ANOVA. Análisis de regresión y modelo lineal

[0011] DEFAD. Métodos de contraste de hipótesis y diseño de experimentos

00R Team

2014–15

Comparaciones múltiples

Comparaciones múltiples. Problemas

Ejemplo tratamiento. Enunciado

Efectividad de un tratamiento en un conjunto de enfermos de una enfermedad rara. Tres pruebas de falta de capacidad de raciocinio: mes cero (antes), mes uno y mes tres. ¿Cómo contrastar el raciocinio antes del tratamiento (m0) según la raza?

```
trat <- read.table( "files/tratamiento.csv", sep = ";",
                    head = TRUE )
head( trat, 5 )
```

```
##   id genero raza m0 m1 m3
## 1  1      1    3 35 25 16
## 2  2      2    1 37 23 12
## 3  3      2    1 36 22 14
## 4  4      1    2 34 21 13
## 5  5      2    3 60 43 22
```

Aumento del error de tipo I

Si contrastemos diferentes hipótesis nulas (independientes) a la vez, con $\alpha = 0.05$ hay más de un 5% de probabilidades de obtener un resultado significativo por azar.
Si realizamos tres contrastes, la probabilidad de no cometer error de tipo I es **0.95 para cada test**. Si son independientes:

- La probabilidad de **no** cometer error de tipo I es: $(0.95)^3 = 0.875$
- La probabilidad de cometer error de tipo I es: $1 - (0.95)^3 = 1 - 0.875 = 0.143$

Cuantas más comparaciones hagamos más crece el error de tipo I.
Para fijar el error general en 0.05 hemos de tomar en cada test $\alpha = 1 - \sqrt[3]{0.95} = 0.01695$

ANOVA

Introducción al ANOVA

Introducción al ANOVA

El ANOVA (análisis de la varianza) sirve para comparar dos o más medias. Es una generalización de la prueba t de Student. Conocida también como "Anova de Fisher" o "análisis de varianza de Fisher" por utilizar la distribución F de Fisher en el contraste. Según los factores que tengamos:

- ANOVA de una vía (factor entre sujetos)
- ANOVA de dos vías (varios factores entre sujetos)
- ANOVA para medidas repetidas (factor intra sujetos)
- ANOVA mixto (factores entre e intra sujetos)

ANOVA según variables independientes o factores (vías)

En ANOVA, a la variable categórica que define los grupos que deseamos comparar la llamamos **variable independiente** o **factor** y a la variable cuantitativa en la que deseamos comparar los grupos la llamamos **variable dependiente**.
Los factores pueden variar entre sujetos (between subjects) o dentro de los sujetos (within subjects).

- Los **factores entre sujetos** (between) son los que no se miden dos (o más) veces para un mismo sujeto. Ejemplo: edad, raza, género, etc.
- Los **factores dentro de los sujetos** (within) son los que se miden varias veces para el mismo sujeto. Ejemplo: muestras tomadas en varios momentos, peso antes y después, etc.

Ejemplo tratamiento. Lectura de datos

```
str( trat )
```

```
## 'data.frame':    18 obs. of  6 variables:
##  $ id    : int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
##  $ genero: int  1 2 2 1 2 1 1 2 2 2 ...
##  $ raza  : int  3 1 1 2 3 3 2 2 3 2 ...
##  $ m0    : int  35 37 36 34 60 54 50 60 48 47 ...
##  $ m1    : int  25 23 22 21 43 46 46 47 35 32 ...
##  $ m3    : int  16 12 14 13 22 26 23 25 20 19 ...
```

Ejemplo tratamiento. Factores

```
# Ejercicio: transforma en factores
```

ANOVA de una vía

ANOVA de una vía. Introducción

El ANOVA de una vía (*one-way ANOVA*) o *ANOVA de un factor* examina la igualdad de las medias de la población para un resultado cuantitativo y **una única variable categórica con dos o más niveles**.

La hipótesis nula H_0 es que no hay diferencia entre las medias y la alternativa, H_1, es que al menos una de las medias difiere del resto.

ANOVA de una vía. Supuestos

- Supuestos:
  - **Independencia** de las observaciones
  - **Normalidad** (robusto). Alternativa: Kruskal-Wallis
  - **Homocedasticidad** (robusto si muestras balanceadas). Alternativa: prueba de Welch

Ejemplo tratamiento. Normalidad

```
# Ejercicio: comprobar normalidad (Shapiro-Wilk)
```

Ejemplo tratamiento. Homocedasticidad

```
# Ejercicio: comprobar homocedasticidad (Bartlett)
```

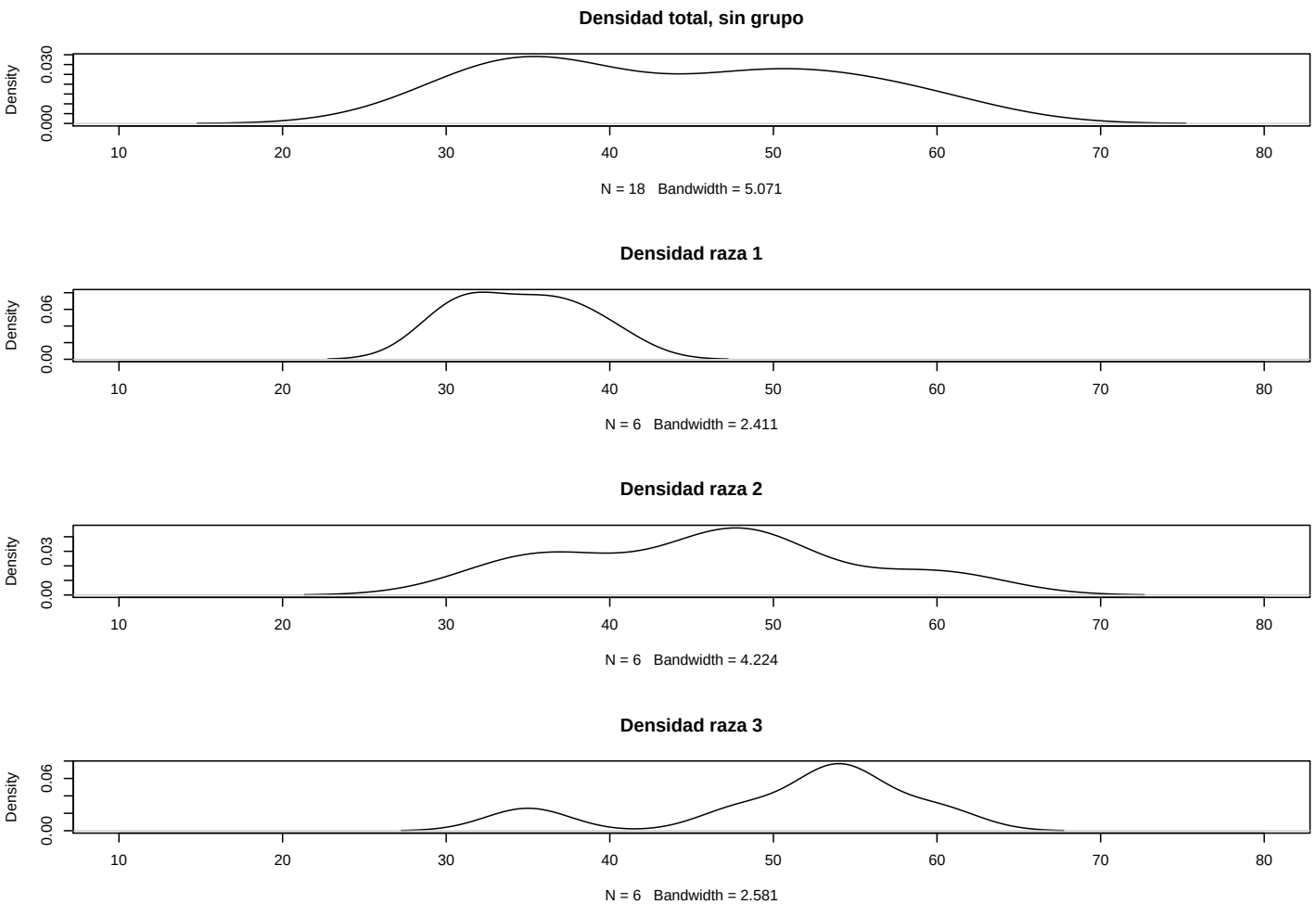
Ejemplo tratamiento. ANOVA de una vía

La hipótesis nula H_0 es que no hay diferencia entre las medias y la alternativa, H_1, que al menos una de las medias difiere del resto.

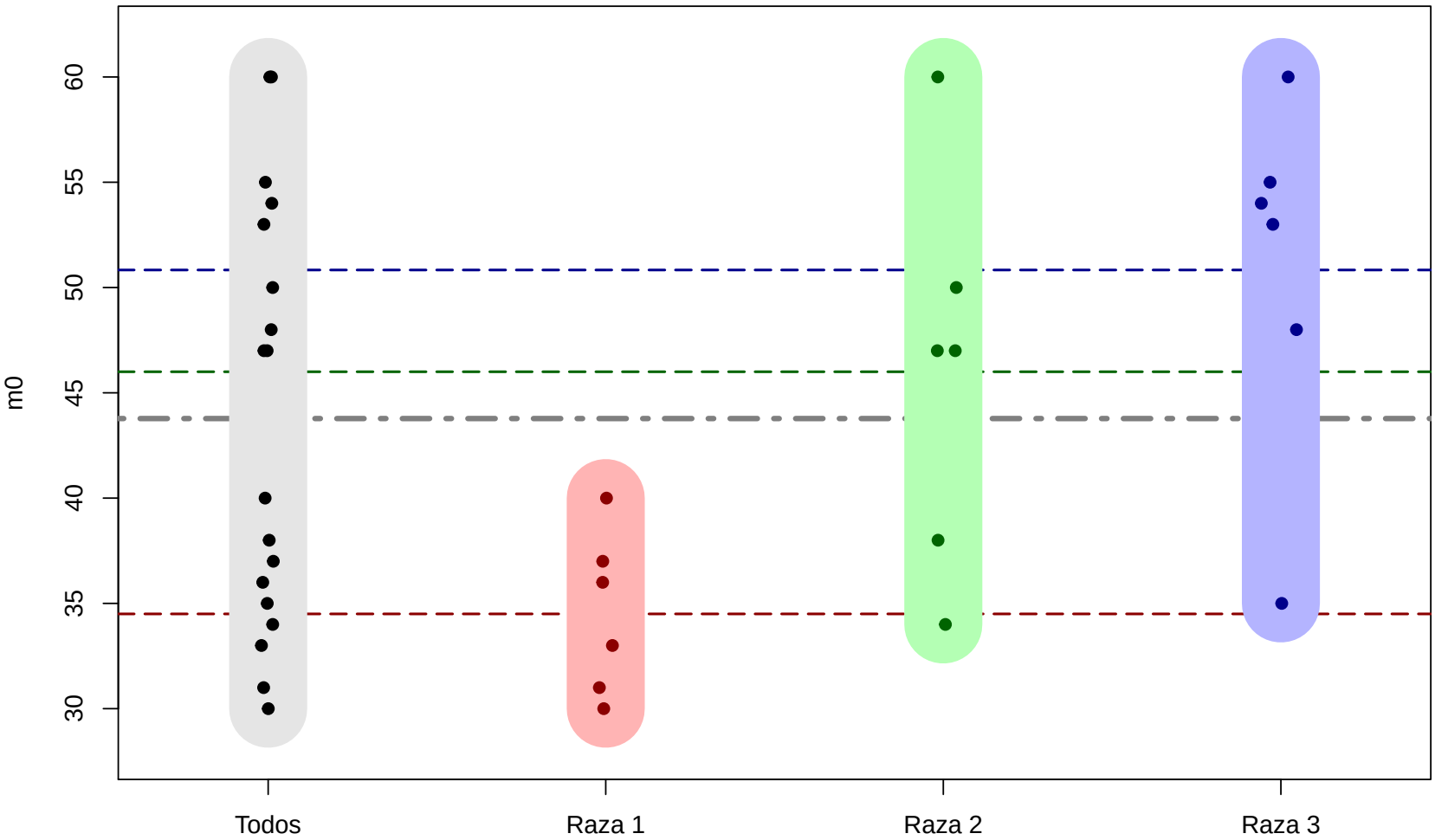
```
fitTrat <- aov( m0 ~ raza, data = trat )
summary( fitTrat )
```

```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## raza          2  844.8   422.4    7.28 0.00617 **
## Residuals    15  870.3    58.0
## ---
## Signif. codes:
## 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Ejemplo tratamiento. Suma de cuadrados



Ejemplo tratamiento. Suma de cuadrados



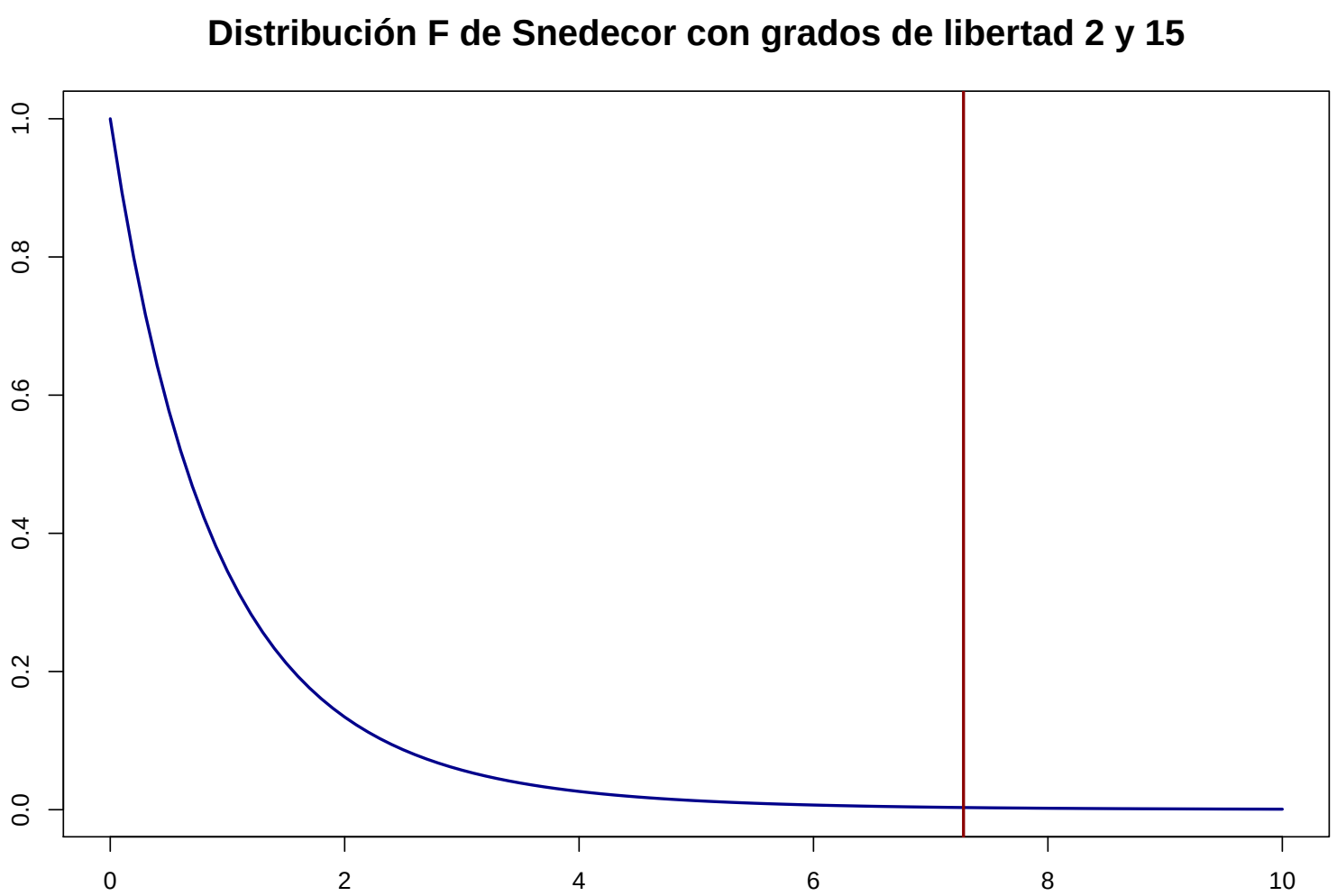
Ejemplo tratamiento. ANOVA

- Estadístico F

$$F = \frac{\text{varianza explicada}}{\text{varianza inexplicada}}$$

- P-valor
  Si es menor que 0.05 se rechaza a la hipótesis nula, es decir, el factor tiene un efecto significativo en el experimento.

Distribución F de Snedecor



Ejemplo tratamiento. ANOVA y regresión

```
str( fitTrat )
fitTrat$ # tabulador para ver opciones
fitTrat$coefficients
lm( m0 ~ raza, data = trat )
```

Ejemplo tratamiento. No HOV, test de Welch

```
oneway.test( m0 ~ raza, data = trat )
```

```
##
##  One-way analysis of means (not assuming
##  equal variances)
##
## data:  m0 and raza
## F = 10.516, num df = 2.0000, denom df =
## 8.4967, p-value = 0.005032
```

Después del ANOVA. Contrastes post-hoc

¿Qué grupos son los que difieren? Contrastes dos a dos corrigiendo el nivel de significación.

- Contrastes *post-hoc* o no planificados: sin idea previa
  - Menos de 6 niveles
    - Bonferroni
    - Holm
  - 6 o más niveles
    - LSD Fisher
    - HSD Tukey
- Comparaciones planificadas: con idea previa

Post-hoc. Pruebas t con ajuste de Bonferroni

- Bonferroni, Holm, LSD Fisher

```
# ?p.adjust
pairwise.t.test( trat$m0, trat$raza, p.adj = "holm")
```

- HSD Tukey

```
fitTrat <- aov( m0 ~ raza, data = trat )
TukeyHSD( fitTrat )
```

Ejercicio

El conjunto de datos de R `PlantGrowth` muestra el peso que tiene un tipo de planta al no ser expuestas a ningún tipo de tratamiento (control) y al ser expuestas a dos tipos de tratamiento diferentes (trt1 y trt2).
¿Hay diferencias entre los tratamientos? ¿Entre cuáles?

ANOVA de dos vías

ANOVA de dos vías. Introducción

El ANOVA de dos vías (*two-way ANOVA*) o *ANOVA de dos factores* examina la igualdad de las medias de la población para un resultado cuantitativo y **dos variables categóricas o factores**. El modelo ANOVA de dos vías evalúa, además de los efectos de los factores sobre la variable independiente, los efectos de la interacción entre ellas.

ANOVA de dos vías. Supuestos

Mismos supuestos que el ANOVA de una vía para ambos factores:

- Supuestos:
  - **Independencia** de las observaciones
  - **Normalidad** (robusto)
  - **Homocedasticidad** (robusto si muestras balanceadas)

Ejemplo tratamiento 2. Datos

En la base de datos `tratamiento.csv` ¿Cómo contrastar el raciocinio antes del tratamiento (`m0`) según la raza y el género?

```
head( trat )
```

```
##    id genero raza m0 m1 m3
## 1   1      1    3 35 25 16
## 2   2      2    1 37 23 12
## 3   3      2    1 36 22 14
## 4   4      1    2 34 21 13
## 5   5      2    3 60 43 22
## 6   6      1    3 54 46 26
```

Ejemplo tratamiento 2. Supuestos

Es necesario comprobar la homocedasticidad para ambos factores: *género* y *raza*, y comprobar la normalidad para todos los niveles de cada factor.
En este ejemplo, faltarían los supuestos para la variable *género* (los de *raza* se han realizado anteriormente).

```
bartlett.test( trat$m0 ~ trat$genero )
shapiro.test( trat$m0[ trat$genero==1 ] )
shapiro.test( trat$m0[ trat$genero==2 ] )
```

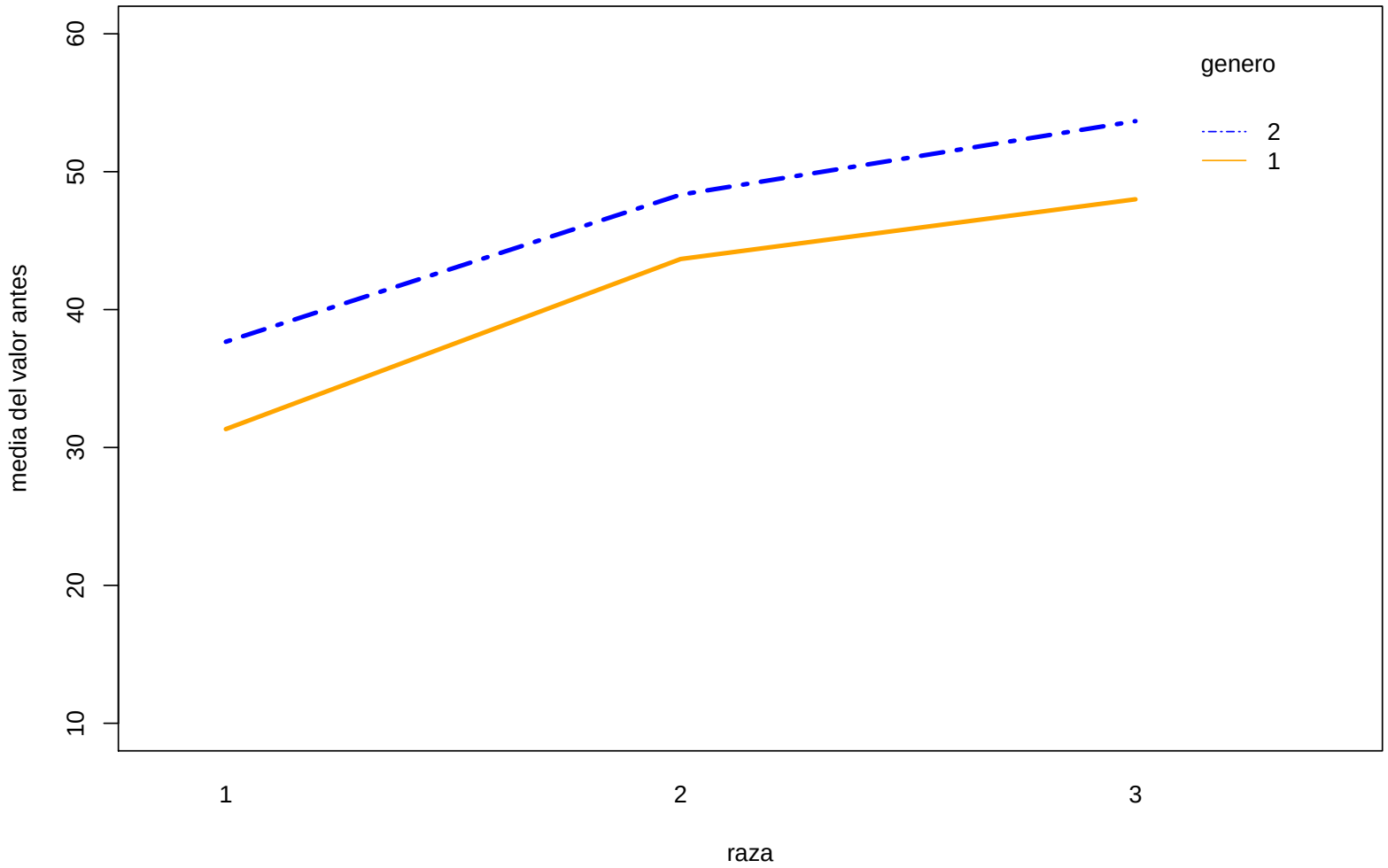
Ejemplo tratamiento 2. ANOVA de dos vías

```
fitTrat2 <- aov( m0 ~ raza * genero, data = trat )
summary( fitTrat2 )
```

```
##                Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## raza            2  844.8   422.4   6.950 0.00989 **
## genero          1  138.9   138.9   2.285 0.15649
## raza:genero     2    2.1     1.1   0.017 0.98281
## Residuals      12  729.3    60.8
## ---
## Signif. codes:
## 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

La variable *raza* tiene un efecto significativo, el *género* no y no hay interacción entre ambas, esto es, se acepta la hipótesis nula.

Ejemplo tratamiento 2. Interaction plot



ANOVA de dos vías. ¿Importa el orden?

```
aov( m0 ~ raza * genero, data = trat )
aov( m0 ~ genero * raza, data = trat )
```

Si los datos son **balanceados** no importa el orden. Si no son balanceados, **sí**. Esto se debe al tipo de suma de cuadrados.
¿Y si mis datos no son balanceados? Lo recomendable es utilizar la función `Anova()` del paquete `car` con suma de cuadrados tipo III.

```
options( contrasts = c("contr.sum", "contr.poly") )
fitDatos <- aov( m0 ~ genero * raza, data = trat )
library( car )
Anova( fitDatos, type = "III" )
```

ANOVA para medidas repetidas

ANOVA para medidas repetidas. Introducción

Se utiliza cuando se tienen **varias medidas para el mismo sujeto** en condiciones diferentes. No hay independencia. Una ventaja es que se tienen más datos con los mismos sujetos. Se controla mejor la variabilidad interna.

- Supuestos:
  - **Normalidad**. Alternativa: Friedman
  - **Esfericidad**: varianzas de las diferencias iguales. Test de Mauchly (H_0: hay esfericidad)

Si no hay esfericidad: corrección de Greenhouse–Geisser y corrección de Huynh–Feldt

ANOVA para medidas repetidas. Reestructurar los datos

Antes:

sujeto	n1	n2	n3	n4
S1	7	5	6	2
S2	1	0	3	0
S3	8	8	6	1
S4	4	3	1	2

ANOVA con medidas repetidas. Reestructurar los datos

Ahora:

sujeto	nivel	medida
S1	n1	7
S1	n2	1
S1	n3	8
S1	n4	4
S2	n1	5
S2	n2	0
...	...	...
S4	n4	2

Ejemplo tratamiento 3. Reestructurar los datos

Se utiliza la función `melt` del paquete `reshape2`.

```
library( reshape2 )
tratRe <- melt( trat, id = c( "id", "genero", "raza" ),
                measure = c( "m0", "m1", "m3" ),
                variable.name = "mes",
                value.name = "faltaRac" )
head( tratRe )
```

```
##   id genero raza mes faltaRac
## 1  1      1    3  m0       35
## 2  2      2    1  m0       37
## 3  3      2    1  m0       36
## 4  4      1    2  m0       34
## 5  5      2    3  m0       60
## 6  6      1    3  m0       54
```

Ejemplo tratamiento 3. Función aov

```
summary( aov( faltaRac ~ mes + Error( id / mes ),
              data = tratRe  ) )
```

```
##
## Error: id
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Residuals 17   3247     191
##
## Error: id:mes
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## mes        2   5684    2842   142.1 <2e-16 ***
## Residuals 34    680      20
## ---
## Signif. codes:
```

Ejemplo tratamiento 3. Función ezANOVA del paquete ez

La función `ezANOVA()` del paquete ez además del modelo ANOVA lleva a cabo el análisis de supuestos previo:

```
library( ez )
options( contrasts = c( "contr.sum", "contr.poly" ) )
ezANOVA( data = tratRe, dv = faltaRac,
         wid = id, within = mes,
         type = 3 )
```

Ejemplo tratamiento 3. Función ezANOVA del paquete ez

```
## $ANOVA
##   Effect DFn DFd        F            p p<.05       ges
## 2    mes   2  34 142.0733 3.093681e-17     * 0.5913851
##
## $`Mauchly's Test for Sphericity`
##   Effect        W           p p<.05
## 2    mes 0.523408 0.005632782     *
##
## $`Sphericity Corrections`
##   Effect       GGe        p[GG] p[GG]<.05       HFe        p[HF] p[HF]<.05
## 2    mes 0.6772352 2.298217e-12         * 0.7152351 6.12003e-13         *
```

ANOVA de medidas repetidas con R. ezANOVA() correcciones

Si el test de Mauchly nos da significativo quiere decir que no podemos asumir esfericidad y hay que considerar las correcciones. Pautas:

- Greenhouse–Geisser calcula $\varepsilon \in \left(\frac{1}{k-1}, 1\right)$ (k número de grupos)
- Si $\varepsilon > 0.75$ mirar Huynh–Feld
- Si $\varepsilon < 0.4$ **no** son válidos los resultados (la violación de la esfericidad afecta a los p-valores)

Ejercicio cáncer

El conjunto de datos `cancer.csv` contiene los resultados de un estudio que mide las capacidades orales de enfermos de cáncer de garganta. Las medidas están tomadas inicialmente y a las 2, 4 y 6 semanas de tratamiento. Además las variables edad, peso inicial y estado inicial del cáncer (del 1 al 4) fueron medidas para cada paciente. En el hospital, a un grupo se le administra un placebo (0) y al otro un tratamiento (1). Se desea determinar si la semana de tratamiento influye en las capacidades orales de aquellos que están sometidos al tratamiento 1.

ANOVA mixto

ANOVA mixto. Introducción

Se utiliza cuando tenemos varios tipos de factores: tanto entre sujetos como intra sujetos.

```
summary( aov( faltaRac ~ genero * mes + Error( id / mes ),
              data = tratRe ) )
```

Modelos mixtos ANOVA con R. ezANOVA()

```
options( contrasts = c( "contr.sum", "contr.poly" ) )
ezANOVA( data = tratRe, dv = faltaRac,
         wid = id, between = genero,
         within = mes, type = 3 )
```

Modelo de regresión lineal

Introducción al modelo de regresión

Regresión lineal. Introducción

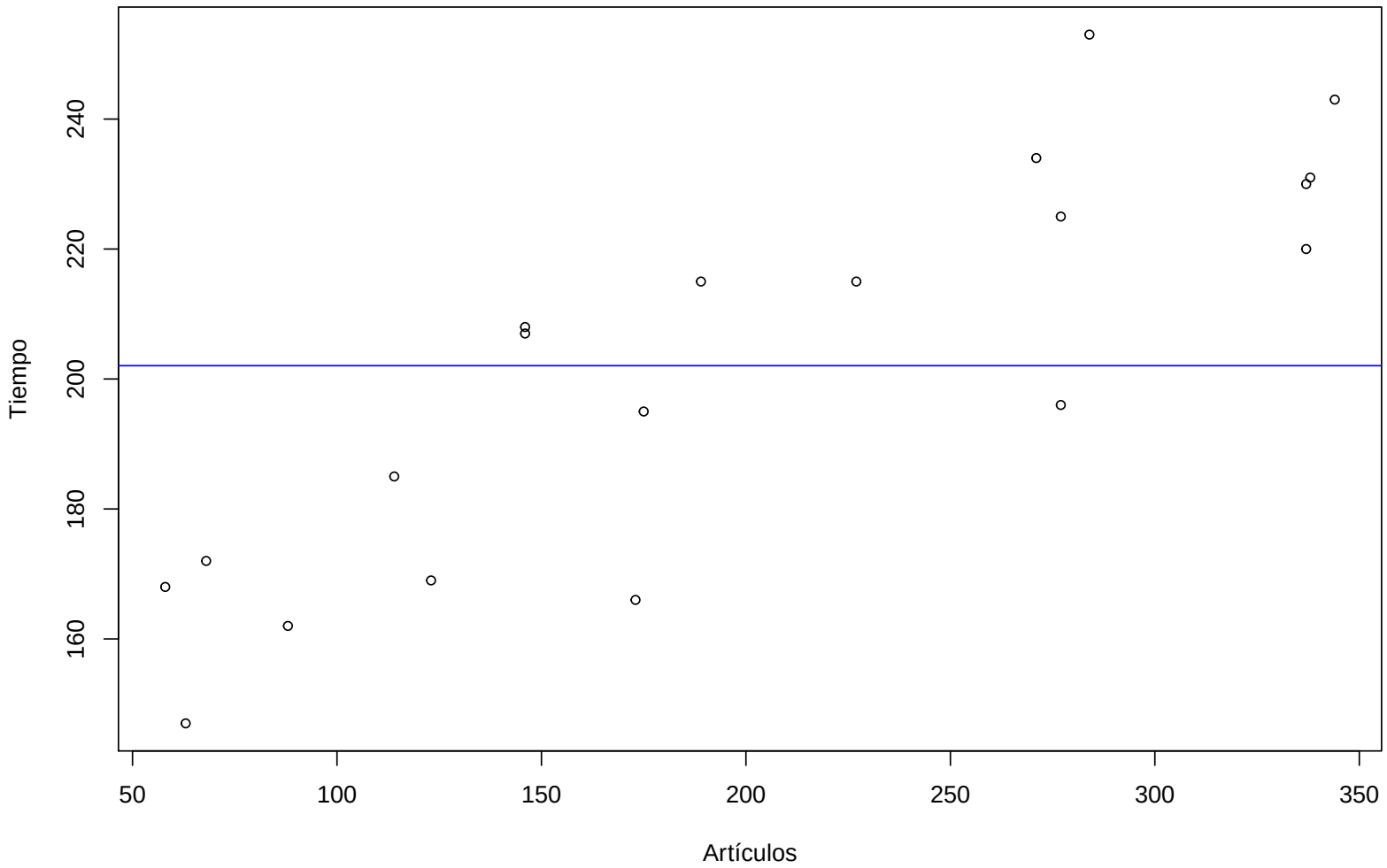
La base de datos `produccion.csv` contiene el tiempo (minutos) que dura un proceso de fabricación de un número de artículos.

```
prod <- read.table( "files/produccion.csv", sep = ";",
                    head = TRUE )
head( prod, 4 )
```

```
##   caso tiempo articulos
## 1    1    195        175
## 2    2    215        189
## 3    3    243        344
## 4    4    162         88
```

```
# mean( prod$tiempo ) # 202.05
```

Regresión lineal. Introducción



Regresión lineal. Introducción

- **La regresión** es el conjunto de técnicas usadas para estudiar la relación entre variables.
- Estamos interesados en
  - conocer **el efecto** que una o varias variables pueden causar sobre otra
  - **predecir** en mayor o menor grado valores de una variable a partir de otra.
- Se trata de una técnica para **explorar** y **cuantificar** la relación de dependencia entre
  - una variable cuantitativa llamada *variable dependiente o respuesta* (Y)
  - una o más variables independientes llamadas *variables predictoras* $(X_1, X_2, \cdots, X_k)$.

Regresión lineal. Introducción

- Modelizaremos la relación lineal entre dos o más variables mediante una **ecuación lineal** de la forma

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \cdots + \beta_n X_k$$

- Regresión lineal **simple**
  - relación entre dos variables
  - ecuación de una recta $y = mx + n$.
- Regresión lineal **múltiple**
  - relación entre tres o más variables
  - un plano o un hiperplano.

Estimación recta de regresión

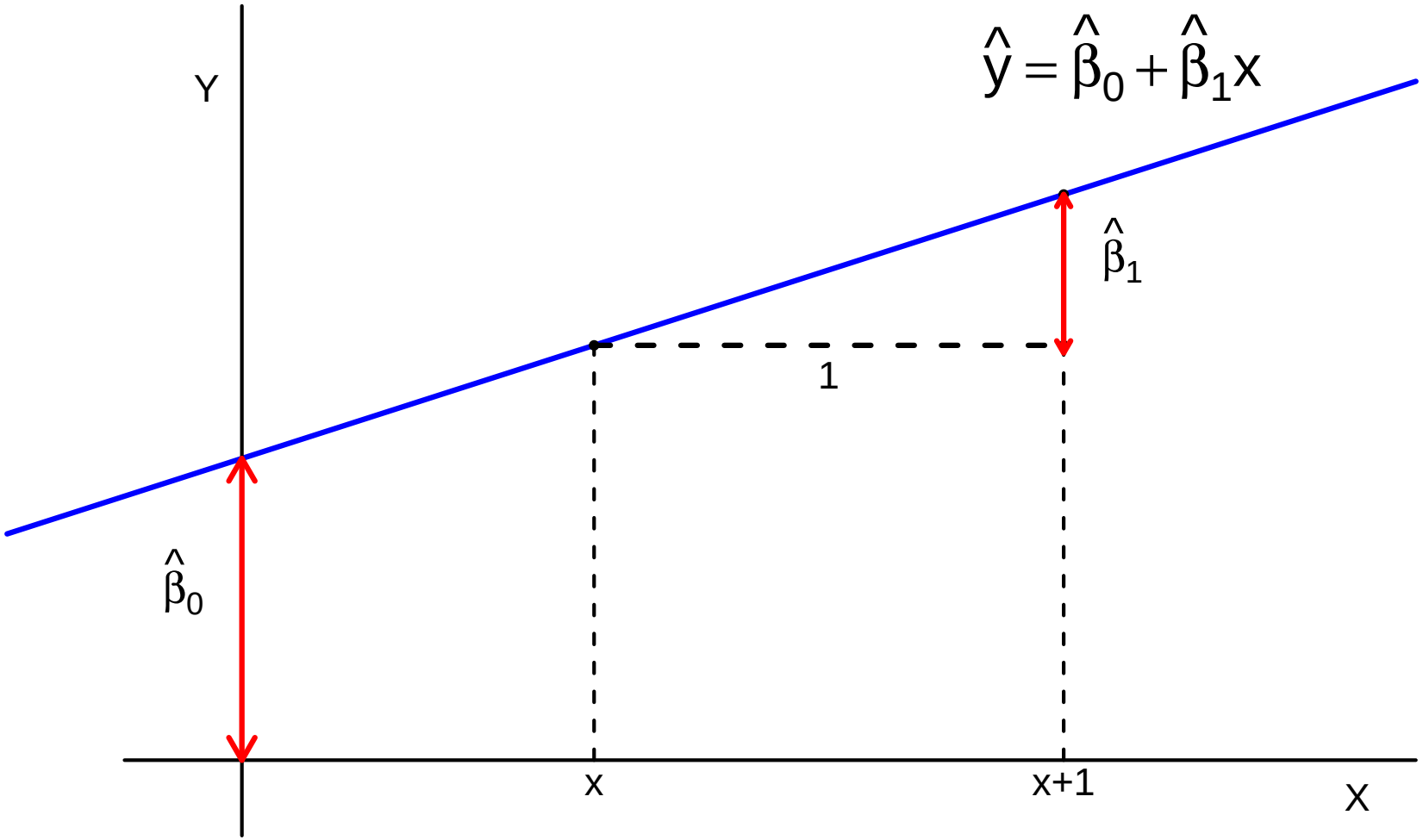
- Este ajuste consiste en estimar **los coeficientes de regresión** β_0 y β_1 para obtener la recta

$$\hat{y} = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x,$$

donde $\hat{y}$ es el valor ajustado por el modelo para el valor observado x.

- $\hat{\beta}_0$ es la **ordenada en el origen** (punto de corte con el eje Y).
- $\hat{\beta}_1$ la **pendiente** de la recta del modelo de regresión.

Ajuste de la recta de regresión



Regresión lineal simple

Introducción

- El modelo tiene la forma

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X + e,$$

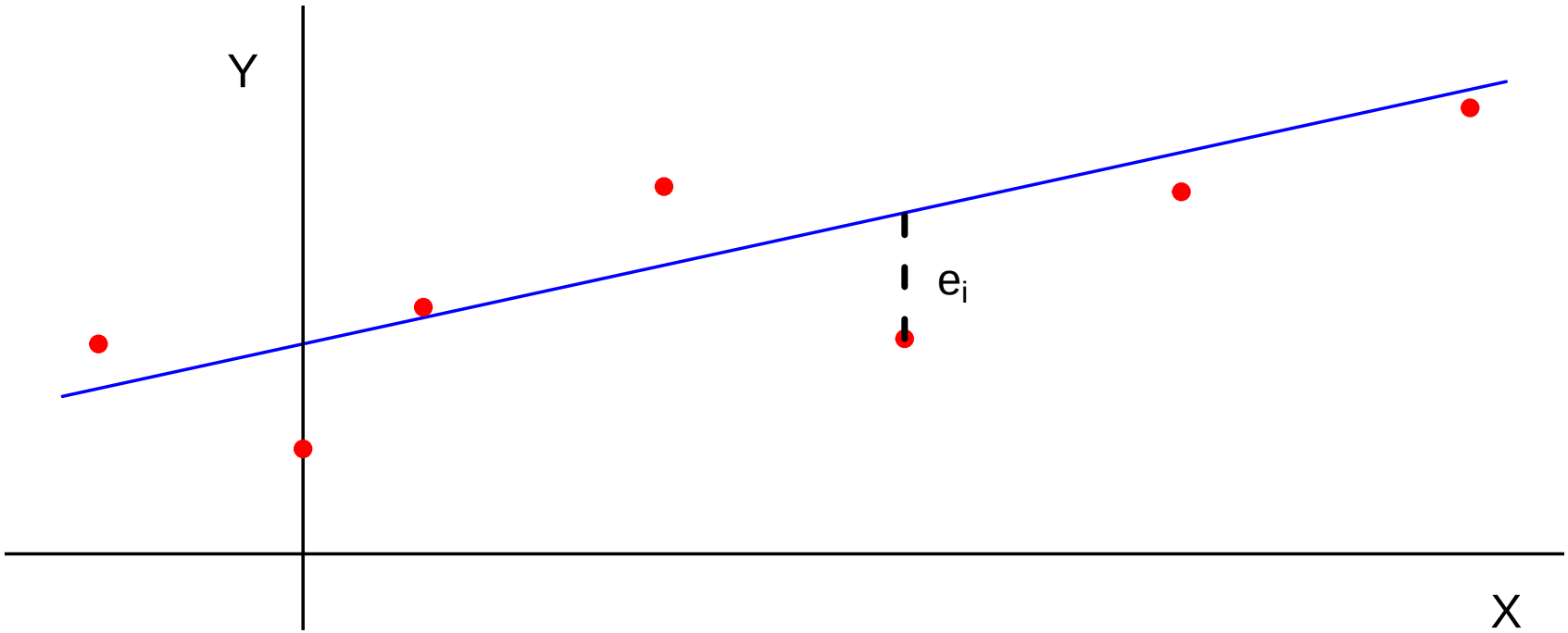
con β_0 y β_1 los **coeficientes de regresión**

- β_0 es el valor medio de la variable dependiente cuando la predictora es cero.
- β_1 es el efecto medio (positivo o negativo) sobre la variable dependiente al aumentar en una unidad el valor de la predictora X.

Residuos

- Consideramos **los residuos**, las distancias verticales entre cada punto y la recta

$$e_i = y_i - \hat{y}_i$$



Método de mínimos cuadrados

- Para estimar la ecuación de la recta de regresión podemos a utilizar el **criterio de mínimos cuadrados**, por ser el de mayor aceptación.
- Al **ajustar** cualquier recta a un conjunto de datos existen **pequeñas diferencias** entre
  - los valores estimados por la recta
  - los valores reales observados.

Método de mínimos cuadrados

- Si sumamos **diferencias positivas y negativas** estas tienden a cancelarse unas con otras.
- Elevamos al cuadrado las diferencias antes de sumarlas.
- Con el criterio de **mínimos cuadrados** calculamos β_0 y β_1 haciendo **mínima** la suma de los cuadrados de los residuos

$$SS_E = \sum_{i=1}^{n} e_i^2$$

- Existe una única recta que minimiza los residuos.

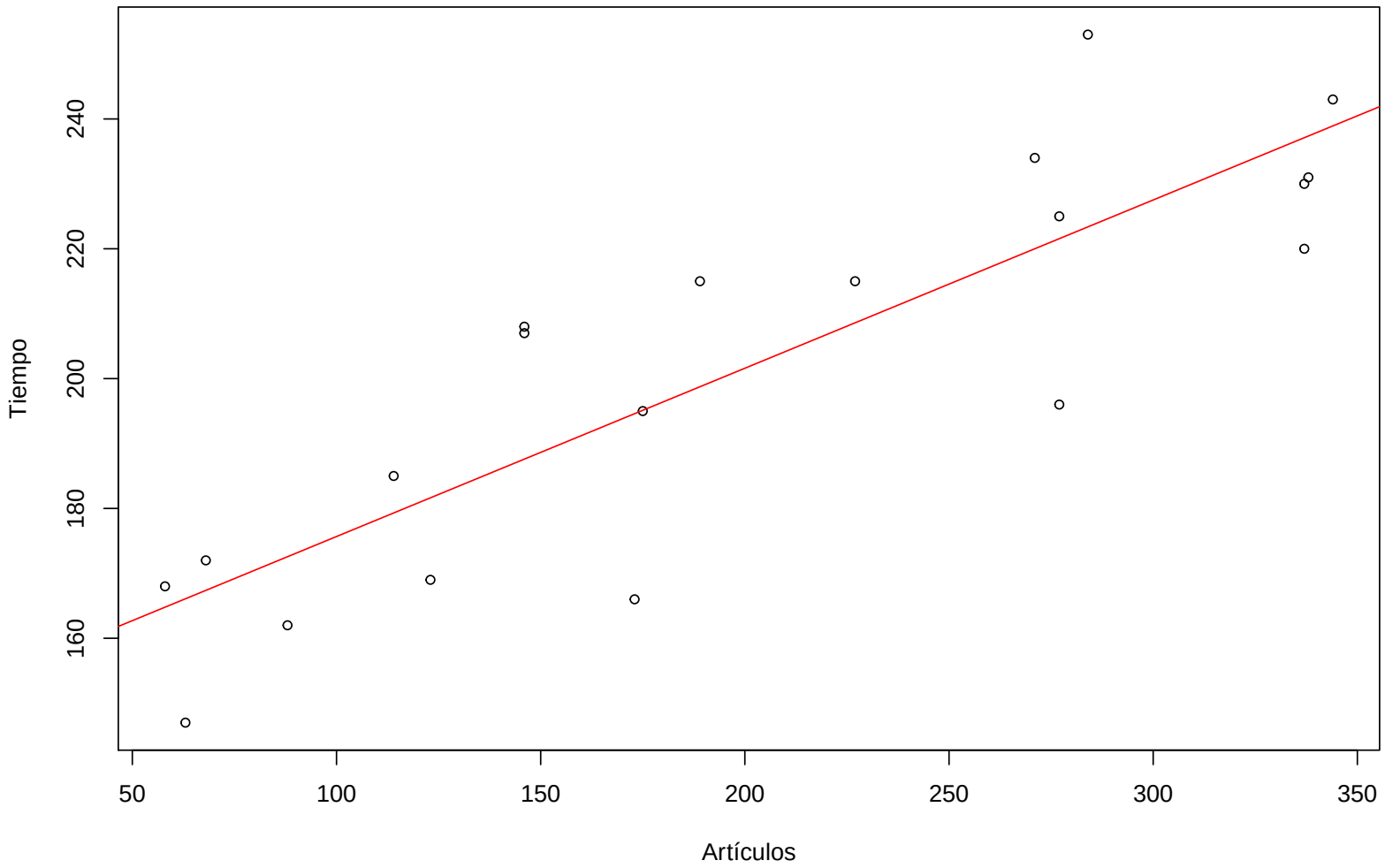
Ejemplo producción. Ajuste del modelo

```
modelo <- lm( tiempo ~ articulos, data = prod)
modelo
```

```
##
## Call:
## lm(formula = tiempo ~ articulos, data = prod)
##
## Coefficients:
## (Intercept)    articulos
##    149.7477       0.2592
```

El modelo ajustado es $tiempo = 150 + 0.26 \times articulos$

Ejemplo producción. Recta regresión



Bondad de ajuste del modelo

- La **variabilidad del modelo** se puede descomponer como $SS_T = SS_M + SS_R$.
- El **coeficiente de determinación** $R^2 = \frac{SS_M}{SS_T}$
  - variabilidad total de la respuesta que es explicada por el modelo.
- El **estadístico F** se define como $F = \frac{MS_M}{MS_R}$
  - contrasta si el modelo tiene significativa capacidad predictiva
  - si la SS_M es suficientemente grande con respecto al número de varibles involucradas en el modelo.

Ejemplo producción. Resumen del modelo

```
summary( modelo )
```

```
##
## Call:
## lm(formula = tiempo ~ articulos, data = prod)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -28.597 -11.079   3.329   8.302  29.627
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 149.74770    8.32815   17.98 6.00e-13 ***
## articulos     0.25924    0.03714    6.98 1.61e-06 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 16.25 on 18 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7302, Adjusted R-squared:  0.7152
## F-statistic: 48.72 on 1 and 18 DF,  p-value: 1.615e-06
```

Ejercicio anscombe

```
# Ajusta la recta para cada pareja y~x
anscombe <- read.table( "files/anscombe.csv", sep = ";",
                        head = TRUE )

head( anscombe )
```

```
##   case x1 x2 x3 x4   y1   y2    y3   y4
## 1    1 10 10 10  8 8.04 9.14  7.46 6.58
## 2    2  8  8  8  8 6.95 8.14  6.77 5.76
## 3    3 13 13 13  8 7.58 8.74 12.74 7.71
## 4    4  9  9  9  8 8.81 8.77  7.11 8.84
## 5    5 11 11 11  8 8.33 9.26  7.81 8.47
## 6    6 14 14 14  8 9.96 8.10  8.84 7.04
```

Diagnóstico del modelo

- No basta con ver gráficamente que es un modelo útil.
- Debemos **comprobar ciertos supuestos 'matemáticos'** que nos hablan de la bondad y calidad del modelo. Las hipótesis son:
  - Linealidad, homocedasticidad e independencia (gráficamente)
  - Media cero, varianza constante, incorrelación y normalidad de **los residuos** (analíticamente).