



Quiz 2

1. ¿Cuál es la diferencia entre verosimilitud y probabilidad?
2. ¿Cómo se llama la cosa en la flecha (A)?
3. ¿Qué información se especifica en la flecha (B)?

 $P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$

$$\text{height}_{[i]} \sim N(\mu_{[i]}, \sigma)$$
$$\mu_{[i]} = \text{Intercept}$$

 $\text{Intercept} \sim N(176, 15)$

Priors:

$$\sigma \sim N(0, 15)$$

Week 3 – Chapter 3

Chapter Precap

- Introducir el concepto de modelo de regresión y explicar qué hace que un modelo sea "bayesiano".
- Discutimos las probabilidades posteriores y previas.
- Presenta brms, un paquete de R para ajustar modelos de regresión bayesiana utilizando el lenguaje de programación Stan.
- Ajustamos un modelo de regresión bayesiana de "solo intercepto" y presentamos temas relacionados con el ajuste del modelo, como el 'shrinkage', las cadenas y las iteraciones
- Describimos la interpretación de la declaración del modelo brm e introducimos los conceptos de errores y residuos.

Regression Models

- Concepto muy vago y general.
- Definición general: Modelos que ayudan a predecir el valor de algún parámetro (por ejemplo, μ) para una distribución de probabilidad utilizando una combinación de variables predictoras.
- A menudo, los predictores se combinan linealmente, pero no tienen por qué serlo.

Normal Regression Models

- A continuación, se muestra un resumen general de una regresión que supone errores distribuidos normalmente:
 - Tienes una variable que te interesa, y .
 - Se supone que la variación aleatoria alrededor de la media (μ) se distribuye normalmente.
 - Se supone que la variación aleatoria (el error) tiene una media de 0 y una desviación estándar de σ .

$$y[i] \sim \mathbf{N}(\mu, \sigma) \quad y[i] = \mu + \mathbf{N}(0, \sigma)$$

Predicting Variation in μ

- La media de esta distribución puede variar sistemáticamente.
- La variación en la media se puede entender utilizando algunas variables predictoras.
- La regresión es una herramienta para modelar estas relaciones.

$$\mu = x_1 + x_2 + x_3$$

$$\mu_{[i]} = x_{1[i]} + x_{2[i]} + x_{3[i]}$$

$$\mu_{[i]} = \alpha_1 \cdot x_{1[i]} + \alpha_2 \cdot x_{2[i]} + \alpha_3 \cdot x_{3[i]}$$

Regression Models

$$y[i] = \mu + \mathbf{N}(0, \sigma)$$



$$\mu[i] = \alpha_1 \cdot x_1[i] + \alpha_2 \cdot x_2[i] + \alpha_3 \cdot x_3[i]$$


$$y[i] = \left(\alpha_1 \cdot x_1[i] + \alpha_2 \cdot x_2[i] + \alpha_3 \cdot x_3[i] \right) + \mathbf{N}(0, \sigma)$$



$$y[i] = \alpha_1 \cdot x_1[i] + \alpha_2 \cdot x_2[i] + \alpha_3 \cdot x_3[i] + \epsilon[i]$$

Regression Models

- "Ajustar" un modelo de regresión significa estimar estas cantidades.

$$y[i] = \alpha_1 \cdot x_1[i] + \alpha_2 \cdot x_2[i] + \alpha_3 \cdot x_3[i] + \epsilon[i]$$


- Estos son los 'parámetros' de nuestro modelo.

Regression Models

Our observations are expected to be randomly distributed around the mean value according to a normal distribution with a standard deviation equal to sigma (σ), and a mean of mu (μ). We expect the mean of our variable to vary from trial to trial based on three predictors. The combination of these predictors is based on model-specific coefficients ($\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3$) that are static across trials.

$$y[i] \sim N(\mu, \sigma)$$

$$\mu[i] = \alpha_1 \cdot x_1[i] + \alpha_2 \cdot x_2[i] + \alpha_3 \cdot x_3[i]$$

Errores and Residuos

- Los errores son la diferencia entre las observaciones y los valores esperados.
- Los errores son lo que modelamos probabilísticamente (la variación en μ es determinista).

$$y[i] = \mu[i] + \varepsilon[i] \quad \varepsilon[i] = y[i] - \mu[i]$$

$$\varepsilon[i] \sim \mathbf{N}(0, \sigma)$$

Errors and Residuals

- No conocemos el μ real y solo podemos estimarlo ($\hat{\mu}$).

$$\varepsilon_{[i]} = y_{[i]} - \mu_{[i]}$$

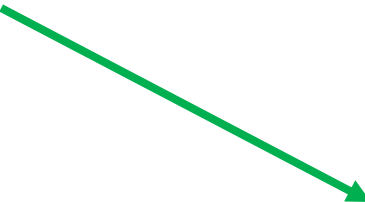

- Los residuos son la variación alrededor de nuestros valores predichos, son errores estimados ($\hat{\varepsilon}$).

$$\hat{\varepsilon}_{[i]} = y_{[i]} - \hat{\mu}_{[i]}$$

$$\hat{\varepsilon}_{[i]} \sim N(0, \sigma)$$

What's 'Bayesian' about our Models?

- Los modelos "tradicionales" (frecuentistas) se centran en las verosimilitudes de los parámetros para hacer inferencias.


$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$


- Los modelos bayesianos hacen inferencias utilizando la probabilidad posterior de los parámetros.

Teorema de Bayes

$$P(A \& B) = P(B \& A)$$

$$P(A | B) \cdot P(B) = P(B | A) \cdot P(A)$$

$$P(\mu | y) \cdot P(y) = P(y | \mu) \cdot P(\mu)$$


$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$

Teorema de Bayes

$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$


Probabilidad a priori

- La probabilidad de que haya diferentes valores del parámetro antes de recopilar datos.
- Esta expectativa a priori puede provenir del conocimiento del mundo, de experimentos previos, del sentido común o de alguna combinación de los mismos.

$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$



Verosimilitud

- Producto de los valores de densidad de probabilidad correspondientes a los puntos de datos para un valor determinado de μ .
- Refleja la probabilidad de que los datos, y , se observen para valores concretos de μ .


$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$


Probabilidad marginal

- El numerador se tiene que escalar para que la densidad posterior tenga un área total bajo la curva igual a uno.
- La probabilidad marginal no varía en función de μ , entonces no afecta a la probabilidad relativa a posteriori de valores de μ .
- Puedes ignorar esto.

$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$


Probabilidad a posteriori

- La probabilidad a posteriori (después de la observación) de valores de μ dados los datos y , y la estructura del modelo.
- La posterior es una combinación de la distribución a priori y la verosimilitud, una combinación de información antigua y nueva.


$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$

Bayes Theorem

$$P(\mu|y) = \frac{P(y|\mu) \cdot P(\mu)}{P(y)} = \frac{P(y|\mu)}{P(y)} \cdot P(\mu)$$

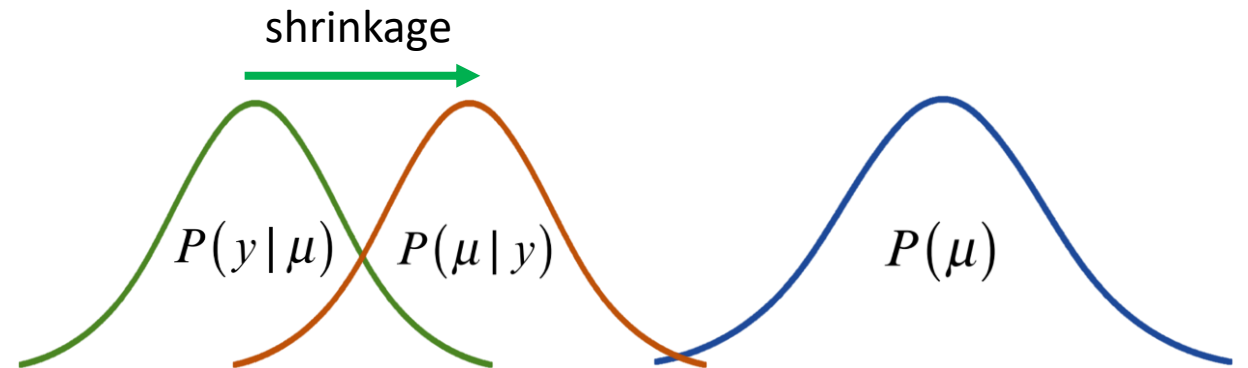
$$\log(P(\mu|y)) = \\ (\log(P(y|\mu)) - \log(P(y))) + \log(P(\mu))$$

Posterior Distributions and Shrinkage

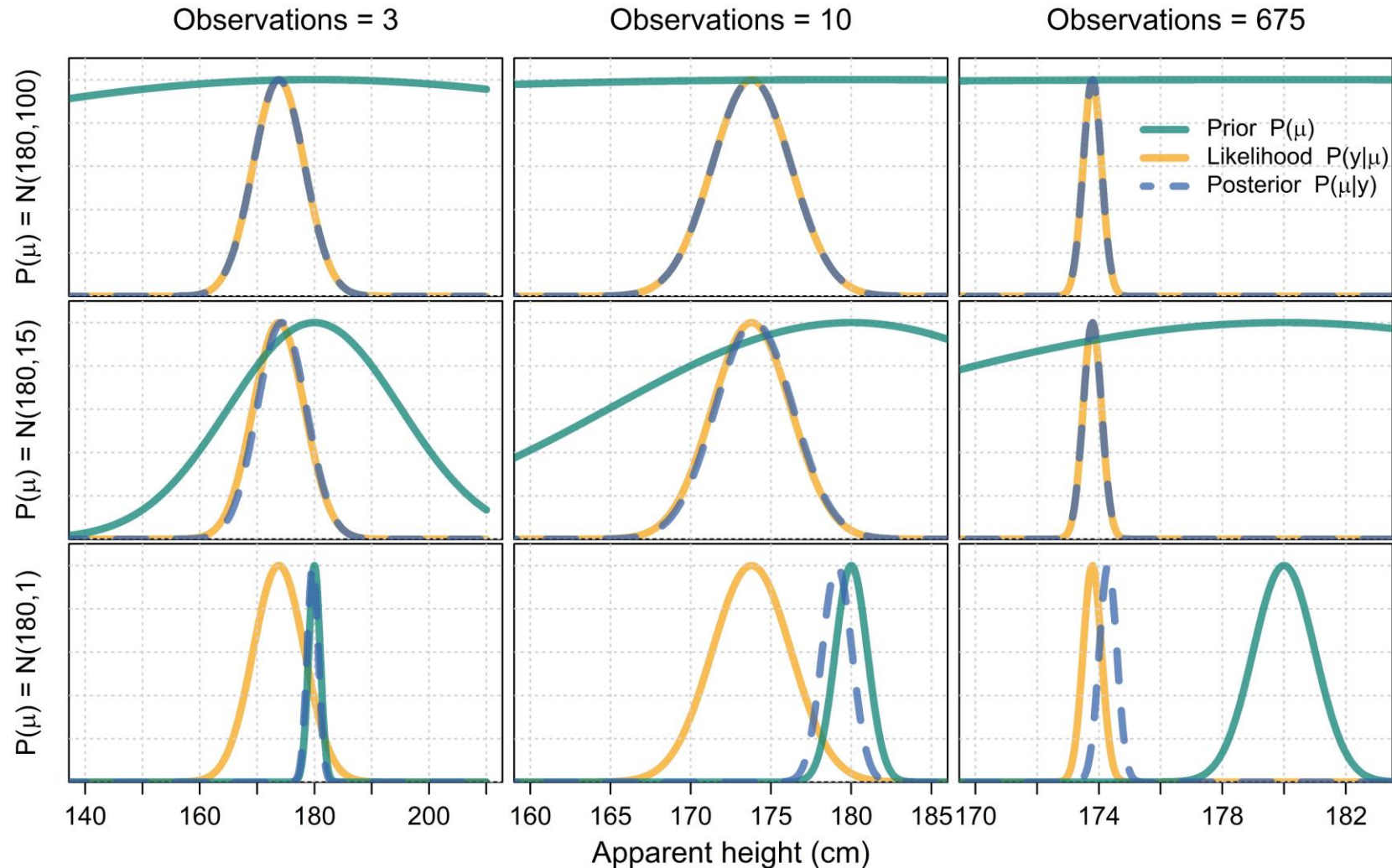
- Las probabilidades a posteriori se pueden alejar de los valores de los parámetros más verosímiles, hacia los valores a priori.
- Este "tirón" se llama contracción ('shrinkage'), los valores se reducen hacia el prior.

$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$

Diagram illustrating the components of the posterior distribution formula: $P(\mu | y)$ is indicated by an orange arrow, $P(y | \mu)$ by a green arrow, and $P(\mu)$ by a blue arrow.




Posterior Distributions and Shrinkage



$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$

Sampling from Posterior Distributions

- Muchos modelos complejos no se pueden analizar analíticamente.
- Las características de las probabilidades posteriores se investigan utilizando métodos numéricos.
- Los modelos bayesianos modernos requieren un software de muestreo sofisticado.


$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$

Stan and brms

- Stan – “Stan is a state-of-the-art platform for statistical modeling and high-performance statistical computation.”
- brms – An interface for the easy use of Stan in R.

Data and Research Questions

```
# load book package and brms
library (bmmmb)
library (brms)

# load and subset experimental data
data (exp_data)
men = exp_data[exp_data$C_v=='m',]
mens_height = men$height
```


Data and Research Questions

Objetivo: Utilizar los datos de nuestro experimento para responder a estas preguntas:

(1) ¿Qué tan alto "suena" el hombre adulto promedio?

(2) ¿Podemos establecer límites a las alturas aparentes creíbles en función de los datos que recopilamos?

Description of the Model

- La altura aparente para observación i se distribuye normalmente con algún valor esperado específico para esa observación y alguna desviación estándar desconocida (pero fija).
- El valor esperado para cualquier prueba determinada ($\mu_{[i]}$) es igual al intercepto del modelo para todos los ensayos (es decir, es fijo, tenemos el mismo valor esperado para todas las observaciones).

$$y_{[i]} \sim N(\mu_{[i]}, \sigma)$$

$$\mu_{[i]} = \alpha_1 \cdot 1$$

$$\text{height}_{[i]} \sim N(\mu_{[i]}, \sigma)$$

$$\mu_{[i]} = \text{Intercept}$$

The Model Formula

- La variable dependiente va a la izquierda de la \sim , los predictores van a la derecha.

```
y ~ predictors
```

```
height ~ 1
```

Fitting a Model



```
model = brms::brm (height ~ 1, data = men, chains = 1, cores = 1)
## Compiling Stan program...
## Start sampling
##
## SAMPLING FOR MODEL '03859e54349182b6cd9cd51aa7ca25d3' NOW
## (CHAIN 1).
## Chain 1:
## Chain 1: Gradient evaluation took 0 seconds
## Chain 1: 1000 transitions using 10 leapfrog steps per
## transition would take 0 seconds.
## Chain 1: Adjust your expectations accordingly!
## Chain 1:
## Chain 1:
## Chain 1: Iteration:      1 / 2000 [  0%] (Warmup)
## Chain 1: Iteration:    200 / 2000 [ 10%] (Warmup)
## Chain 1: Iteration:    400 / 2000 [ 20%] (Warmup)
## Chain 1: Iteration:    600 / 2000 [ 30%] (Warmup)
## Chain 1: Iteration:    800 / 2000 [ 40%] (Warmup)
## Chain 1: Iteration:   1000 / 2000 [ 50%] (Warmup)
## Chain 1: Iteration:   1001 / 2000 [ 50%] (Sampling)
## Chain 1: Iteration:   1200 / 2000 [ 60%] (Sampling)
## Chain 1: Iteration:   1400 / 2000 [ 70%] (Sampling)
## Chain 1: Iteration:   1600 / 2000 [ 80%] (Sampling)
## Chain 1: Iteration:   1800 / 2000 [ 90%] (Sampling)
## Chain 1: Iteration:   2000 / 2000 [100%] (Sampling)
## Chain 1:
## Chain 1: Elapsed Time: 0.103 seconds (Warm-up)
## Chain 1:                0.057 seconds (Sampling)
## Chain 1:                0.16 seconds (Total)
```

The Model Print Statement

- Al evaluar el nombre del modelo en la consola, se muestra el resumen del modelo.

```
# inspect model  
model
```

```
Family: gaussian  
Links: mu = identity; sigma = identity  
Formula: height ~ 1  
Data: men (Number of observations: 675)  
Draws: 1 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;  
       total post-warmup draws = 1000  
  
Population-Level Effects:  
      Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS  
Intercept  173.78      0.30   173.16   174.33 1.00    1055      714  
  
Family Specific Parameters:  
      Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS  
sigma      7.77      0.22    7.37    8.21 1.00    1139      741  
  
Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS  
and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential  
scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```

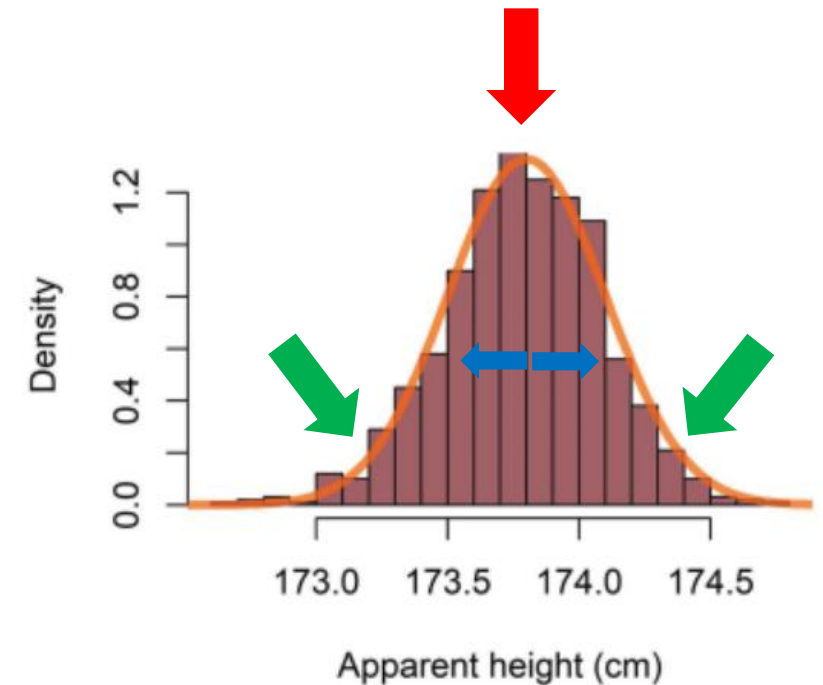
Fit and Model Information

- Información sobre el modelo y el muestreo realizado.

```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: height ~ 1
Data: men (Number of observations: 675)
Draws: 1 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 1000
```

Population-Level Effects

- “Population-level effects” son compartidos por todas las observaciones, o al menos por todas las observaciones de un grupo determinado.
- Tu modelo te dará información sobre la distribución posterior: **la media**, **el error estándar** y **el intervalo de credibilidad del 95%**.

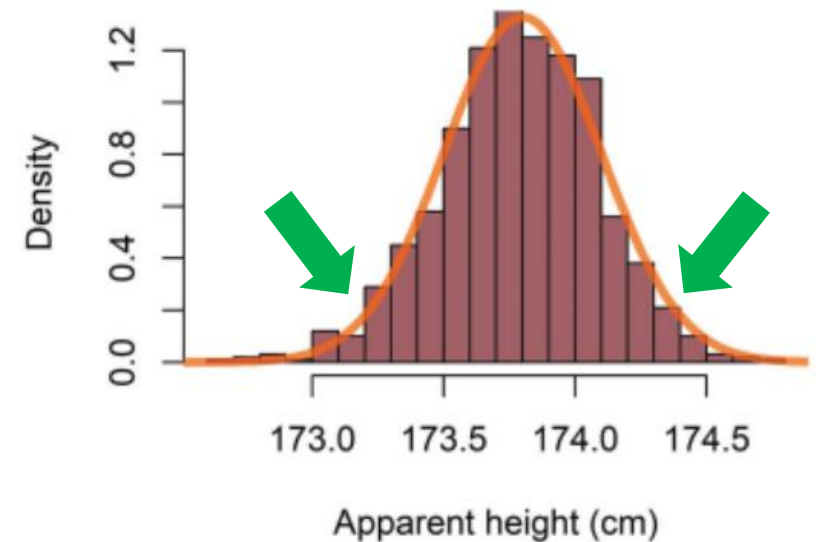


Population-Level Effects:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	173.78	0.30	173.16	174.33	1.00	1055	714

Credible Intervals

- Los intervalos creíbles (CI) indican qué valores son creíbles para los parámetros, en función de los datos y la estructura del modelo.
- Se basan en los cuantiles de su distribución posterior.
- Los intervalos del 95% son comunes, pero no especiales de ninguna manera.




Population-Level Effects:


	Estimate	Est.Error	1-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	173.78	0.30	173.16	174.33	1.00	1055	714

Family Specific Parameters

- La mayoría de las distribuciones tienen al menos un parámetro de ubicación (como μ).
- Algunas distribuciones tienen *otros* parámetros (por ejemplo, σ). Estos van en los 'family specific parameters'.


$$\text{height}_{[i]} \sim N(\mu_{[i]}, \sigma)$$
$$\mu_{[i]} = \text{Intercept}$$

Family Specific Parameters:



	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	7.77	0.22	7.37	8.21	1.00	1139	741

Boilerplate Text

- Relacionado con el proceso de muestreo, más o menos lo mismo siempre.

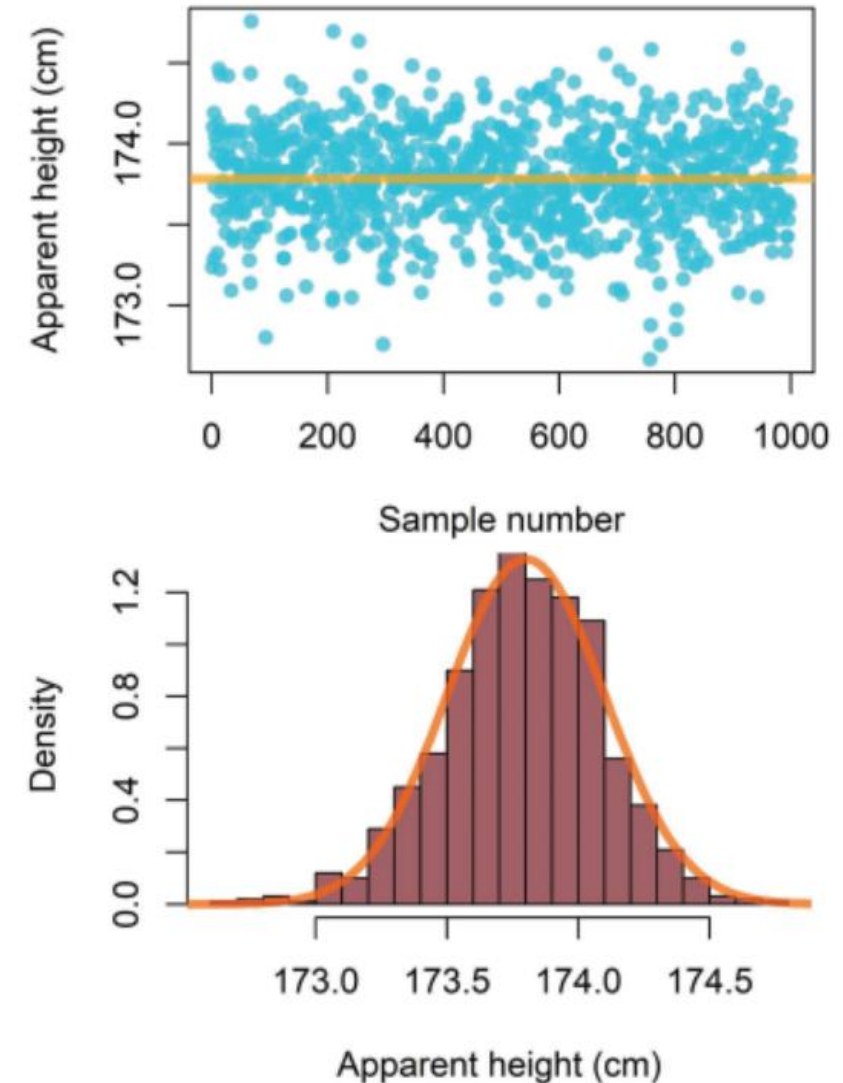
```
Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS  
and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential  
scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```

Seeing the Samples

```
# get posterior samples from model
samples = bmmb::get_samples (model)

# check number of samples
nrow (samples)
## [1] 1000

# see first six samples
head (samples)
##      b_Intercept sigma lprior  lp__
## 1      173.2  7.518  -5.885  -2347
## 2      174.1  7.613  -5.880  -2345
## 3      173.3  7.940  -5.945  -2346
## 4      174.2  7.564  -5.872  -2346
## 5      173.7  7.879  -5.924  -2345
## 6      174.0  7.859  -5.916  -2345
```



Getting the Residuals

```
model_residuals = residuals (model, )  
head (model_residuals)
```

```
##           Estimate Est.Error      Q2.5      Q97.5  
## [1,]    -3.8844      0.2988    -4.4347    -3.2638  
## [2,]    -0.2844      0.2988    -0.8347     0.3362  
## [3,]    -1.7844      0.2988    -2.3347    -1.1638  
## [4,]   -16.0844      0.2988   -16.6347   -15.4638  
## [5,]   -20.3844      0.2988   -20.9347   -19.7638  
## [6,]     0.4156      0.2988    -0.1347     1.0362
```

```
model_residuals = residuals (model, summary=FALSE)  
dim (model_residuals)
```

```
## [1] 1000  675
```

Getting the Residuals

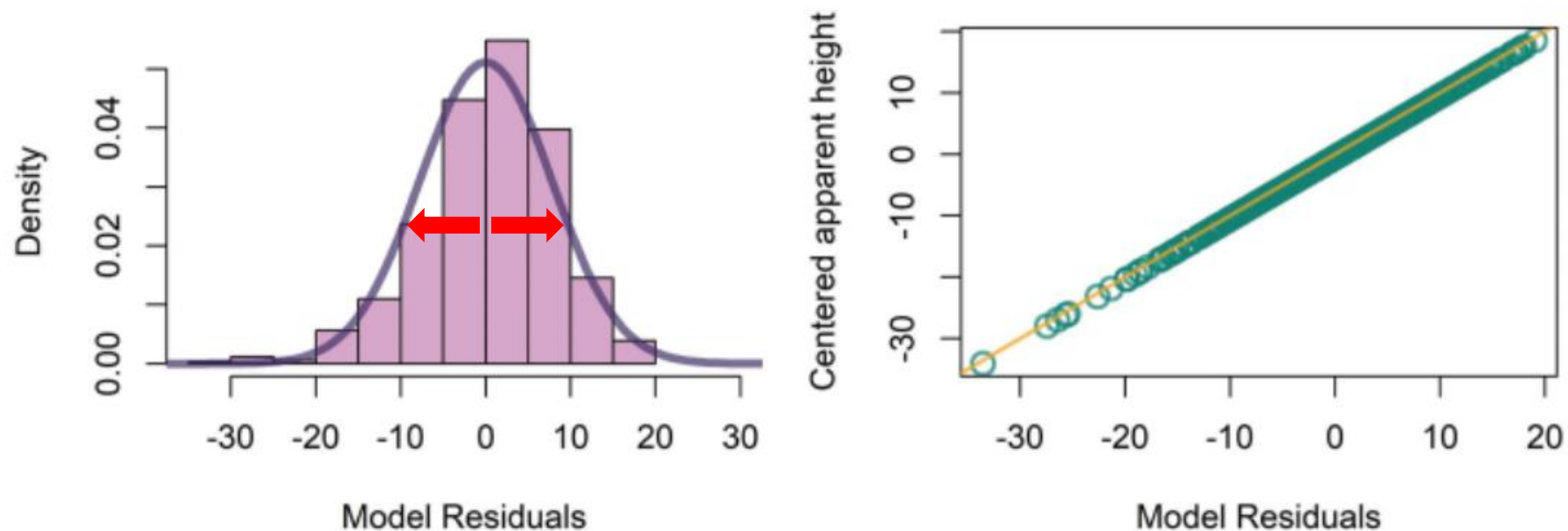


Figure 3.3 (left) Histogram of the residuals for `model`. (right) A comparison of our residuals and centered height judgments shows that these are nearly equal.

Family Specific Parameters:


	Estimate	Est.Error	1-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	7.77	0.22	7.37	8.21	1.00	1139	741

Model Convergence

```
## Warning messages:  
## 1: Bulk Effective Samples Size (ESS) is too low,  
indicating posterior means and  
## medians may be unreliable. Running the chains for more  
iterations may help. See:  
## http://mc-stan.org/misc/warnings.html#bulk-ess  
## 2: Tail Effective Samples Size (ESS) is too low,  
indicating posterior variances  
## and tail quantiles may be unreliable.  
## Running the chains for more iterations may help. See  
## http://mc-stan.org/misc/warnings.html#tail-ess
```

Population-Level Effects:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	173.78	0.30	173.16	174.33	1.00	1055	714



Model Convergence: Cores and Chains

- Cada secuencia de muestras es una 'cadena'.
- Puede estimar varias cadenas simultáneamente en varios núcleos.
- Esto puede acelerar bastante el tiempo de cálculo.

```
parallel::detectCores()
```

```
# Fit the model yourself
```

```
model_multicore =
```

```
  brms::brm (height ~ 1, data = men, chains = 4, cores = 4)
```



Model Convergence: Iterations and Warmup

- Stan utiliza el calentamiento para afinar el sampler y encontrar buenos valores de parámetros.
- Solo se conservan las muestras después del calentamiento: **iter**-**warmup**.

```
# Fit the model yourself
model_thinned =
  brms::brm (height ~ 1, data = men, chains = 4, cores = 4,
            warmup = 1000, iter = 3000, thin = 2)

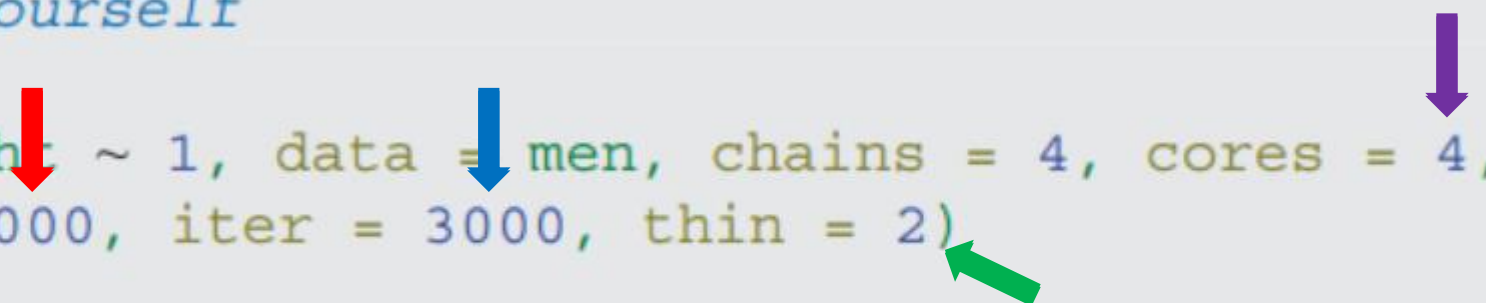
# Or download it from the GitHub page:
model_thinned = bmmmb::get_model ('3_model_thinned.RDS')
```


Model Convergence: Thinning

- ‘Thinning’ conserva solo cada enésima muestra:
 $(\text{iter} - \text{warmup}) / \text{thin}$.
- Por lo tanto, si está muestreando de `cores` cadenas, terminará con: $(\text{iter} - \text{warmup}) / \text{thin} \cdot \text{cores}$ muestras totales.

```
# Fit the model yourself
model_thinned =
  brms::brm (height ~ 1, data = men, chains = 4, cores = 4,
            warmup = 1000, iter = 3000, thin = 2)

# Or download it from the GitHub page:
model_thinned = bmmb::get_model ('3_model_thinned.RDS')
```



Divergent Transitions

- Las transiciones divergentes no deben ser ignoradas.
- Te dicen que algo anda mal con tu modelo.

```
## There were n divergent transitions after warmup.  
Increasing adapt_delta  
## above 0.8 may help. See  
## http://mc-stan.org/misc/warnings.html#divergent-transitions-after-warmup`
```

- Puede (tal vez) solucionar esto cambiando adapt_delta como se muestra debajo.

```
brms::brm (height ~ 1, data = men, chains = 4, cores = 4, warmup = 1000,  
          iter = 3000, thin = 2, control = list(adapt_delta = 0.9))
```

Specifying Priors

- La función `get_prior` se puede utilizar para ver cuales priors necesita tu modelo.
- Puede especificar priores para las clases de parámetros. Hasta el momento, estos son:
 - Intercept: Una clase única, solo para interceptaciones.
 - sigma: Esto es para la desviación estándar de nuestros parámetros de error, sigma (σ).

```
brms::get_prior (height ~ 1, data = men) [, -c(7:9)]  
##               prior      class coef group resp dpar  source  
## student_t(3, 174.5, 7.1) Intercept                        default  
## student_t(3, 0, 7.1)      sigma                          default
```

Specifying Priors

- Puede establecer priores utilizando la función `set_prior`.
- Puede hacer esto para clases completas o para parámetros individuales (más sobre esto más adelante).
- Abajo, especificamos los valores previos para nuestros dos parámetros del modelo.

```
prior = c(brms::set_prior("normal(176, 15)", class = "Intercept"),  
          brms::set_prior("normal(0, 15)", class = "sigma"))
```

An Updated Model Description

$$\text{height}_{[i]} \sim \text{N}(\mu_{[i]}, \sigma)$$

$$\mu_{[i]} = \text{Intercept}$$

Priors:

$$\text{Intercept} \sim \text{N}(176, 15)$$

$$\sigma \sim \text{N}(0, 15)$$

```
# Fit the model yourself, or
model_priors =
  brms::brm (height ~ 1, data = men, chains = 4, cores = 4,
    warmup = 1000, iter = 3500, thin = 2,
    prior = c(brms::set_prior("normal(176, 15)", class = "Intercept"),
      brms::set_prior("normal(0, 15)", class = "sigma")))
```


An Updated Model Description

$\text{height}_{[i]} \sim N(\mu_{[i]}, \sigma)$

$\mu_{[i]} = \text{Intercept}$

Priors:

$\text{Intercept} \sim N(176, 15)$

$\sigma \sim N(0, 15)$

```
bmmb::short_summary (model_thinned)
## Formula:  height ~ 1
## Population-Level Effects:
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI
## Intercept    173.8      0.3    173.2    174.4
##
## Family Specific Parameters:
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI
## sigma        7.77      0.21    7.38     8.2
```

```
# Fit the model yourself, or
model_priors =
  brms::brm (height ~ 1, data = men, chains = 4, cores = 4,
    warmup = 1000, iter = 3500, thin = 2,
    prior = c(brms::set_prior("normal(176, 15)", class = "Intercept"),
      brms::set_prior("normal(0, 15)", class = "sigma")))
```

Comparison of Slightly Different Priors

```
bmb::short_summary (model_thinned)
## Formula: height ~ 1
## Population-Level Effects:
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI
## Intercept    173.8      0.3    173.2    174.4
##
## Family Specific Parameters:
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI
## sigma        7.77      0.21    7.38     8.2
```

```
bmb::short_summary (model_priors)
## Formula: height ~ 1
## Population-Level Effects:
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI
## Intercept    173.8      0.31    173.2    174.4
##
## Family Specific Parameters:
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI
## sigma        7.77      0.21    7.37     8.19
```

The Log Prior and Log Posterior Densities


- Esta parte será importante cuando hablemos de comparación de modelos.
- Realmente no necesitas preocuparte por eso por ahora.
- ¿Qué son el logaritmo posterior (lp) y el logaritmo previo (lprior)?

```
# get posterior samples from model
samples = bmmb::get_samples (model)

# check number of samples
nrow (samples)
## [1] 1000

# see first six samples
head (samples)
```

	b_Intercept	sigma	lprior	lp__
## 1	173.2	7.518	-5.885	-2347
## 2	174.1	7.613	-5.880	-2345
## 3	173.3	7.940	-5.945	-2346
## 4	174.2	7.564	-5.872	-2346
## 5	173.7	7.879	-5.924	-2345
## 6	174.0	7.859	-5.916	-2345



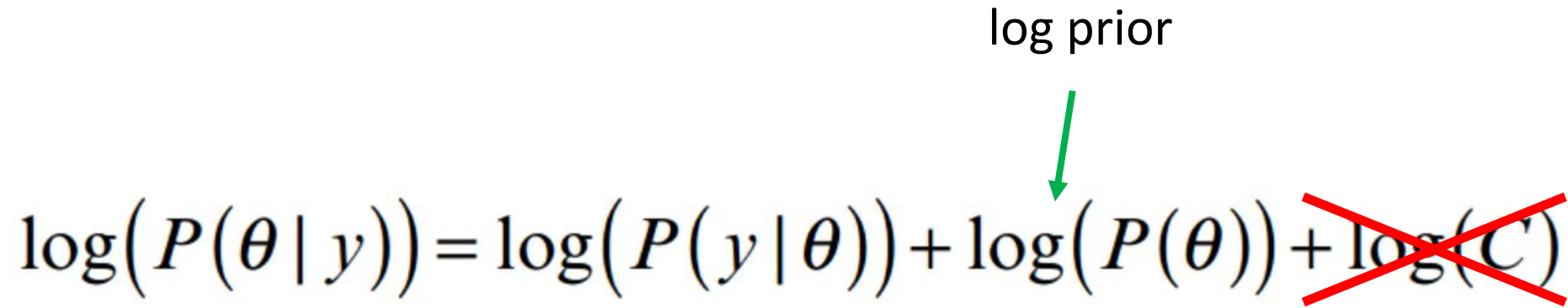
The Log Prior and Log Posterior Densities

$$P(\mu | y) = \frac{P(y | \mu) \cdot P(\mu)}{P(y)}$$

$$P(\theta | y) = [P(y | \theta) \cdot P(\theta)] \cdot C$$

$$\log(P(\theta | y)) = \log(P(y | \theta)) + \log(P(\theta)) + \log(C)$$

The Log Prior and Log Posterior Densities

$$\log(P(\theta | y)) = \log(P(y | \theta)) + \log(P(\theta)) + \log(C)$$


log prior

unnormalized log posterior

~~$\log(C)$~~

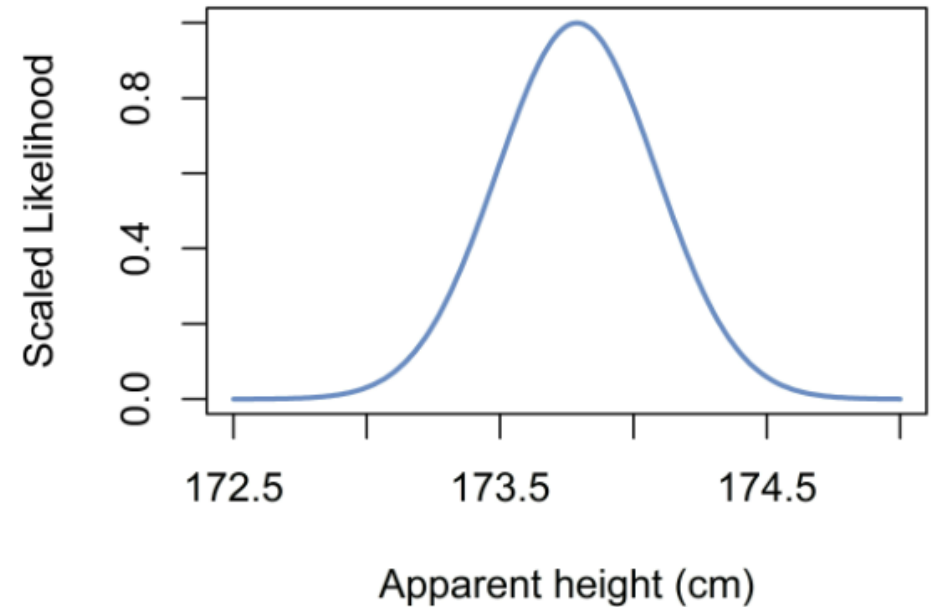
Answering our Research Questions: Last Week

(1) ¿Qué tan alto "suena" el hombre adulto promedio?

Unos 173.8 cm de altura.

(2) ¿Podemos establecer límites a las alturas aparentes creíbles en función de los datos que recopilamos?

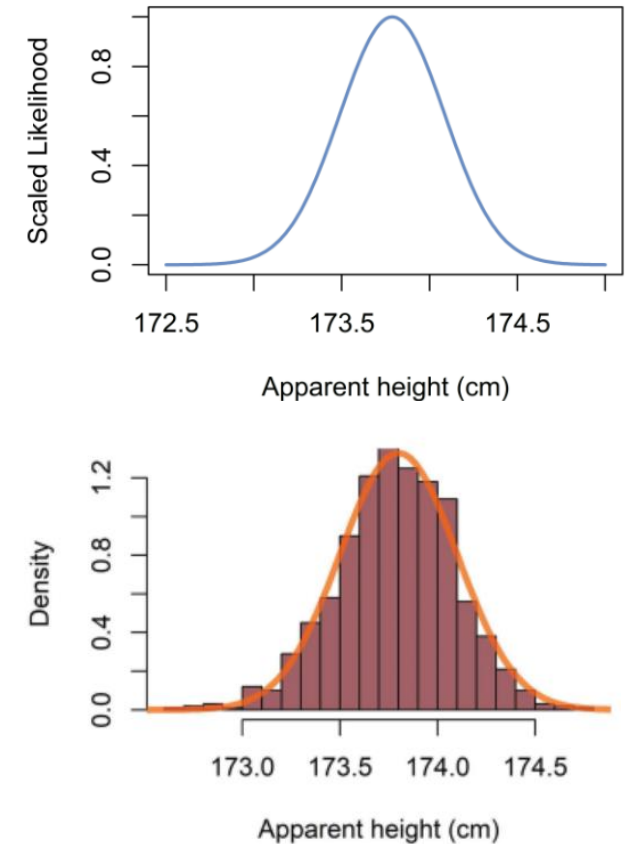
Sí, entre 173 y 174.5 cm.



Answering our Research Questions: This Week

- (1) ¿Qué tan alto "suena" el hombre adulto promedio?
- (2) ¿Podemos establecer límites a las alturas aparentes medias creíbles en función de los datos que hemos recopilado?

Según nuestro modelo, es probable que la altura aparente media de los machos adultos sea de 173.8 cm, y existe una probabilidad del 95% de que la media poblacional esté entre 173.2 y 174.4 dados nuestros datos y la estructura del modelo.



```
## Population-Level Effects:  
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS  
## Intercept    173.78      0.30   173.16   174.33 1.00    1055      714
```

Answering our Research Questions




- En un artículo podríamos informar esto como: "La altura aparente media es 174 cm (C.I. = 0.3, IC 95% = [173.2, 174.4])".

```
## Population-Level Effects:  
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS  
## Intercept    173.78      0.30   173.16   174.33 1.00     1055      714
```




- ¡Es necesario presentar los intervalos además de las estimaciones puntuales!

Traditionalist's Corner: One-Sample t-test

```
t.test (mens_height)
##
##  One Sample t-test
##
## data:  mens_height
## t = 582, df = 674, p-value <2e-16
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 173.2 174.4
## sample estimates:
## mean of x
## 173.8
```

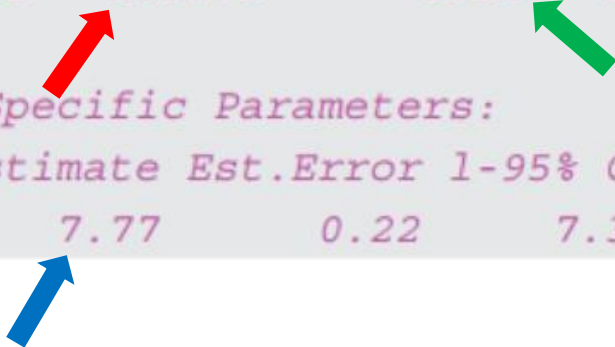


```
## Population-Level Effects:
##           Estimate Est.Error 1-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
## Intercept  173.78      0.30   173.16   174.33  1.00    1055     714
```

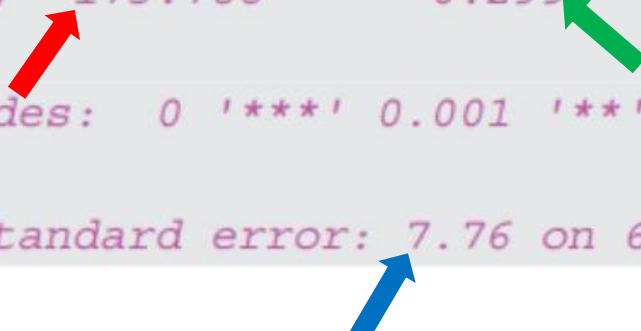


Traditionalist's Corner: OLS Regression

```
## Population-Level Effects:
##           Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rh
## Intercept  173.78      0.30   173.16   174.33 1
##
## Family Specific Parameters:
##           Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat
## sigma      7.77      0.22    7.37    8.21 1.00
```



```
ols_model = lm (mens_height ~ 1)
summary (ols_model)
##
## Call:
## lm(formula = mens_height ~ 1)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -34.09  -4.59   0.71   5.31  18.51
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  173.788      0.299      581.2  <.001
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 7.76 on 674
```



Exercises

Use the data in 'exp_ex' to do one of the following. You may also use your own data to answer a related question. In any case, describe the model, present and explain the results, and include at least two figures.

1. **Easy**: Analyze the (pre-fit) model that's exactly like model_priors, except using the data in exp_ex (bmmb::get_model("3_model_priors_ex.RDS")).
2. **Medium**: Fit a model just like model_priors, but for the data from some other group, for either the original or big resonance levels.
3. **Hard**: Fit two models like model_priors for two arbitrary groups, and compare results across models.

BE CAREFUL: Data must be normally distributed, not skewed, not distributed near its bounds...