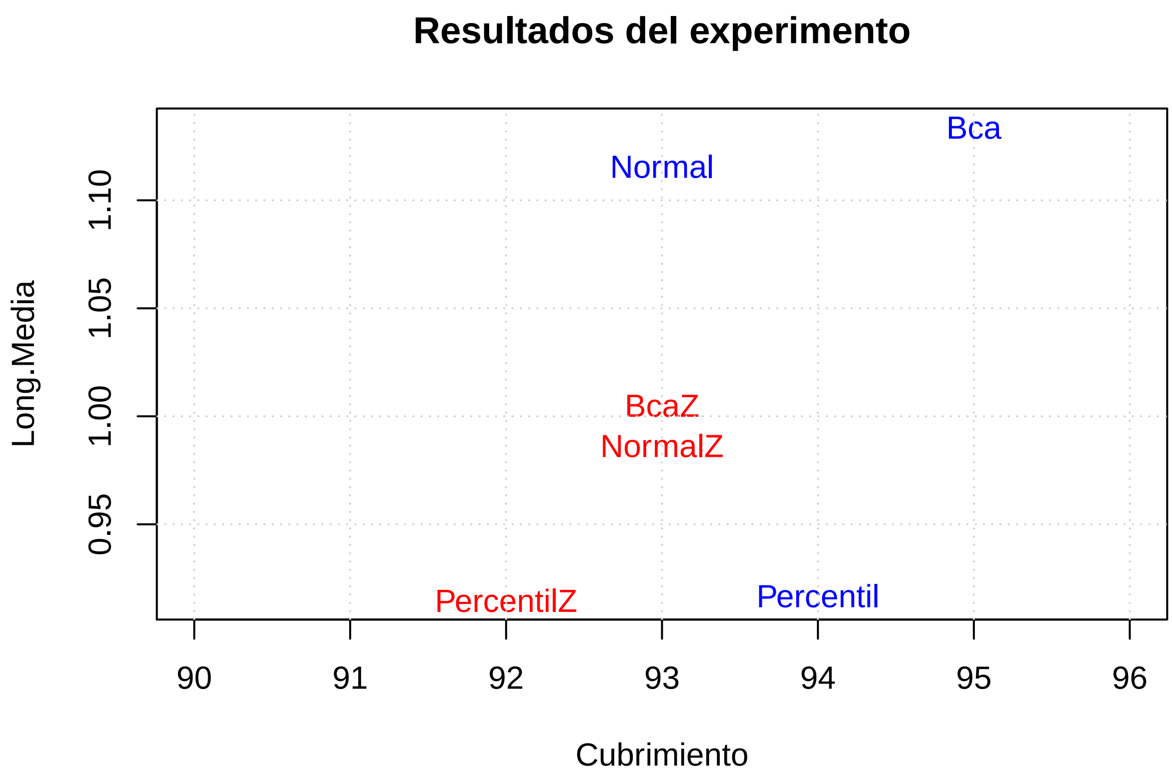


```r
#Como se sabe que r toma valores en [-1,1]:
corrige<- function(x) {
if (x[1]< -1)  x[1]= -1
if (x[2]> 1) x[2]= 1
x
}
InterPercZ<-t(apply(InterPercZ,1,corrige))
InterNormZ<-t(apply(InterNormZ,1,corrige))
InterBcaZ<-t(apply(InterBcaZ,1,corrige))
InterPerc<-t(apply(InterPerc,1,corrige))
InterNorm<-t(apply(InterNorm,1,corrige))
InterBca<-t(apply(InterBca,1,corrige))
```

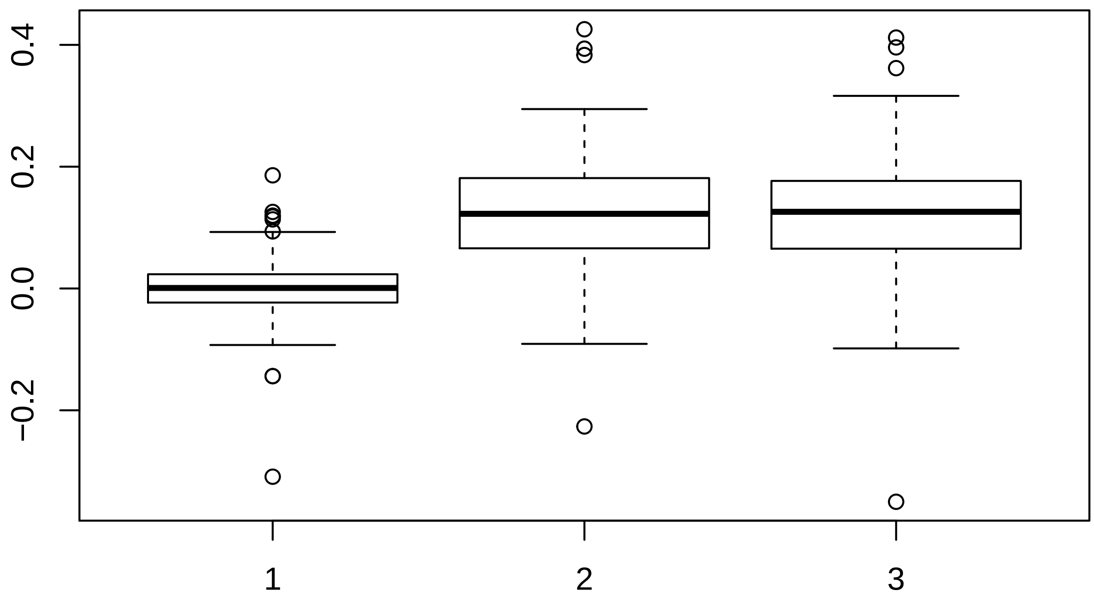
```r
#Función para calcular la cobertura y
#la longitud de un conjunto de intervalos
rendimiento<- function(x,pho){
  cubri<-mean(apply(x,1,cubre<-function(a) { pho<=a[2] && pho>= a[1]} ))*100
  longi<-mean(x[,2]-x[,1])
  c(cubri,longi)
  }
Resultados<-matrix(c(rendimiento(InterPerc,pho),
                     rendimiento(InterNorm,pho),
                     rendimiento(InterBca,pho),
                     rendimiento(InterPercZ,pho),
                     rendimiento(InterNormZ,pho),
                     rendimiento(InterBcaZ,pho)),byrow=T,6,2)

colnames(Resultados)<- c("Cubrimiento","Long.Media")
rownames(Resultados)<- c("Percentil","Normal","Bca", "PercentilZ","NormalZ","BcaZ")
Resultados
```

```
##            Cubrimiento Long.Media
## Percentil           94  0.9168274
## Normal              93  1.1156342
## Bca                 95  1.1337364
## PercentilZ          92  0.9146747
## NormalZ             93  0.9863495
## BcaZ                93  1.0049938
```

```r
plot(Resultados,type="n",
     main="Resultados del experimento",xlim=c(90,96))
text(Resultados,labels=rownames(Resultados), col=c(rep("blue",3),rep("red",3)))
grid()
```




```
#Longitudes de los intervalos, y diferencias #según se aplique o no la transf.Z
longiPerc<- InterPerc[,2]-InterPerc[,1]
longiPercZ<- InterPercZ[,2]-InterPercZ[,1]
difePerc<- longiPerc-longiPercZ
longiNorm<- InterNorm[,2]-InterNorm[,1]
longiNormZ<- InterNormZ[,2]-InterNormZ[,1]
difeNorm<- longiNorm-longiNormZ
longiBca<- InterBca[,2]-InterBca[,1]
longiBcaZ<- InterBcaZ[,2]-InterBcaZ[,1]
difeBca<- longiBca-longiBcaZ
boxplot(difePerc,difeNorm,difeBca)
```



5.1 Contrastes

Para cada una de las M muestras se han aplicado diversos métodos.

5.1.1 Muestras relacionadas

Las posibles comparaciones corresponden a muestras relacionadas

```
t.test(difePerc)
```

```
##
##  One Sample t-test
##
## data:  difePerc
## t = 0.34905, df = 99, p-value = 0.7278
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.01008431  0.01438964
## sample estimates:
##   mean of x
## 0.002152665
```

```
t.test(difeNorm)
```

```
##
##  One Sample t-test
##
## data:  difeNorm
## t = 13.593, df = 99, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.1104123 0.1481570
## sample estimates:
## mean of x
## 0.1292846
```

```
t.test(difeBca)
```

```
##
##  One Sample t-test
##
## data:  difeBca
## t = 12.08, df = 99, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.1075953 0.1498898
## sample estimates:
## mean of x
## 0.1287425
```

Para comparar las proporciones:

Aquí habría que aplicar Test de Mcnemar por el mismo motivo de muestras relacionadas

```
#Primero se construyen tablas cruzando la cobertura (T/F) de cada método
CubPerc=apply(InterPerc,1,cubre<-function(a) { pho<=a[2] && pho>= a[1]} )
CubPercZ=apply(InterPercZ,1,cubre<-function(a) { pho<=a[2] && pho>= a[1]} )
CubNorm=apply(InterNorm,1,cubre<-function(a) { pho<=a[2] && pho>= a[1]} )
CubNormZ=apply(InterNormZ,1,cubre<-function(a) { pho<=a[2] && pho>= a[1]} )
```

```r
CubBca=apply(InterBca,1,cubre<-function(a) { pho<=a[2] && pho>= a[1]} )
CubBcaZ=apply(InterBcaZ,1,cubre<-function(a) { pho<=a[2] && pho>= a[1]} )
```

```r
( TablaPerc=table(CubPerc,CubPercZ) )
```

```
##         CubPercZ
## CubPerc FALSE TRUE
##   FALSE     6    0
##   TRUE      2   92
```

```r
mcnemar.test(TablaPerc)
```

```
##
##  McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  TablaPerc
## McNemar's chi-squared = 0.5, df = 1, p-value = 0.4795
```

Aceptamos la hipótesis nula.

```r
#H0:P[T/No Z]=P[T/Z]
( TablaNorm=table(CubNorm,CubNormZ) )
```

```
##         CubNormZ
## CubNorm FALSE TRUE
##   FALSE     4    3
##   TRUE      3   90
```

```r
mcnemar.test(TablaNorm)
```

```
##
##  McNemar's Chi-squared test
##
## data:  TablaNorm
## McNemar's chi-squared = 0, df = 1, p-value = 1
```

Volvemos a aceptar

```r
( TablaBca=table(CubBca,CubBcaZ) )
```

```
##         CubBcaZ
## CubBca  FALSE TRUE
##   FALSE     5    0
##   TRUE      2   93
```

```r
mcnemar.test(TablaBca)
```

```
##
##  McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  TablaBca
## McNemar's chi-squared = 0.5, df = 1, p-value = 0.4795
```

Para esta tabla acepto de nuevo.

5.1.2 Muestras independientes

Nota: Si las muestras fueran distintas para los diferentes métodos, muestras independientes:

```r
prop.test(Resultados[c(1,4),1], c(M,M))
```

```
##
##  2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  Resultados[c(1, 4), 1] out of c(M, M)
## X-squared = 0.076805, df = 1, p-value = 0.7817
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  -0.06066751  0.10066751
## sample estimates:
## prop 1 prop 2
##   0.94   0.92
```

```r
prop.test(Resultados[c(2,5),1], c(M,M))
```

```
##
##  2-sample test for equality of proportions without continuity
##  correction
##
## data:  Resultados[c(2, 5), 1] out of c(M, M)
## X-squared = 8.114e-30, df = 1, p-value = 1
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  -0.07072185  0.07072185
## sample estimates:
## prop 1 prop 2
##   0.93   0.93
```

```r
prop.test(Resultados[c(3,6),1], c(M,M))
```

```
##
##  2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  Resultados[c(3, 6), 1] out of c(M, M)
## X-squared = 0.088652, df = 1, p-value = 0.7659
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  -0.0557684  0.0957684
## sample estimates:
## prop 1 prop 2
##   0.95   0.93
```

```r
#En este caso, si hay avisos, #usar el test exacto de Fisher
totales<- Resultados[,1]*M/100
mcnemar.test(matrix(c(totales[1],
                      M-totales[1],
                      totales[4],
                      M-totales[4]),
                    byrow=T,ncol=2))
```

```
##
##  McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  matrix(c(totales[1], M - totales[1], totales[4], M - totales[4]),     byrow = T, ncol = 2)
## McNemar's chi-squared = 73.724, df = 1, p-value < 2.2e-16
```

```r
fisher.test(matrix(c(totales[1],
                     M-totales[1],
                     totales[4],
                     M-totales[4]),
                   byrow=T,ncol=2),alternative="greater")
```

```
##
##  Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data:
## p-value = 0.3914
## alternative hypothesis: true odds ratio is greater than 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.4726768       Inf
## sample estimates:
## odds ratio
##   1.360218
```

```r
fisher.test(matrix(c(totales[2], M-totales[2],totales[5],M-totales[5]),
                   byrow=T,ncol=2),alternative="greater")
```

```
##
##  Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data:
## p-value = 0.6086
## alternative hypothesis: true odds ratio is greater than 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.3446103       Inf
## sample estimates:
## odds ratio
##          1
```

```r
fisher.test(matrix(c(totales[3], M-totales[3],totales[5],M-totales[5]),
                   byrow=T,ncol=2),alternative="greater")
```

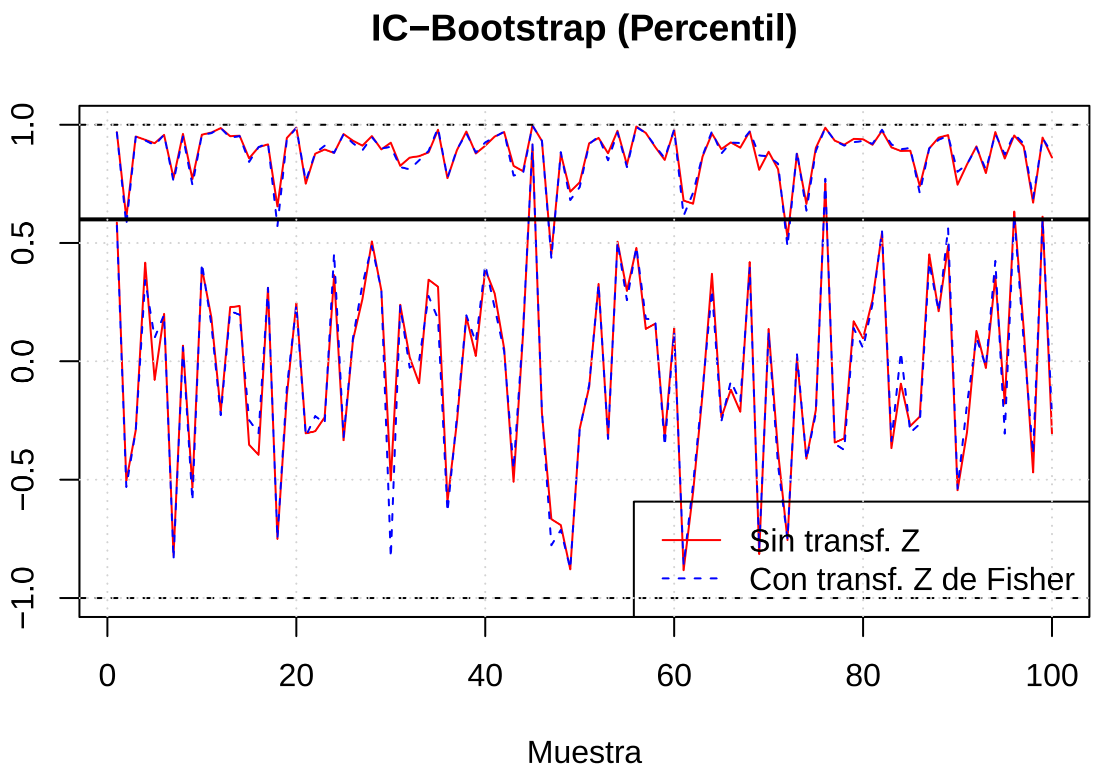
```
##
##  Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data:
## p-value = 0.3837
## alternative hypothesis: true odds ratio is greater than 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.4530872       Inf
## sample estimates:
## odds ratio
##   1.427561
```

5.2 Gráficas de los IC

5.2.1 Percentil

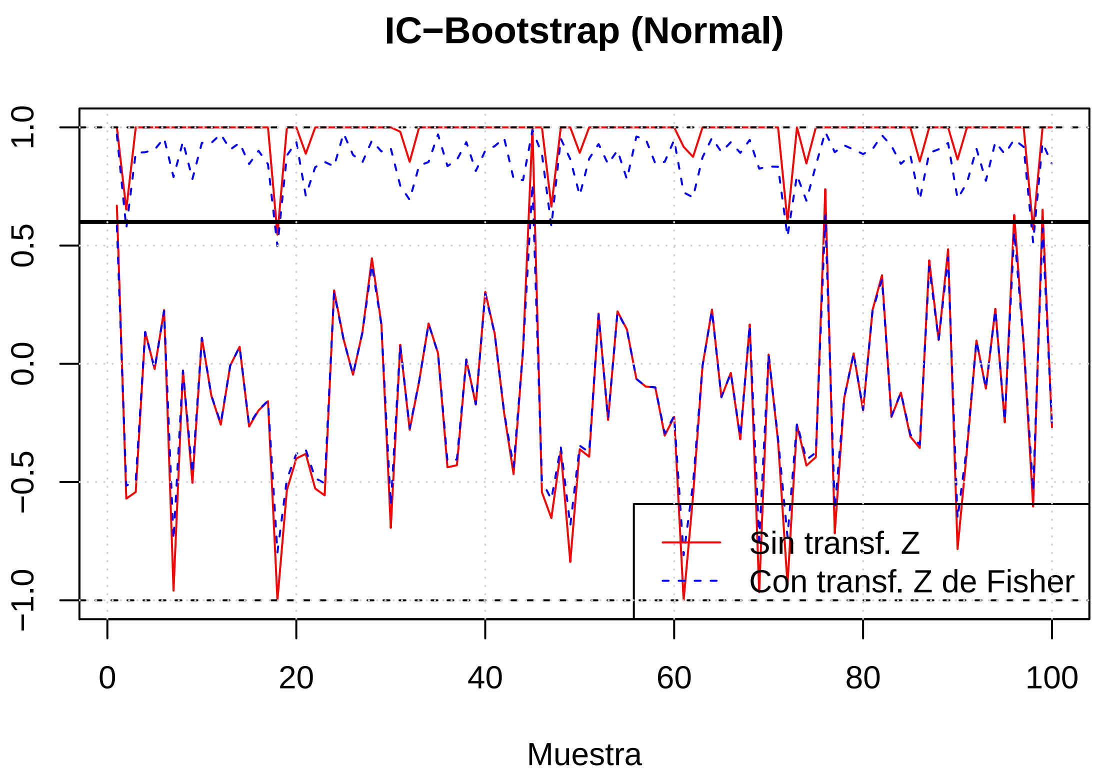
```r
#Dibujo de los I.C. Percentil
plot(InterPerc[,1],ylim=c(-1,1),type="l",
main="IC-Bootstrap (Percentil)",col="red",xlab="Muestra", ylab="")
```

```
lines(InterPerc[,2],col="red")
lines(InterPercZ[,1],col="blue",lty=2)
lines(InterPercZ[,2],col="blue",lty=2)
legend("bottomright",col=c("red","blue"), lty=1:2,
       legend=c("Sin transf. Z","Con transf. Z de Fisher"))
abline(h=pho,lwd=2)
abline(h=1,lty=2);abline(h=-1,lty=2); grid()
```



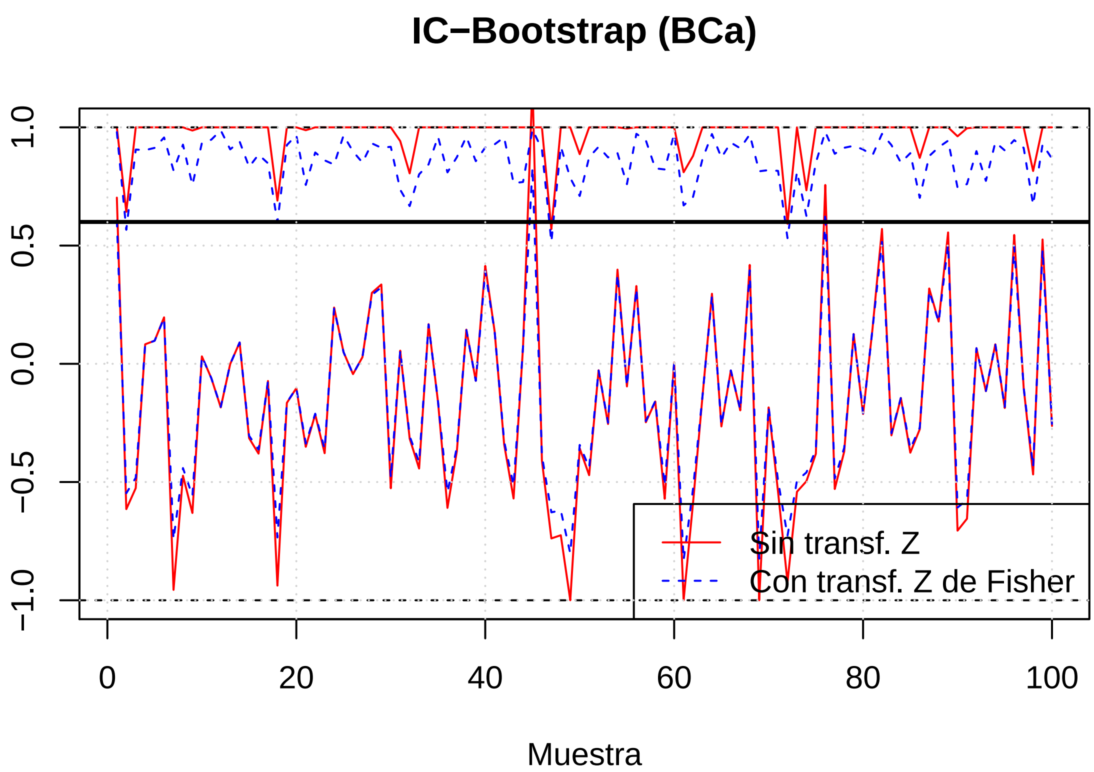
5.2.2 Normal

```
#Dibujo de los I.C. Normal
plot(InterNorm[,1],ylim=c(-1,1),type="l", main="IC-Bootstrap (Normal)",
     col="red",xlab="Muestra", ylab="")
lines(InterNorm[,2],col="red")
lines(InterNormZ[,1],col="blue",lty=2)
lines(InterNormZ[,2],col="blue",lty=2)
legend("bottomright",col=c("red","blue"), lty=1:2, legend=c("Sin transf. Z","Con transf. Z de Fisher"))
abline(h=pho,lwd=2)
abline(h=1,lty=2);abline(h=-1,lty=2); grid()
```



5.2.3 BCa

```
#Dibujo de los I.C. BCa
plot(InterBca[,1],ylim=c(-1,1),type="l", main="IC-Bootstrap (BCa)",
     col="red",xlab="Muestra", ylab="")
lines(InterBca[,2],col="red")
lines(InterBcaZ[,1],col="blue",lty=2)
lines(InterBcaZ[,2],col="blue",lty=2)
legend("bottomright",col=c("red","blue"), lty=1:2,
       legend=c("Sin transf. Z","Con transf. Z de Fisher"))
abline(h=pho,lwd=2)
abline(h=1,lty=2);abline(h=-1,lty=2); grid()
```



Los basados en la transformac., en generaltienen menor longitud, y el extremo superior es <1.

6 Ejercicio 6 Sesgo de la razón (de medias) Bootstrap balanceado

6. Estimar el sesgo de la razón (cociente de las medias de las variables x y u) en el fichero "city" de R mediante el bootstrap balanceado (fichero disponible en la librería "boot"):

6.1 a. Escribiendo directamente las instrucciones.

```
library(boot)
data(city)
city
```

```
##      u   x
## 1  138 143
## 2   93 104
## 3   61  69
## 4  179 260
## 5   48  75
## 6   37  63
## 7   29  50
## 8   23  48
## 9   30 111
## 10   2  50
```

```
# ?city
```

La razón será:

```r
print(R<- mean(city$x)/mean(city$u) )
```

```
## [1] 1.520312
```

```r
B<- 999
Raste<- numeric(B)
n<- nrow(city)
lista<- rep(1:n,B)
table(lista)
```

```
## lista
##   1   2   3   4   5   6   7   8   9  10
## 999 999 999 999 999 999 999 999 999 999
```

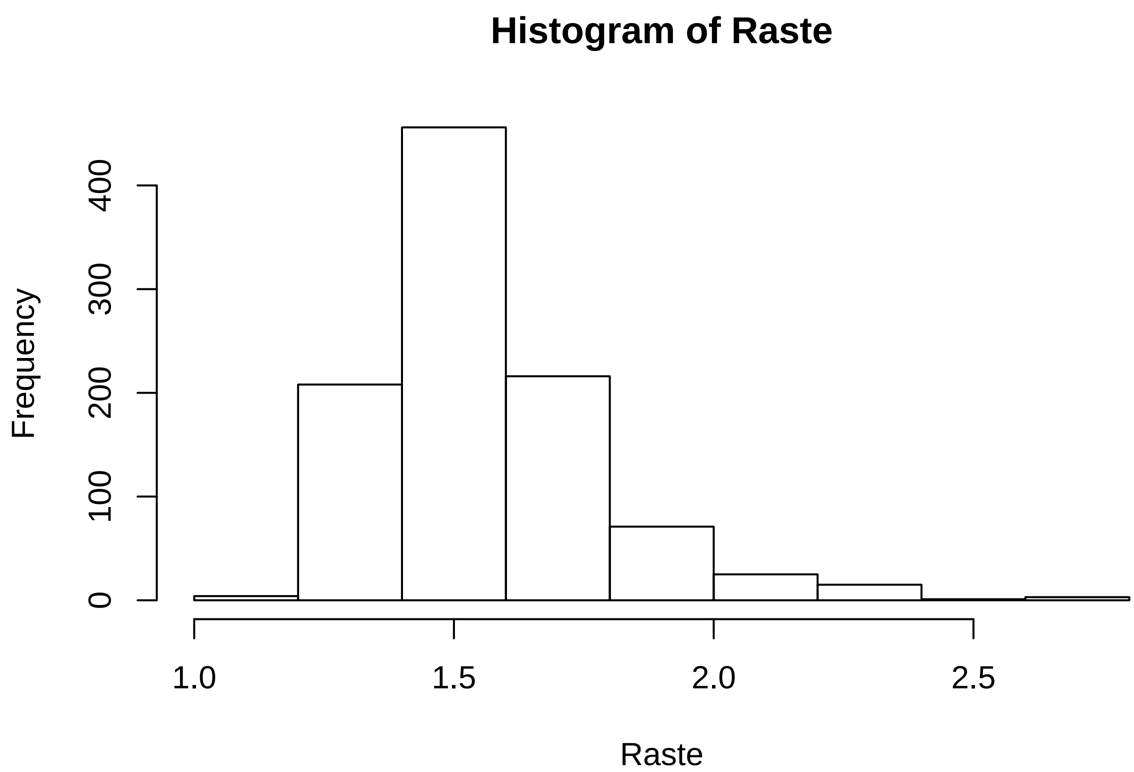
```r
listaper<- matrix(sample(lista),ncol=n,byrow=TRUE)
head(listaper)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
## [1,]    5    4    9   10    5    7    7    8   10     5
## [2,]    1    7    7    4   10    8    3    2    4     9
## [3,]    2    4    8    2    3    2    6    6    8     2
## [4,]    7    5    7   10    2   10    1    8    5     7
## [5,]    3    6    1    2    9    2    1    5    5     1
## [6,]    4    3    3    5    9    1    5    5    4     3
```

```r
tail(listaper)
```

```
##        [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
## [994,]    5   10    2    2    3    2    2    8    1     3
## [995,]    7    8    2    1    3    1    8    7    3     3
## [996,]    2    3    6    9    3    3    4    6    1     4
## [997,]    9    5    3   10    7    6    2    3    7     5
## [998,]    9    7   10    8    6    5    1    2    7     3
## [999,]    8    7    7    5    1    7    8    9    3     5
```

```r
for (b in 1:B)
{indiB<-listaper[b,]
  Raste[b]<- mean(city$x[indiB])/mean(city$u[indiB])
  }
hist(Raste)
```




```
mean(Raste)-R
```

```
## [1] 0.03863468
```

6.2 b. Empleando la librería boot.

```
ratio <- function(d,indi) mean(d$x[indi])/mean(d$u[indi])
boot.bal<- boot(data=city, statistic=ratio, R = 999, sim="balanced")
mean(boot.bal$t)-boot.bal$t0
```

```
## [1] 0.0384459
```

El resultado es el mismo y sale más directo.

7 Ejercicio 7 Estimar el error de clasificación

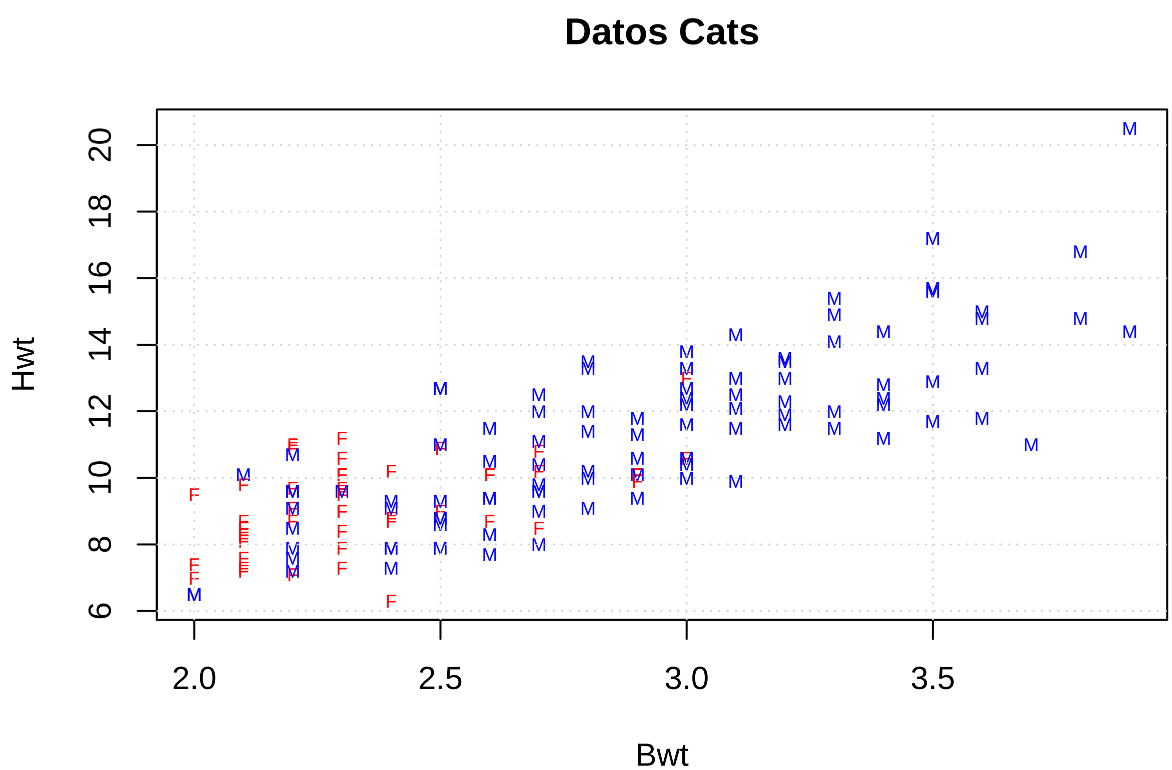
7. Estimar el error de clasificación para el modelo de análisis discriminante lineal sobre los datos “cats” de la librería MASS.

```
library(MASS)
data(cats)
summary(cats)
```

```
##  Sex         Bwt             Hwt
##  F:47   Min.   :2.000   Min.   : 6.30
##  M:97   1st Qu.:2.300   1st Qu.: 8.95
##         Median :2.700   Median :10.10
##         Mean   :2.724   Mean   :10.63
##         3rd Qu.:3.025   3rd Qu.:12.12
##         Max.   :3.900   Max.   :20.50
```

Vamos a aplicar análisis discriminante lineal.

```
#?cats
colores<- c("red","blue")
plot(cats[,2:3],type="n",main="Datos Cats")
text(cats[,2:3],as.character(cats$Sex),
          col=colores[cats$Sex],cex=0.6)

grid()
```



Hemos podido discriminar y ver a que categoría pertenecen, no va a ser un modelo perfecto y vamos a cometer errores probablemente.

Para obtener los datos del modelo discriminante (función lda)

```r
cats.lda<-lda(Sex~.,cats)
cats.lda
```

```
## Call:
## lda(Sex ~ ., data = cats)
##
## Prior probabilities of groups:
##         F         M
## 0.3263889 0.6736111
##
## Group means:
##        Bwt       Hwt
## F 2.359574  9.202128
## M 2.900000 11.322680
##
## Coefficients of linear discriminants:
##             LD1
## Bwt  2.53019769
## Hwt -0.02986042
```

En LD1 está la línea que separa a las categorías.

```r
table(cats$Sex,predict(cats.lda)$class)
```

```
##
##      F  M
##   F 31 16
##   M 12 85
```

```r
# g_{lambda}(li)=predict(cats.lda)$class
```

Se tiene que:

- Aciertos: Diagonal
- Errores: diagonal opuesta

```r
erroremp<- mean(cats$Sex!=predict(cats.lda)$class)
# Número de unos / número total de observaciones
cat("Error empírico=",100*erroremp ,"% \n")
```

```
## Error empírico= 19.44444 %
```

```r
# Error empírico ó error de entrenamiento
```

```r
#lda admite CV=TRUE que implementa n-VC (calcula el error esperado del modelo)
##o sea, Jackknife
cats.ldaJ<-lda(Sex~.,cats,CV=TRUE)
str(cats.ldaJ)
```

```
## List of 5
##  $ class    : Factor w/ 2 levels "F","M": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
##  $ posterior: num [1:144, 1:2] 0.769 0.772 0.783 0.707 0.708 ...
##   ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. ..$ : chr [1:144] "1" "2" "3" "4" ...
##   .. ..$ : chr [1:2] "F" "M"
##  $ terms    :Classes 'terms', 'formula'  language Sex ~ Bwt + Hwt
##   .. ..- attr(*, "variables")= language list(Sex, Bwt, Hwt)
##   .. ..- attr(*, "factors")= int [1:3, 1:2] 0 1 0 0 0 1
```

```
##   .. .. ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. .. .. ..$ : chr [1:3] "Sex" "Bwt" "Hwt"
##   .. .. .. ..$ : chr [1:2] "Bwt" "Hwt"
##   .. ..- attr(*, "term.labels")= chr [1:2] "Bwt" "Hwt"
##   .. ..- attr(*, "order")= int [1:2] 1 1
##   .. ..- attr(*, "intercept")= int 1
##   .. ..- attr(*, "response")= int 1
##   .. ..- attr(*, ".Environment")=<environment: R_GlobalEnv>
##   .. ..- attr(*, "predvars")= language list(Sex, Bwt, Hwt)
##   .. ..- attr(*, "dataClasses")= Named chr [1:3] "factor" "numeric" "numeric"
##   .. .. ..- attr(*, "names")= chr [1:3] "Sex" "Bwt" "Hwt"
##  $ call     : language lda(formula = Sex ~ ., data = cats, CV = TRUE)
##  $ xlevels  : Named list()
```

Vamos a calcular el error de predicción:

```
table(cats$Sex,cats.ldaJ$class)
```

```
##
##      F  M
##   F 31 16
##   M 14 83
```

```
errorJ<- mean(cats$Sex!=cats.ldaJ$class)
cat("Error Jackknife=",100*errorJ ,"% \n")
```

```
## Error Jackknife= 20.83333 %
```

Generar muestras bootstrap de conjuntos de datos.

```
#Cómo se generan muestras bootstrap de conjuntos #de datos. Por ejemplo
datos=cats[c(1:5,140:144),]
datos
```

```
##     Sex Bwt  Hwt
## 1     F 2.0  7.0
## 2     F 2.0  7.4
## 3     F 2.0  9.5
## 4     F 2.1  7.2
## 5     F 2.1  7.3
## 140   M 3.7 11.0
## 141   M 3.8 14.8
## 142   M 3.8 16.8
## 143   M 3.9 14.4
## 144   M 3.9 20.5
```

```
datos[sample(1:nrow(datos),rep=TRUE),]
```

```
##       Sex Bwt  Hwt
## 4       F 2.1  7.2
## 142     M 3.8 16.8
## 142.1   M 3.8 16.8
## 4.1     F 2.1  7.2
## 144     M 3.9 20.5
## 1       F 2.0  7.0
## 3       F 2.0  9.5
## 141     M 3.8 14.8
## 142.2   M 3.8 16.8
```

```
## 4.2     F 2.1  7.2
```

Vamos a crear muestras bootstrap

```
#Estimaciones Bootstrap:
########################
B<- 2000 # Construyo 2000 muestras bootstrap
errorboot<-numeric(B)
errorOOB<- numeric(B)
n<- nrow(cats)
indin<- 1:n
for (b in 1:B)
{
if (b%%500==0)
  cat("Muestra bootstrap número ",b,"\n") #Generar muestra bootstrap de los indices
indiB<- sample(indin,rep=T) # muestra de entrenamiento
# los datos que no esten en la muestra de entrenamiento serán los datost
#Obtener los ?ndices no incluidos en imuestrab
indiOOB<-setdiff(indin,indiB) # La diferencias (los que no han salido)
  #Construir modelo lda sobre la muestra bootstrap
cats.lda.boot<-lda(Sex~.,cats[indiB,])
#Calcular tasa de error en la muestra original
errorboot[b]<- mean(cats$Sex!=predict(cats.lda.boot,cats)$class)  # error
#Obtener predicciones OOB
prediOOB<- predict(cats.lda.boot,cats[indiOOB,])$class # predicciones sobre las observaciones no elegid
#Calcular la tasa de error OOB
errorOOB[b]<- mean(cats$Sex[indiOOB]!=prediOOB)
}
```

```
## Muestra bootstrap número  500
## Muestra bootstrap número  1000
## Muestra bootstrap número  1500
## Muestra bootstrap número  2000
```

```
errorB<- mean(errorboot) #no recomendable
errorB
```

```
## [1] 0.2225938
```

```
errorOOB<- mean(errorOOB)
error632B<-0.368*erroremp+0.632*errorOOB
```

```
#Calcular cada elemento Lij #directamente:
matrizL<- matrix(NA,n,n)
for (i in 1:n)
for (j in 1:n)
matrizL[i,j]<- (cats[i,]$Sex!=predict(cats.lda,cats[j,])$class)
print(Noinf<- mean(matrizL))
```

```
## [1] 0.4300733
```

```
#O bien, en un problema de clasificación, #con error 0-1,
# Noinf se puede calcular #de forma más eficiente:
p1<- mean(cats$Sex=="M")
q1<- mean(predict(cats.lda)$class=="M")
p1*(1-q1)+(1-p1)*q1
```

```
## [1] 0.4300733
```

```r
#Redefinición de errorOOB (aquí no hace falta)
errorOOB
```

```
## [1] 0.2323681
```

```r
Noinf
```

```
## [1] 0.4300733
```

```r
erroremp
```

```
## [1] 0.1944444
```

```r
errorOOB=min(errorOOB,Noinf)
errorOOB
```

```
## [1] 0.2323681
```

```r
#Cálculo de tsr y w
(tsr<- (errorOOB-erroremp)/(Noinf-erroremp))
```

```
## [1] 0.1609467
```

```r
(w<- 0.632/(1-0.368*tsr))
```

```
## [1] 0.671789
```

```r
 #Posible redefinición de tsr
if ( (errorOOB<= erroremp) | (Noinf <=erroremp) ) # en alguno de estos casos sedará la correción
  tsr=0
tsr
```

```
## [1] 0.1609467
```

```r
#(error632masB<-(1-w)*erroremp+w*errorOOB)
# #Definición general (la línea anterior no vale #si se redefinen tsr o errorOOB)
error632masB=error632B+
  (errorOOB-erroremp)*(0.368*0.632*tsr)/(1-0.368*tsr)

error632masB
```

```
## [1] 0.2199212
```

```r
op_ant = options(digits=4)
cat(" Error Empírico=\t",100*erroremp ,"% \n",
"Error Jackknife=\t",100*errorJ ,"% \n",
"Error OOB=\t\t", 100*errorOOB,"% \n",
"Error 0.632Boot=\t", 100*error632B,"% \n",
"Error 0.632+Boot=\t", 100*error632masB,"% \n")
```

```
##  Error Empírico=  19.44 %
##  Error Jackknife=     20.83 %
##  Error OOB=       23.24 %
##  Error 0.632Boot=     21.84 %
##  Error 0.632+Boot=    21.99 %
```

```r
options(op_ant)
```

8 Ejercicio 8 Error de predicción (criterio RECM)

8. Estimar el error de predicción para los datos "Renta.txt", siendo "rentsqm" (precio del alquiler por m2) la variable dependiente de un modelo de regresión lineal. Utilizar el criterio RECM.

8.1 Parte 1 Leer datos

ESTIMACION DEL ERROR DE PREDICCION (REGRESION)

```
datos<-read.table("datos/Renta.txt",header=T)
dim(datos)
```

```
## [1] 118   6
```

```
summary(datos)
```

```
##     rentsqm          yearc          locat           bath
##  Min.   : 5.146   Min.   :1918   Min.   :1.000   Min.   :0.00000
##  1st Qu.: 8.533   1st Qu.:1939   1st Qu.:1.000   1st Qu.:0.00000
##  Median : 9.344   Median :1959   Median :2.000   Median :0.00000
##  Mean   : 9.396   Mean   :1957   Mean   :1.771   Mean   :0.04237
##  3rd Qu.:10.405   3rd Qu.:1971   3rd Qu.:2.000   3rd Qu.:0.00000
##  Max.   :12.613   Max.   :1995   Max.   :3.000   Max.   :1.00000
##     kitchen          cheating
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:1.0000
##  Median :0.0000   Median :1.0000
##  Mean   :0.0339   Mean   :0.8983
##  3rd Qu.:0.0000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :1.0000
```

8.2 Parte 2 (Modelo de regresión lineal múltiple)

```
modelo=lm(rentsqm~.,data=datos)
#Calcular MSE y RMSE empírico
error_emp=mean(residuals(modelo)^2)
RMSE_emp=sqrt(error_emp)
```

8.3 Parte 3 (Estimaciones Jackknife y bootsrap)

8.3.1 Jacknife

Se pueden calcular con cv.lm o bien recorriendo los n modelos cada uno se construye dejando fuera el caso i, donde se aplica el modelo para calcular prediJ[i].

```
n=nrow(datos)
prediJ = numeric(n)
for(i in 1:n){
modelo.i = lm(rentsqm~.,data=datos[-i,])
prediJ[i]<-predict(modelo.i,datos[i,])
}

resi_J=datos$rentsqm - prediJ
RMSE_J<-sqrt( mean(resi_J^2) )
```

8.4 Parte 4 (generamos las muestras bootstrap)

8.4.1 Bootstrap

Se pueden calcular los estimadores de ECM (MSE) y al final visualizar su raíz cuadrada.

```
B<-2000
errorboot<-numeric(B)
errorOOB<- numeric(B)
indin<-1:n

for(b in 1:B){
if (b%%500==0) cat("Muestra bootstrap número ",b,"\n")
#Generar muestra bootstrap de los índices
indiB<- sample(indin,rep=T)
#Obtener los índices no incluidos en imuestrab
indiOOB<-setdiff(indin,indiB)
#Construir modelo lda sobre la muestra bootstrap
modelo.boot<-lm(rentsqm~.,data=datos[indiB,])
#Calcular ECM en la muestra original
suppressWarnings({ errorboot[b]<- mean((datos$rentsqm[indiB]-predict(modelo.boot,datos))^2)})
 #Obtener predicciones OOB
suppressWarnings({ prediOOB<- predict(modelo.boot,datos[indiOOB,]) })
#Calcular ECM OOB
errorOOB[b]<- mean((datos$rentsqm[indiOOB]-prediOOB)^2)
}
```

```
## Muestra bootstrap número  500
## Muestra bootstrap número  1000
## Muestra bootstrap número  1500
## Muestra bootstrap número  2000
```

Y los errores:

```
errorB<- mean(errorboot)
errorOOB<- mean(errorOOB)
error632B<-0.368*error_emp+0.632*errorOOB
```

Calcular cada elemento L_ij. Al no ser un problema de clasificación, se debe calcular directamente:

```
matrizL<- matrix(NA,n,n)
for (i in 1:n)
for (j in 1:n)
matrizL[i,j]<- (datos$rentsqm[i]-predict(modelo,datos[j,]))^2 #error cuad.
print(Noinf<- mean(matrizL))
```

```
## [1] 3.164884
```

Redefinición de errorOOB (por si hiciera falta)

```
errorOOB #Noinf< error_emp ?
```

```
## [1] 0.944598
```

```
Noinf
```

```
## [1] 3.164884
```

```
errorOOB=min(errorOOB,Noinf)
errorOOB
```

```
## [1] 0.944598
```

```r
 #Cálculo de tsr y w
(tsr<- (errorOOB-error_emp)/(Noinf-error_emp))
```

```
## [1] 0.05946229
```

```r
(w<- 0.632/(1-0.368*tsr))
```

```
## [1] 0.6461389
```

```r
#Posible redefinición de tsr
if ( (errorOOB<= error_emp) | (Noinf <= error_emp) )
tsr=0
tsr
```

```
## [1] 0.05946229
```

```r
#(error632masB<-(1-w)*erroremp+w*errorOOB) #Definición general (la línea anterior no vale #si se redefi

error632masB=error632B+
(errorOOB-error_emp)*(0.368*0.632*tsr)/(1-0.368*tsr)
error632masB
```

```
## [1] 0.8949265
```

```r
cat(" RMSE Empírico=\t",sqrt(RMSE_emp), "\n",
" RMSE Jackknife=\t", RMSE_J, "\n",
" RMSE OOB=\t\t", sqrt(errorOOB),"\n",
" RMSE 0.632Boot=\t", sqrt(error632B),"\n",
" RMSE 0.632+Boot=\t", sqrt(error632masB),"\n")
```

```
##  RMSE Empírico=   0.9469887
##   RMSE Jackknife=     0.9483709
##   RMSE OOB=       0.9719043
##   RMSE 0.632Boot=     0.944956
##   RMSE 0.632+Boot=    0.9460056
```