

Lección 9.A — Correlación entre la incidencia de melanoma en Connecticut y el PNB de EEUU

Marcos Bujosa

Objetivo de la práctica

Guion: [P-L09-A-MelanomaYPNBenEEUU.inp](#)

Datos

Datos anuales (1936–1972). PNB de EEUU en miles de millones de dólares corrientes e incidencia de melanoma en la población masculina de Connecticut.

(*Estos datos me los pasó el Profesor Miguel Jerez hace tiempo. Desconozco la fuente original*)

Descarga de datos <https://github.com/mbujosab/TimeSeriesData/blob/main/GNPvsMelanoma.csv>

Objetivo

1. Comprobar cómo la aparente relación entre ambas series temporales se desvanece al tomar primeras diferencias

Comencemos cargando los datos:

Archivo -->Abrir datos -->Archivo de usuario y en la ventana emergente busque el fichero **GNPvsMelanoma.csv** que previamente ha descargado desde [aquí](#).

o bien teclee en linea de comandos:

```
open RutaAlDirectorioDelFichero/GNPvsMelanoma.csv
setobs 1 1936
setinfo GNP --description="US GNP"
setinfo Melanoma --description="Incidencia de melanoma en la población masculina de Connecticut"
```

donde RutaAlDirectorioDelFichero es la ruta al directorio donde guardó el fichero **GNPvsMelanoma.csv**

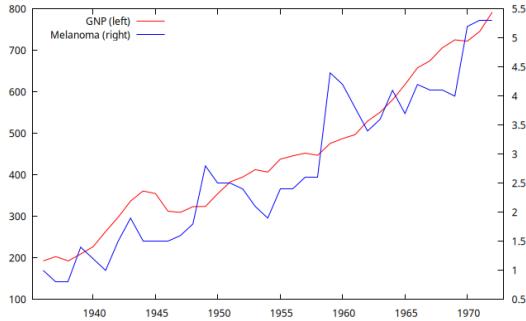
Actividad 1 - Dibujar ambas series en un mismo gráfico

Marque las series **GNP** y **Melanoma**. Pulse sobre ellas con el botón derecho del ratón. En el menú desplegable seleccione **Gráfico de Series Temporales** (indique representar en un único gráfico).

Guarde el gráfico en la sesión como un ícono. *o bien teclee en linea de comandos:*

```
GraficoSeriesEnNiveles <- gnpplot GNP Melanoma --time-series --with-lines --output="GNPyMelanoma.png"
```

Licencia: Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International (CC BY-SA 4.0).



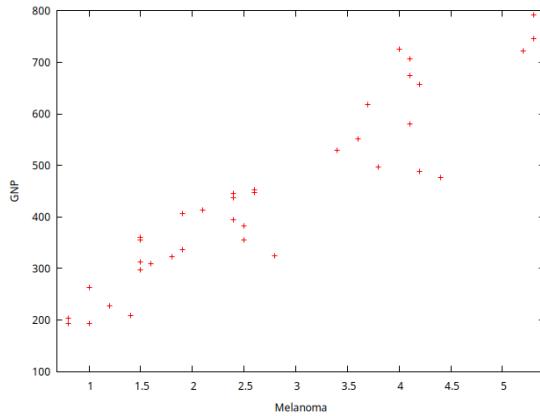
1. ¿Tienen tendencia estas series temporales?
2. ¿Hay una tendencia común a ambas series?
3. ¿Lo podemos saber con seguridad solo mirando el gráfico?

Actividad 2 - Dibujar el diagrama de dispersión y calcular la correlación

Marque las series **GNP** y **Melanoma** y pulse sobre ellas con el botón derecho del ratón. Seleccione **Gráfico de dispersión XY** (elija **Melanoma** para el eje X y suprima la recta estimada). Guarde el gráfico como ícono.

o bien teclee en linea de comandos:

```
DiagramDispersion <- gnuplot GNP Melanoma --fit=none --output="ScatterPlotGNPvMelanoma.png"
```



Calcular la correlación entre ambas series

Marque las series **GNP** y **Melanoma**. Pulse sobre ellas con el botón derecho del ratón. En el menú desplegable seleccione **Matriz de correlación**

o bien teclee en linea de comandos:

```
corr GNP Melanoma
```

- ¿Qué correlación hay? ¿Es elevada?
- ¿Significa que una de las variables influye en la otra?
- ¿Significa que hay una causa común que influyen en ambas?
- ¿Significa que quizás hay alguna relación de causalidad entre ambas (por remota que sea)?

Actividad 3 - Regresar GNP sobre Melanoma y constatar que el ajuste es bueno

Estime el modelo mediante los menús desplegables: *Modelo ->Mínimos Cuadrados Ordinarios*; indique a **Gretl** el regresando y regresor y pulse **Aceptar**.

o bien teclee en linea de comandos:

```
AjusteEnNiveles <- ols GNP 0 Melanoma
```

```
outfile --quiet RegresionNiveles.txt
AjusteEnNiveles <- ols GNP 0 Melanoma
end outfile
```

```
AjusteEnNiveles:
OLS, using observations 1936-1972 (T = 37)
Dependent variable: GNP
```

	coefficient	std. error	t-ratio	p-value
const	118.566	23.7290	4.997	1.62e-05 ***
Melanoma	118.981	7.81415	15.23	5.22e-17 ***

Mean dependent var	443.6730	S.D. dependent var	171.4417
Sum squared resid	138787.6	S.E. of regression	62.97110
R-squared	0.868836	Adjusted R-squared	0.865088
F(1, 35)	231.8413	P-value(F)	5.22e-17
Log-likelihood	-204.7517	Akaike criterion	413.5034
Schwarz criterion	416.7252	Hannan-Quinn	414.6392
rho	0.554021	Durbin-Watson	0.879122

```
AjusteEnNiveles saved
```

Aunque el coeficiente de determinación es muy elevado y los parámetros muy significativos, el modelo "no tiene ningún sentido". Una forma de constatarlo es darse cuenta de que si fuera cierto que

$$\mathbf{y} = \beta_1 \mathbf{1} + \beta_2 \mathbf{x} + \mathbf{u}$$

Entonces también sería cierto que (y nótese que $\nabla \mathbf{1} = \mathbf{0}$)

$$\nabla \mathbf{y} = \beta_2 \nabla \mathbf{x} + \nabla \mathbf{u}$$

Consecuentemente, si \mathbf{y} corresponde al GNP y \mathbf{x} a Melanoma, al regresar la primera diferencia de GNP sobre la primera diferencia de Melanoma el ajuste debería indicar que el parámetro de la constante (β_1) no es significativo, pero la pendiente (β_2) debería ser significativa, pues es el parámetro que debería relacionar linealmente ambas series (dada la elevada correlación entre ellas). Veamos si ocurre esto...

Actividad 4 - Regresar d_GNP sobre d_Melanoma y constatar que el ajuste es pésimo

Calcular la primera diferencia de las series. Explorar si puede haber relación entre ellas.

Seleccione con el ratón la variable GNP y Melanoma. Luego pulse en el menú desplegable **Añadir** que aparece arriba, en el centro de la ventana principal de **Gretl**.

- **Añadir ->Primeras diferencias de las variables seleccionadas**

Haga un gráfico con ambas series (verá que la tendencia ha desaparecido y que ya no se parecen entre sí).

Calcule también la correlación entre ambas series diferenciadas (recuerde que en un modelo lineal simple el cuadrado de dicha correlación es el coeficiente de determinación).

o bien teclee en linea de comandos:

```
diff GNP Melanoma
GraficoSeriesEnDiferencias <- gnuplot d_GNP d_Melanoma --time-series --with-lines
corr d_GNP d_Melanoma
```

Regresión en primeras diferencias

Estime el modelo mediante los menús desplegables: **Modelo ->Mínimos Cuadrados Ordinarios**; indique a **Gretl** el regresando y regresor y pulse **Aceptar**.

o bien teclee en linea de comandos:

```
AjusteEnPrimerasDiferencias <- ols d_GNP 0 d_Melanoma
```

```
outfile --quiet RegresionPrimerasDiferencias.txt
AjusteEnPrimerasDiferencias <- ols d_GNP 0 d_Melanoma
end outfile
```

```
AjusteEnPrimerasDiferencias:
OLS, using observations 1937-1972 (T = 36)
Dependent variable: d_GNP
```

	coefficient	std. error	t-ratio	p-value
const	16.5684	3.17933	5.211	9.14e-06 ***
d_Melanoma	0.706295	6.58576	0.1072	0.9152

Mean dependent var 16.65278 S.D. dependent var 18.22001
 Sum squared resid 11614.98 S.E. of regression 18.48289
 R-squared 0.000338 Adjusted R-squared -0.029064
 F(1, 34) 0.011502 P-value(F) 0.915224
 Log-likelihood -155.0594 Akaike criterion 314.1187
 Schwarz criterion 317.2858 Hannan-Quinn 315.2241
 rho 0.356257 Durbin-Watson 1.262415

```
AjusteEnPrimerasDiferencias saved
```

Ocurre justo lo contrario de lo que cabría esperar si hubiera una relación de tipo

$$\mathbf{y} = \beta_1 \mathbf{1} + \beta_2 \mathbf{x} + \mathbf{u}$$

Al tomar diferencias el único parámetro significativo es la constante. La pendiente ya no es significativa y el R cuadrado del ajuste es pequeñísimo.

Conclusión. Las variables **GNP** y **Melanoma** muestran una tendencia creciente, lo que conduce a un elevado coeficiente de correlación entre ellas; pero la tendencia ni es común, ni la correlación se puede atribuir a ninguna relación de causalidad entre ellas. La correlación es espuria (es decir, carece de sentido tratar de interpretarla); y los resultados de la regresión en diferencias lo ponen de relieve.

Código completo de la práctica

[P-L09-A-MelanomaYPNBenEEUU.inp](#)

```
# _____
# Copyright (C) 2025 Marcos Bujosa
# Licencia: GNU General Public License v3.0 o posterior
# Este código es software libre y puede ser redistribuido y/o modificado bajo los términos de la GPL.
# Ver el archivo LICENSE del repositorio para más detalles.
```

```

# _____
# Los dos primeros comandos son necesarios para que Gretl guarde los resultados de la práctica en el directorio de trabajo
# al ejecutar lo siguiente desde un terminal (use los nombres y ruta que correspondan)
#
# DIRECTORIO="Nombre_Directorio_trabajo" gretlcli -b ruta/nombre_fichero_de_la_practica.inp
#
# Si esto no le funciona en su sistema, comente las siguientes dos líneas y sítúese en el directorio de trabajo de gretl
# que corresponda (configure dicho directorio de trabajo desde la ventana principal de Gretl).

string directory = getenv("DIRECTORIO")
set workdir "@directory"

open ../../datos/GNPvsMelanoma.csv
setobs 1 1936
setinfo GNP --description="US GNP"
setinfo Melanoma --description="Incidencia de melanoma en la población masculina de Connecticut"

GraficoSeriesEnNiveles <- gnuplot GNP Melanoma --time-series --with-lines --output="GNPvMelanoma.png"

DiagramDispersion <- gnuplot GNP Melanoma --fit=none --output="ScatterPlotGNPvMelanoma.png"

corr GNP Melanoma

AjusteEnNiveles <- ols GNP 0 Melanoma

outfile --quiet RegresionNiveles.txt
    AjusteEnNiveles <- ols GNP 0 Melanoma
end outfile

diff GNP Melanoma
GraficoSeriesEnDiferencias <- gnuplot d_GNP d_Melanoma --time-series --with-lines
corr d_GNP d_Melanoma

AjusteEnPrimerasDiferencias <- ols d_GNP 0 d_Melanoma

outfile --quiet RegresionPrimerasDiferencias.txt
    AjusteEnPrimerasDiferencias <- ols d_GNP 0 d_Melanoma
end outfile

```