

Statistical Thinking for the 21st Century

Copyright 2019 Russell A. Poldrack

Translation to Spanish(MX) by
Manuel Mejia
Tanya Nuño
Lizeth Reyes

Draft: 2022-01-19

Contents

Prefacio	11
0.1 ¿Por qué existe este libro?	12
0.2 La era dorada de la información	13
0.3 La importancia de hacer estadísticas	13
0.4 Un libro de código abierto (open source)	14
0.5 Agradecimientos	14
1 Introducción	17
1.1 ¿Qué es el pensamiento estadístico?	17
1.2 Lidar con la ansiedad estadística	18
1.3 ¿Qué puede hacer la estadística por nosotrxs?	19
1.4 Las grandes ideas de la estadística	22
1.5 Causalidad y estadística	25
1.6 Objetivos de aprendizaje	26
1.7 Lecturas sugeridas	27
2 Trabajar con Datos	29
2.1 ¿Qué son los datos?	29
2.2 Mediciones Discretas versus Continuas	31
2.3 ¿Qué constituye a una buena medición?	32

2.4	Objetivos de aprendizaje	35
2.5	Lecturas sugeridas	35
2.6	Apéndice	36
3	Resumir datos	39
3.1	¿Por qué resumir datos?	39
3.2	Resumir datos usando tablas	40
3.3	Representaciones idealizadas de distribuciones	50
3.4	Objetivos de aprendizaje	53
3.5	Lecturas sugeridas	54
4	Visualización de Datos	55
4.1	Anatomía de una gráfica	56
4.2	Principios de una buena visibilización	58
4.3	Ajustarse a las limitaciones humanas	66
4.4	Corrigiendo otros factores	69
4.5	Objetivos de aprendizaje	70
4.6	Lecturas y videos sugeridos	70
5	Ajustar modelos a datos	71
5.1	¿Qué es un modelo?	71
5.2	Modelado estadístico: Un ejemplo	72
5.3	¿Qué hace que un modelo sea “bueno?”	80
5.4	¿Un modelo puede ser demasiado bueno?	83
5.5	Resumir datos usando la media	85
5.6	Resumir datos robústamente usando la mediana	88
5.7	La moda	89
5.8	Variabilidad: ¿Qué tan bien se ajusta la media a los datos?	89

5.9	Usar simulaciones para entender la estadística	90
5.10	Puntajes Z	91
5.11	Objetivos de aprendizaje	102
5.12	Apéndice	102
6	Probabilidad	105
6.1	¿Qué es la probabilidad?	105
6.2	¿Cómo determinamos probabilidades?	107
6.3	Distribuciones de probabilidad	115
6.4	Probabilidad condicional	117
6.5	Calcular probabilidades condicionales a partir de los datos . .	118
6.6	Independencia	121
6.7	Invertir una probabilidad condicional: regla de Bayes	123
6.8	Aprender de los datos	125
6.9	Posibilidades (odds) y razón de posibilidades (odds ratios) . .	126
6.10	¿Qué significan las probabilidades?	128
6.11	Objetivos de Aprendizaje	129
6.12	Lecturas sugeridas	129
6.13	Apéndice	129
7	Muestreo	131
7.1	¿Cómo hacemos una muestra?	132
7.2	Error de muestreo	133
7.3	Error estándar de la media	135
7.4	El teorema del límite central	136
7.5	Objetivos de aprendizaje	138
7.6	Lecturas sugeridas	138

8	Remuestreo y Simulación	139
8.1	Simulación Montecarlo	139
8.2	Aleatoriedad en Estadística	140
8.3	Generando números aleatorios	141
8.4	Utilizando una simulación con el Método de Montecarlo	143
8.5	Usando simulaciones para estadística: bootstrap	145
8.6	Objetivos de aprendizaje	147
8.7	Lecturas sugeridas	147
9	Prueba de hipótesis	149
9.1	Prueba Estadística de Hipótesis Nula (Null Hypothesis Statistical Testing, NHST)	149
9.2	Prueba estadística de hipótesis nula: Un ejemplo	150
9.3	El proceso de la prueba de hipótesis nula	152
9.4	NHST en un contexto moderno: Pruebas múltiples	171
9.5	Objetivos de aprendizaje	174
9.6	Lecturas sugeridas	174
10	Cuantificar efectos y diseñar estudios	175
10.1	Intervalos de confianza	176
10.2	Tamaño de efecto (effect sizes)	182
10.3	Poder estadístico	187
10.4	Objetivos de aprendizaje	192
10.5	Lecturas sugeridas	192
11	Estadística Bayesiana	193
11.1	Modelos Generativos	193
11.2	El Teorema de Bayes y la Inferencia Inversa	195
11.3	Haciendo estimaciones Bayesianas	196

11.4	Estimar distribuciones posteriores	199
11.5	Elegir una probabilidad previa	204
11.6	Prueba de hipótesis Bayesiana	206
11.7	Objetivos de aprendizaje	211
11.8	Lecturas sugeridas	211
11.9	Apéndice:	212
12	Modelar relaciones categóricas	215
12.1	Ejemplo: Dulces de colores	215
12.2	Prueba Ji-cuadrada de Pearson	216
12.3	Tablas de contingencia y la prueba de dos vías	218
12.4	Residuales estandarizados (standardized residuales)	220
12.5	Razones de posibilidades (odds ratios)	221
12.6	Factores de Bayes	222
12.7	Análisis categóricos más allá de la tabla 2 X 2	222
12.8	Cuídate de la paradoja de Simpson	224
12.9	Objetivos de aprendizaje	225
12.10	Lecturas adicionales	225
13	Modelar relaciones continuas	227
13.1	Un ejemplo: Crímenes de odio y desigualdad de ingreso	227
13.2	¿La desigualdad de ingreso está relacionada con los crímenes de odio?	228
13.3	Covarianza y correlación	229
13.4	Correlación y causalidad	234
13.5	Objetivos de aprendizaje	238
13.6	Lecturas sugeridas	238
13.7	Apéndice:	239

14 El Modelo Lineal General	243
14.1 Regresión lineal	245
14.2 Ajustar modelos más complejos	252
14.3 Interacciones entre variables	255
14.4 Más allá de predictores y resultados lineales	259
14.5 Criticar nuestro modelo y revisar suposiciones	259
14.6 ¿Qué significa realmente “predecir?”	261
14.7 Objetivos de aprendizaje	264
14.8 Lecturas sugeridas	265
14.9 Apéndice	265
15 Comparar medias	269
15.1 Probar el valor de una media simple	269
15.2 Comparar dos medias	272
15.3 La prueba t como un modelo lineal	274
15.4 Factores de Bayes para diferencias entre medias	276
15.5 Comparar observaciones pareadas/relacionadas	276
15.6 Comparar más de dos medias	280
15.7 Objetivos de aprendizaje	285
15.8 Apéndice	285
16 Modelación estadística práctica	289
16.1 El proceso de modelación estadística	289
16.2 Obtener ayuda	298
17 Hacer investigación reproducible	301
17.1 Cómo pensamos que funciona la ciencia	301
17.2 Cómo funciona (a veces) realmente la ciencia	302

17.3 La crisis de reproducibilidad en la ciencia	303
17.4 Prácticas cuestionables de investigación	309
17.5 Hacer investigación reproducible	311
17.6 Hacer análisis de datos reproducibles	314
17.7 Conclusión: Hacer mejor ciencia	314
17.8 Objetivos de aprendizaje	315
17.9 Lecturas sugeridas	315
18 Referencias	317

Prefacio

El objetivo de este libro es contar la historia de la estadística como es usada hoy en día por los investigadores alrededor del mundo. Es una historia diferente a la que es contada por la mayoría de los libros de introducción a la estadística, los cuales se enfocan en enseñar cómo usar un conjunto de herramientas para lograr objetivos muy específicos. Este libro se enfoca en entender las ideas básicas del *pensamiento estadístico* — una manera sistemática de pensar acerca de cómo describir el mundo y de usar información para tomar decisiones y hacer predicciones, todo en el contexto de la incertidumbre inherente que existe en el mundo real. También brinda métodos que sólo se han hecho alcanzables a partir de los asombrosos logros en poder computacional que han sucedido en las últimas décadas. Análisis que hubieran tomado años en los 1950's ahora pueden completarse en unos cuantos segundos en una computadora estándar, y este poder desata la habilidad de usar simulaciones computacionales para realizarse preguntas de maneras nuevas y potentes.

Este libro también fue escrito en el despertar de la crisis de reproducibilidad que ha envuelto a muchas áreas de la ciencia desde 2010. Una de las raíces importantes de esta crisis está en la manera en que la prueba de hipótesis estadística ha sido usada (y abusada) por los investigadores (como detallo en el último capítulo del libro), y esto se vincula directamente a la educación estadística. Por lo tanto, un objetivo de este libro es resaltar las maneras en las cuales los métodos estadísticos pueden ser problemáticos, y sugerir alternativas.

0.1 ¿Por qué existe este libro?

En 2018, comencé a enseñar un curso de estadística de licenciatura en Stanford (Psych 10/Stats 60). Nunca había enseñado estadística antes, y esta era una oportunidad de sacudir las cosas. He estado cada más insatisfecho con la educación estadística en la licenciatura en psicología, y quería brindar nuevas ideas y aproximaciones a la clase. En particular, quería brindar las aproximaciones que están siendo cada vez más usadas en la práctica estadística real en el siglo 21. Como lo han dicho tan claramente Brad Efron y Trevor Hastie en su libro “Computer Age Statistical Inference: Algorithms, Evidence, and Data Science,” estos métodos toman la ventaja del poder computacional de hoy en día para resolver problemas en maneras que van mucho más allá de los métodos estándar que son usualmente enseñados en los cursos de estadística a estudiantes de licenciatura en psicología.

El primer año que enseñé esa clase, usé como libro de texto el increíble libro de Andy Field en su versión de novela gráfica, “An Adventure in Statistics.” El libro tiene muchas cosas que realmente me gustan – en particular, me gusta la manera en que presenta la práctica estadística alrededor de la construcción de modelos, y trata la prueba de hipótesis con suficiente cuidado. Desafortunadamente, a la mayoría de mis estudiantes no les gustó el libro (excepto a los estudiantes de literatura, ¡quienes lo amaron!), principalmente porque implicaba navegar por demasiada historia para llegar al conocimiento estadístico. También lo encontré insuficiente porque había una cantidad de temas (particularmente aquellos del campo de la inteligencia artificial conocidos como *machine learning*) que quería incluir pero que no estaban mencionados en el libro. Finalmente sentí que los estudiantes encontrarían mejor el revisar un libro que siguiera muy de cerca mis clases, por lo que comencé a escribir mis clases en un conjunto de cuadernos computacionales que eventualmente se convertirían en este libro. La estructura de este libro sigue aproximadamente la del libro de Field, porque las clases originalmente se basaron en gran medida en el curso de ese libro, pero el contenido es sustancialmente diferente (y casi seguro que mucho menos divertido o inteligente). También ajusté el libro para el sistema de trimestre de 10 semanas que se usa en Stanford, que provee menos tiempo que el semestre de 16 semanas para los que la mayoría de los libros de texto de estadística están escritos.

0.2 La era dorada de la información

A lo largo de este libro he tratado de usar ejemplos de datos reales cuando es posible. Actualmente es bastante fácil porque estamos sumergidos en bases de datos abiertas, provenientes de gobiernos, de científicos, y de compañías que crecientemente hacen disponibles sus datos de manera gratuita. Pienso que usar datos reales es importante porque prepara a los estudiantes para trabajar con datos reales en lugar de datos de juguete, lo que creo que debería ser uno de los objetivos principales del entrenamiento en estadística. También nos ayuda a darnos cuenta (como veremos en varios puntos a lo largo del libro) que los datos no siempre vienen listos para analizarse, y que frecuentemente necesitan un poco de *pelea* para ayudarlos a tener forma. Usando datos reales también podemos mostrar que las distribuciones estadísticas idealizadas frecuentemente asumidas (presupuestas) en los métodos estadísticos no siempre se mantienen en el mundo real – por ejemplo, como veremos en el Capítulo 3, distribuciones de algunas cantidades en el mundo real (como el número de amigos en Facebook) puede tener colas muy largas que pueden romper varias suposiciones estándares.

Me disculpo de antemano que las bases de datos usadas estén fuertemente centradas en Estados Unidos. Esto es principalmente porque la mejor base de datos para la mayoría de las demostraciones es la Encuesta Nacional de Nutrición y Salud (National Health and Nutrition Examination Survey, NHANES) que está disponible como un paquete de R, y porque muchas otras bases de datos complejas en R (como las del paquete `fivethirtyeight`) también están basadas en Estados Unidos. Si tienes alguna sugerencia de bases de datos de otras regiones, ¡por favor pásamelas!

0.3 La importancia de hacer estadísticas

La única manera de realmente aprender estadística es *haciendo* estadísticas. Mientras que históricamente muchos cursos de estadística se enseñan usando software estadístico gráfico de apuntar-y-dar-click, es cada vez más común que en la educación estadística se usen lenguajes abiertos en los cuales los estudiantes pueden escribir código para hacer sus propios análisis. Pienso que el ser capaz de realizar el código para nuestros propios análisis es esencial para obtener una apreciación más profunda del análisis estadístico, es la razón por

la cual se espera que los estudiantes de mi curso en Stanford aprendan a usar el lenguaje de programación R para analizar datos, a la par del conocimiento estadístico que aprenden de este libro.

Este libro tiene dos acompañantes en línea que pueden ayudar al lector a comenzar a aprender a programar; [uno se enfoca en el lenguaje de programación R](#), y el otro [se enfoca en el lenguaje Python](#). Ambos son trabajos en progreso – ¡siéntete libre de contribuir!

0.4 Un libro de código abierto (open source)

Este libro pretende ser un documento vivo, razón por la cual su código está disponible en línea en <https://github.com/statsthinking21/statsthinking21-core-spanish>. Si encuentra cualquier error en este libro o quieres hacer una sugerencia de cómo mejorarlo, por favor abre un *issue* en el sitio de Github. Incluso mejor, envía un *pull request* con tu cambio sugerido.

Este libro se publica usando la licencia de [Creative Commons Attribution-NonCommercial 2.0 Generic \(CC BY-NC 2.0\) License](#). Por favor, ve los términos de esa licencia para más detalles.

0.5 Agradecimientos

Primero me gustaría agradecer a Susan Holmes, quien fue la primera en inspirarme a considerar el escribir mi propio libro de estadística. Anna Khazenzon brindó comentarios e inspiración al inicio. Lucy King brindó comentarios y ediciones detalladas en todo el libro, y ayudó a limpiar el código para que fuera consistente con el Tidyverse. Michael Henry Tessler brindó comentarios muy útiles sobre el capítulo de análisis Bayesiano. Agradecimientos particulares van para Yihui Xie, creador del paquete Bookdown, por haber mejorado los usos que hace el libro de las características de Bookdown (incluyendo la habilidad de que los usuarios puedan generar ediciones directamente el botón “Edit”). Finalmente, Jeanette Mumford brindó sugerencias muy útiles a todo el libro.

También me gustaría agradecer a otras personas quienes brindaron comentarios y sugerencias útiles: Athanassios Protopapas, Wesley Tansey, Jack

Van Horn, Thor Aspelund.

Gracias a los siguientes usuarios de Twitter por sus útiles sugerencias:
@enoriverbend

Gracias a las siguientes personas quienes han contribuido a ediciones o problemas a través de Github o por email: Isis Anderson, Larissa Bersh, Isil Bilgin, Forrest Dollins, Chuanji Gao, Nate Guimond, Alan He, Wu Jianxiao, James Kent, Dan Kessler, Philipp Kuhnke, Leila Madeleine, Lee Matos, Ryan McCormick, Jarod Meng, Kirsten Mettler, Shanaathanan Modchalingam, Martijn Stegeman, Mehdi Rahim, Jassary Rico-Herrera, Mingquian Tan, Wenjin Tao, Laura Tobar, Albane Valenzuela, Alexander Wang, Michael Waskom, barbyh, basicv8vc, brettelizabeth, codetrainee, dzonimn, epetsen, carlosivanr, hktang, jiamingkong, khtan, kiyofumi-kan, NevenaK, ttaweel.

Especialmente gracias a Isil Bilgin por su asistencia en corregir muchos de los asuntos.

Chapter 1

Introducción

“Algún día el pensamiento estadístico será tan necesario para la eficiencia ciudadana como la habilidad de leer y escribir” - H. G. Wells

1.1 ¿Qué es el pensamiento estadístico?

El pensamiento estadístico es una manera de entender el mundo complejo mediante la descripción relativamente simple en términos que capturen los aspectos esenciales de su estructura o su función, además de que nos provee con la idea de qué tanta incertidumbre tenemos sobre ese mismo conocimiento. Los fundamentos del pensamiento estadístico vienen principalmente de las matemáticas y estadística, sin embargo, también de las ciencias computacionales, psicología y otras áreas de estudio.

Podemos distinguir el pensamiento estadístico de otras formas de pensamiento que son menos probables de describir el mundo acertadamente. En particular, la intuición humana a menudo intenta responder las mismas preguntas que se pueden contestar con el pensamiento estadístico, pero frecuentemente de manera errónea. Por ejemplo, en años recientes la mayoría de lxs Americanxs han reportado que piensan que los crímenes violentos han empeorado en comparación con años previos ([Pew Research Center](#)). Sin embargo, un análisis estadístico de los datos de violencia criminal muestra que en realidad han ido disminuyendo paulatinamente desde la década de los noventas. La intuición falla porque dependemos de las

mejores estimaciones o suposiciones (lo que lxs psicólogxs llaman *heurística*) que a menudo pueden equivocarse. Por ejemplo, las personas con frecuencia juzgan la prevalencia de algún evento (como el crimen violento) utilizando una *heurística de disponibilidad* – eso es, qué tan fácil podemos pensar en un ejemplo de crimen violento. Por esta razón, nuestros juicios del aumento de las tasas de violencia pueden ser más indicativas de un aumento en la cobertura de noticias, a pesar de una verdadera disminución en dicha tasa de crimen. El pensamiento estadístico nos provee de las herramientas para entender el mundo con más exactitud y superar los sesgos del juicio humano.

1.2 Lidiar con la ansiedad estadística

Muchas personas entran a su primera clase de estadística con mucho temor y ansiedad, especialmente una vez que escuchan que también van a tener que aprender código, a fin de analizar datos. En mi clase le doy a lxs estudiantes una encuesta previa a la primera sesión de clase con la intención de medir su actitud hacia la estadística, pidiéndoles que califiquen un número de afirmaciones en una escala del 1 (totalmente en desacuerdo) a 7 (totalmente de acuerdo). Uno de los ítems en la encuesta es “El pensamiento de inscribirme a un curso de estadística me pone nerviosx.” En una clase reciente, casi dos tercios de la clase respondió con un cinco o más, y un cuarto de lxs estudiantes mencionó que estaban totalmente de acuerdo con la frase. Entonces si tú te sientes nerviosx acerca de empezar a aprender estadística, no estás solx.

La ansiedad se siente incómoda, pero la psicología nos dice que esta clase de respuesta emocional en realidad puede ayudarnos a desempeñarnos *mejor* en varias tareas, mediante focalizar nuestra atención. Así que si empiezas a sentirte ansiosx por el material en este libro, recuerda que muchxs otrxs leyendo esto se sienten de una manera similar y que esta respuesta emocional en realidad puede ayudarte a aprender mejor el material (¡incluso si no parece de esa manera!).

1.3 ¿Qué puede hacer la estadística por nosotrxs?

Hay tres principales cosas que podemos hacer con la estadística:

- *Describir*: El mundo es complejo y en ocasiones necesitamos describirlo en una manera simplificada en la que podamos entender.
- *Decidir*: En ocasiones necesitamos tomar decisiones basadas en datos, usualmente de cara a la incertidumbre.
- *Predecir*: En ocasiones deseamos hacer predicciones sobre nuevas situaciones basadas en nuestro conocimiento de situaciones previas.

Veamos un ejemplo de esto en acción, centrado en una pregunta en la que muchxs de nosotrxs estamos interesadxs: ¿Cómo decidimos qué es saludable al comer? Hay diferentes fuentes de guía; pautas alimentarias gubernamentales, libros dietéticos y *bloggers*, sólo por nombrar algunxs. Hay que enfocarnos en una pregunta específica: ¿La grasa saturada en nuestra dieta es algo malo?

Una manera en la que podemos responder esta pregunta es sentido común. Si comemos grasa, ésta se va a convertir en grasa en nuestro cuerpo, ¿cierto? Y todxs hemos visto fotos de arterias obstruidas con grasa, así que comer grasa va a obstruir nuestras arterias, ¿cierto?

Otra manera en la que podemos responder esta pregunta es mediante escuchar a figuras de autoridad. Las pautas alimenticias de la FDA (*Food and Drug Administration*, por sus siglas en inglés) tienen como una de sus recomendaciones clave que “Un patrón de comida saludable limita las grasas saturadas.” Uno esperaría que estas pautas estén basadas en ciencia, y en algunos casos es así, pero como Nina Teicholz señaló en su libro “Big Fat Surprise”(Teicholz 2014), esta recomendación en particular parece estar más basada en el antiguo dogma de investigadores de la nutrición que en evidencia actual.

Finalmente, podríamos revisar verdadera investigación científica. Empecemos por revisar el gran estudio llamado *PURE Study* (por sus siglas en inglés), el cual ha examinado dietas y resultados de salud (incluida la muerte) en más de 135,000 personas de 18 países diferentes. En uno de los análisis de esta base de datos (publicada en *The Lancet* en 2017; Dehghan et

al. (2017)), los investigadores de PURE reportaron un análisis de cómo el consumo de varias clases de macronutrientes (incluidas las grasas saturadas y carbohidratos) estaba relacionada con la probabilidad de morir durante el tiempo en que se siguió a las personas. Las personas en el estudio fueron seguidas por una duración *mediana* de 7.4 años, significando que la mitad de las personas del estudio fueron seguidas por menos y la otra mitad fue seguida por más de 7.4 años. La Figura 1.1 grafica algunos de los datos del estudio (extraídos del documento), mostrando la relación entre el consumo de las grasas saturadas y carbohidratos y el riesgo de morir por cualquier causa.

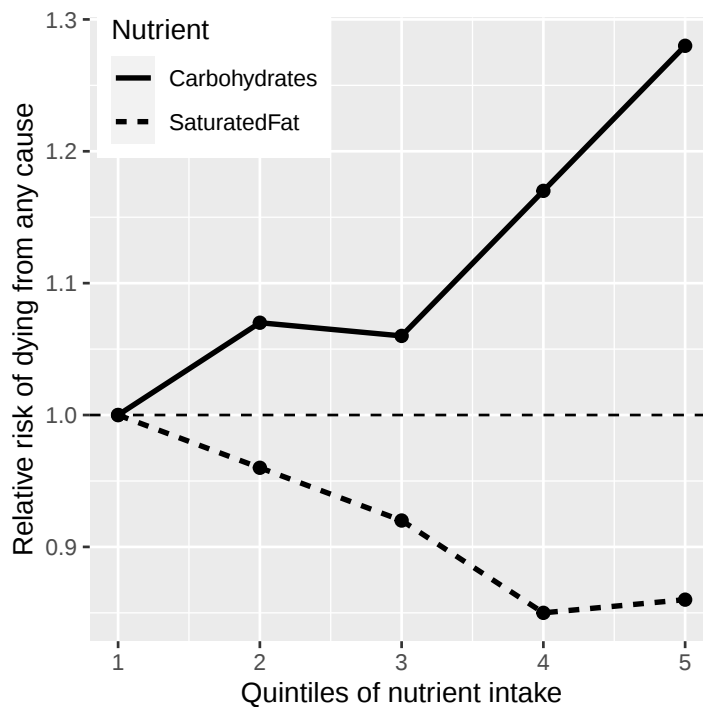


Figure 1.1: Una gráfica de datos del estudio PURE, mostrando la relación entre muerte debido a cualquier causa y la ingesta relativa de grasas saturadas y carbohidratos.

Esta gráfica está basada en diez números. Para obtener estos números, los investigadores dividieron al grupo de 135,335 participantes (al que llamaremos “muestra”) en 5 grupos (“quintiles”) después de haberlos ordenado en

términos de su ingesta nutrimental; el primer quintil contiene el 20% de personas con la menor ingesta, y el 5to quintil contiene el 20% con la mayor ingesta. Lxs investigadorxs luego calcularon qué tan seguido las personas en cada uno de esos grupos había muerto durante el periodo que habían sido estudiadxs. La figura expresa esto en términos del *riesgo relativo* de morir en comparación al quintil menor: Si este número es mayor que uno, significa que las personas en ese grupo son *más* propensas a morir que las personas en el quintil menor, mientras que si es menor que uno, significa que las personas en este grupo son *menos* propensas a morir. La figura es bastante clara: Las personas que comieron más grasas saturadas tenían *menor* probabilidad de morir durante el estudio, con la menor tasa de muerte observada para las personas que estaban en el cuarto quintil (es decir, quienes comieron más grasa que el 60% más bajo pero menos que el 20% superior). Lo contrario fue observado en la ingesta de carbohidratos; la mayor cantidad de carbohidratos que una persona comió, la mayor probabilidad que tenían de morir durante el estudio. Este ejemplo muestra cómo podemos utilizar estadística para *describir* una compleja base de datos en términos mucho más sencillos con un conjunto de números; si tenemos que revisar los datos de cada participante del estudio al mismo tiempo, estaríamos saturadxs con datos y sería más complicado observar el patrón que emerge cuando son descritos de una manera más sencilla.

Los números en la Figura 1.1 parecen mostrar que las muertes disminuyen con la ingesta de grasas saturadas y aumentan con la ingesta de carbohidratos, pero también sabemos que hay mucha incertidumbre en los datos; hay algunas personas que murieron de manera prematura incluso si tenían una dieta baja en carbohidratos, y, de manera similar, algunas personas que comían muchísimos carbohidratos pero vivieron hasta una edad avanzada. Dada esta variabilidad, queremos *decidir* si las relaciones que vemos en los datos son lo suficiente estrechas como para no esperar que ocurran al azar si no hubiera realmente una relación entre la dieta y la longevidad. La estadística nos provee con las herramientas para tomar este tipo de decisiones, y a menudo las personas externas ven esto como *el* principal propósito de la estadística. Pero como veremos a lo largo del libro, esta necesidad de tomar decisiones en blanco y negro basadas en evidencias vagas a menudo ha llevado a lxs investigadores por mal camino.

Basándonos en los datos, también nos gustaría hacer predicciones sobre resultados futuros. Por ejemplo, es posible que una compañía de seguros de vida

desee usar datos sobre la ingesta de grasas y carbohidratos de una persona en particular para predecir cuánto tiempo es probable que viva. Un aspecto importante de la predicción es que requiere que generalicemos a partir de los datos que ya tenemos a alguna otra situación, a menudo en el futuro; si nuestras conclusiones se limitaran a las personas específicas del estudio en un momento determinado, entonces el estudio no sería muy útil. En general, lxs investigadorxs deben asumir que su muestra particular es representativa de una *población* más grande, lo que requiere que obtengan la muestra de una manera que proporcione una imagen no sesgada de la población. Por ejemplo, si el estudio PURE hubiera reclutado a todos sus participantes de sectas religiosas que practican el vegetarianismo, probablemente no querríamos generalizar los resultados a personas que siguen diferentes estándares dietéticos.

1.4 Las grandes ideas de la estadística

Hay un número de ideas sumamente básicas que interceptan casi todos los aspectos del pensamiento estadístico. Algunas de ellas son señaladas por (Stigler 2016) en su increíble libro “Los Siete Pilares de la Sabiduría Estadística,” las cuales he ampliado aquí.

1.4.1 Aprender de los datos

Una forma de pensar en la estadística es como un conjunto de herramientas que nos permiten aprender de los datos. En cualquier situación, comenzamos con un conjunto de ideas o *hipótesis* sobre cuál podría ser el caso. En el estudio PURE, lxs investigadorxs pueden haber comenzado con la expectativa de que comer más grasa conduciría a tasas de mortalidad más altas, dado el dogma negativo predominante sobre las grasas saturadas. Más adelante en el curso presentaremos la idea de *conocimiento previo*, que pretende reflejar el conocimiento que aportamos a una situación. Este conocimiento previo puede variar en su fuerza, a menudo basado en nuestra cantidad de experiencia; si visito un restaurante por primera vez, es probable que tenga una expectativa débil de lo bueno que será, pero si visito un restaurante donde he comido diez veces antes, mis expectativas serán mucho más fuertes. De

manera similar, si miro un sitio de reseñas de restaurantes y veo que la calificación promedio de un restaurante de cuatro estrellas se basa solo en tres reseñas, tendré una expectativa más débil de la que tendría si se basara en 300 reseñas.

La estadística nos proporciona una manera de describir cómo se pueden utilizar mejor los nuevos datos para actualizar nuestras creencias y, de esta manera, existen vínculos profundos entre la estadística y la psicología. De hecho, muchas teorías del aprendizaje humano y animal de la psicología están estrechamente alineadas con ideas del nuevo campo del *aprendizaje automático* (*machine learning*). El aprendizaje automático es un campo en la interfaz de las estadísticas y la informática que se centra en cómo construir algoritmos informáticos que puedan aprender de la experiencia. Si bien las estadísticas y el aprendizaje automático a menudo intentan resolver los mismos problemas, los investigadores de estos campos suelen adoptar enfoques muy diferentes; el famoso estadístico Leo Breiman una vez se refirió a ellos como “Las dos culturas” para reflejar cuán diferentes pueden ser sus enfoques (Breiman 2001). En este libro intentaré combinar las dos culturas porque ambos enfoques proporcionan herramientas útiles para pensar en los datos.

1.4.2 Agregación (*aggregation*)

Otra manera de pensar en la estadística es como “la ciencia de tirar datos.” En el ejemplo anterior del estudio PURE, tomamos más de 100,000 números y los condensamos a diez. Es esta clase de *agregación* la que es uno de los conceptos más importantes de la estadística. Cuando fue desarrollado por primera vez, fue revolucionario: si descartamos todos los detalles sobre cada uno de los participantes, ¿cómo podemos estar seguros de que no nos estamos perdiendo algo importante?

Como veremos, la estadística nos proporciona formas de caracterizar la estructura de agregados de datos, con fundamentos teóricos que explican por qué esto suele funcionar bien. Sin embargo, también es importante tener en cuenta que la agregación puede ir demasiado lejos, y más adelante encontraremos casos en los que un resumen puede proporcionar una imagen muy engañosa de los datos que están siendo resumidos.

1.4.3 Incertidumbre

El mundo es un lugar incierto. Ahora sabemos que fumar cigarrillos causa cáncer de pulmón, pero esta causa es probabilística: un hombre de 68 años que ha fumado dos paquetes al día durante los últimos 50 años y sigue fumando tiene un riesgo del 15% (1 de cada 7) de contraer cáncer de pulmón, que es mucho mayor que la probabilidad de cáncer de pulmón en una persona que no fuma. Sin embargo, también significa que habrá muchas personas que fumarán durante toda su vida y nunca tendrán cáncer de pulmón. La estadística nos proporciona las herramientas para caracterizar la incertidumbre, tomar decisiones en condiciones de incertidumbre y realizar predicciones cuya incertidumbre podemos cuantificar.

A menudo se ve a los periodistas escribir que los investigadores científicos han “probado” algunas hipótesis. Pero el análisis estadístico nunca puede “probar” una hipótesis, en el sentido de demostrar que debe ser verdadera (como se haría en una prueba lógica o matemática). La estadística puede proporcionarnos evidencias, pero siempre son provisionales y están sujetas a la incertidumbre que siempre está presente en el mundo real.

1.4.4 Muestrear de una población

El concepto de agregación implica que podemos obtener información útil al colapsar los datos, pero ¿cuántos datos necesitamos? La idea de *muestreo* dice que podemos resumir una población completa basándonos en solo una pequeña cantidad de muestras de la población, siempre que esas muestras se obtengan de la manera correcta. Por ejemplo, el estudio PURE inscribió una muestra de aproximadamente 135,000 personas, pero su objetivo era proporcionar información sobre los miles de millones de seres humanos que componen la población de la que se tomaron muestras. Como ya comentamos anteriormente, la forma en que se obtiene la muestra del estudio es fundamental, ya que determina qué tan ampliamente podemos generalizar los resultados. Otra idea fundamental sobre el muestreo es que, si bien las muestras más grandes son siempre mejores (en términos de su capacidad para representar con precisión a toda la población), hay rendimientos decrecientes a medida que la muestra aumenta. De hecho, la velocidad a la que disminuye el beneficio de muestras más grandes sigue una regla matemática simple, que crece como la raíz cuadrada del tamaño de la muestra, de modo que para

duplicar la calidad de nuestros datos necesitamos cuadruplicar el tamaño de nuestra muestra.

1.5 Causalidad y estadística

El estudio PURE pareció proporcionar pruebas bastante sólidas de una relación positiva entre comer grasas saturadas y vivir más tiempo, pero esto no nos dice lo que realmente queremos saber: si comemos más grasas saturadas, ¿nos hará vivir más tiempo? Esto se debe a que no sabemos si existe una relación causal directa entre comer grasas saturadas y vivir más tiempo. Los datos son consistentes con tal relación, pero son igualmente consistentes con algún otro factor que cause tanto una mayor ingesta de grasas saturadas como una vida más larga. Por ejemplo, es probable que las personas que son más ricas consuman más grasas saturadas y las personas más ricas tienden a vivir más tiempo, pero su vida más larga no se debe necesariamente a la ingesta de grasas, sino que podría deberse a una mejor atención de la salud, una reducción del estrés psicológico, mejor calidad de los alimentos o muchos otros factores. Los investigadores del estudio PURE intentaron tener en cuenta estos factores, pero no podemos estar seguros de que sus esfuerzos eliminaron por completo los efectos de otras variables. El hecho de que otros factores puedan explicar la relación entre la ingesta de grasas saturadas y la muerte es un ejemplo de por qué las clases de introducción a la estadística a menudo enseñan que “la correlación no implica causalidad,” aunque el renombrado experto en visualización de datos Edward Tufte ha agregado, “pero seguro que es una pista.”

Aunque la investigación observacional (como el estudio PURE) no puede demostrar de manera concluyente relaciones causales, generalmente pensamos que la causalidad se puede demostrar utilizando estudios que controlan y manipulan experimentalmente un factor específico. En medicina, este tipo de estudio se conoce como *ensayo controlado aleatorio* (ECA, en inglés *randomized controlled trial*, RCT). Digamos que queríamos hacer un ECA para examinar si el aumentar la ingesta de grasas saturadas aumenta la esperanza de vida. Para hacer esto, tomaríamos muestras de un grupo de personas y luego las asignaríamos a un grupo de tratamiento (al que se le indicaría que aumentara su ingesta de grasas saturadas) o un grupo de control (al que se le diría que siguiera comiendo lo mismo que antes) . Es fundamental que asignemos a los

individuos a estos grupos al azar. De lo contrario, las personas que eligen el tratamiento pudieran ser diferentes de alguna manera a las personas que eligen el grupo de control – por ejemplo, pudiera ser más probable que también adopten otros comportamientos saludables. Luego seguiríamos a los participantes a lo largo del tiempo y veríamos cuántas personas de cada grupo murieron. Debido a que asignamos al azar a los participantes a los grupos de tratamiento o de control, podemos estar razonablemente seguros de que no hay otras diferencias entre los grupos que pudieran *confundir* el efecto del tratamiento; sin embargo, todavía no podemos estar seguros porque a veces la aleatorización produce grupos de tratamiento versus grupos de control que *varían* de alguna manera importante. Lxs investigadores a menudo intentan abordar estos factores de confusión mediante análisis estadísticos, pero eliminar la influencia de un factor de confusión de los datos puede resultar muy difícil.

Varios ECA han examinado la cuestión de si cambiar la ingesta de grasas saturadas da como resultado una mejor salud y una vida más larga. Estos ensayos se han centrado en *reducir* las grasas saturadas debido al fuerte dogma entre los investigadores en nutrición de que las grasas saturadas son mortales; la mayoría de estos investigadores probablemente habrían argumentado que no era ético hacer que las personas comieran *más* grasas saturadas. Sin embargo, los ECA han mostrado un patrón muy consistente: en general, no hay un efecto apreciable sobre las tasas de muerte al reducir la ingesta de grasas saturadas.

1.6 Objetivos de aprendizaje

Al leer este capítulo, deberías de ser capaz de:

- Describir los objetivos centrales y conceptos fundamentales de la estadística.
- Describir la diferencia entre investigación experimental y observacional con respecto a lo que puede inferir sobre la causalidad.
- Explicar cómo la aleatorización nos provee de la habilidad para hacer inferencias acerca de la causalidad.

1.7 Lecturas sugeridas

- *The Seven Pillars of Statistical Wisdom*, por Stephen Stigler.
- *The Lady Tasting Tea: How Statistics Revolutionized Science in the Twentieth Century*, por David Salsburg.
- *Naked Statistics: Stripping the Dread from the Data*, por Charles Wheelan.

Chapter 2

Trabajar con Datos

2.1 ¿Qué son los datos?

Cuando hablamos de los datos lo hacemos en plural. Si te encuentras buscando información de estadística en inglés y aparece como “data,” recuerda que se trata de una palabra que siempre permanece en plural.

2.1.1 Datos Cualitativos

Los datos se componen de *variables*, en donde una variable refleja una medida o cantidad única. Algunas variables son *cualitativas*, lo que significa que describen una cualidad en lugar de una cantidad numérica. Por ejemplo, en mi curso de estadística generalmente doy un cuestionario introductorio, con el propósito de obtener datos que pueda usar en clase y para aprender más sobre los estudiantes. Una de las preguntas que hago es “¿Cuál es tu comida favorita?” a lo cual algunas de las respuestas han sido: arándanos, chocolate, tamales, pasta, pizza y mango. Esos datos no son esencialmente numéricos; podríamos asignarles números a cada uno (1=arándanos, 2=chocolate, etc), pero solamente estaríamos utilizando los números como etiquetas en lugar de números reales. Esto también restringe lo que podríamos hacer con esos números; por ejemplo, no tendría sentido el calcular el promedio de esos números. Sin embargo, a menudo codificaremos datos cualitativos utilizando números para poder trabajar más fácilmente con ellos, como verán más adelante en este libro.

Table 2.1: Conteos de la prevalencia de diferentes respuestas a la pregunta "¿Por qué estás tomando esta clase"

¿Por qué estás tomando esta clase?	Número de estudiantes
Satisface un requisito de mi plan de estudios	105
Satisface un requisito de General Education Breadth	32
No es requisito, pero estoy interesadx en el tema	11
Otros	4

2.1.2 Datos cuantitativos

Más comunmente en estadística trabajaremos con datos *cuantitativos*, lo cual significa que los datos son numéricos. Por ejemplo, aquí en la Tabla 2.1 muestra los resultados de otra de las preguntas que realizo en mi clase introductoria, la cual es “¿Por qué estás tomando esta clase?”

Nota que las respuestas de lxs estudiantes fueron cualitativas, pero generamos un resumen cuantitativo contando cuántos estudiantes eligieron cada opción.

2.1.3 Tipos de números

Existen varios tipos diferentes de números con los que trabajamos en estadística. Es importante entender estas diferencias, en parte porque los lenguajes para análisis estadístico como R a menudo los distinguen.

Números binarios. Los más simples son los números binarios – cero ó uno. A menudo usaremos números binarios para representar si algo es verdadero o falso, o está presente o ausente. Por ejemplo, puede que le pregunte a 10 personas si alguna vez han tenido dolor de cabeza por migraña, registrando sus respuestas como “Sí” ó “No.” En ocasiones es útil usar valores *lógicos*, los cuales toman los valores de VERDADERO o FALSO. Esto puede ser especialmente útil cuando comenzamos a utilizar lenguajes de programación como R para analizar nuestros datos, ya que, estos lenguajes comprenden los conceptos de VERDADERO y FALSO. De hecho, la mayoría de los lenguajes de programación tratan los valores lógicos y los números binarios de manera equivalente. El número 1 es igual al valor lógico VERDADERO, y el número cero es igual al valor lógico FALSO.

Enteros. Los enteros son números enteros sin fracción o punto decimal. Nos encontramos más comunmente números enteros cuando contamos cosas, pero también ocurren en la medición de aspectos psicológicos. Por ejemplo, en mi cuestionario introductorio administro un set de preguntas sobre actitudes hacia la estadística (tal como “La estadística me parece misteriosa.”), para lo cual lxs estudiantes responden con un número entre 1 (“Totalmente en desacuerdo”) y 7 (“Totalmente de acuerdo”).

Números reales. En estadística trabajamos más comunmente con números reales, los cuales tienen parte fraccionaria o decimal. Por ejemplo, cuando medimos el peso de alguien, éste puede ser medido a un nivel arbitrario de precisión, desde kilogramos hasta microgramos.

2.2 Mediciones Discretas versus Continuas

Una medición *discreta* es aquella que toma uno de un conjunto finito de valores particulares. Estos pueden ser valores cualitativos (por ejemplo, diferentes tipos de razas de perros) o valores numéricos (por ejemplo, cuántos amigos tiene unx en Facebook). Es importante recordar que, no hay punto medio en las medidas; no tiene sentido decir que unx tiene 33.7 amigxs.

Una medición *continua* es aquella que es definida en términos de un número real. Puede encontrarse en cualquier parte de un rango particular de valores, aunque usualmente nuestras herramientas de medición pueden limitar la precisión con la que podemos medirla; por ejemplo, una báscula de piso puede medir el peso al kilogramo más cercano, aunque en teoría el peso puede ser medido con mucha mayor precisión.

En los cursos de estadística es común revisar con más detalle las diferentes “escalas” de medición, las cuales son discutidas con más detalle en el Apéndice de este capítulo. El punto más importante a recordar de esto es que algunos tipos de estadística no hacen sentido con algunos tipos de datos. Por ejemplo, imagina que reuniéramos el código postal de un grupo de individuos. Esos números son representados como enteros, pero en realidad no se refieren a una escala numérica; cada código postal sirve básicamente como etiqueta para una región diferente. Por esta razón, no tendría sentido hablar del código postal promedio.

2.3 ¿Qué constituye a una buena medición?

En muchas áreas, como en la psicología, aquello que estamos midiendo no es una característica física, sino más bien un concepto teórico inobservable, a lo cual usualmente nos referimos como un *constructo*. Por ejemplo, digamos que quiero probar qué tan bien entiendes la distinción entre los diferentes tipos de números descritos anteriormente. Te podría dar un examen sorpresa en donde te haría varias preguntas sobre estos conceptos y contaría cuántas respuestas tienes correctas. Esta prueba puede o puede no ser una buena medición del constructo de tu conocimiento real— por ejemplo, si escribiera una prueba en una forma confusa o un lenguaje que tú no entiendes, entonces la prueba puede sugerir que no entiendes los conceptos cuando en realidad sí los entiendes. Por otro lado, si te doy una prueba de opción múltiple con muchas respuestas obviamente incorrectas, entonces es posible que puedas desempeñarte bien en la prueba, incluso si en realidad no comprendes el material.

Usualmente es imposible medir un constructo sin cierto margen de error. En el ejemplo de arriba, puede que sepas la respuesta, pero puede que hayas leído mal la pregunta y por ende, obtenido una respuesta incorrecta. En otros casos, puede haber errores intrínsecos con respecto a aquella cosa que quiere ser medida, como cuando medimos cuánto le toma a una persona reaccionar en una simple prueba de tiempo de reacción, las cuales pueden variar de prueba en prueba por muchas razones. Generalmente queremos que nuestro error de medición sea lo más bajo posible, lo que podemos lograr mejorando la calidad de nuestras mediciones (por ejemplo, usando una mejor medición del tiempo para medir el tiempo de reacción), o promediando un mayor número de mediciones individuales.

A veces existe un estándar contra el que se pueden probar otras mediciones, al que podríamos referirnos como un “estándar dorado” (*gold standard*) — por ejemplo, la medición del sueño se puede realizar utilizando muchos dispositivos diferentes (como dispositivos que miden el movimiento de una persona mientras duerme), pero generalmente se consideran inferiores al estándar dorado de la polisomnografía (el cual es un examen que mide ondas cerebrales para cuantificar la cantidad de tiempo que una persona pasa en cada etapa del sueño). A menudo, el estándar dorado es más difícil o más caro de utilizar, y el método más barato es usado incluso cuando pueda tener un mayor margen de error.

Cuando pensamos en aquello que constituye a una buena medición, usualmente distinguimos dos diferentes aspectos que debe tener: debe de ser *confiable*, y debe de ser *válida*.

2.3.1 Confiabilidad

La confiabilidad se refiere a la consistencia de nuestras mediciones. Una forma común de confiabilidad, conocida como “confiabilidad test-retest,” mide qué tan bien concuerdan las mediciones si la misma medición se realiza dos veces. Por ejemplo, si te doy un cuestionario sobre tu actitud con respecto a la estadística hoy, y repito este mismo cuestionario mañana, al comparar tus respuestas en los dos días esperaríamos que tuvieran resultados muy similares entre sí, a menos que algo sucediera entre la aplicación de ambos cuestionarios que haya cambiado tu perspectiva de la estadística (¡como leer este libro!).

Otra forma de evaluar la confiabilidad surge en casos en que los datos incluyen juicios subjetivos. Por ejemplo, digamos que unx investigadorx quiere determinar si un tratamiento cambia qué tan bien interactúa unx niñx que se encuentra dentro del espectro autista con otros niñxs, lo cual es medido a través de expertos que observan al niñx y califican sus interacciones con lxs otrxs niñxs. En este caso queremos asegurarnos de que las respuestas no dependan del individuo que está calificando— nos gustaría que existiera una alta *confiabilidad entre calificadores*. Esto puede ser evaluado teniendo más de unx solx evaluadorx, y después al comparar sus calificaciones asegurarnos de que concuerden entre sí.

La confiabilidad es importante si queremos comparar una medición con otra, porque la relación entre dos variables diferentes no puede ser más fuerte que la relación entre cualquiera de las variables y ella misma (es decir, su confiabilidad). Esto significa que una medición no confiable nunca puede tener una relación estadísticamente fuerte con cualquier otra medición. Por esta razón, lxs investigadorxs que desarrollan una nueva medición (como un nuevo cuestionario) a menudo realizarán todo lo posible para establecer y mejorar su confiabilidad.

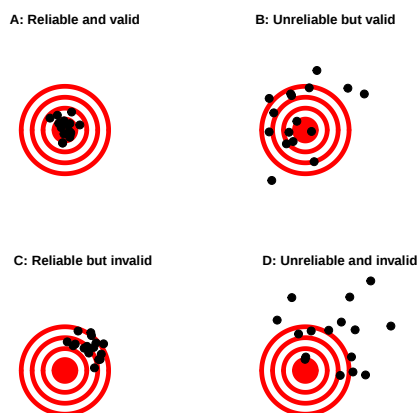


Figure 2.1: Una figura mostrando la diferencia entre confiabilidad y validez, usando tiros al blanco. Confiabilidad se refiere a la consistencia de la localización de los tiros, y validez se refiere a la precisión con que los tiros quedaron respecto al centro de las dianas.

2.3.2 Validez

La confiabilidad es importante, pero por sí misma no es suficiente: Después de todo, podríamos crear mediciones perfectamente confiables en una prueba de personalidad a través de re-codificar todas las respuestas utilizando el mismo número, sin importar qué haya respondido la persona. Queremos que nuestras mediciones sean también *válidas*— esto quiere decir que, nos queremos asegurar de que en realidad estemos midiendo el constructo que pensamos que estamos midiendo (Figura 2.1). Existen varios tipos diferentes de validez que son comúnmente discutidos; a continuación nos enfocaremos en tres de ellos.

Validez aparente. ¿La medición tiene sentido de forma aparente? Si te dijera que voy a medir la presión sanguínea de una persona con sólo observar el color de su lengua, probablemente pensarías que esta no es una medición válida aparente. Por otro lado, el utilizar un brazalete para medir la presión sanguínea tiene validez aparente. Esto es solamente un ejemplo simple antes de que nos centremos en aspectos más complejos de la validez.

Validez de constructo. Primero hay que preguntarnos, ¿esta medición se

relaciona con otras mediciones de una forma apropiada? A menudo esto se subdivide en dos aspectos. *Validez convergente* quiere decir que la medición debería de estar estrechamente relacionada con otras mediciones que se supone reflejan el mismo constructo. Digamos que me interesa medir qué tan extrovertida es una persona mediante un cuestionario o una entrevista. La validez convergente se demostraría si estas dos medidas diferentes estuvieran estrechamente relacionadas entre sí. Por otro lado, las mediciones que se cree que reflejan diferentes constructos no deben estar relacionadas, lo que se conoce como *validez divergente*. Si mi teoría de la personalidad dice que la extraversión y la responsabilidad son dos constructos distintos, entonces también debería poder observar que mi medición de la extraversión *no está relacionada* con la medición de la responsabilidad.

Validez predictiva Si nuestras mediciones son verdaderamente válidas, entonces también deberían de poder predecir otros resultados. Por ejemplo, digamos que pensamos que el rasgo psicológico de la búsqueda de sensaciones (el deseo de nuevas experiencias) está relacionado con la toma de riesgos en el mundo real. Para probar la validez predictiva de una medición de la búsqueda de sensaciones, probaríamos qué tan bien los puntajes en la prueba predicen los puntajes en un cuestionario diferente que mide la toma de riesgos en el mundo real.

2.4 Objetivos de aprendizaje

Al haber leído este capítulo deberías de ser capaz de:

- Distinguir entre diferentes tipos de variables (cuantitativas/cualitativas, binarios/enteros/reales, discretos/continuos) y poder dar ejemplos de cada una de estas variables.
- Distinguir entre conceptos de confiabilidad y validez y poder aplicar cada concepto a un conjunto de datos en particular.

2.5 Lecturas sugeridas

- *An Introduction to Psychometric Theory with Applications in R* - Un libro de texto gratuito en línea sobre medición psicológica.

2.6 Apéndice

2.6.1 Escalas de medición

Todas las variables deben tomar al menos dos valores diferentes posibles (de lo contrario, serían una *constante* en lugar de una variable), pero diferentes valores de la variable pueden relacionarse entre sí de diferentes maneras, a lo cual nos referimos como *escalas de medición*. Hay cuatro formas en las que pueden diferir los diferentes valores de una variable.

- *Identidad*: Cada valor de la variable tiene un significado único.
- *Magnitud*: Los valores de la variable reflejan diferentes magnitudes y tienen una relación ordenada entre sí—por lo tanto, algunos valores son mayores y otros son menores.
- *Intervalos iguales*: Las unidades a lo largo de la escala de medición son iguales entre sí. Esto quiere decir, por ejemplo, que la diferencia entre 1 y 2 sería igual en su magnitud a la diferencia entre 19 y 20.
- *Cero absoluto*: La escala tiene un verdadero punto cero significativo. Por ejemplo, para muchas mediciones de cantidades físicas como la altura o el peso, este es la ausencia total de la cosa que está siendo medida.

Hay cuatro escalas diferentes de medición que van de la mano con estas diferentes formas en que los valores de una variable pueden diferir.

Escala Nominal. Una variable nominal satisface el criterio de identidad, de modo que cada valor de la variable representa algo diferente, pero los números simplemente sirven como etiquetas cualitativas, como mencionamos al principio. Por ejemplo, es posible que le preguntemos a las personas el partido político al que se suscriben, y después codificar esa información como números: 1= “Republicanos,” 2= “Demócratas,” 3= “Libertarios,” etc. Sin embargo, los números no tienen ninguna relación ordenada entre sí.

Escala ordinal. Una variable ordinal satisface el criterio de identidad y magnitud, de manera que pueden ser ordenados en términos de su magnitud. Por ejemplo, le podemos preguntar a una persona con dolor crónico que llene un formato diario en donde evalúe qué tan mal siente su dolor, utilizando una escala numérica del 1 al 7. Hay que tomar en cuenta que, si bien la

persona presumiblemente siente más dolor en un día en el que reporta un 6 frente a un día en que reporta un 3, no tendría sentido decir que su dolor es dos veces más intenso en el primero que en el segundo día; el orden nos da información sobre la magnitud relativa, pero las diferencias entre los valores no son necesariamente iguales en magnitud.

Escala de Intervalo. Una escala de intervalo tiene todas las características de una escala ordinal, pero además los intervalos entre unidades en la escala de medición pueden tratarse como iguales. Un ejemplo estándar es la temperatura física medida en grados Celsius o Fahrenheit; la diferencia física entre 10 y 20 grados es la misma que la diferencia física entre 90 y 100 grados, pero cada escala también puede tomar valores negativos.

Escala de proporción (o de razón). Una variable a escala de proporción/razón tiene las cuatro características que se describen anteriormente: Identidad, magnitud, intervalos iguales y cero absoluto. La diferencia entre una variable de escala de razón y una variable de escala de intervalo es que la variable de escala de razón tiene un verdadero punto cero. Ejemplos de variables de escala de razón incluyen la altura y el peso físicos, junto con la temperatura medida en Kelvin.

Hay dos razones importantes a las cuales les debemos de prestar atención a la escala de medición de la variable. En primer lugar, la escala determina qué tipo de operaciones matemáticas podemos aplicar a los datos (see Table 2.2). Una variable nominal solamente se puede comparar por igualdad; es decir, ¿dos observaciones de esa variable tienen el mismo valor numérico? No tendría sentido aplicar otras operaciones matemáticas a una variable nominal, ya que en realidad no funcionan como números en una variable nominal, sino más bien como etiquetas. Con las variables ordinales, también podemos probar si un valor es mayor o menor que otro, pero no podemos hacer ninguna aritmética. Las variables de intervalo y razón nos permiten realizar operaciones aritméticas; con variables de intervalo solo podemos sumar o restar valores, mientras que con variables de razón también podemos multiplicar y dividir valores.

Estas restricciones también implican que existen ciertos tipos de estadística que podemos calcular sobre cada tipo de variable. La estadística que solamente se trate de contar los diferentes valores (como el valor más común comunido como *modo/moda*), puede ser calculado en cualquiera de los tipos de variables. Otro tipo de estadística está basada en ordenar o en clasificar

Table 2.2: Diferentes escalas de medición admiten diferentes tipos de operaciones numéricas.

	Igual/No igual	$>/<$	$+/-$	Multiplicar/dividir
Nominal	OK			
Ordinal	OK	OK		
Intervalo	OK	OK	OK	
Razón	OK	OK	OK	OK

los valores (como la *mediana*, la cual es el valor que está en medio cuando todos los valores son ordenados por su magnitud), y estos requieren que el valor al menos esté en una escala ordinal. Finalmente, la estadística que se encarga de sumar los valores (como el promedio o *media*), requiere que las variables sean al menos en una escala de intervalo. Habiendo dicho esto, debemos tomar en cuenta que es común que lxs investigadorxs calculen la media de variables que son solo ordinales (como las respuestas en las pruebas de personalidad), pero esto a veces puede ser problemático.

Chapter 3

Resumir datos

Mencioné en la Introducción que uno de los grandes descubrimientos de la estadística es la idea de que podemos entender mejor el mundo si nos deshacemos de información, y eso es justo lo que hacemos cuando resumimos un conjunto de datos. En este Capítulo discutiremos por qué y cómo resumir datos.

3.1 ¿Por qué resumir datos?

Cuando resumimos datos, estamos necesariamente tirando información, y uno podría objetar esto plausiblemente. Como un ejemplo, regresemos al estudio PURE que discutimos en el Capítulo 1. ¿No deberíamos pensar que todos los detalles de cada individuo importan, más allá de los que se resumieron en el conjunto de datos? ¿Qué decir de los detalles específicos sobre cómo fue recolectada la información, como el momento del día o el estado de ánimo del participante? Todos esos detalles se pierden cuando resumimos los datos.

Una razón por la que resumimos datos es porque nos provee de una manera de *generalizar* - esto es, hacer enunciados generales que van más allá de observaciones específicas. La importancia de la generalización fue subrayada por el escritor Jorge Luis Borges en su cuento “Funes El Memorioso,” donde describe a un individuo que pierde la habilidad de olvidar. Borges se enfoca en la relación entre generalización (i.e. tirar datos) y el pensamiento: “Pensar

es olvidar diferencias, es generalizar, abstraer. En el abarrotado mundo de Funes no había sino detalles, casi inmediatos.”

Los psicólogos han estudiado por largo tiempo todas las maneras en que la generalización es central al pensamiento. Un ejemplo es la categorización: somos capaces de reconocer fácilmente diferentes ejemplos de la categoría de “aves” a pesar de que los ejemplos individuales puedan ser muy diferentes en características superficiales (como un avestruz, un petirrojo, y una gallina). De manera importante, la generalización nos permite hacer predicciones acerca de estos individuos – en el caso de las aves, podemos predecir que vuelan y comen semillas, y que probablemente no puedan manejar un carro o hablar inglés. Estas predicciones no serán siempre correctas, pero frecuentemente serán suficientemente buenas para ser útiles en el mundo.

3.2 Resumir datos usando tablas

Una manera simple de resumir datos es el generar una tabla que represente el conteo de varios tipos de observaciones. Este tipo de tabla ha sido usado durante miles de años (ve la Figura 3.1).



Figure 3.1: Una tabla sumeria en el Louvre, que muestra un contrato de venta de una casa y un terreno. Dominio público, via Wikimedia Commons.

Veamos algunos ejemplos del uso de tablas, usando un conjunto de datos más realista. A lo largo de este libro usaremos la base de datos de la [Encuesta](#)

Table 3.1: Distribución de frecuencias de la variable PhysActive

PhysActive	AbsoluteFrequency
No	2473
Yes	2972
NA	1334

Nacional de Nutrición y Salud (*National Health and Nutrition Examination Survey, NHANES*). Este es un estudio en curso que evalúa el status de salud y nutrición de una muestra de personas de los Estados Unidos en múltiples variables diferentes. Aquí usaremos una versión de la base de datos que está disponible para el paquete de software estadístico R. Para este ejemplo, miraremos una variable simple llamada “PhysActive” en la base de datos. Esta variable contiene uno de tres diferentes valores: “Sí” o “No” (indicando si la persona reportó o no el hacer “deportes moderados o de intensidad vigorosa, actividades de fitness o recreacionales”), o “NA” si el dato está perdido para esa persona. Existen varias razones por las cuales el dato podría estar perdido; por ejemplo, esta pregunta no se le realizó a menores a 12 años, mientras que en otros casos una persona adulta podría haber declinado el contestar la pregunta durante la entrevista, o el registro de la respuesta realizado por quien entrevistó podría resultar ilegible.

3.2.1 Distribuciones de frecuencias

Una *distribución* describe cómo los datos se dividen en diferentes valores posibles. Para este ejemplo, veamos cuántas personas caen en cada una de las categorías de actividad física.

La tabla 3.1 muestra las frecuencias de cada uno de los diferentes valores; había 2473 personas que respondieron “No” a la pregunta, 2972 que respondieron “Sí,” y 1334 de quienes no hubo una respuesta. Llamamos a esto una *distribución de frecuencias* porque nos dice qué tan frecuente sucede en nuestra muestra cada uno de los valores posibles.

Esto nos muestra la frecuencia absoluta de cada una de los diferentes valores, para todas las personas que sí dieron una respuesta. De esta información, podemos ver que hubo más personas respondiendo “Sí” que “No,” pero puede

Table 3.2: Frecuencias absolutas y relativas, y porcentajes de la variable PhysActive

PhysActive	AbsoluteFrequency	RelativeFrequency	Percentage
No	2473	0.45	45
Yes	2972	0.55	55

ser difícil ver qué tan grande es la diferencia relativa sólo viendo estos números absolutos. Por esta razón, frecuentemente preferimos presentar los datos usando *frecuencias relativas*, que se obtienen dividiendo cada frecuencia entre la suma de todas las frecuencias absolutas:

$$frecuencia\ relativa_i = \frac{frecuencia\ absoluta_i}{\sum_{j=1}^N frecuencia\ absoluta_j}$$

La frecuencia relativa provee una manera mucho más fácil para observar qué tan grande es la diferencia. También podemos interpretar las frecuencias relativas como porcentajes si las multiplicamos por 100. En este ejemplo, quitaremos los valores NA, porque nos gustaría poder interpretar las frecuencias relativas de las personas físicamente activas versus las inactivas. Sin embargo, para que esto tenga sentido tendríamos que asumir que los valores “NA” están perdidos de manera “aleatoria,” significando que su presencia o ausencia no está relacionada con el verdadero valor de la variable para esa persona. Por ejemplo, si los participantes inactivos tuvieran mayor probabilidad de rehusarse a contestar la pregunta que los participantes activos, entonces eso *sesgaría* nuestra estimación de la frecuencia de la actividad física, lo que significa que nuestra estimación sería diferente del valor verdadero.

La Tabla 3.2 nos deja ver que el 45.4 por ciento de los individuos en la muestra NHANES dijo “No” y el 54.6 por ciento dijo “Sí.”

3.2.2 Distribuciones acumuladas

La variable PhysActive que revisamos arriba sólo tenía dos valores posibles, pero frecuentemente queremos resumir datos que pueden tener más valores posibles. Cuando esos valores son cuantitativos, entonces una manera útil de resumirlos es a través de lo que llamamos una representación de frecuencias *acumuladas*: en lugar de preguntarnos cuántas observaciones toman un

Table 3.3: Distribución de frecuencias del número de horas de sueño por noche en la base de datos NHANES

SleepHrsNight	AbsoluteFrequency	RelativeFrequency	Percentage
2	9	0.00	0.18
3	49	0.01	0.97
4	200	0.04	3.97
5	406	0.08	8.06
6	1172	0.23	23.28
7	1394	0.28	27.69
8	1405	0.28	27.90
9	271	0.05	5.38
10	97	0.02	1.93
11	15	0.00	0.30
12	17	0.00	0.34

valor específico, nos preguntamos cuántas observaciones tienen un valor en específico o *menor a ese valor*.

Démosle un vistazo a otra variable en la base de datos NHANES, llamada *SleepHrsNight* que registra cuántas horas el participante reportó que duerme usualmente entre semana. Construyamos una tabla de frecuencias como la que hicimos arriba, después de quitar a las personas que tienen dato perdido en este pregunta. La Tabla 3.3 muestra una tabla de frecuencias creada como las de arriba, después de quitar a todas las personas que tuvieran datos perdidos para esta pregunta. Podemos comenzar a resumir los datos sólo con observar la tabla; por ejemplo, podemos ver que la mayoría de las personas reportan dormir entre 6 y 8 horas. Para ver esto de manera aún más clara, podemos graficar un *histograma* que nos muestre el número de casos que tuvieron cada uno de los valores; observa el panel izquierdo de la Figura 3.2. También podemos graficar las frecuencias relativas, a las cuales frecuentemente llamaremos *densidades* - observa el panel derecho de la Figura 3.2.

Desde este momento podemos resumir los datos sólo al observar la tabla; por ejemplo, podemos ver que la mayoría de las personas reportaron dormir entre 6 y 8 horas. Grafiquemos los datos para ver esto de manera más clara. Para hacer esto podemos graficar un *histograma* que nos permite ver el número de

casos que hay por cada uno de los valores; ve el panel izquierdo de la Figura 3.2. También podemos graficar las frecuencias relativas, a este tipo de gráfica nos referiremos frecuentemente como *densidades* - ve el panel derecho de la Figura 3.2.

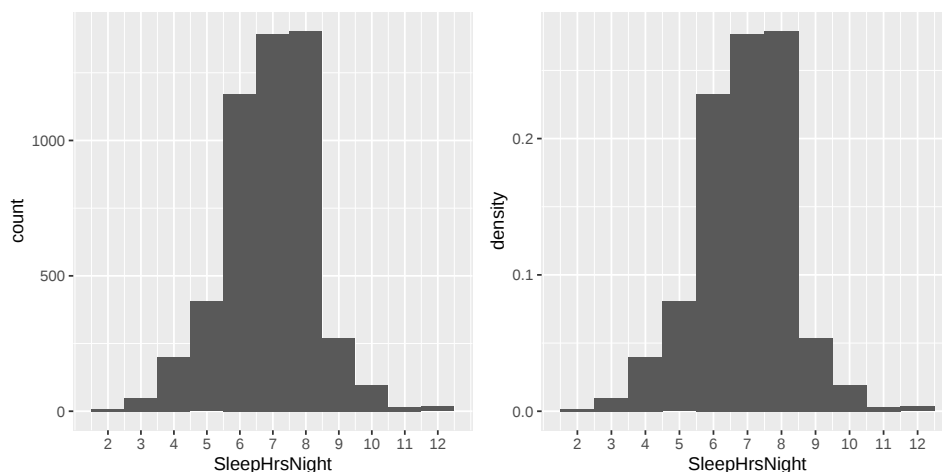


Figure 3.2: Histogramas que muestran el número (izquierda) y la proporción (derecha) de las personas que reportaron cada valor posible en la variable SleepHrsNight.

¿Qué pasa si quisiéramos saber cuántas personas reportaron dormir 5 horas o menos? Para encontrar esto, podemos calcular una *distribución acumulada*. Para calcular la frecuencia acumulada para un valor j , sumamos las frecuencias de todos los valores hasta j , incluyendo también la frecuencia del valor j :

$$frecuencia\ acumulada_j = \sum_{i=1}^j frecuencia\ absoluta_i$$

Table 3.4: Distribuciones de frecuencias absolutas y acumuladas para la variable SleepHrsNight

SleepHrsNight	AbsoluteFrequency	CumulativeFrequency
2	9	9
3	49	58
4	200	258
5	406	664
6	1172	1836
7	1394	3230
8	1405	4635
9	271	4906
10	97	5003
11	15	5018
12	17	5035

Hagamos esto para nuestra variable de sueño, calculemos las frecuencias absolutas y acumuladas. En el panel izquierdo de la Figura 3.3 graficamos los datos para ver cómo se ven estas representaciones; los valores de frecuencias absolutas están graficados con líneas sólidas (continuas), y las frecuencias acumuladas están graficadas con líneas punteadas. Podemos ver que las frecuencias acumuladas van *incrementándose monótonicamente* – esto es, sólo pueden ir hacia arriba o mantenerse constantes, pero nunca pueden disminuir. De nuevo, usualmente encontramos las frecuencias relativas más útiles que las absolutas; esas están graficadas en el panel derecho de la Figura 3.3. De manera importante, la forma de la gráfica de frecuencias relativas es exactamente la misma que la de la gráfica de frecuencias absolutas – sólo el tamaño de los valores ha cambiado.

3.2.3 Graficar histogramas

Las variables que hemos examinado arriba eran bastante simples, pudiendo tener sólo unos pocos valores posibles. Ahora veamos una variable más compleja: Edad. Primero, grafiquemos la variable *Edad* para todas las personas en la base de datos de NHANES (ve el panel izquierdo de la Figura 3.4). ¿Qué ves ahí? Primero, deberías notar que el número de personas en cada

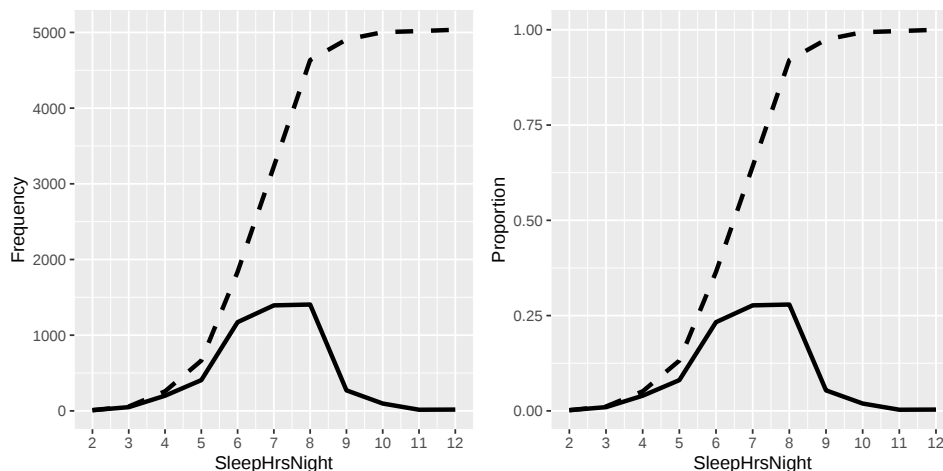


Figure 3.3: Gráfica con los valores relativos (líneas sólidas/continuas) y relativos acumulados (líneas punteadas) de las frecuencias (izquierda) y proporciones (derecha) de los posibles valores de SleepHrsNight.

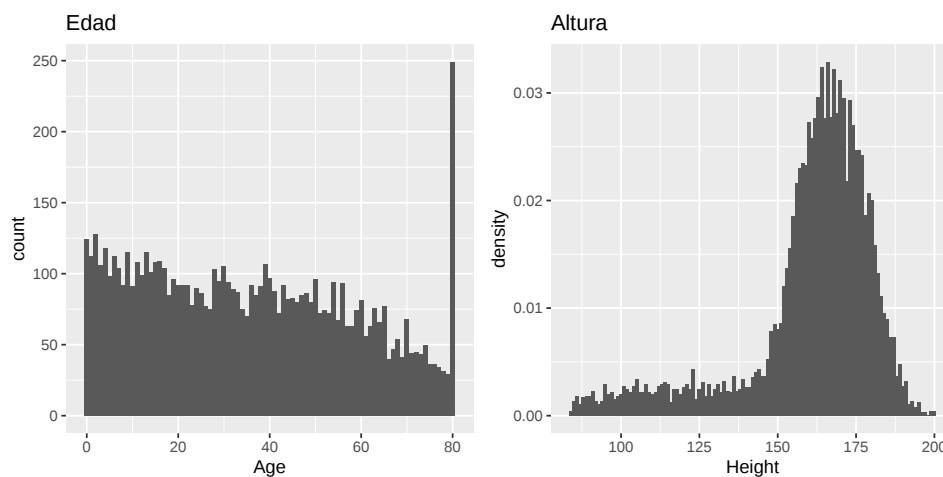


Figure 3.4: Histograma de las variables de Edad (izquierda) y Altura (derecha) en NHANES.

grupo de edad va disminuyendo con el tiempo. Esto tiene sentido porque la población fue muestreada aleatoriamente, y pasa que los fallecimientos a lo largo del tiempo lleva a que haya menos personas en los rangos de edad más avanzada. Segundo, probablemente notes un pico grande en la gráfica en la edad de 80 años. ¿Qué piensas que sea eso?

Si buscáramos la información acerca de la base de datos NHANES, veríamos la siguiente definición para la variable *Edad*: “Edad en años del participante al momento de su inclusión en la investigación. Nota: Participantes de 80 años o más fueron registrados como 80.” La razón para esto es que la muestra relativamente pequeña de individuos con edades muy altas podría hacer potencialmente más fácil el poder identificar a las personas específicas en la base de datos si uno conoce su edad exacta; los investigadores generalmente prometen a sus participantes el mantener su identidad de manera confidencial, y esta es una de las cosas que se pueden hacer para ayudar a proteger a los participantes. Esto subraya el hecho de que siempre es importante conocer de dónde proviene la información que tenemos y conocer cómo ha sido procesada; de otra manera podríamos interpretar los datos de manera inapropiada, pensando que las personas de 80 años de edad hayan sido sobrerrepresentadas en la muestra de alguna manera.

Veamos otra variable más compleja en la base de datos NHANES: Altura. El histograma de los valores de altura está graficada en el panel derecho de la Figura 3.4. La primera cosa que deberías notar acerca de esta distribución es que la mayoría de su densidad está centrada alrededor de 170 cm, pero su distribución tiene una “cola” a la izquierda; hay un número pequeño de individuos con alturas más pequeñas. ¿Qué piensas que está sucediendo ahí?

Habrás intuido que las alturas pequeñas vienen de niños y niñas en la base de datos. Una manera de examinar esto es graficando un histograma con los colores separados para niños y adultos (panel izquierdo de la Figura 3.5). Esto muestra que todas las alturas más bajas en efecto son de niños y niñas en la muestra. Realicemos una nueva versión de NHANES que sólo incluya adultos, y después grafiquemos el histograma sólo para ellos (panel derecho de la Figura 3.5). En esa gráfica la distribución se mira mucho más simétrica. Como veremos después, este es un buen ejemplo de una distribución *normal* (o *Gaussiana*).

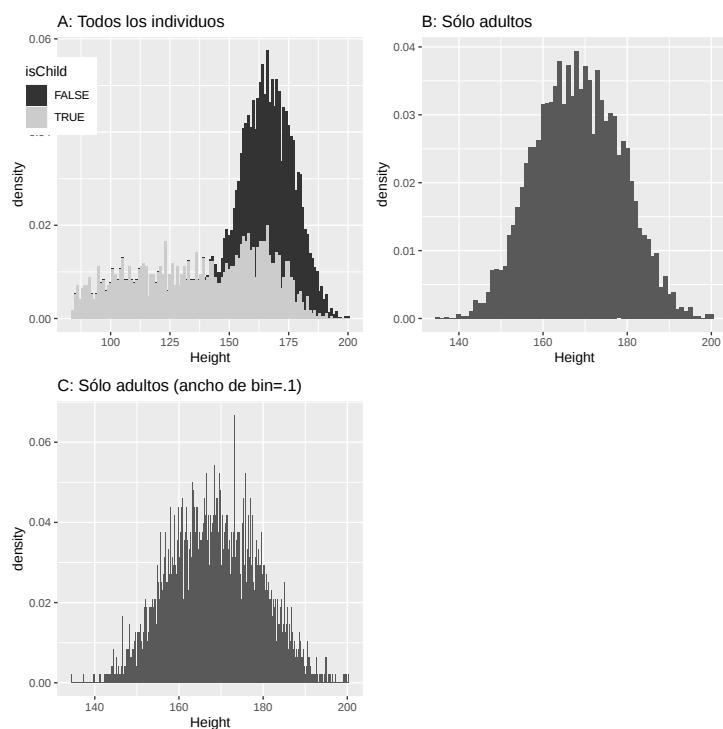


Figure 3.5: Histograma de las alturas en NHANES. A: Valores graficados separando niños y niñas (gris) y adultos (negro). B: Valores sólo para adultos. C: Igual que B, pero con ancho de bins = 0.1

Table 3.5: Algunos valores de Altura de la base de datos NHANES.

Height
169.6
169.8
167.5
155.2
173.8
174.5

3.2.4 *Bins* de un histograma

En nuestro ejemplo anterior con la variable de sueño, los datos fueron reportados en números enteros, y nosotros simplemente contamos el número de personas que reportaron cada valor posible. Sin embargo, si observas algunos de los valores en la variable de Altura en NHANES (como se observa en la Tabla 3.5), verás que fueron medidos en centímetros hasta la primera posición decimal.

El panel C de la Figura 3.5 muestra un histograma que cuenta la densidad de cada posible valor redondeado al primer valor decimal. El histograma se ve muy irregular, esto es por la variabilidad en los valores decimales específicos. Por ejemplo, el valor 173.2 ocurre 32 veces, mientras que el valor 173.3 ocurre sólo 15 veces. Probablemente no vamos a pensar que existe una diferencia tan grande entre la prevalencia de estas dos alturas; lo más probable es que esto se deba a variabilidad aleatoria en nuestra muestra de personas.

En general, cuando creamos un histograma de datos que son continuos o donde se tienen muchos valores posibles, crearemos *bins* con los valores para que en lugar de contar y graficar la frecuencia de cada valor específico, contaremos y graficaremos la frecuencia de valores que caen dentro de rangos específicos. Esa es la razón por la cual se ve menos irregular la gráfica arriba en el Panel B de la Figura 3.5; en este panel establecimos el ancho de los bins en 1, lo que significa que el histograma es calculado al combinar valores dentro de los bins con un ancho de uno; por lo que los valores 1.3, 1.5, 1.6 contarían en la frecuencia de un mismo bin, el cual se extendería desde valores iguales a uno hasta valores menores a 2.

Puedes notar que una vez que el tamaño de bin ha sido seleccionado, entonces

el número de bins es determinado por los datos:

$$\text{número de bins} = \frac{\text{rango de valores}}{\text{ancho de bin}}$$

No existe una regla rígida u objetiva para escoger el ancho de bins óptimo. Ocasionalmente será obvio (como cuando sólo existen unos pocos valores posibles), pero en muchos casos requerirá ensayo y error. Existen métodos para tratar de encontrar un tamaño de bin óptimo de manera automática, como el método Freedman-Diaconis que usaremos en algunos ejemplos más adelante.

3.3 Representaciones idealizadas de distribuciones

Las bases de datos son como copos de nieve, en que cada una es diferente, a pesar de ello existen patrones que frecuentemente se observan en diferentes tipos de datos. Esto nos permite usar representaciones idealizadas de los datos para resumirlos aún más. Tomemos las alturas de los adultos graficadas en 3.5, y grafiquémoslas al lado de una variable muy diferente: ritmo cardíaco (latidos por minuto), también medido en NHANES (véase la Figura 3.6).

Mientras que estas gráficas ciertamente no se ven exactamente iguales, ambas tienen la característica general de ser relativamente simétricas alrededor de un pico redondeado en el medio. De hecho, esta forma es una de las formas de distribuciones comúnmente observadas cuando recolectamos datos, a esta forma se le llama distribución *normal* (o *Gaussiana*). Esta distribución es definida en términos de dos valores (los cuales llamamos *parámetros* de la distribución): la localización del pico central (que llamamos *media*) y el ancho de la distribución (que es descrita en términos de un parámetro llamado *desviación estándar*). La Figura 3.6 muestra la distribución normal apropiada graficada encima de cada uno de los histogramas. Puedes ver que aunque las curvas no se ajustan exactamente a los datos, hacen un muy buen trabajo de caracterizar la distribución – ¡con sólo dos números!

Como veremos más tarde cuando discutamos el teorema del límite central, existe una razón matemática profunda por la cual muchas variables en el mundo exhiben la forma de una distribución normal.

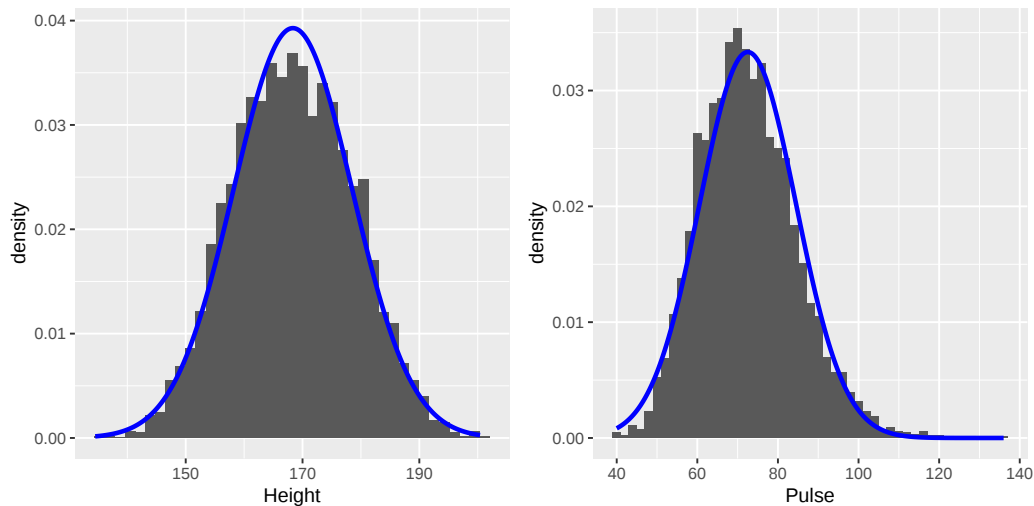


Figure 3.6: Histogramas de la altura (izquierda) y pulso (derecha) en la base de datos NHANES, con la distribución normal sobrepuesta en cada conjunto de datos.

3.3.1 Asimetría (sesgo)

Los ejemplos en la Figura 3.6 siguen una distribución normal relativamente bien, pero en muchos casos los datos se desviarán de una manera sistemática de la distribución normal. Una manera en la que los datos se pueden desviar es cuando son asimétricos (o sesgados), cuando una cola de la distribución es más densa que la otra. Nos referimos a esto como “asimetría” (o sesgo, “skewness” en inglés). La asimetría comúnmente sucede cuando la medida está restringida a ser no-negativa, como cuando estamos contando cosas o midiendo lapsos de tiempo (y por lo tanto la variable no puede tomar valores negativos).

Un ejemplo de asimetría relativamente moderada se puede ver en el promedio de tiempos de espera en las líneas de seguridad aeroportuaria del Aeropuerto Internacional de San Francisco, graficado en el panel izquierdo de la Figura 3.7. Puedes observar que mientras la mayoría de los tiempos son menores a 20 minutos, hay un número de casos donde pueden ser mucho mayores, ¡sobre los 60 minutos! Este es un ejemplo de una distribución “asimétrica a la derecha,” donde la cola derecha es más larga que la izquierda; este tipo de

asimetría es común cuando observamos conteos o tiempos medidos, que no pueden ser menores a cero. Es menos común ver distribuciones “asimétricas a la izquierda,” pero pueden ocurrir, por ejemplo cuando vemos valores de fracciones que no pueden tomar valores mayores a uno.

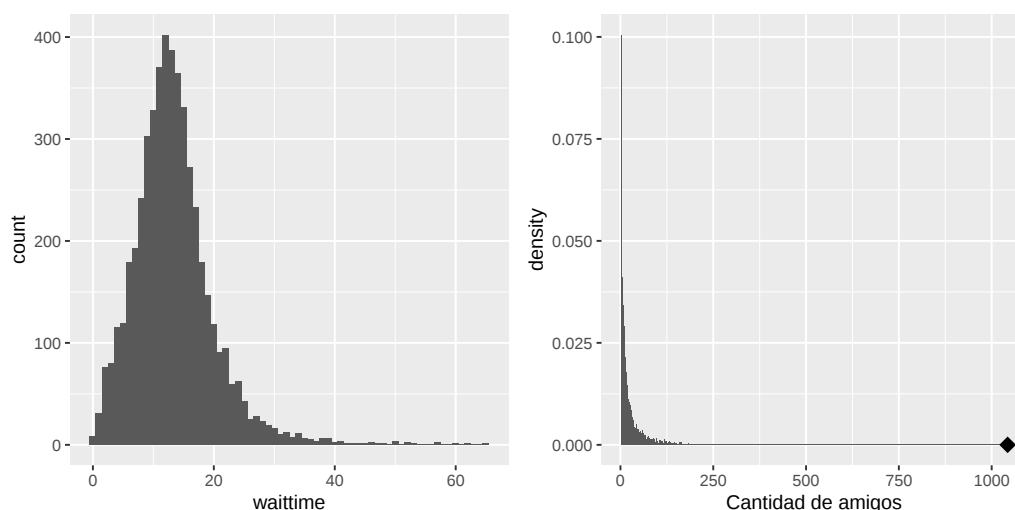


Figure 3.7: Ejemplos de distribuciones asimétricas a la derecha y con cola larga. Izquierda: Tiempo promedio de espera en seguridad en el SFO Terminal A (Enero-Octubre 2017), obtenidos de <https://awt.cbp.gov/> . Derecha: Histograma del número de amigos en Facebook en 3,663 personas, obtenidos de la Stanford Large Network Database. La persona con el máximo número de amigos está indicada con un diamante.

3.3.2 Distribuciones con colas largas

Históricamente, la estadística se ha enfocado fuertemente en datos que están distribuidos de manera normal, pero existen muchos tipos de datos que no se parecen en nada a la distribución normal. En particular, muchas distribuciones en el mundo real tienen “cola larga,” esto significa que la cola derecha se extiende mucho más allá de los valores típicos de la distribución; esto es, son extremadamente asimétricas (o sesgadas). Uno de los tipos de datos más interesantes donde ocurren distribuciones con cola larga suceden del análisis

de redes sociales (*social networks*). Para un ejemplo, veamos los datos sobre la cantidad de amigos en Facebook del [Stanford Large Network Database](#) y grafiquemos el histograma del número de amigos en una muestra de 3,663 personas en la base de datos (ve el panel derecho de la Figura 3.7). Como podemos ver, esta distribución tiene una cola derecha muy larga – la persona promedio tiene 24.09 amigos, ¡mientras que la persona con la mayor cantidad de amigos (marcada por el diamante) tiene 1043!

Distribuciones con cola larga han sido cada vez más reconocidas en el mundo real. En particular, muchas características de sistemas complejos son caracterizadas por estas distribuciones, desde la frecuencia de palabras en un texto, hasta el número de vuelos que llegan y salen de diferentes aeropuertos, como la conectividad de redes neuronales. Existen diferentes maneras en que las distribuciones de cola larga pueden suceder, pero una común sucede en casos del llamado “Efecto Mateo” de la Biblia Cristiana:

Porque al que tiene, le será dado, y tendrá más; y al que no tiene, aun lo que tiene le será quitado. - Mateo 25:29, Reina Valera 1960.

Esto frecuentemente es parafraseado como “los ricos se enriquecen más” (o en el refrán “Dinero llama dinero”). En estas situaciones, las ventajas se combinan o multiplican, de tal manera que aquellos con más amigos tienen acceso aún a más amigos nuevos, y aquellos con más dinero tienen la habilidad de hacer cosas que incrementen sus riquezas aún más.

Conforme el curso avance veremos varios ejemplos de distribuciones de cola larga, y deberemos mantener en mente que muchas de las herramientas en estadística pueden fallar cuando nos enfrentamos con datos con cola larga. Como Nassim Nicholas Taleb señala en su libro “*The Black Swan*,” estas distribuciones de cola larga jugaron un papel crítico en la crisis financiera de 2008, porque muchos de los modelos financieros usados por los *traders* (operadores de inversiones) asumieron que los sistemas financieros seguirían una distribución normal, que claramente no siguieron.

3.4 Objetivos de aprendizaje

Habiendo leído este capítulo, deberías ser capaz de:

- Calcular distribuciones de frecuencia absolutas, relativas, y acumuladas para un conjunto de datos.
- Generar una representación gráfica de una distribución de frecuencias.
- Describir la diferencia entre una distribución normal y una distribución con cola larga, y describir las situaciones que comúnmente dan lugar a cada tipo de distribución.

3.5 Lecturas sugeridas

- *The Black Swan: The Impact of the Highly Improbable*, por Nassim Nicholas Taleb.

Chapter 4

Visualización de Datos

El 28 de enero de 1986, el Space Shuttle Challenger explotó 73 segundos después del despegue, matando a los 7 astronautas a bordo. Así como cuando los desastres suceden, hubo una investigación oficial sobre lo que ocasionó el accidente. El cual encontró que un “O-ring” (junta tórica) que conectaba dos secciones del sólido propulsor de cohete goteó, lo cual resultó en la falla de la unión y explosión del tanque propulsor (véase figura 4.1).



Figure 4.1: Imagen del sólido propulsor de cohete derramando combustible, segundos antes de la explosión. La pequeña flama visible al costado del cohete es el sitio de la falla del O-ring (junta tórica). By NASA (Great Images in NASA Description) [Public domain], via Wikimedia Commons

La investigación encontró que muchos aspectos del proceso de decisión de la NASA tenían errores, y estaban focalizados en una reunión entre el personal de la NASA e ingenierxs de Morton Thiokol, un empresario que construía

sólidos propulsores de cohete. Estxs ingenierxs estaban particularmente preocupadxs por las temperaturas que habían sido pronosticadas para la mañana del lanzamiento, las cuales eran muy bajas. Ellos tenían datos de lanzamientos pasados donde el funcionamiento de los “O-rings” se veían afectados a temperaturas bajas. En la junta previa al lanzamiento, lxs ingenierxs presentaron sus datos a lxs directivxs de la NASA, pero fueron incapaces de convencerles el posponer el lanzamiento. Su evidencia fue una serie de notas escritas a mano mostrando números de los lanzamientos pasados.

El experto en visualización Edward Tufte ha argumentado que con la presentación adecuada de todos los datos, lxs ingenierxs pudieron haber sido mucho más persuasivos. En particular, pudieron haber mostrado una gráfica como la de la Figura 4.2, en la cual subraya dos hechos importantes. Primero, demuestra la cantidad del daño de “O-ring” (definido por la cantidad de erosión y hollín encontrado afuera de los anillos después que el sólido de propulsor de cohete fuera recuperado del océano en vuelos pasados) fue relacionado estrechamente a la temperatura del despegue. Segundo, demuestra que el rango de temperaturas pronosticadas para la mañana del 28 de enero (mostrado en el área sombreada) estaba fuera del rango de todos despegues previos. Aunque no podemos saber con certeza, se ve por lo menos posible que con eso hubieran podido ser más convincentes.

4.1 Anatomía de una gráfica

El objetivo de graficar datos es presentar un resumen de una base de datos en una presentación bi-dimensional (o en ocasiones, tri-dimensional). Nos referimos a las dimensiones como *ejes* – el eje horizontal es llamado el *eje X* y el eje vertical es llamado el *eje Y*. Podemos acomodar los datos a través de los ejes que enfatizen los valores de los datos. Estos valores pueden ser continuos o categóricos.

Hay muchos tipos de gráficas que se pueden utilizar, las cuales tienen diferentes ventajas y desventajas. Digamos que estamos interesadxs en caracterizar la diferencia de altura en hombres y mujeres en la base de datos NHANES. La figura 4.3 muestra cuatro diferentes maneras de graficar esos datos.

1. La gráfica de barras en el panel A muestra la diferencia en medias (*means*), pero no nos muestra cuánta dispersión hay en los datos alrede-

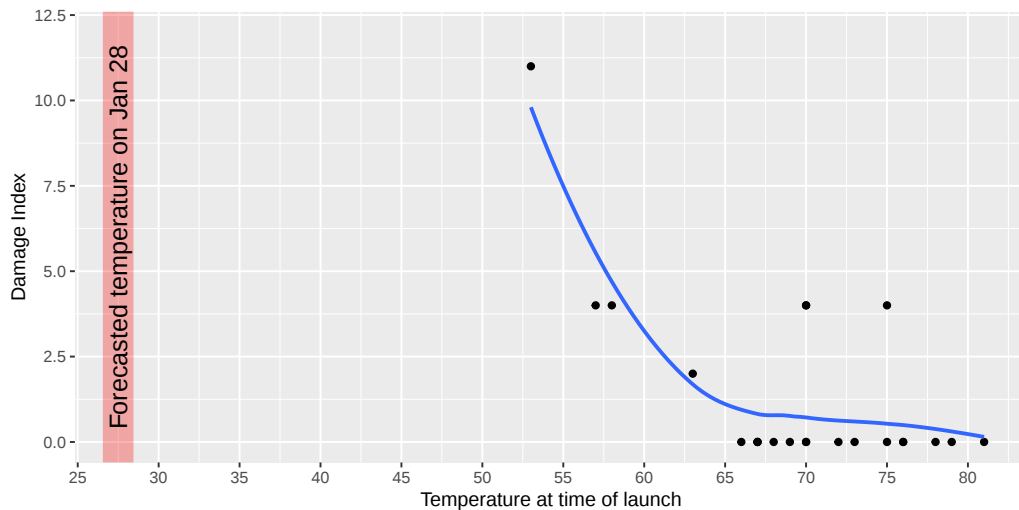


Figure 4.2: Replanteo de los datos del índice de daños de Tufte. La línea muestra la tendencia en los datos y el área sombreada muestra las temperaturas proyectadas para la mañana del lanzamiento.

dor de estas medias – y como veremos después, saber esto es esencial para determinar si consideramos que la diferencia entre los grupos es suficientemente grande como para ser importante.

2. La segunda gráfica muestra las barras con todos los puntos de datos (*data points*) sobrepuestos - esto hace un poco más claro que la distribución de la altura de hombres y mujeres se empalman, pero aún es difícil ver debido a la gran cantidad de puntos de datos.

En general preferimos usar una técnica de graficado que provea una vista más clara de la distribución de puntos de datos.

3. En el panel C, podemos ver un ejemplo de *gráfica violín*, en la cual se grafica la distribución de cada condición de los datos (después de suavizarla un poco).
4. Otra opción es el *diagrama de caja* (*box plot*) mostrado en el panel D, en el cual se muestra la mediana (línea central), una medida de variabilidad (lo ancho de la caja, que está basado en una medida llamada

rango intercuartílico), y cualquier valor atípico (observado por los puntos al final de las líneas). Ambas son formas efectivas de mostrar datos que proporcionan una buena idea de la distribución de los datos.

4.2 Principios de una buena visualización

Se han escrito muchos libros acerca de la visualización efectiva de los datos. Hay algunos principios en los que la mayoría de los autores están de acuerdo, mientras que otros son más polémicos. Aquí resumimos algunos de los principios fundamentales; si quieres aprender más, algunos buenos recursos están enlistados en la sección de *Lecturas sugeridas* al final del capítulo.

4.2.1 Muestra los datos y haz que destaquen

Digamos que llevo a cabo un estudio en donde se examine la relación entre salud dental y el tiempo invertido en el uso de hilo dental, y quiero visualizar los datos. La Figura 4.4 muestra cuatro posibles presentaciones de estos datos.

1. En el panel A, en realidad no mostramos los datos, sólo una línea expresando la relación entre los datos. Esto claramente no es óptimo, porque en realidad no podemos ver cómo se ven los datos subyacentes.

Los paneles B-D muestran tres posibles resultados de graficar los datos, en donde cada gráfica muestra una manera diferente en la que los datos se pudieron haber visto.

2. Si vemos la gráfica en el panel B, probablemente desconfiaríamos – raras veces datos reales siguen un patrón tan preciso.
3. Los datos en el panel C, por el otro lado, se ven como datos reales – muestran una tendencia general, pero son desordenados, como suelen ser los datos en el mundo real.

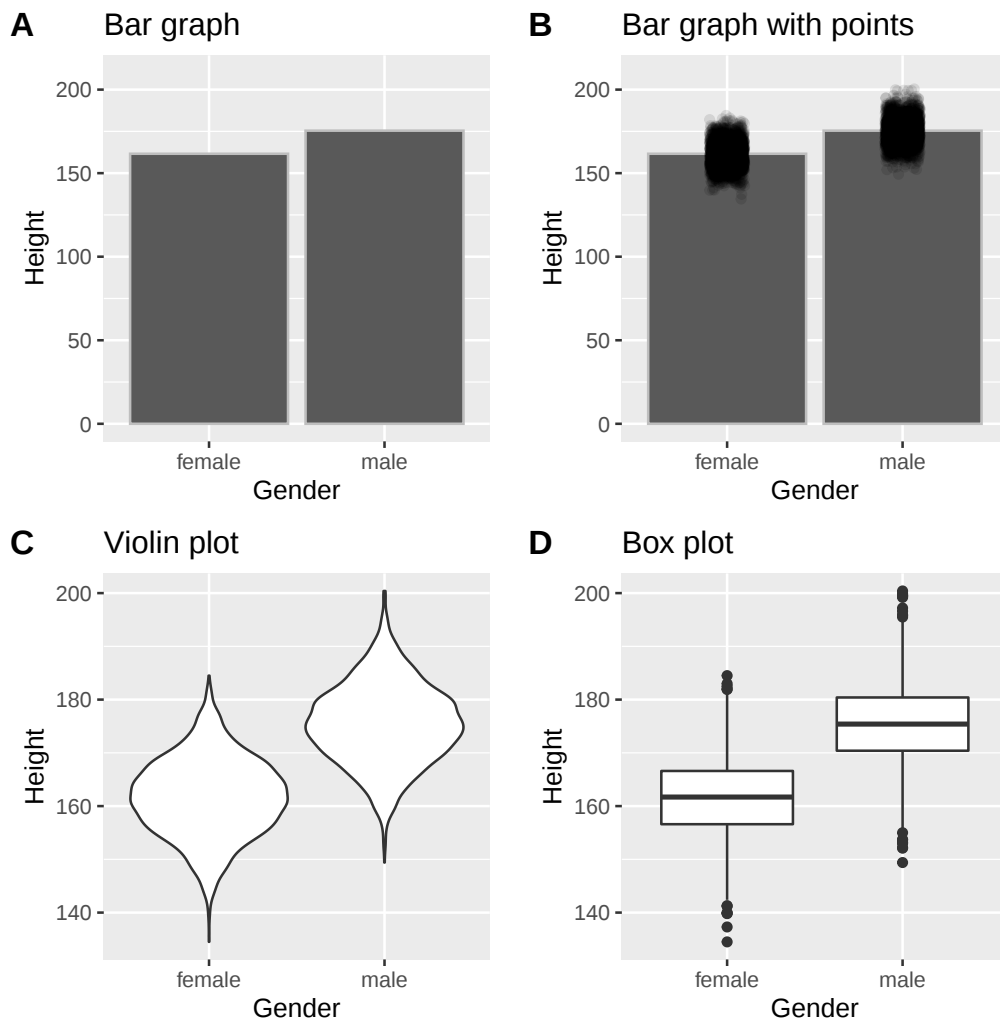


Figure 4.3: Cuatro maneras diferentes de graficar la diferencia en altura entre hombres y mujeres en la base de datos NHANES. El Panel A grafica las medias de ambos grupos, lo que no permite evaluar el empalme relativo entre las dos distribuciones. El Panel B muestra las mismas barras, pero sobrepone los puntos de datos, dispersándolos un poco para que se pueda ver la distribución general. El Panel C muestra una gráfica violín, la cual muestra la distribución de los datos en cada grupo. El Panel D muestra un diagrama de caja (box plot), el cual resalta el ancho de la distribución, además de presentar los valores atípicos (*outliers*, los cuales se muestran como puntos individuales).

4. Los datos en el panel D nos muestran que la aparente relación entre las dos variables es solamente causada por una persona, a la que nos referiremos como valor *atípico* (*outlier*) porque cae muy lejos del patrón del resto del grupo. Debería de ser claro que probablemente no queremos sacar muchas conclusiones de un efecto guiado por un solo punto de los datos. Esta figura resalta por qué es *siempre* importante mirar los datos sin procesar (o datos crudos, *raw data*) antes de confiar demasiado en cualquier resumen de los datos.

4.2.2 Maximiza la proporción datos/tinta (data/ink ratio)

Edward Tufte propuso una idea llamada *proporción datos/tinta* (*data/ink ratio*)

$$\text{data/ink ratio} = \frac{\text{amount of ink used on data}}{\text{total amount of ink}}$$

El punto de esto es minimizar la contaminación visual y permitir mostrar los datos. Por ejemplo, toma las dos presentaciones sobre la salud dental en la Figura 4.5. Ambos paneles muestran los mismos datos, pero el panel A es mucho más sencillo de comprender, porque es relativamente alta la proporción de datos/tinta.

4.2.3 Evita gráficas basura

Es especialmente común ver presentaciones de datos en medios populares que son adornados con muchos elementos visuales que son temáticamente relacionados con el contenido pero no relacionados con los datos verdaderos. Esto es conocido como *gráficas basura* (*chartjunk*) y debe de ser evitado a toda costa.

Una buena manera de no usar gráficas basura es tratar de evitar programas populares de hojas de cálculo para graficar nuestros datos. Por ejemplo el diagrama en la Figura 4.6 (creado en Microsoft Excel) grafica la popularidad relativa de las diferentes regiones de Estados Unidos. Hay al menos tres cosas mal con esta figura:

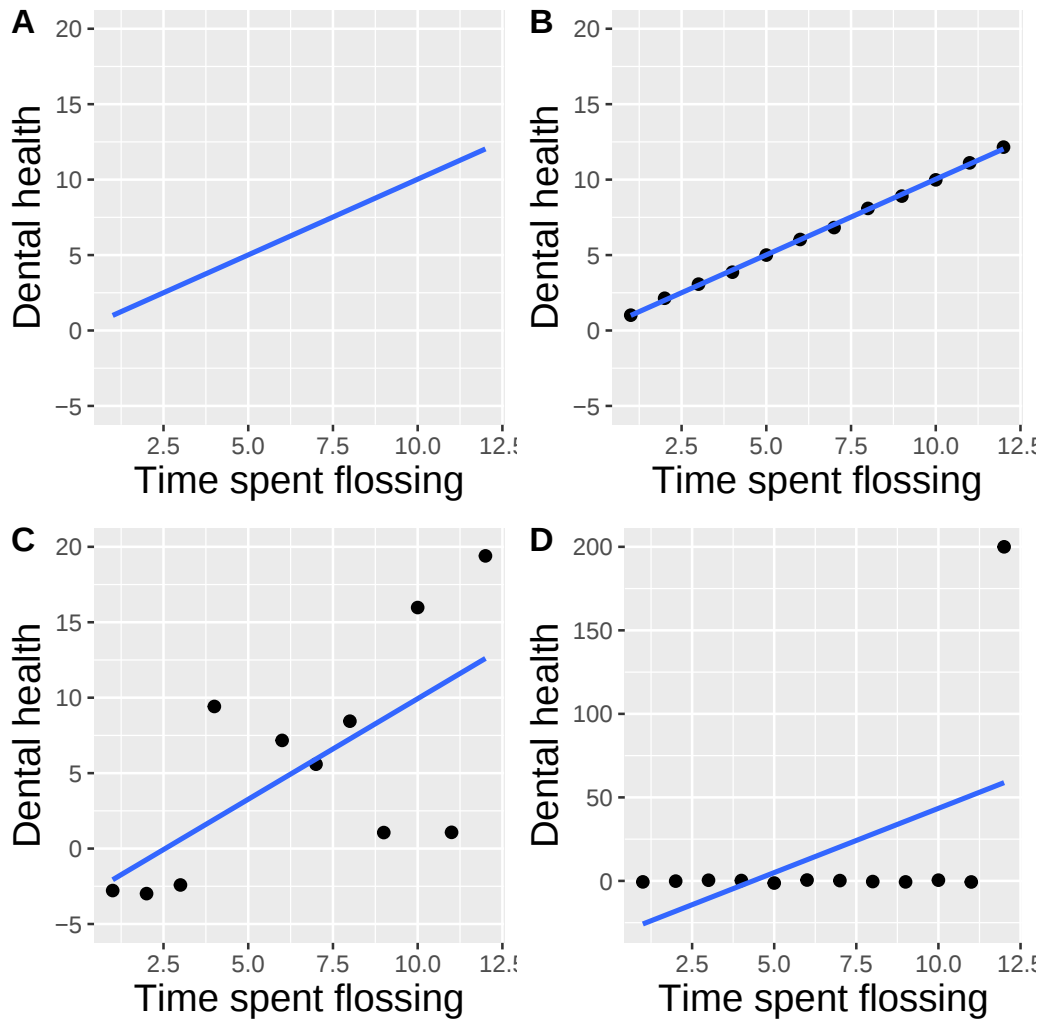


Figure 4.4: Cuatro posibles presentaciones diferentes de datos para el ejemplo de salud dental. Cada punto del gráfico de dispersión representa un punto de datos en el conjunto de datos, y la línea en cada gráfico representa la tendencia lineal en los datos.

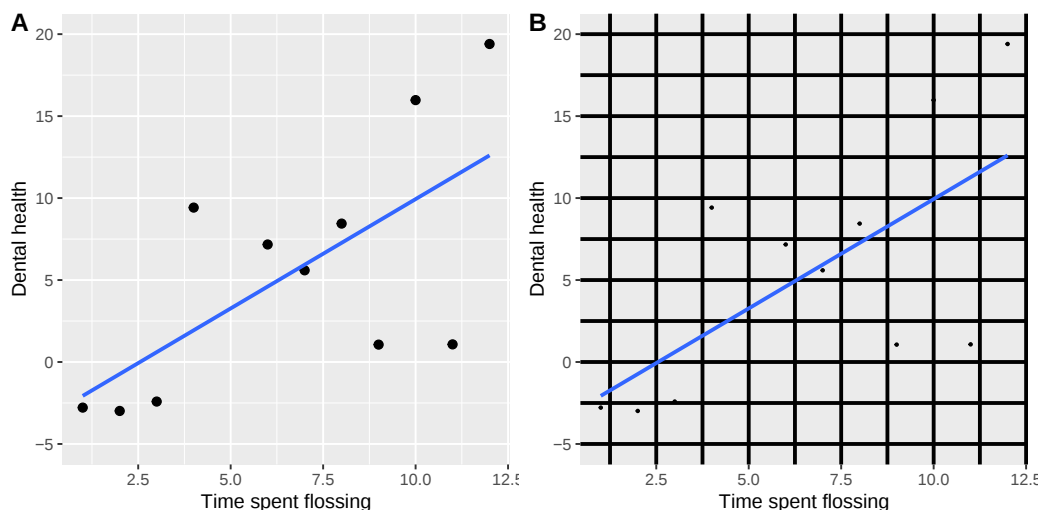


Figure 4.5: Un ejemplo de los mismos datos graficados en dos porporciones datos/tinta diferentes.

- tiene gráficos superpuestos en cada una de las barras que no tienen nada que ver con los datos reales
- tiene una textura de fondo que distrae
- utiliza barras tridimensionales, que distorsionan los datos

4.2.4 Evita distorsionar los datos

En ocasiones es posible usar la visualización para distorsionar el mensaje de un conjunto de datos. Algo muy común es el uso de diferentes escalas de eje para exagerar u ocultar un patrón de datos. Por ejemplo, digamos que estamos interesados en ver si los índices de crímenes violentos han cambiado en Estados Unidos. En la Figura 4.7, podemos ver los datos graficados de manera que en una gráfica parece ser que el crimen ha permanecido constante, pero en la otra parece que se ha desplomado. ¡Los mismos datos pueden contar dos historias muy diferentes!

Una de las mayores controversias en la visualización de datos estadísticos es cómo elegir el eje Y, y en particular si se debe de incluir el cero. En su famoso



Figure 4.6: Un ejemplo de gráfica basura.

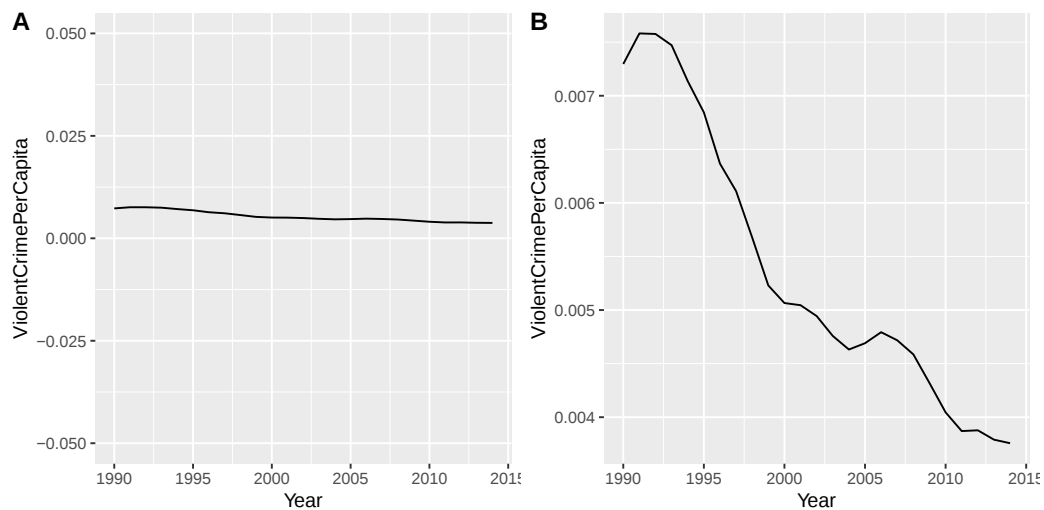


Figure 4.7: Datos de crímenes de 1990 a 2014 graficados con el tiempo. Los paneles A y B muestran los mismos datos pero con diferentes rangos de valores a lo largo del eje Y. Datos obtenidos de <https://www.ucrdatatool.gov/Search/Crime/State/RunCrimeStatebyState.cfm>

libro “Cómo mentir con estadística,” Darrell Huff argumentó fuertemente que uno siempre debería de incluir el cero en el eje Y. Por otro lado, Edward Tufte ha argumentado en contra de esto:

“En general, en una serie de tiempo, usa una línea de base que muestre los datos y no el punto cero; no gastes mucho espacio vertical vacío tratando de llegar al punto cero a costa de ocultar lo que está sucediendo en la línea de datos en sí” (de: <https://qz.com/418083/its-ok-not-to-start-your-y-axis-at-zero/>).

Ciertamente, hay ciertos casos en donde usar el punto cero no tiene sentido para nada. Digamos que estamos interesados en graficar la temperatura corporal de un individuo en el tiempo. En la Figura 4.8 graficamos los mismos datos (simulados) con o sin cero en el eje Y. Debería de ser obvio que al graficar estos datos con cero en el eje Y (Panel A) estamos gastando mucho espacio en la figura, ¡dado que la temperatura corporal de una persona viva nunca podría llegar a cero! Al incluir el cero, también estamos haciendo el salto de temperatura durante 21-30 días menos evidente. En general, mi inclinación en el caso de gráficas lineales y de dispersión es el usar todo el espacio en la gráfica, a menos que el punto cero sea sumamente importante de resaltar.

Edward Tufte introdujo el concepto del *factor de engaño* (*lie factor*) para describir el grado en el cual las diferencias físicas en la visualización corresponden a la magnitud de las diferencias en los datos. Si una gráfica tiene un factor de engaño cercano a 1, entonces es una representación apropiada de los datos, pero si el factor de engaño es lejano a uno refleja una distorsión de los datos subyacentes.

El factor de engaño apoya el argumento de que uno siempre debería de incluir el punto cero en gráfico de barras en muchos casos. En la Figura 4.9 graficamos los mismos datos con y sin el cero en el eje Y. En el panel A, la diferencia proporcional del área de las dos barras es exactamente igual a la diferencia proporcional entre los valores (esto es, factor de engaño= 1), mientras que en el Panel B (donde el cero no está incluido) la diferencia proporcional en área entre las dos barras es aproximadamente 2.8 veces mayor que la diferencia proporcional de los valores, por lo tanto exagera visualmente el tamaño de la diferencia.

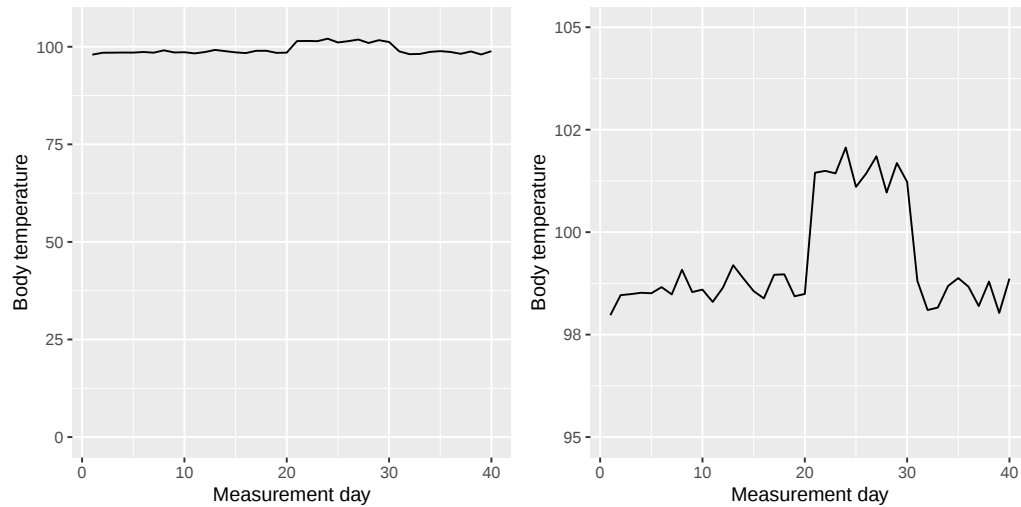


Figure 4.8: Temperatura corporal a lo largo del tiempo, graficada con o sin el punto cero en el eje Y.

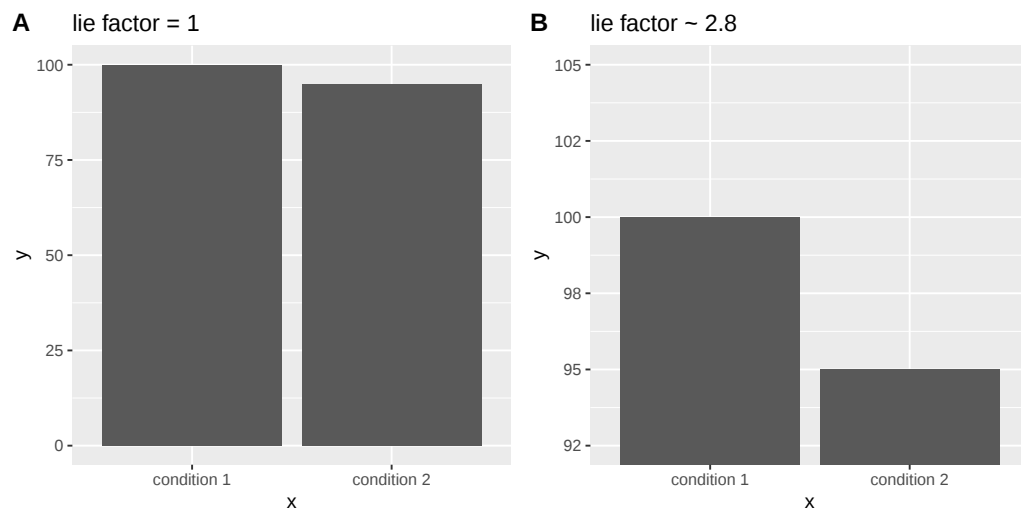


Figure 4.9: Dos gráficas de barra con sus factores de engaño respectivos.

4.3 Ajustarse a las limitaciones humanas

Les humanas tienen limitaciones perceptuales y cognitivas que pueden hacer ciertas visualizaciones difíciles de entender. Siempre es importante tener esto en cuenta cuando se construye una visualización.

4.3.1 Limitaciones perceptuales

Una limitación perceptual importante que muchas personas (incluidas yo) sufren es daltonismo. Esto puede hacer muy difícil la percepción de la información en una figura (como la de la Figura 4.10) donde hay únicamente contraste de color entre los elementos pero no contraste de brillo. Siempre es útil utilizar elementos gráficos que difieran sustancialmente en brillo y/o textura en complemento al color. Existen también [paletas de color amigables con daltónicos](#) disponibles para usarlas en muchas herramientas de visualización.

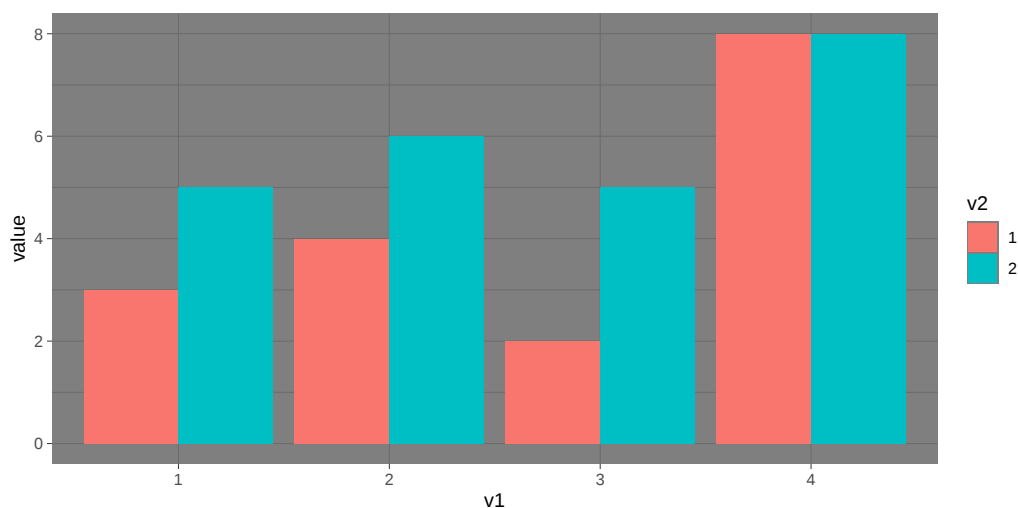


Figure 4.10: Ejemplo de una mala figura que depende únicamente en el contraste de color.

Incluso para personas con visión perfecta, hay algunas limitantes perceptuales que pueden hacer algunas gráficas ineficaces. Esta es una razón por

la cual los estadísticos *nunca* usan gráficas circulares o de pastel: Puede ser muy difícil para los humanos percibir correctamente las diferencias en el volumen de las formas. La gráfica de pastel en la Figura 4.11 (presentando los mismos datos sobre afiliaciones religiosas que mostramos anteriormente) nos muestra qué tan complicado puede ser esto.

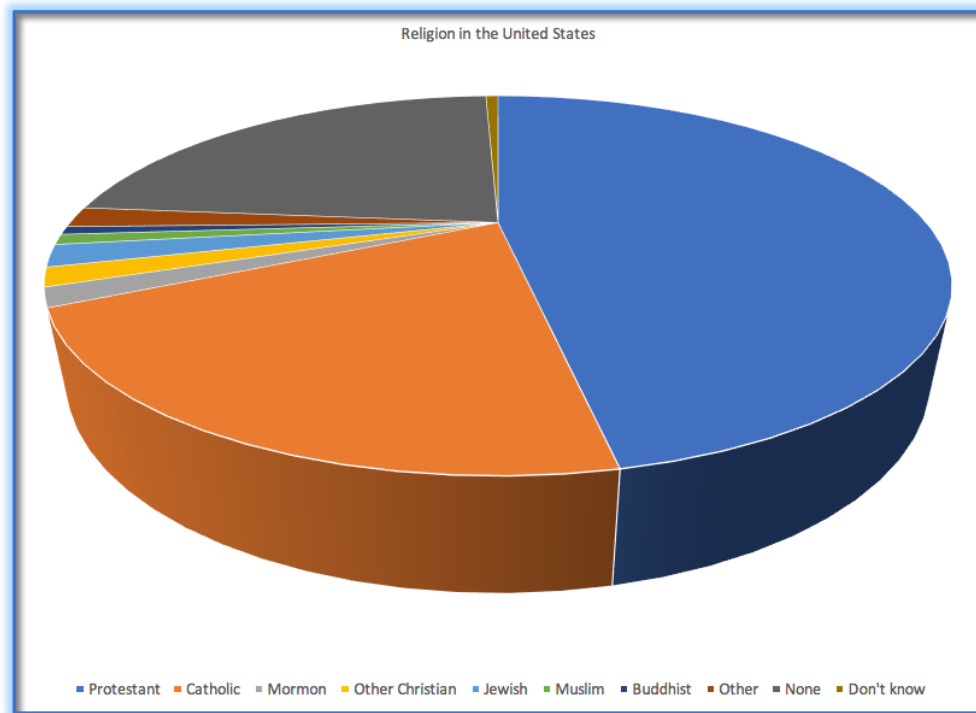


Figure 4.11: Un ejemplo de una gráfica de pastel (pay o sectores), enfatizando la dificultad para comprender el volumen relativo de las diferentes rebanadas de pastel.

Esta gráfica es terrible por varias razones. Primero, requiere distinguir un gran número de colores de parches muy pequeños en la parte inferior de la figura. Segundo, la perspectiva visual distorsiona los números relativos, tal como la rebanada de pastel para “Católica” que aparece mucho más grande que la rebanada para “Ninguna,” cuando en realidad el número para “Ninguna” es ligeramente mayor (22.8 vs 20.8 por ciento), como es evidente en la Figura 4.6. Tercero, al separar la leyenda del gráfico, requiere que les

lectores retengan información en su memoria de trabajo para poder mapear entre el gráfico y la leyenda y realizar muchas “búsquedas de tablas” para hacer coincidir continuamente las etiquetas de la leyenda con la visualización. Y, por último, utiliza texto que es demasiado pequeño, lo que hace que sea imposible leerlo sin hacer zoom.

Graficando los datos usando un enfoque más razonable (Figura 4.12), podemos ver el patrón mucho más claramente. Es posible que este gráfico no parezca tan llamativo como el gráfico circular generado con Excel, pero es una representación mucho más eficaz y precisa de los datos.

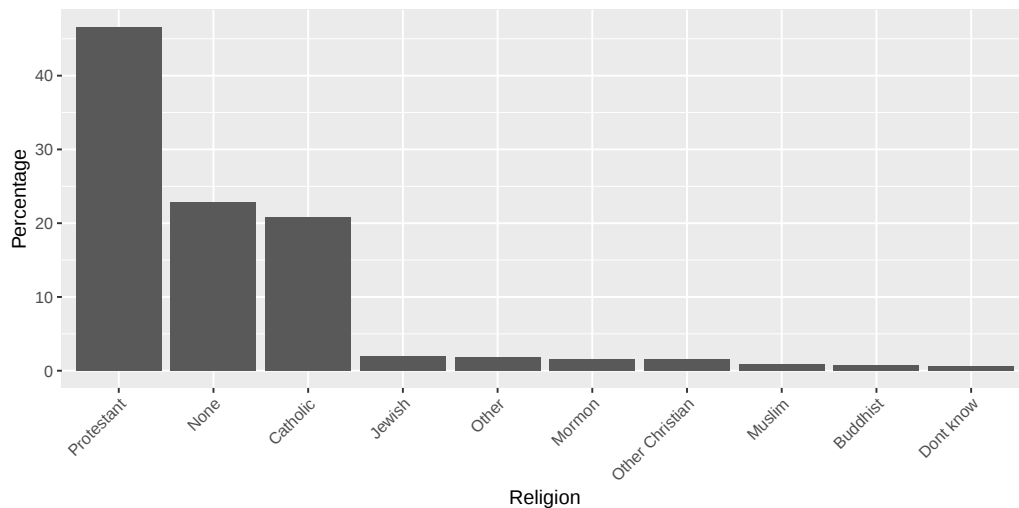


Figure 4.12: Una presentación más clara de los datos de afiliación religiosa (obtenido de <http://www.pewforum.org/religious-landscape-study/>).

Esta gráfica permite al espectador hacer comparaciones basadas en la longitud de las barras a lo largo de una escala común (el eje y). Los seres humanos tienden a ser más precisos al decodificar las diferencias en función de estos elementos perceptivos que en función del área o del color.

4.4 Corrigiendo otros factores

Comúnmente estamos interesados en graficar datos donde la variable de interés es afectada por otros factores aparte del que nos interesa. Por ejemplo digamos que queremos entender cómo el precio de la gasolina ha cambiado con el paso del tiempo. La figura 4.13 muestra datos históricos sobre el precio de la gasolina, graficado con o sin el ajuste de la inflación. Mientras que los datos sin ajuste muestran un gran incremento, los datos con ajuste muestran que es simplemente un reflejo de la inflación. Otros ejemplos donde se necesita ajustar los datos por otros factores incluye el tamaño de la población y datos obtenidos a través de diferentes temporadas.

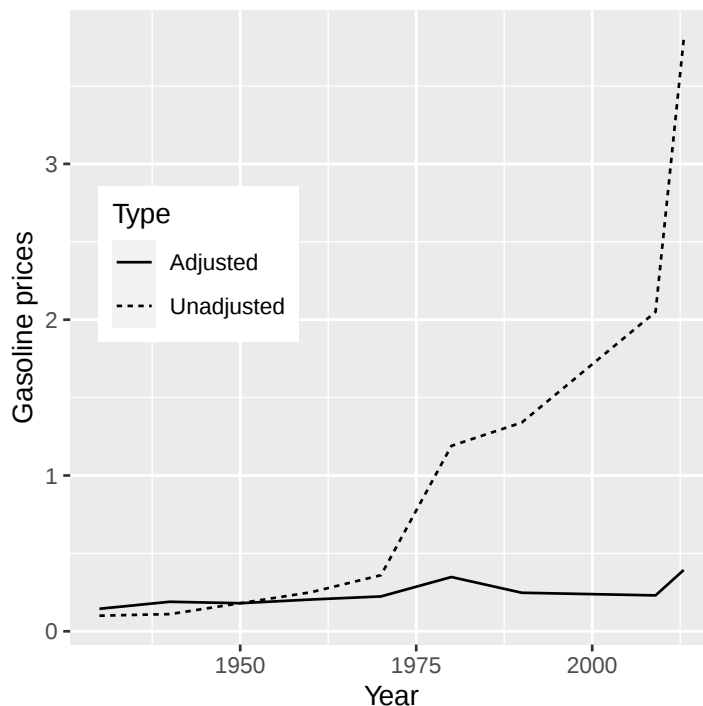


Figure 4.13: El precio de la gasolina en Estados Unidos de 1930 a 2013 (obtenido de <http://www.thepeoplehistory.com/70yearsofpricechange.html>) con o sin la corrección para inflación (basado en *Consumer Price Index*).

4.5 Objetivos de aprendizaje

Al terminar de leer este capítulo deberás de ser capaz de:

- Describir los principios que distinguen a las buenas y malas gráficas, y usarlos para identificar buenos y malos gráficos.
- Entender las limitaciones humanas que deben de ser consideradas para hacer gráficas eficaces.
- Prometer nunca crear una gráfica de pastel. *Jamás.*

4.6 Lecturas y videos sugeridos

- *Fundamentals of Data Visualization*, por Claus Wilke.
- *Visual Explanations*, por Edward Tufte.
- *Visualizing Data*, por William S. Cleveland.
- *Graph Design for the Eye and Mind*, por Stephen M. Kosslyn.
- *How Humans See Data*, por John Rauser .

Chapter 5

Ajustar modelos a datos

Una de las actividades fundamentales en estadística es crear modelos que puedan resumir datos utilizando un grupo pequeño de números, de esta forma, se provee una descripción compacta de los datos. En este capítulo discutiremos el concepto de lo que es un modelo estadístico y cómo puede ser utilizado para describir datos.

5.1 ¿Qué es un modelo?

En el mundo físico, los “modelos” son generalmente simplificaciones de cosas del mundo real que, no obstante, transmiten la esencia de lo que se está modelando. El modelo de un edificio transmite la esencia de la estructura del edificio mientras es lo suficientemente pequeño y ligero como para que uno lo pueda sostener con las manos; un modelo de una célula de biología es mucho más grande que una célula real, no obstante, transmite la mayoría de las partes de la célula y las relaciones que tienen entre sí.

En estadística, un modelo tiene el propósito de proveer una descripción similar condensada, pero para los datos, en lugar de una estructura física. Como los modelos físicos, un modelo estadístico es generalmente mucho más simple que los datos que están siendo descritos; tiene el propósito de capturar la estructura de los datos de la forma más simple posible. En ambos casos, podemos notar que el modelo es una ficción conveniente que necesariamente pasa por alto algunos detalles de lo que está tratando de representar. Como

el estadístico George Box dijo: “Todos los modelos son incorrectos, pero algunos son útiles.” También puede ser útil el pensar en un modelo estadístico como una teoría sobre cómo se generaron los datos observados; nuestra meta entonces se convierte en encontrar el modelo que de manera más eficiente y precisa resume la manera en que los datos fueron generados realmente. Pero como veremos más abajo, los deseos de eficiencia y precisión frecuentemente se opondrán diametralmente el uno al otro.

La estructura básica de un modelo estadístico es:

$$Datos = modelo + error$$

Esto expresa la idea de que los datos pueden ser partidos en dos porciones: una porción descrita por un *modelo estadístico*, el cual expresa los valores que esperamos que tengan los datos dado nuestro conocimiento, y otra porción que denominamos como *error*, que refleja la diferencia entre las predicciones del modelo y los datos observados.

En esencia, nos gustaría usar nuestro modelo para predecir los valores de los datos para cada observación. Escribiríamos la ecuación de la siguiente manera:

$$\widehat{dato}_i = modelo_i$$

El “sombrero” sobre el “dato” denota que es nuestra predicción, en lugar del valor real de nuestro dato. Esta ecuación significa que el valor predicho para el dato de la observación i es igual al valor del modelo para esa misma observación. Una vez que tenemos una predicción desde nuestro modelo, podemos calcular el error:

$$error_i = dato_i - \widehat{dato}_i$$

Esto es, el error en cualquier observación es la diferencia entre el valor observado del dato y el valor predicho para ese dato desde el modelo.

5.2 Modelado estadístico: Un ejemplo

Observemos un ejemplo de construir un modelo para un conjunto de datos, utilizando los datos de NHANES. En particular, trataremos de construir un

modelo de la altura de lxs niñxs en la muestra de NHANES. Primero vamos a cargar los datos y los graficaremos (ve la Figura 5.1).

```
<- fig.cap="Histogram of height of children in NHANES." ->
```

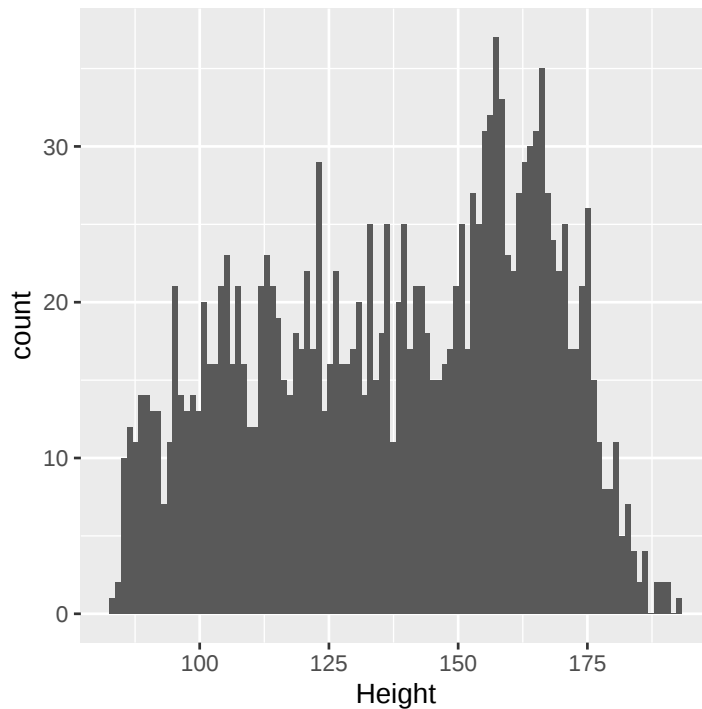


Figure 5.1: Histograma de la altura de lxs niñxs en NHANES.

Recuerda que queremos describir los datos de la forma más simple posible mientras que al mismo tiempo capturamos sus características más importantes. El modelo más simple que podemos imaginar involucraría un solo número; esto es, el modelo predeciría el mismo valor para cada observación, sin importar qué más cosas podamos saber acerca de estas observaciones. Generalmente describimos un modelo en términos de sus *parámetros*, que son valores que podemos cambiar para modificar las predicciones del modelo. A lo largo de este libro, nos referiremos a estos parámetros usando la letra griega beta (β); cuando el modelo tiene más de un parámetro, usamos números en subíndices para denotar diferentes betas (por ejemplo, β_1). La costumbre también es referirnos a los valores de los datos usando la letra y , y usar los subíndices y_i para referirnos a las observaciones individuales.

Generalmente no sabemos los verdaderos valores de los parámetros, por lo que tenemos que estimarlos a partir de los datos. Por esta razón, generalmente le pondremos un “sombrero” sobre los símbolos de los β para denotar que estamos usando una estimación del valor del parámetro en lugar de su valor verdadero (el cual generalmente no sabemos). Por lo tanto, el modelo más simple para los datos de la altura usando un solo parámetro sería:

$$y_i = \hat{\beta} + \epsilon$$

El subíndice i no aparece en el lado derecho de la ecuación, lo que significa que la predicción del modelo no depende de cuál observación estamos revisando — es la misma predicción para todas las observaciones. La pregunta entonces se convierte en: ¿Cómo podemos estimar los mejores valores de los parámetros del modelo? En este caso en particular, ¿cuál valor individual es la mejor estimación de β ? Y de manera aún más importante, ¿cómo definimos lo que es *mejor*?

Una estimación muy simple que nos podemos imaginar es la *moda*, que es simplemente el valor más común entre los datos. Esto redefine el conjunto de 1691 niños en términos de un solo número. Si quisiéramos predecir la altura de nuevos niños, entonces nuestro valor predicho sería el mismo número:

$$\hat{y}_i = 166.5$$

El error para cada persona sería entonces la diferencia entre el valor predicho ($\hat{y}_i$) y su altura real (y_i):

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

¿Qué tan bueno es este modelo? En general definimos qué tan bueno es un modelo en términos de la magnitud del error, el cual representa el grado en que los datos difieren de las predicciones del modelo; todas las cosas siendo iguales, el modelo que produce el error menor es el mejor modelo. (Aunque, como revisaremos más adelante, todas las cosas usualmente no son iguales...). Lo que encontramos en este caso es que la persona promedio tiene un error bastante grande de -28.8 centímetros cuando usamos la moda como nuestra estimación de β , lo que no se ve nada bien a simple vista.

¿Cómo podríamos encontrar una mejor estimación para el parámetro de nuestro modelo? Podemos comenzar tratando de encontrar un estimador que nos brinde un promedio de los errores de cero. Un buen candidato es la media aritmética (esto es, el *promedio*, usualmente representado con una barra sobre la variable, como por ejemplo $\bar{X}$), que se calcula al sumar todos los valores y luego dividirlos entre el número de valores. Matemáticamente, lo expresamos así:

$$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$$

Resulta que si usamos la media aritmética como nuestro estimador, entonces el promedio de error efectivamente será cero (mira la prueba al final de este capítulo si estás interesado). Aunque el promedio de error sobre la media es cero, podemos observar en el histograma en la Figura 5.2 que cada persona aún tiene algún grado de error; algunos errores son positivos y otros son negativos, por lo que se terminan cancelando entre sí dando un promedio de error igual a cero.

El hecho de que los errores positivos y negativos se cancelen entre sí significa que dos modelos diferentes podrían tener errores de diferentes magnitudes en términos absolutos, pero tendrían el mismo error promedio. Es exactamente por esta razón por la que el error promedio no es un buen criterio para evaluar nuestro estimador; queremos un criterio que intente minimizar el error total, sin importar su dirección. Por esta razón, generalmente resumimos los errores en términos de algún tipo de medición que considera tanto los errores positivos como los negativos como malos. Podríamos usar el valor absoluto de cada error, pero es más común usar los errores al cuadrado, por razones que veremos después en el libro.

Existen varias formas comunes para resumir el error al cuadrado con el que te encontrarás en varios puntos de este libro, por lo que es importante comprender cómo se relacionan entre ellos. En primer instancia, podríamos simplemente sumarlos; esto se conoce como la *suma de los errores al cuadrado* (*sum of squared errors*). La razón por la que usualmente no utilizamos este método es porque su magnitud depende del número de datos, por lo que puede ser difícil de interpretar a menos que estemos viendo el mismo número de observaciones. En segundo lugar, podríamos tomar la media de los valores de error al cuadrado, lo cual se conoce como *error cuadrático medio*

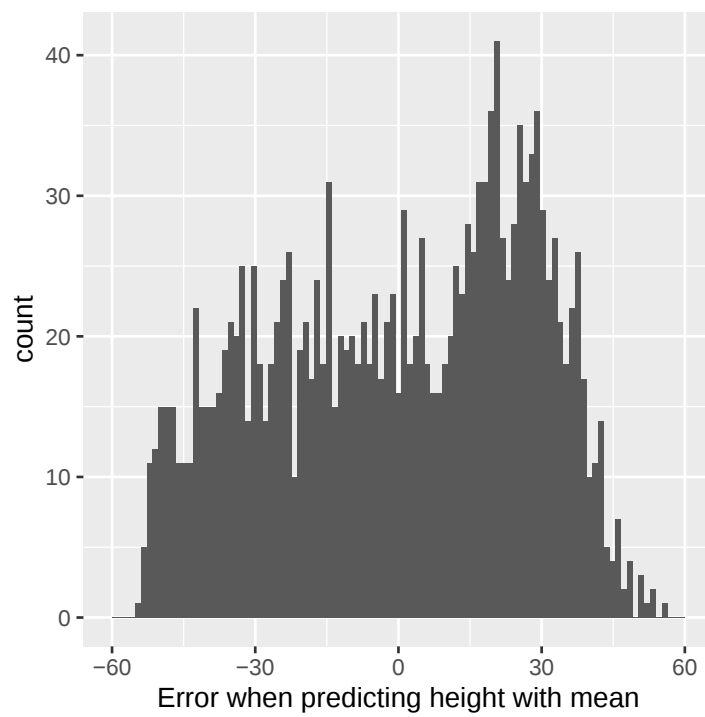


Figure 5.2: Distribución de errores a partir de la media.

(*MSE por sus siglas en inglés: mean squared error*). Sin embargo, ya que elevamos al cuadrado los valores antes de promediarlos, no están en la misma escala que los datos originales; están en *centímetros*². Por esta razón, también es común tomar la raíz cuadrada del *error cuadrático medio*, al cual nos referimos como *raíz del error cuadrático medio* (*RMSE por sus siglas en inglés: root mean squared error*), para que el error sea medido en las mismas unidades que los valores originales (en este ejemplo, centímetros).

La media contiene una cantidad sustancial de error – cualquier punto individual en los datos estará a unos 27 cm de la media en promedio – pero aún así es mucho mejor que la moda, la cual tiene una raíz de error cuadrático medio de unos 39 cm.

5.2.1 Mejorando nuestro modelo

¿Podemos imaginar un mejor modelo? Recuerda que estos datos son de todxs lxs niñxs en la muestra NHANES, quienes varían de 2 a 17 años de edad. Dado este amplio rango de edades, esperaríamos que nuestro modelo de estatura también incluyera edad. Grafiquemos los datos de estatura frente a la edad, para ver si realmente existe relación.

Los puntos negros en el Panel A de la Figura 5.3 muestran personas individuales en el grupo de datos, y parece ser que hay una relación fuerte entre la edad y la estatura, como esperaríamos. Por lo que esperaríamos poder construir un modelo que relacione estatura y edad:

$$\hat{y}_i = \hat{\beta} * age_i$$

donde $\hat{\beta}$ es nuestra estimación del *parámetro* que multiplicamos por edad para generar la predicción del modelo.

Puede que recuerdes de álgebra que una línea se define de la siguiente manera:

$$y = pendiente * x + constante$$

Si la edad es la variable X , eso quiere decir que nuestra predicción de la altura conforme a la edad será una línea con una pendiente de β y una constante de cero. Para observar esto, tracemos una línea azul que mejor se acomode

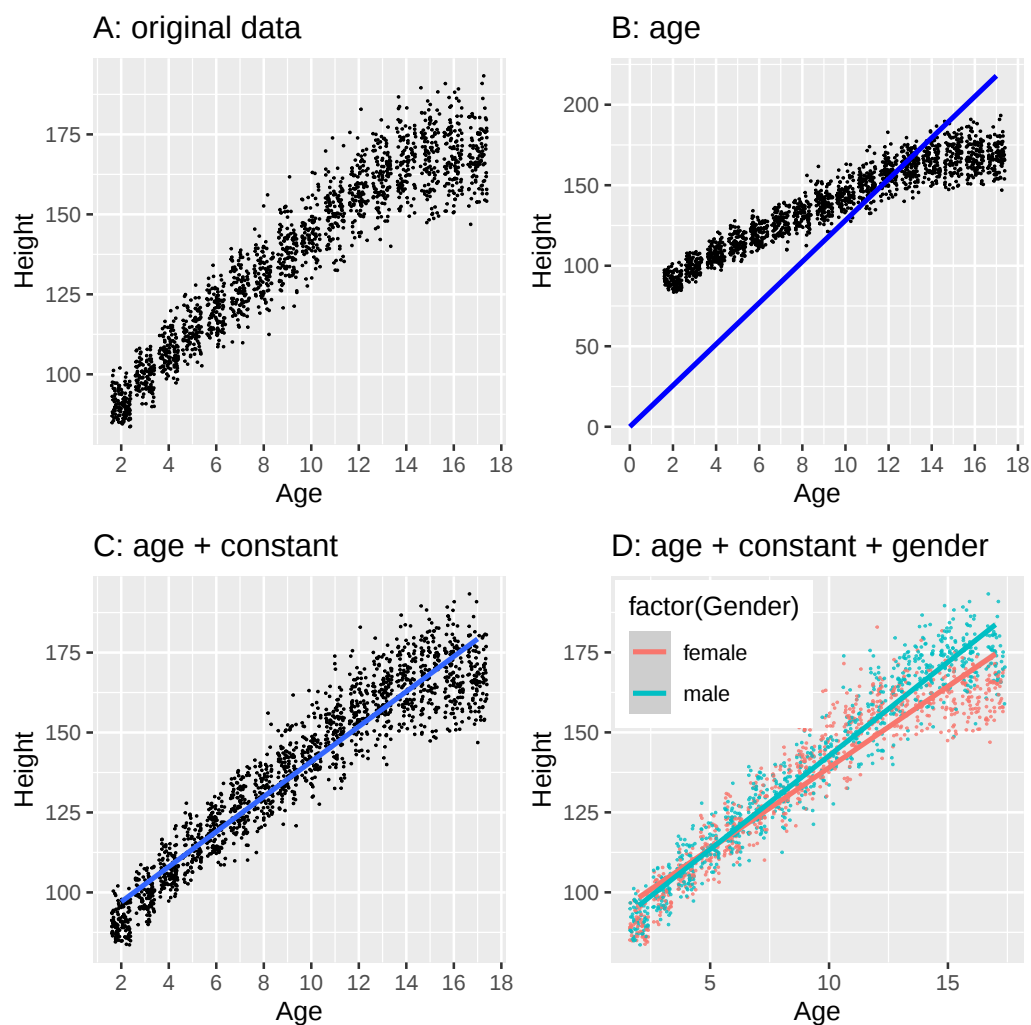


Figure 5.3: Altura de los niños en NHANES, graficada sin un modelo (A), con un modelo lineal que incluye sólo edad (B) o edad y una constante (C), y con un modelo lineal que ajusta efectos separados de la edad para niños y niñas (D).

sobre los datos (Panel B en Figura 5.3). Algo está claramente mal con este modelo, ya que, la línea no parece seguir los datos muy bien. De hecho, ¡el RMSE para este modelo (39.16) es más alto que el modelo que solamente incluye la media! El problema radica en el hecho de que nuestro modelo solamente incluye la edad, lo cual significa que el valor de la altura predicho por el modelo debe tomar un valor de cero cuando la edad es cero. Aunque los datos no incluyen niños con edad de cero, la línea requiere matemáticamente tener un valor “y” de cero cuando “X” es cero, lo cual explica por qué la línea es jalada por debajo de los puntos de datos más bajos (o jóvenes). Podemos arreglar esto al incluir una constante (*intercept*) en nuestro modelo, lo cual básicamente representa una altura estimada cuando la edad es igual a cero; aunque una edad de cero no es plausible en este conjunto de datos, este es un truco matemático que permitirá que el modelo tenga en cuenta la magnitud general de los datos.

$$\hat{y}_i = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 * edad_i$$

donde $\hat{\beta}_0$ es nuestra estimación para la *constante* (*intercept*), el cual es un valor constante agregado a la predicción para cada persona; lo llamamos constante porque se mapea en la constante (o *intercept*) en la ecuación de la línea recta (la altura en y por la que cruza la línea cuando x es igual a cero). Más adelante aprenderemos cómo es que realmente estimamos estos valores de parámetros para un conjunto de datos en particular; por ahora, usaremos nuestro software estadístico para estimar los valores de los parámetros que nos den el error más pequeño para este conjunto de datos en particular. El Panel C en la Figura 5.3 muestra este modelo aplicado a los datos de NHANES, en donde podemos observar que la línea coincide mucho mejor con los datos que la que no tiene constante.

Nuestro error es mucho más pequeño utilizando este modelo – sólo 8.36 centímetros en promedio. ¿Puedes pensar en otras variables que también se relacionen con la estatura? ¿Qué hay del género? En el Panel D de la Figura 5.3 graficamos los datos con líneas distintas para género masculino y femenino. Observando sólo la gráfica, parece ser que existe una diferencia entre género masculino y femenino, pero es relativamente pequeño y solamente comienza después de la etapa de la pubertad. En la Figura 5.4 trazamos los valores de la raíz del error cuadrático medio a través de los diferentes modelos, incluyendo un modelo más que tiene un parámetro adicional que

modela el efecto del género. Aquí podemos ver que el modelo mejoró un poco al pasar de moda a media, posteriormente mejora más al pasar de media a media + edad, y mejora sólo un poco más al incluir el género también.



Figure 5.4: Error cuadrático medio graficado para cada uno de los modelos probados arriba.

5.3 ¿Qué hace que un modelo sea “bueno?”

Generalmente hay dos cosas diferentes que queremos de nuestro modelo estadístico. En primer lugar, queremos que describa nuestros datos correctamente; es decir, queremos que tenga el menor error posible cuando modelemos nuestros datos. En segundo lugar, queremos que se generalice bien a nuevas agrupaciones de datos; es decir, queremos que su error sea lo más bajo posible cuando lo apliquemos a una nueva agrupación de datos para poder hacer una predicción. Resulta ser que estas dos características se encuentran en

conflicto constantemente.

Para entender esto, pensemos de dónde viene el error. Puede ocurrir si nuestro modelo está mal, por ejemplo, si de manera incorrecta afirmáramos que la altura declina conforme unx va creciendo en edad, en lugar de decir que la altura crece conforme a unx va cumpliendo más años. En este caso, nuestro error será mucho mayor de lo que sería con el modelo correcto. Similarmente, si hay un factor importante que le hace falta a nuestro modelo, esto también aumentará nuestro error (como ocurrió cuando dejamos de lado la edad para el modelo que generamos para la altura). De cualquier forma, un error también puede ocurrir cuando el modelo es correcto, debido a una posible variación aleatoria en los datos, a la cual solemos referirnos como “error de medición” o “ruido.” A veces esto se debe a un error en nuestra medición – por ejemplo, cuando la medición está bajo el cargo de unx humanx, al usar un cronómetro para medir tiempo transcurrido en una carrera a pie. En otros casos nuestra herramienta de medición puede ser muy exacta (como una escala digital para calcular el peso corporal), pero aquello que está siendo medido puede ser afectado por diversos factores que hacen que varíe. Si conociéramos todos estos factores, entonces podríamos generar un modelo más exacto, pero la realidad es que eso es raramente posible.

Usemos un ejemplo para ilustrar esto. En lugar de utilizar datos reales, generaremos datos para este ejemplo utilizando una simulación por computadora (de la cual hablaremos más adelante en los siguientes capítulos). Digamos que queremos comprender la relación entre el contenido de alcohol en la sangre (“BAC” por sus siglas en inglés: *blood alcohol content*) y su tiempo de reacción en una prueba de conducir simulada. Podemos generar algunos datos simulados y graficar la relación (ver Panel A de la Figura 5.5).

En este ejemplo, el tiempo de reacción sube sistemáticamente con el contenido de alcohol en la sangre – la línea muestra el modelo más adecuado, y podemos ver que hay un margen de error pequeño, el cual se evidencia en el hecho de que todos los puntos están muy cerca de la línea.

También podemos pensar en datos que muestren la misma relación linear, pero que tengan un mayor margen de error, como en el Panel B de la Figura 5.5. Aquí podemos ver que aún hay un incremento sistemático del tiempo de reacción con el contenido de alcohol en la sangre (BAC), pero es mucho más variable a lo largo de los individuos.

Estos fueron dos ejemplos en donde la relación entre las dos variables parece

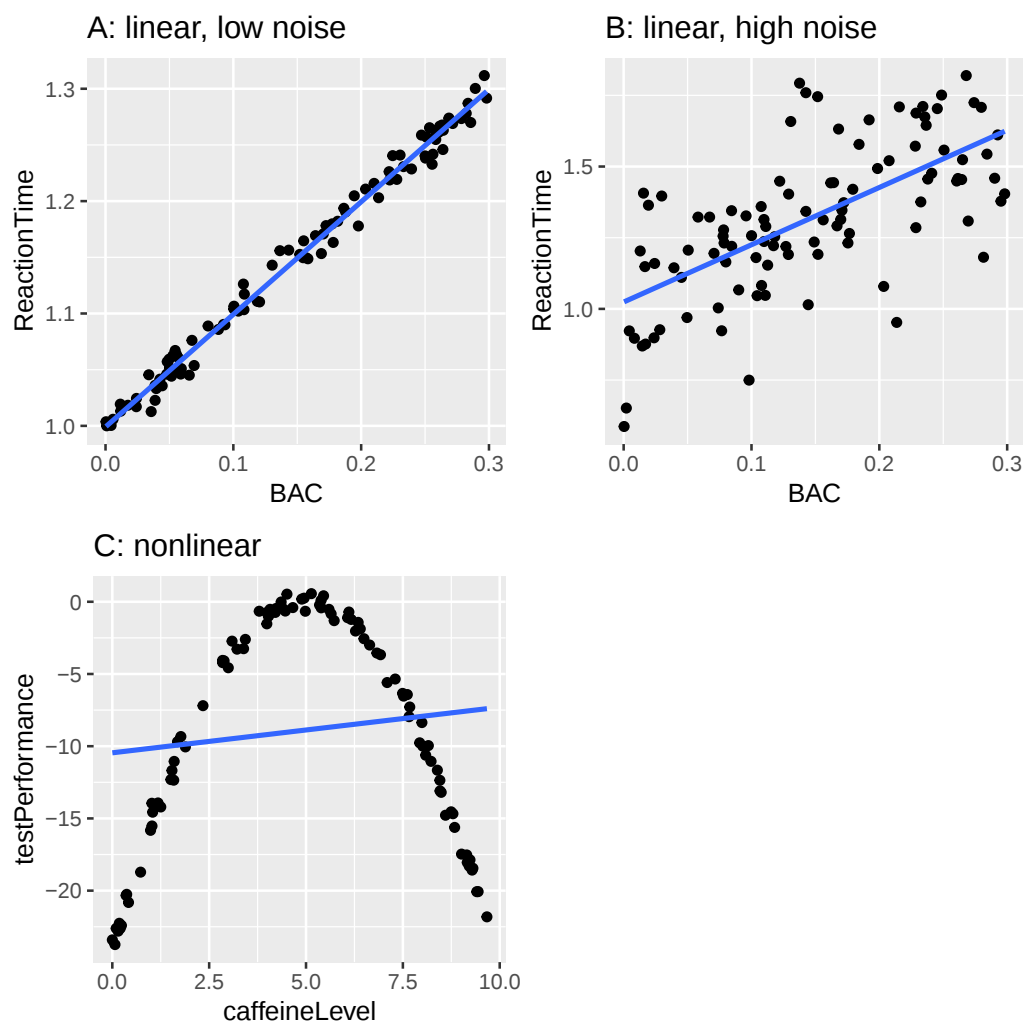


Figure 5.5: Relación simulada entre contenido de alcohol en la sangre y tiempo de reacción en una prueba de manejo, con el mejor modelo lineal ajustado representado por la línea. A: relación lineal con bajo error de medición. B: relación lineal con alto error de medición. C: relación no-lineal con bajo error de medición y un modelo lineal ajustado (incorrectamente).

ser lineal, y el error refleja ruido en nuestra medición. Por otro lado, hay otras situaciones en donde la relación entre las variables no es lineal, y el error va a incrementarse porque el modelo no está correctamente especificado. Digamos que estamos interesados en la relación entre la ingesta de cafeína y el rendimiento en un examen. La relación entre estimulantes como la cafeína y el rendimiento en un examen es a menudo *no lineal* - esto quiere decir que no sigue una línea recta. Esto es porque el rendimiento sube con cantidades pequeñas de cafeína (conforme la persona se pone más alerta), pero después empieza a declinar con cantidades grandes (conforme la persona se pone más nerviosa). Podemos simular datos de esta forma, y luego ajustar un modelo lineal a los datos (observa el Panel C de la Figura 5.5). La línea azul muestra la línea recta que mejor se ajusta a estos datos; claramente, hay un alto margen de error. Aunque existe una relación entre el rendimiento de la prueba y la ingesta de cafeína, sigue a una curva en lugar de a una línea recta. El modelo que asume una relación lineal tiene mayor error porque es el modelo incorrecto para este tipo de datos.

5.4 ¿Un modelo puede ser demasiado bueno?

Un error suena como algo malo, y usualmente vamos a preferir un modelo que tenga menor error a uno que tenga mayor error. No obstante, ya mencionamos que existe tensión entre la habilidad de un modelo para ajustarse correctamente a un conjunto de datos en particular y su habilidad para generalizarse a nuevos conjuntos de datos, ¡y resulta ser que el modelo con el menor error es a menudo peor para generalizarse a nuevos conjuntos de datos!

Para ver esto, hay que generar de nuevo un conjunto de datos para que podamos conocer la verdadera relación entre las variables. Crearemos dos conjuntos de datos simulados, los cuales se generarán de la misma manera exacta – solamente que van a tener diferente ruido aleatorio añadido a ellos. Esto es, la ecuación para ambos conjuntos de datos es $y = \beta * X + \epsilon$; la única diferencia está en que se usó diferente ruido aleatorio para ϵ en cada caso.

El panel de la izquierda en la Figura 5.6 muestra que el modelo más complejo (en rojo) se ajusta a los datos mejor que el modelo simple (en azul) generado en la misma manera— aquí podemos observar que el modelo más simple se ajusta mejor al nuevo conjunto de datos que el modelo complejo. Intuitivamente podemos observar que el modelo complejo está influenciado

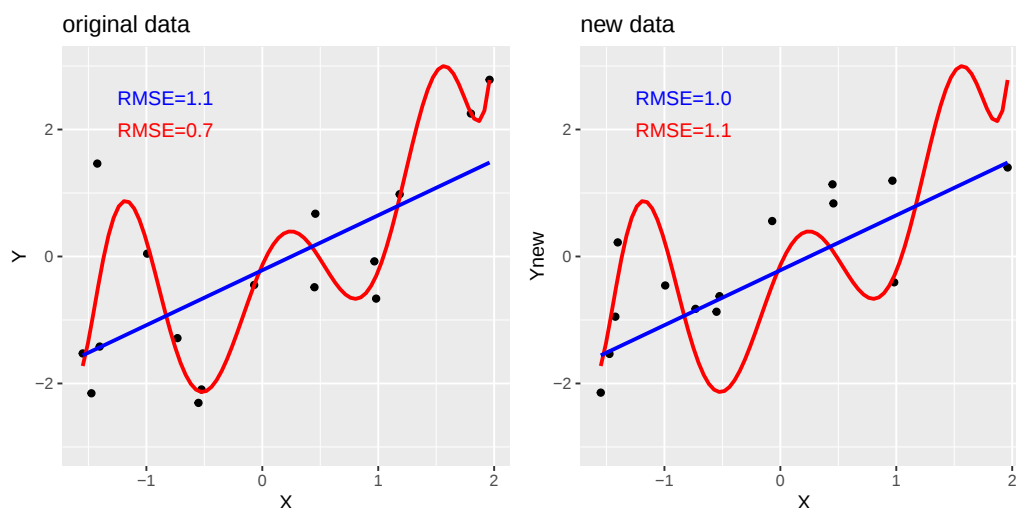


Figure 5.6: Un ejemplo de sobreajuste (overfitting). Ambos conjuntos de datos fueron generados usando el mismo modelo, con diferente ruido aleatorio añadido al generar cada conjunto. El panel izquierdo muestra los datos usados para ajustar el modelo, con un modelo lineal simple en azul y un modelo complejo (polinomial de 8vo orden) en rojo. Los valores de la raíz cuadrada del error cuadrático medio (RMSE, root mean square error) de cada modelo se muestran en la figura; en este caso, el modelo complejo tiene menor RMSE que el modelo simple. El panel de la derecha muestra el segundo conjunto de datos, con el mismo modelo sobrepuesto y los valores RMSE calculados usando usando el modelo obtenido del primer conjunto de datos. Aquí vemos que el modelo más simple ajustar mejor a los nuevos datos que el modelo más complejo, el cual había sido sobreajustado (overfitted) al primer conjunto de datos.

por los puntos específicos de los datos en el primer conjunto de datos; dado que la posición exacta de estos puntos de datos fue influida por ruido aleatorio, esto lleva al modelo complejo a ajustarse mal en el nuevo conjunto de datos. A este fenómeno lo llamamos *sobreajuste* (*overfitting* en inglés). Por ahora es importante que mantengamos en mente que nuestro modelo debe ajustarse bien, pero no demasiado bien. Como lo dijo alguna vez Albert Einstein (1933): “Difícilmente se puede negar que el fin supremo de toda teoría es hacer que los elementos básicos irreductibles sean lo más simples y pocos posibles sin tener que renunciar a la representación adecuada de un solo dato de experiencia.” Lo cual frecuentemente se parafrasea como: “Todo debe de ser tan simple como pueda ser, pero no más simple.”

5.5 Resumir datos usando la media

Ya nos hemos encontrado con la media (o promedio) más arriba, y de hecho, la mayoría de las personas conoce qué es un promedio, incluso aunque nunca haya tomado una clase de estadística. Es más comunmente usada para describir lo que llamamos la “tendencia central” del conjunto de datos – ¿cuál es el valor en el que se centran los datos? La mayoría de las personas no piensa que calcular una media es ajustar un modelo a los datos. Sin embargo, eso es exactamente lo que estamos haciendo cuando calculamos la media.

Ya hemos revisado la fórmula para calcular la media de una muestra de datos:

$$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$$

Nota que dije que esta fórmula es específica para una *muestra* de datos, lo cual es un grupo de datos seleccionados de una población más grande. Usando una muestra, deseamos caracterizar una población más grande – el conjunto total de individuos en lxs que estamos interesadxs. Por ejemplo, si fuéramos unx encuestadxr político nuestra población de interés tal vez serían todxs lxs votantes registradxs, mientras que nuestra muestra podría incluir solo unos pocos miles de personas de esta población. En el capítulo 7 estaremos hablando con más detalle sobre el muestreo, pero por ahora el punto importante es que a lxs estadísticxs generalmente les gusta usar diferentes símbolos para diferenciar *estadísticas* que describen valores para

Table 5.1: Ingreso de nuestros cinco clientes en el bar.

income	person
48000	Joe
64000	Karen
58000	Mark
72000	Andrea
66000	Pat

una muestra, de *parámetros* que describen los valores verdaderos para una población; en este caso la fórmula para la media (denotada como μ) de la población es:

$$\mu = \frac{\sum_{i=1}^N x_i}{N}$$

donde N es el tamaño de la población completa.

Ya hemos visto que la media es el estimador que nos garantiza darnos un error promedio de cero, pero también aprendimos que el error promedio no es el mejor criterio; en su lugar, queremos un estimador que nos brinde la suma de errores cuadráticos (SSE, *sum of squared errors*) más baja, que también obtenemos usando la media. Podemos probar esto usando cálculo, pero en su lugar vamos a demostrarlo gráficamente en la Figura 5.7.

El minimizar la suma de los errores cuadráticos (SSE) es una buena característica, y es la razón por la que la media es el estadístico más comúnmente usado para resumir datos. No obstante, la media también tiene su lado oscuro. Digamos que hay cinco personas en un bar, y examinamos el ingreso económico de cada una (Tabla 5.1):

La media (61600.00) parece ser una buena herramienta para medir el ingreso económico de esas cinco personas. Ahora observemos lo que pasa cuando Beyoncé Knowles entra al bar (Tabla 5.2):

La media es ahora casi 10 millones de dólares, lo cual no es verdaderamente representativo de lo que ganan las primeras cinco personas que estaban en el bar – en particular, la media está altamente influenciada por el valor extremo de Beyoncé. En general, la media es altamente sensible a valores extremos.

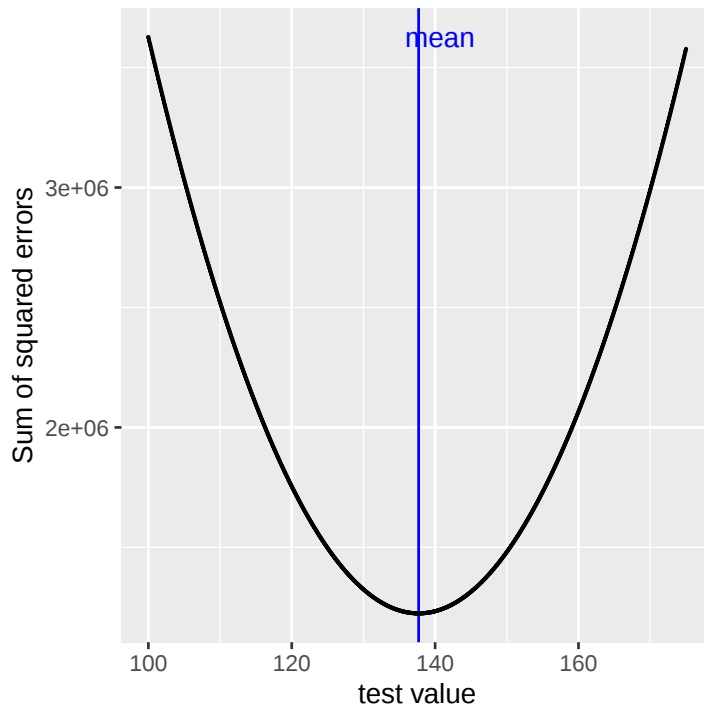


Figure 5.7: Una demostración de la media como la estadística que minimiza la suma de los errores cuadráticos. Utilizando los datos de la altura del NHANES, calculamos la media (la barra azul). Luego, probamos un rango de posibles estimaciones de parámetros, y por cada uno calculamos la suma de errores cuadráticos por cada dato de ese valor, el cual se indica por la curva negra. Vemos que la media cae al mínimo en la gráfica del error cuadrático.

Table 5.2: Ingreso de nuestros cinco clientes en el bar más Beyoncé Knowles.

income	person
48000	Joe
64000	Karen
58000	Mark
72000	Andrea
66000	Pat
54000000	Beyonce

Es por eso que siempre es importante asegurarnos de que no haya valores extremos cuando utilicemos la media para resumir datos.

5.6 Resumir datos robústamente usando la mediana

Si queremos resumir los datos en una forma que sea menos sensible a valores atípicos, podemos utilizar otra herramienta estadística llamada la *mediana*. Si acomodáramos todos los valores en orden de su magnitud, entonces la mediana es el valor que queda en medio. Si hay un número par de valores, entonces habrá dos valores empatados para el lugar medio, en cuyo caso tomamos la media (es decir, el punto medio) de esos dos números.

Veamos un ejemplo: Digamos que queremos resumir los siguientes valores:

8 6 3 14 12 7 6 4 9

Si ordenamos dichos valores:

3 4 6 6 7 8 9 12 14

Entonces la mediana es el valor de en medio – en este caso, el quinto de los nueve valores; es decir, el valor de la mediana sería igual a 7.

Mientras que la media minimiza la suma de los errores cuadráticos, la mediana minimiza una cantidad ligeramente distinta: la suma de los errores en *valores absolutos* (*absolute value of errors*). Esto explica por qué es menos sensible a valores atípicos – elevar al cuadrado va a exacerbar el efecto de errores grandes en comparación con tomar el valor absoluto. Podemos ver esto en el caso del ingreso económico: la mediana de ingreso (\$65,000) es mucho más representativa de todo el grupo que la media (\$9,051,333), y menos sensible al valor atípico tan grande.

Dado esto, ¿por qué utilizaríamos entonces la media? Como veremos más adelante en este capítulo, la media es el “mejor” estimador en el sentido de que varía menos de muestra en muestra en comparación con otros estimadores. Queda en nosotrxs decidir si vale la pena su sensibilidad a posibles valores atípicos – la estadística se trata de balancear ventajas y desventajas.

5.7 La moda

A veces deseamos describir la tendencia central de un conjunto de datos que no es numérico. Por ejemplo, digamos que queremos saber cuáles modelos de iPhones son más comunmente usados. Para probar esto, podemos preguntarle a un grupo grande de usuarios de iPhone cuál modelo es el que cada uno tiene. Si sacáramos el promedio de esos valores posiblemente veamos que la media del modelo de iPhone sería 9.51, lo cual no tiene sentido, ya que, el número de modelo de iPhone no están diseñados para ser mediciones cuantitativas. En este caso, una medición de tendencia central más apropiada es la moda, que sería el valor más común en el conjunto de datos.

5.8 Variabilidad: ¿Qué tan bien se ajusta la media a los datos?

Una vez que hemos descrito la tendencia central de los datos, a menudo también vamos a querer describir qué tan variables son los datos – a esto se le refiere también como “dispersión,” reflejando el hecho de que describe qué tan dispersos están los datos.

Ya hemos encontrado la suma de errores cuadráticos arriba, lo cual es la base para las mediciones más comunmente usadas para la variabilidad: la *varianza* y la *desviación estándar*. La varianza para una población (referida como σ^2) es simplemente la suma de los errores cuadráticos divididos entre el número de observaciones– lo cual es exactamente lo mismo que el *error cuadrático medio* del que hablamos hace poco:

$$\sigma^2 = \frac{SSE}{N} = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2}{N}$$

donde μ es la media de la población. La desviación estándar es simplemente la raíz cuadrada de esto – es la *raíz del error cuadrático medio* que vimos antes. La desviación estándar es útil porque los errores están en las mismas unidades que en los datos originales (al deshacer el cuadrado que aplicamos a los errores).

Usualmente no tenemos acceso a toda la población, por lo que debemos calcular la varianza utilizando una muestra, a la cual nos referimos como $\hat{\sigma}^2$, con el “sombrero” representando el hecho de que es un estimado basado en una muestra. La ecuación para $\hat{\sigma}^2$ es similar a la de σ^2 :

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{X})^2}{n - 1}$$

La única diferencia entre las dos ecuaciones es que dividimos entre $n - 1$ en lugar de N . Esto se relaciona con un concepto estadístico fundamental: *grados de libertad*. Recuerda que para calcular la varianza de la muestra, primero tuvimos que estimar la media de la muestra $\bar{X}$. Al haber estimado esto, un valor en los datos ya no puede variar libremente. Por ejemplo, digamos que tenemos los siguientes datos para una variable x : [3, 5, 7, 9, 11], la media es 7. Porque sabemos que la media de este conjunto de datos es 7, podemos calcular cuál sería cualquier valor específico si faltara. Por ejemplo, digamos que ocultamos el primer valor (3). Al hacer esto, aún sabemos que su valor debe de ser 3, porque la media de 7 implica que la suma de todos los valores es $7 * n = 35$ y $35 - (5 + 7 + 9 + 11) = 3$.

Entonces, cuando decimos que hemos “perdido” un grado de libertad, quiere decir que hay un valor que no puede variar libremente después de haberse acomodado al modelo. En el contexto de la varianza de la muestra, si no contemplamos la pérdida de grados de libertad, entonces nuestra estimación de la varianza de la muestra estará *sesgada*, ocasionando que subestimemos la incertidumbre de nuestra estimación de la media.

5.9 Usar simulaciones para entender la estadística

Soy un ávido creyente en el uso de simulaciones en computadora para comprender conceptos de estadística, y en capítulos futuros ahondaremos más en su uso. Aquí les presentaré la idea preguntándoles si podemos confirmar la necesidad de restar 1 del tamaño de la muestra al calcular la varianza de la muestra.

Usemos la muestra completa de los datos de lxs niñxs de NHANES como nuestra “población,” y observemos qué tan bien los cálculos de la varianza

Table 5.3: Variance estimates using n versus $n-1$; the estimate using $n-1$ is closer to the population value

Estimate	Value
Population variance	725
Variance estimate using n	710
Variance estimate using $n-1$	725

de la muestra utilizando tanto n como $n - 1$ en el denominador estimará la varianza de esta población a lo largo de un gran número de muestras simuladas aleatorias obtenidas del conjunto de datos. Regresaremos a los detalles de cómo se hace esto en un capítulo próximo.

Los resultados de la Tabla 5.3 nos demuestran que la teoría propuesta arriba era correcta: la varianza estimada utilizando $n - 1$ como el denominador se acerca mucho a la varianza calculada con todos los datos (la población), por lo que la varianza calculada utilizando n como el denominador está sesgada en comparación con el valor real.

5.10 Puntajes Z

Habiendo caracterizado una distribución en términos de su tendencia central y su variabilidad, a menudo es útil expresar los puntajes individuales en términos de en dónde se ubican con respecto a la distribución total. Digamos que estamos interesadosxs en determinar si California es un lugar particularmente peligroso. Podemos responder a esta pregunta utilizando datos del 2014 del [FBI's Uniform Crime Reporting Site] (<https://www.ucrdatatool.gov/Search/Crime/State/RunCrimeOneYearofData.cfm>). El panel de la izquierda de la Figura 5.8 muestra un histograma del número de crímenes violentos por estado, resaltando el valor de California. Observando estos datos, parece que California es terriblemente peligroso, con 153709 crímenes en ese año. Podemos visualizar estos datos al generar un mapa mostrando una distribución de la variable a lo largo de los estados, el cual se presenta en el panel de la derecha de la Figura 5.8.

Tal vez hayas notado que California también tiene la población más grande de cualquier estado en Estados Unidos, por lo que es razonable que también

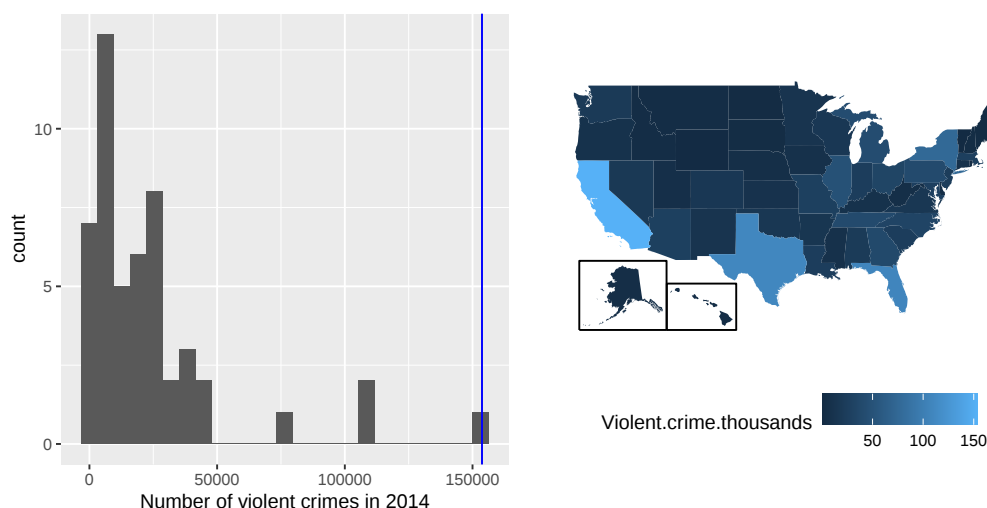


Figure 5.8: Izquierda: Histograma del número de crímenes violentos. El valor para CA está graficado en azul. Derecha: Un mapa de los mismos datos, con el número de crímenes (en miles) graficado para cada estado en color.

tenga un gran número de crímenes. Si graficamos los números de crímenes junto con la población de cada estado (ve el panel izquierdo de la Figura 5.9), vemos que hay una relación directa entre las dos variables.

En lugar de utilizar los números en bruto (o crudos) para los crímenes, debemos usar la *tasa* de crímenes violentos per cápita, el cual obtenemos al dividir el número de crímenes por estado entre la población de cada estado. El conjunto de datos del FBI ya incluye este valor (expresado como tasa por 100,000 habitantes). Observando el panel de la derecha de la Figura 5.9, podemos ver que California no es tan peligrosa después de todo – su tasa de crímenes de 396.10 por cada 100,000 habitantes está un poco por arriba de la media de los estados de 346.81, pero está dentro del rango de muchos otros estados. ¿Pero qué pasa si queremos obtener una vista más clara de qué tanto se aleja California del resto de la distribución?

El *puntaje Z* (*Z-score*) nos permite expresar datos en una forma que proporciona más información sobre cada punto de datos y su relación con el total de la distribución. La fórmula para calcular el puntaje Z para un dato inividual dado que ya conozcamos el valor de la media de la población μ y

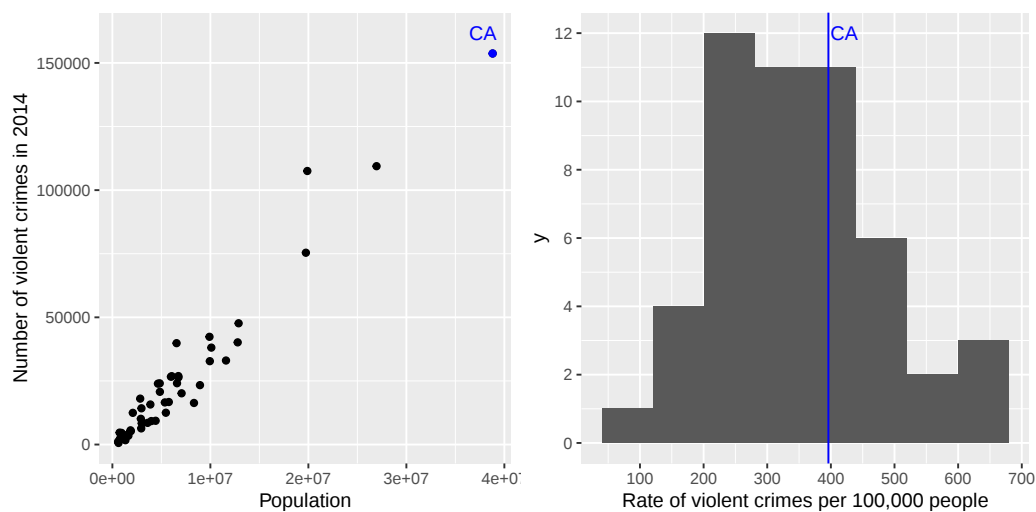


Figure 5.9: Izquierda: Una gráfica del número de crímenes violentos versus la población de cada estado. Derecha: Un histograma de la tasa de crímenes violentos per cápita, expresada en cantidad de crímenes por 100,000 habitantes.

su desviación estándar σ es:

$$Z(x) = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

Intuitivamente, podemos pensar en un puntaje Z como un indicador que nos dice qué tan lejos está cada punto o dato individual en referencia con la media, en unidades de la desviación estándar. Podemos calcular esto para los datos de la tasa de crímenes, como se muestra en la Figura 5.10, la cual grafica los puntajes Z contra los puntajes originales.

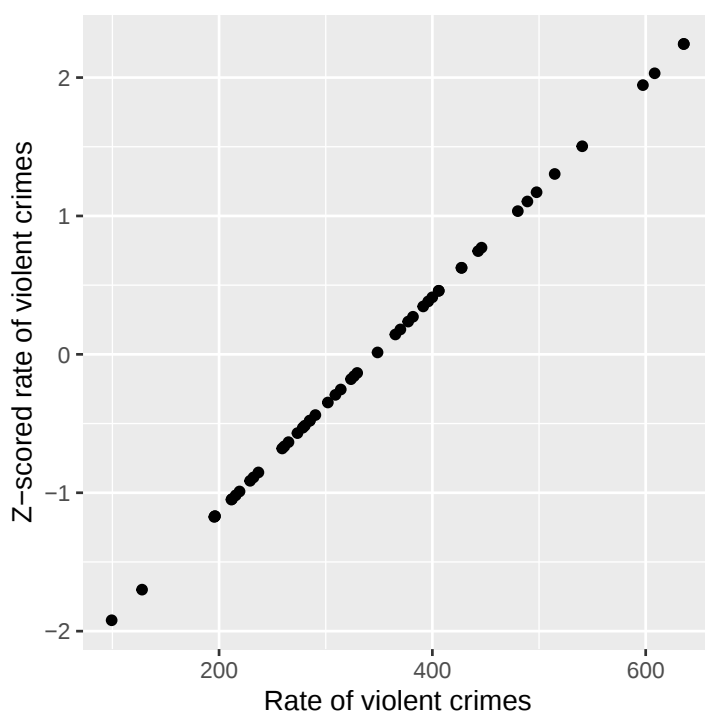


Figure 5.10: Gráfica de dispersión (scatterplot) de los datos originales de tasa de crímenes contra los datos en puntajes Z (Z-scores).

El diagrama de dispersión nos muestra que el proceso de sacar el puntaje Z no cambia la distribución relativa de los datos (esto es visible en el hecho de que los datos originales y el puntaje Z de los datos caen en una línea recta cuando se grafican una contra la otra). Sólo las acomoda para que tengan

una media de cero y una desviación estándar de uno. En la figura 5.11 se muestran geográficamente los datos de crimen utilizando valores Z .

Esto nos da una mirada un poco más interpretable de los datos. Por ejemplo, ahora podemos ver que Nevada, Tennessee y Nuevo México tienen tasas de crímenes que están aproximadamente dos desviaciones estándar por encima de la media.

5.10.1 Interpretando Puntajes Z

La “ Z ” en un “puntaje Z ” proviene del hecho de que la distribución estándar normal (la distribución normal con una media de cero y una desviación estándar de 1) es a menudo referida como la distribución “ Z .” Podemos usar la distribución estándar normal para ayudarnos a comprender lo que los puntajes Z específicos nos dicen acerca de dónde se encuentra un punto de datos con respecto al resto de la distribución.

El panel de arriba en la Figura 5.12 muestra que esperamos que el 16% de los valores caigan en $Z \geq 1$, y que la misma proporción caiga en $Z \leq -1$.

En la Figura 5.13 se muestra la misma gráfica para dos desviaciones estándar. Aquí podemos ver que solamente el 2.3% de los valores caen en $Z \leq -2$ y lo mismo en $Z \geq 2$. Por lo que, si conocemos el puntaje Z para un punto en particular de los datos podemos estimar qué tan probable o improbable sería encontrar un valor al menos tan extremo como ese valor, lo que nos permite poner los valores en un mejor contexto. En el caso de las tasas de crímenes, vemos que California tiene un puntaje Z de 0.38 por su tasa de crímenes violentos per cápita, mostrando que está muy cerca de la media de otros estados, cerca del 35% de los estados tienen mayores tasas y 65% de los estados tienen menores tasas.

5.10.2 Puntajes Estandarizados

Digamos que en lugar de puntajes Z , queremos generar puntajes estandarizados de crimen con una media de 100 y una desviación estándar de 10. Esto es similar a la estandarización que se hace con puntajes de tests de inteligencia para generar un cociente intelectual (CI, en inglés IQ, *Intelligence quotient*). Podemos hacer esto al multiplicar los puntajes Z por 10 y luego sumar 100.

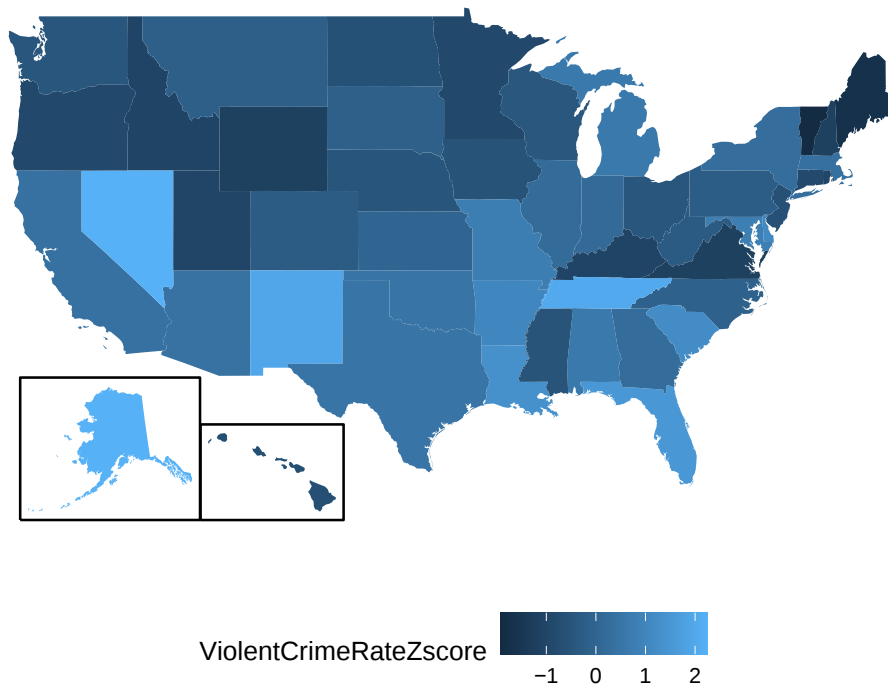


Figure 5.11: Datos de cr menes graficados sobre un mapa de Estados Unidos, presentados en puntajes Z (Z-scores).

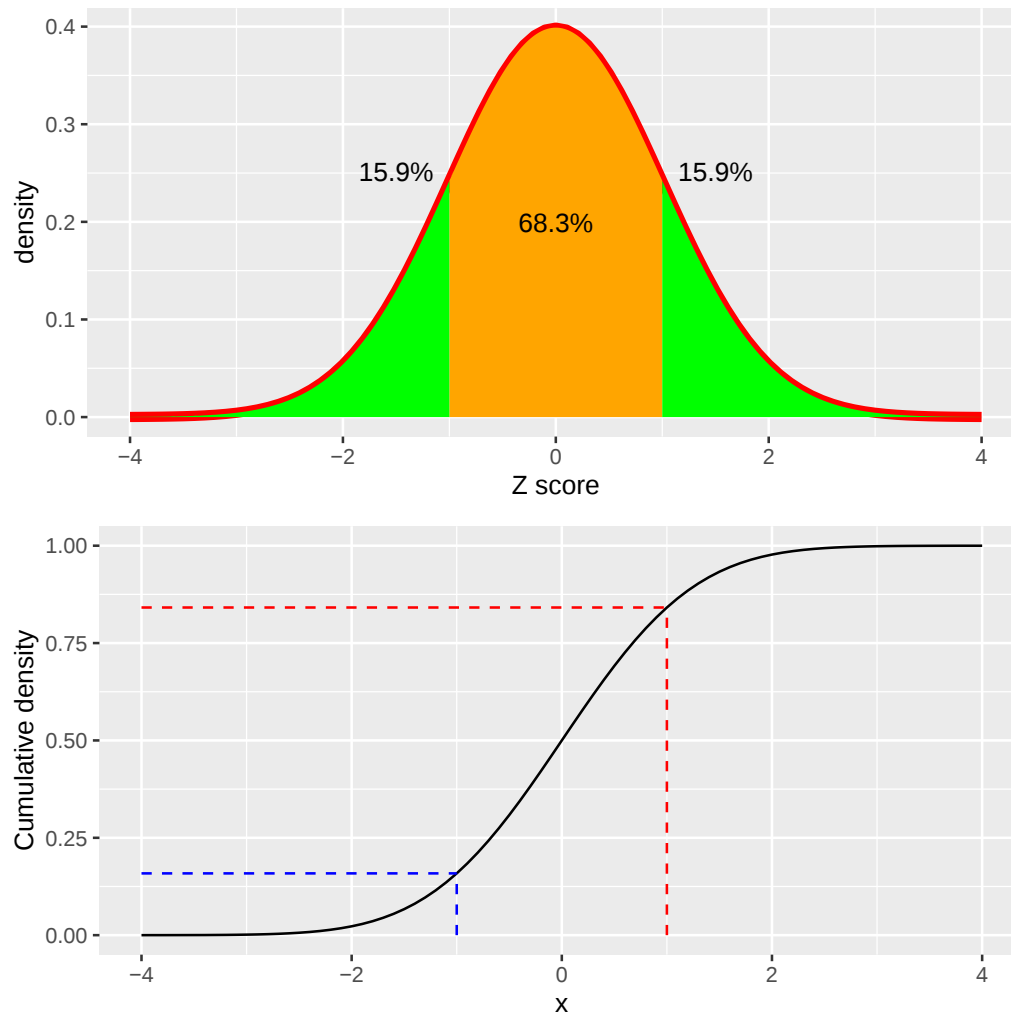


Figure 5.12: Distribución de densidad (arriba) y acumulada (abajo) de una distribución normal estándar, con puntos de corte (cutoffs) marcados a una desviación estándar arriba/abajo de la media.

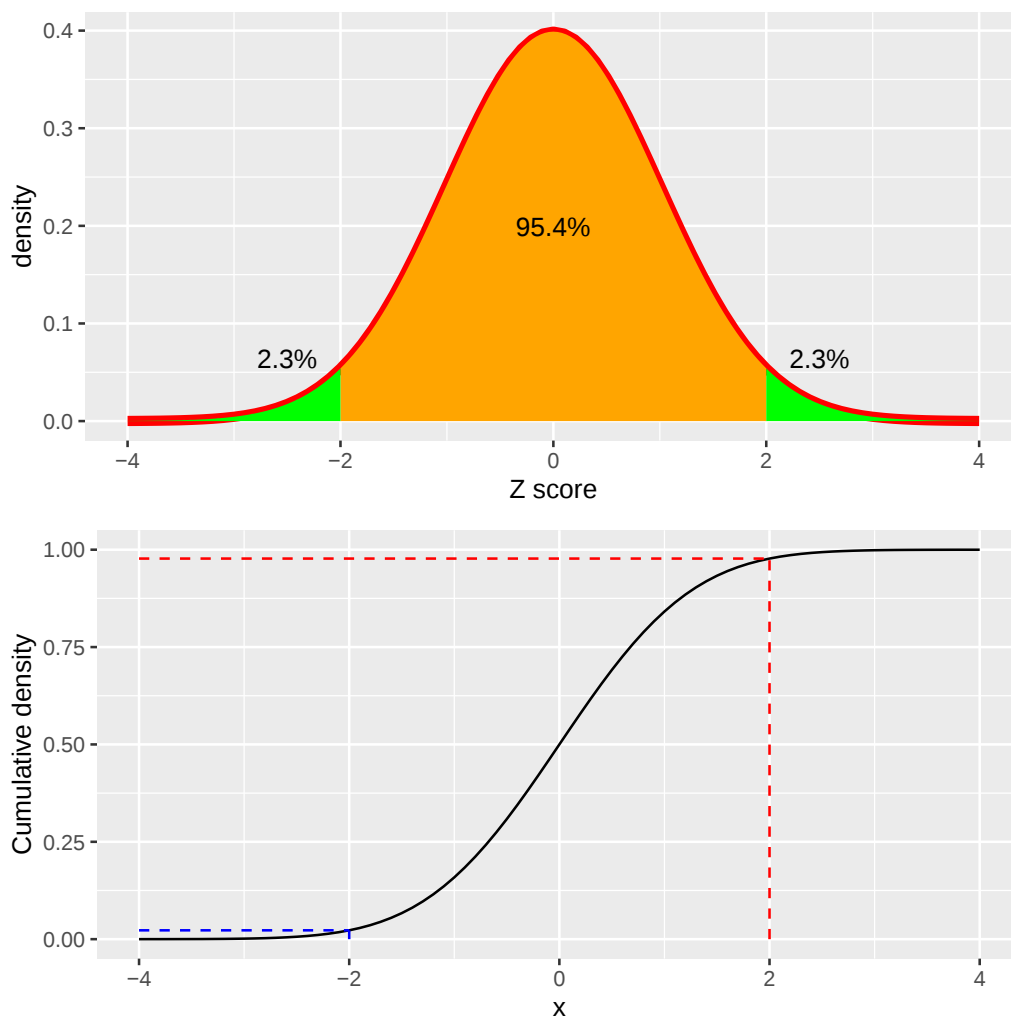


Figure 5.13: Distribución de densidad (arriba) y acumulada (abajo) de una distribución normal estándar, con puntos de corte (cutoffs) marcados a dos desviaciones estándar arriba/abajo de la media.

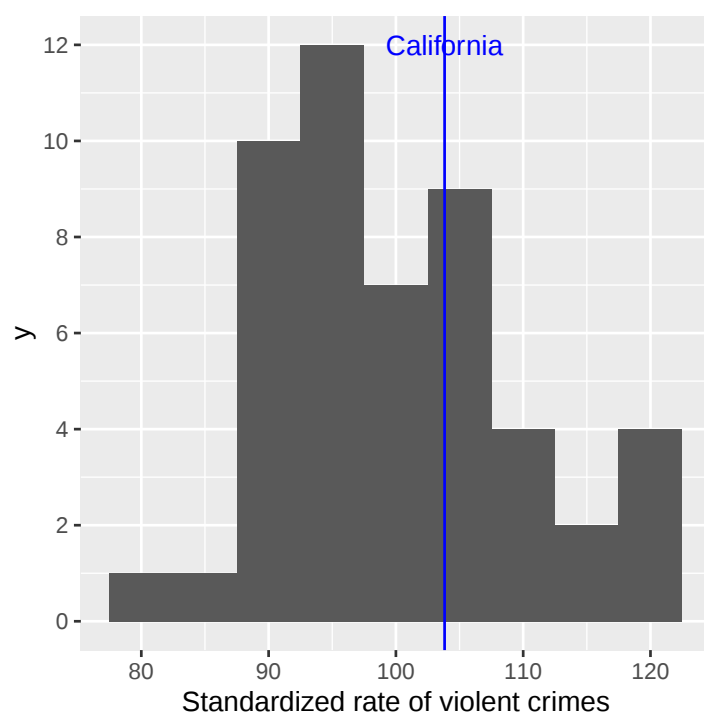


Figure 5.14: Datos de cr menes presentados como puntajes estandarizados con una media de 100 y una desviaci n est ndar de 10.

5.10.2.1 Usar puntajes Z para comparar distribuciones

Un uso útil de los puntajes Z es para comparar distribuciones de diferentes variables. Digamos que queremos comparar las distribuciones de crímenes violentos y crímenes en propiedades privadas entre estados. En el panel de la izquierda de la Figura 5.15 graficamos ambos, uno contra el otro, con California representada en azul. Como puedes ver, las tasas brutas de delitos contra la propiedad son mucho más altos que las tasas brutas de crímenes violentos, por lo que no podemos solamente comparar los números directamente. Sin embargo, podemos graficar los puntajes Z para estos datos, uno contra otro (panel de la derecha de la Figura 5.15) – Aquí de nuevo podemos ver que la distribución de los datos no cambia. Al haber puesto los datos en puntajes Z para cada variable los hace comparables, y podemos ver ahora que California está justo en el medio de la distribución en términos de crímenes violentos y de crímenes de propiedad privada.

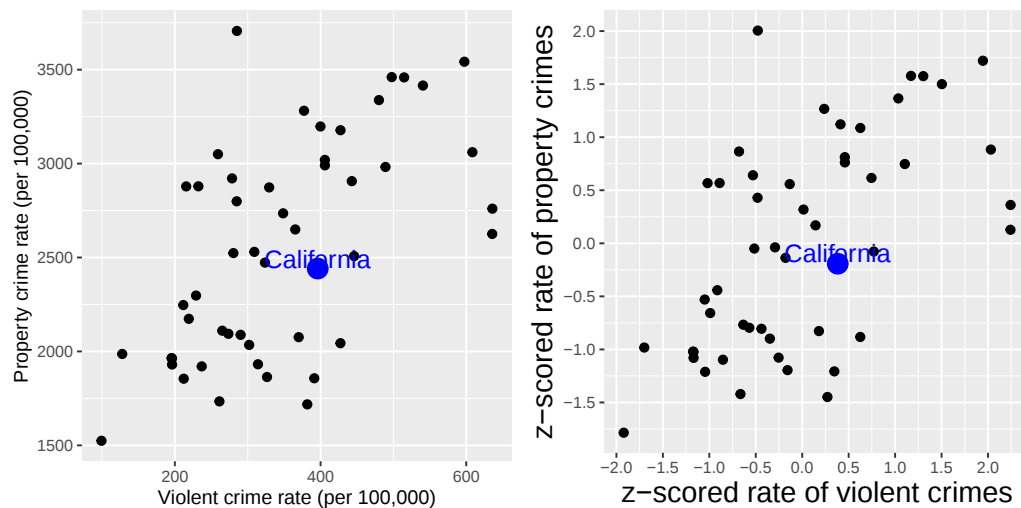


Figure 5.15: Gráfica de tasas de crímenes violentos vs. crímenes contra propiedad (izquierda) y tasas en puntajes Z (derecha).

Vamos a añadir otro factor a la gráfica: Población. En el panel izquierdo de la Figura 5.16, mostramos esto utilizando el tamaño del símbolo para graficar, el cual es comúnmente una forma útil de añadir información a la gráfica.

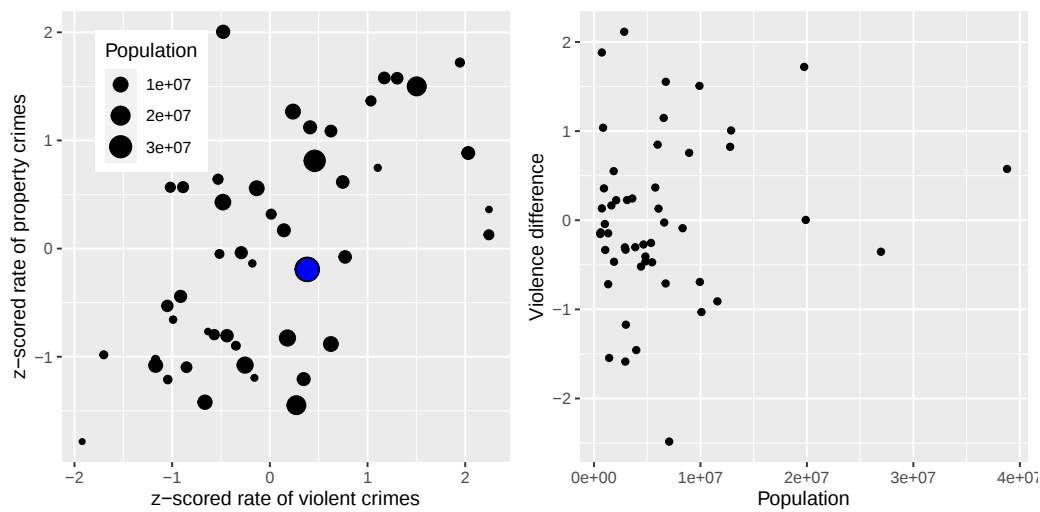


Figure 5.16: Izquierda: Gráfica de tasas de crímenes violentos vs. crímenes contra propiedad, con el tamaño de la población representado por el tamaño del símbolo graficado; California se presenta en azul. Derecha: Puntajes de la diferencia entre crímenes violentos vs. crímenes contra propiedad, graficados contra el tamaño de la población.

Porque los puntajes Z son directamente comparables, también podemos calcular *puntuaciones diferenciales* (*difference scores*) que expresan la tasa relativa de delitos violentos y no violentos (contra la propiedad) en cada estado. Luego podemos graficar esos puntajes en comparación con la población (mira el Panel derecho de la Figura 5.16). Esto muestra cómo podemos usar los puntajes Z para unir diferentes variables en una escala común.

Vale la pena mencionar que los estados más pequeños parecen tener la diferencia más grande en ambas direcciones. Si bien puede ser tentador observar cada estado e intentar determinar por qué tienen una puntuación de diferencia alta o baja, esto probablemente refleja el hecho de que las estimaciones obtenidas de muestras más pequeñas necesariamente serán más variables, como discutiremos en el capítulo 7.

5.11 Objetivos de aprendizaje

Al leer este capítulo deberás de ser capaz de:

- Describir ecuaciones básicas para modelos estadísticos (datos = modelo + error).
- Describir diferentes medidas de tendencia central y dispersión, cómo se calculan y cuáles son apropiadas bajo cuáles circunstancias.
- Calcular puntajes Z y describir por qué son útiles.

5.12 Apéndice

5.12.1 Prueba de que la suma de los errores a partir de la media es igual a cero

$$error = \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{X}) = 0$$

$$\sum_{i=1}^n x_i - \sum_{i=1}^n \bar{X} = 0$$

$$\sum_{i=1}^n x_i = \sum_{i=1}^n \bar{X}$$

$$\sum_{i=1}^n x_i = n\bar{X}$$

$$\sum_{i=1}^n x_i = \sum_{i=1}^n x_i$$

Chapter 6

Probabilidad

La teoría de probabilidad es la rama de las matemáticas que trata con el azar y la incertidumbre. Forma parte importante de los fundamentos de la estadística, porque nos provee con las herramientas matemáticas para describir eventos inciertos. El estudio de la probabilidad inició en parte debido al interés de entender los juegos de azar, como las cartas o los dados. Estos juegos proveen de ejemplos útiles de muchos conceptos estadísticos, porque cuando repetimos estos juegos la probabilidad de diferentes resultados se mantiene (mayormente) igual. Sin embargo, existen preguntas profundas sobre el significado de la probabilidad que no abordaremos aquí; ve las Lecturas Sugeridas al final del capítulo si estás interesado en aprender más acerca de este tema fascinante y su historia.

6.1 ¿Qué es la probabilidad?

De manera informal, usualmente pensamos a la probabilidad (*probability*) como el número que describe la probabilidad (*likelihood*) de que un evento ocurra, que va de un rango desde cero (imposibilidad) a uno (certeza). A veces las probabilidades se expresarán en porcentajes, que van de un rango de cero a cien, como cuando en el pronóstico del tiempo se predice que hay un veinte por ciento de probabilidad de lluvia para hoy. En cada caso, estos números expresan qué tan probable es que suceda un evento en particular, desde la absoluta imposibilidad hasta la absoluta certeza.

Para formalizar la teoría de probabilidad, primero necesitamos definir algunos términos:

- Un **experimento** es cualquier actividad que produce u observa un resultado. Ejemplos son el lanzar una moneda, rodar un dado, o probar una nueva ruta al trabajo para ver si es más rápida que la vieja ruta.
- El **espacio muestral** es el conjunto de posibles resultados de un experimento. Los representamos enlistándolos dentro de un par de llaves ($\{ \}$). En el caso de un lanzamiento de moneda, el espacio muestral es $\{\text{cara}, \text{cruz}\}$. En el caso de un dado de seis lados, el espacio muestral es cada uno de los posibles números que pueden aparecer: $\{1,2,3,4,5,6\}$. Para el tiempo que toma llegar al trabajo, el espacio muestral son todos los posibles números reales mayores a cero (porque no se puede llegar a algún lugar en un tiempo negativo, al menos aún no se puede). No nos preocuparemos en tratar de escribir todos esos números entre las llaves.
- Un **evento** es un subconjunto del espacio muestral. En principio puede ser uno o más de los posibles resultados en el espacio muestral, pero aquí nos enfocaremos principalmente en *eventos elementales* que consisten en exactamente un solo posible resultado. Por ejemplo, esto podría ser el obtener cara en un solo lanzamiento de moneda, sacar un 4 en un lanzamiento de dado, o tardar 21 minutos en llegar a casa en la nueva ruta.

Ahora que tenemos estas definiciones, podemos delinear las características formales de una probabilidad, las cuales fueron primero definidas por el matemático ruso Andrei Kolmogorov. Estas son las características que *debe* tener un valor si va a ser una probabilidad. Digamos que tenemos un espacio muestral definido por N eventos independientes, $E_1, E_2, \dots, E_N$, y X es una variable aleatoria que denota cuál de los eventos ha ocurrido. $P(X = E_i)$ es la probabilidad del evento i :

- La probabilidad no puede ser negativa: $P(X = E_i) \geq 0$
- La probabilidad total de todos los resultados en un espacio muestral es 1; esto es, si tomamos la probabilidad de cada E_i y las sumamos, deben dar un total de 1. Podemos expresar esto usando el símbolo de

sumatoria $\sum$:

$$\sum_{i=1}^N P(X = E_i) = P(X = E_1) + P(X = E_2) + \dots + P(X = E_N) = 1$$

Esto se interpreta como “Toma todos los eventos elementales N , que hemos etiquetado desde 1 hasta N , y suma sus probabilidades. Estas deben sumar 1.”

- La probabilidad de cualquier evento individual no puede ser mayor a uno: $P(X = E_i) \leq 1$. Esto es sugerido por el punto anterior; como deben de sumar uno, y no pueden ser números negativos, entonces cualquier probabilidad en particular no puede ser mayor a uno.

6.2 ¿Cómo determinamos probabilidades?

Ahora que sabemos lo que es la probabilidad, ¿cómo hacemos para realmente averiguar cuál es la probabilidad de que suceda algún evento en particular?

6.2.1 Creencia personal

Digamos que te pregunto, ¿cuál hubiera sido la probabilidad de que Bernie Sanders hubiera ganado la elección presidencial de 2016 si él hubiera sido el candidato del partido demócrata en lugar de Hilary Clinton? No podemos realmente hacer el experimento para averiguar el resultado. Sin embargo, la mayoría de las personas con conocimiento de la política estadounidense estarían dispuestos por lo menos a tratar de dar una opinión sobre la probabilidad de este evento. En muchos casos el conocimiento personal y/u opinión es la única guía que tenemos para determinar la probabilidad de un evento, pero esto no es muy satisfactorio científicamente.

6.2.2 Frecuencia empírica

Otra manera de determinar la probabilidad de un evento es el hacer un experimento muchas veces y contar cuántas veces sucedió cada evento. Podemos calcular la probabilidad de cada resultado a partir de la frecuencia relativa de

los diferentes resultados. Por ejemplo, digamos que estás interesade en saber la probabilidad de lluvia en San Francisco. Primero debemos definir nuestro experimento — digamos que miraremos los datos del *National Weather Service* para cada día en 2017 y determinaremos si hubo lluvia en la estación del clima del centro de San Francisco. De acuerdo con estos datos, en 2017 hubo 73 días lluviosos. Para calcular la probabilidad de lluvia en San Francisco, simplemente dividimos el número de días lluviosos entre el número de días contados (365), dando $P(\text{lluvia en SF en 2017}) = 0.2$.

¿Cómo sabemos que la probabilidad empírica nos dará el número correcto? La respuesta a esta pregunta viene de la *ley de números grandes*, que muestra que la probabilidad empírica se aproximará a la probabilidad verdadera conforme el tamaño de la muestra se incrementa. Podemos ver esto simulando un gran número de lanzamientos de moneda, y observando nuestra estimación de la probabilidad de que caiga cara después de cada lanzamiento. Pasaremos más tiempo discutiendo simulaciones en un capítulo posterior; por ahora, sólo asumamos que tenemos una manera computacional de generar un resultado aleatorio para cada lanzamiento de moneda.

El panel izquierdo de la Figura 6.1 muestra que conforme el número de muestras (i.e., ensayos de lanzamiento de moneda) incrementa, la probabilidad estimada de obtener cara converge en el valor verdadero de 0.5. Sin embargo, nota que las estimaciones pueden estar bastante lejos del valor verdadero cuando los tamaños de muestra son pequeños. Un ejemplo del mundo real sobre esto se puede ver en la elección especial de 2017 para el Senado de EUA en Alabama, que enfrentó al Republicano Roy Moore contra el Demócrata Doug Jones. El panel derecho de la Figura 6.1 muestra la cantidad relativa de votos reportados para cada uno de los candidatos en el curso de la tarde del día de la elección, conforme un número creciente de boletas eran contadas. Temprano en la tarde el conteo de votos era especialmente volátil, balanceándose desde una ventaja inicial grande para Jones hasta un periodo largo donde Moore tenía la ventaja, hasta que finalmente Jones tomó la delantera ganando la contienda.

Estos dos ejemplos muestran que mientras las muestras grandes ultimadamente convergen en la probabilidad verdadera, los resultados de muestras pequeñas pueden estar muy equivocados. Desafortunadamente, muchas personas olvidan esto y sobreinterpretan resultados de muestras pequeñas. Esto ha sido referido como la *ley de números pequeños* por los psicólogos Danny

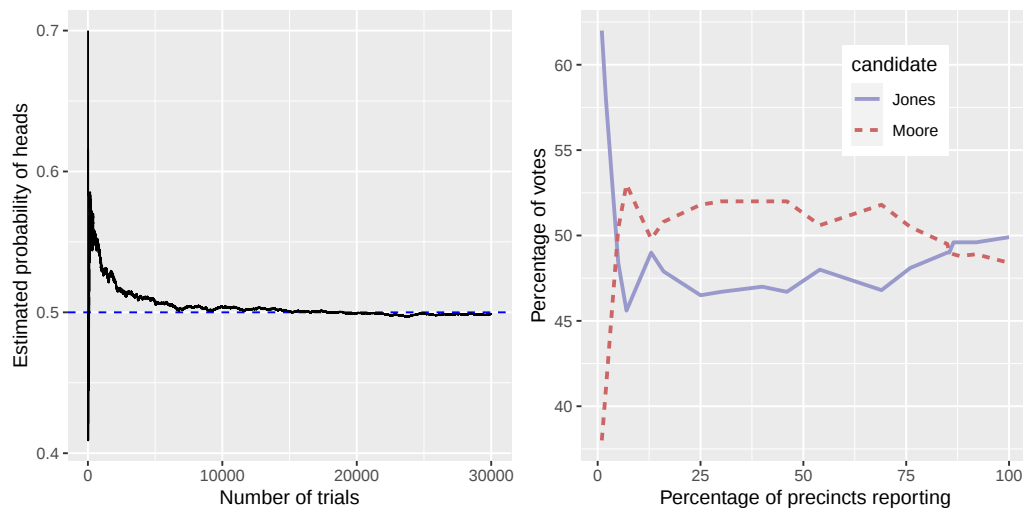


Figure 6.1: Izquierda: Una demostración de la ley de los números grandes. Una moneda fue lanzada 30,000 veces, y después de cada lanzamiento la probabilidad de obtener cara era calculada basada en el número de caras y cruces observadas hasta ese punto. Toma un aproximado de 15,000 lanzamientos para que la probabilidad se quede establecida en la probabilidad verdadera de 0.5. Derecha: Proporción relativa de votos el 12 de diciembre de 2017 durante la elección especial para el asiento de Alabama en el Senado de EUA, como una función del porcentaje de casillas electorales reportadas. Estos datos fueron transcritos de <https://www.ajc.com/news/national/alabama-senate-race-live-updates-roy-moore-doug-jones/KPRfkdaewoiXICW3FHjXqI/>

Kahneman y Amos Tversky, quienes mostraron que la gente (incluso investigadores entrenados) frecuentemente se comportan como si la ley de los números grandes aplicara también en las muestras pequeñas, dando demasiada credibilidad a resultados a partir de bases de datos pequeñas. A lo largo del curso veremos ejemplos de qué tan inestables pueden ser los resultados estadísticos cuando son generados con base en muestras pequeñas.

6.2.3 Probabilidad clásica

Es poco probable que cualquiera de nosotros haya lanzado una moneda decenas de miles de veces, pero sin importar eso estamos dispuestos a creer que la probabilidad de lanzar una moneda y que caiga cara es 0.5. Esto refleja el uso de otra aproximación más al cálculo de probabilidades, al cual nos referimos como *probabilidad clásica*. En esta aproximación, calculamos la probabilidad directamente desde nuestro conocimiento de la situación.

La probabilidad clásica surgió del estudio de juegos de azar como los dados y las cartas. Un ejemplo famoso surgió del problema que se encontró un jugador francés que se conocía por el nombre de Chevalier de Méré. de Méré jugaba dos diferentes juegos de dados: En el primero él apostaba en la probabilidad de obtener por lo menos un seis en cuatro lanzamientos de un dado de seis lados, mientras que en el segundo juego apostaba en la probabilidad de obtener por lo menos un doble seis en 24 lanzamientos de dos dados. Él esperaba ganar dinero en ambos juegos, pero encontró que mientras que en promedio él ganaba dinero en el primer juego, realmente terminaba perdiendo dinero en promedio cuando jugaba el segundo juego muchas veces. Para entender esto buscó a su amigo, el matemático Blaise Pascal, quien es reconocido como uno de los fundadores de la teoría de probabilidad.

¿Cómo podemos entender esta pregunta usando teoría de probabilidad? En probabilidad clásica, comenzamos con una suposición de que todos los eventos elementales en el espacio muestral son igualmente probables; esto es, cuando lanzas un dado, cada uno de los posibles resultados ($\{1,2,3,4,5,6\}$) es igualmente probable que ocurra. (¡No se permiten dados cargados (o manipulados)! Considerando esto, podemos calcular la probabilidad de cualquier resultado individual como un uno dividido entre el número de resultados posibles:

$$P(\text{resultados}_i) = \frac{1}{\text{número de resultados posibles}}$$

Para el dado de seis lados, la probabilidad de cada resultado individual es $1/6$.

Esto está bien, pero de Méré estaba interesado en eventos más complejos, como lo que sucede en múltiples lanzamientos de dados. ¿Cómo calculamos la probabilidad de un evento complejo (el cual es la *unión* de eventos simples), como obtener un seis en el primer o el segundo lanzamiento? La unión de eventos la representamos matemáticamente usando el símbolo $\cup$: por ejemplo, si la probabilidad de obtener un seis en el primer lanzamiento es referido como $P(\text{Roll6}_{\text{throw1}})$ y la probabilidad de obtener un seis en el segundo lanzamiento es $P(\text{Roll6}_{\text{throw2}})$, entonces la unión es referida como $P(\text{Roll6}_{\text{throw1}} \cup \text{Roll6}_{\text{throw2}})$.

de Méré pensó (incorrectamente, como veremos más abajo) que simplemente podía sumar las probabilidades de cada evento individual para calcular la probabilidad del evento combinado, significando que la probabilidad de obtener un seis en el primer o segundo lanzamiento se calcularía de la siguiente manera:

$$P(\text{Roll6}_{\text{throw1}}) = 1/6$$

$$P(\text{Roll6}_{\text{throw2}}) = 1/6$$

Error de Méré :

$$P(\text{Roll6}_{\text{throw1}} \cup \text{Roll6}_{\text{throw2}}) = P(\text{Roll6}_{\text{throw1}}) + P(\text{Roll6}_{\text{throw2}}) = 1/6 + 1/6 = 1/3$$

de Méré creyó, basado en esta suposición incorrecta, que la probabilidad de obtener al menos un seis en cuatro lanzamientos era la suma de las probabilidades de cada lanzamiento individual: $4 * \frac{1}{6} = \frac{2}{3}$. De manera similar, creyó que dado que la probabilidad de un doble seis al lanzar un dado es $1/36$, entonces la probabilidad de obtener al menos un doble seis en 24 lanzamientos de dos dados sería $24 * \frac{1}{36} = \frac{2}{3}$. Sin embargo, mientras consistentemente él ganaba dinero en la primera apuesta, perdía dinero con la segunda. ¿Por qué pasaba esto?

Para entender el error de de Méré, necesitamos presentar algunas de las reglas de la teoría de probabilidad. La primera es la *regla de sustracción/resta*, que dice que la probabilidad de que algún evento A *no* suceda es uno menos la probabilidad de que el evento suceda:

$$P(\neg A) = 1 - P(A)$$

donde $\neg A$ significa “no A.” Esta regla se deriva directamente de los axiomas que discutimos arriba; porque A y $\neg A$ son los únicos posibles resultados, entonces su probabilidad total debe sumar 1. Por ejemplo, si la probabilidad de obtener un uno en un solo lanzamiento es $\frac{1}{6}$, entonces la probabilidad de obtener cualquier otro número que no fuera uno es $\frac{5}{6}$.

Una segunda regla nos dice cómo calcular la probabilidad de un evento conjunto – esto es, la probabilidad de que ambos eventos ocurran. Nos referimos a esto como una *intersección*, que es representada por el símbolo $\cap$; por lo tanto, $P(A \cap B)$ significa la probabilidad de que ambos A y B sucedan. Nos enfocaremos en una versión de la regla que nos dice cómo calcular esta cantidad en el caso especial cuando dos eventos son independientes uno de otro; aprenderemos después exactamente qué significa el concepto de *independencia*, pero por ahora podemos dar por sentado que los dos lanzamientos de dados son eventos independientes. Calculamos la probabilidad de la intersección de dos eventos independientes simplemente multiplicando las probabilidades de los eventos individuales:

$$P(A \cap B) = P(A) * P(B) \text{ si y sólo si A y B son independientes}$$

Por lo tanto, la probabilidad de obtener un seis en ambos lanzamientos de dados es $\frac{1}{6} * \frac{1}{6} = \frac{1}{36}$.

La tercera regla nos dice cómo sumar las probabilidades - y es aquí donde vemos el origen del error de de Méré. La *regla de la suma* nos dice que para obtener la probabilidad de que cualquiera de dos eventos ocurran, debemos sumar las probabilidades individuales, pero luego debemos restar la probabilidad de que ocurran ambos eventos juntos:

$$P(A \cup B) = P(A) + P(B) - P(A \cap B)$$

En un sentido, esto evita que contemos esos eventos conjuntos dos veces, eso es lo que distingue a esta regla del cálculo que de Méré había hecho incorrectamente. Digamos que queremos encontrar la probabilidad de obtener 6 en cualquiera de dos lanzamientos. De acuerdo a nuestras reglas:

$$\begin{aligned}
 & P(Roll6_{throw1} \cup Roll6_{throw2}) \\
 &= P(Roll6_{throw1}) + P(Roll6_{throw2}) - P(Roll6_{throw1} \cap Roll6_{throw2}) \\
 &= \frac{1}{6} + \frac{1}{6} - \frac{1}{36} = \frac{11}{36}
 \end{aligned}$$

	1,1	2,1	3,1	4,1	5,1	6,1
	1,2	2,2	3,2	4,2	5,2	6,2
	1,3	2,3	3,3	4,3	5,3	6,3
	1,4	2,4	3,4	4,4	5,4	6,4
	1,5	2,5	3,5	4,5	5,5	6,5
	1,6	2,6	3,6	4,6	5,6	6,6
Throw 2						
	Throw 1					

Figure 6.2: Cada celda de esta matriz representa un resultado de dos lanzamientos de un solo dado, donde las columnas representan el primer lanzamiento y las filas representan el segundo lanzamiento. Las celdas en rojo representan celdas con un seis ya sea en el primer o en el segundo lanzamiento; el resto se muestran en azul.

Usemos una representación gráfica para obtener una diferente vista de esta regla. La Figura 6.2 muestra una matriz representando todas las posibles

combinaciones de resultados de dos lanzamientos de dados, y subraya las celdas que involucran un seis ya sea en el primer o en el segundo lanzamiento. Si cuentas las celdas en rojo verás que hay 11 celdas con ese resultado. Esto muestra por qué la regla de la suma da una respuesta diferente a la de de Méré; si simplemente sumáramos las probabilidades de los dos lanzamientos como él lo hizo, entonces terminaríamos contando la celda de (6,6) en ambos, cuando solamente debería contar una sola vez.

6.2.4 Resolviendo el problema de de Méré

Blaise Pascal usó las reglas de la probabilidad para idear una solución al problema de de Méré. Primero, se dio cuenta que calcular la probabilidad de al menos un evento de una combinación era complicado, mientras que calcular la probabilidad de que algo no ocurra a lo largo de varios eventos es relativamente fácil – es sólo el producto de las probabilidades de los eventos individuales. Por lo tanto, en lugar de calcular la probabilidad de al menos un seis en cuatro lanzamientos, calculó la probabilidad de ningún seis a lo largo de todos los lanzamientos:

$$P(\text{ningún seis en cuatro lanzamientos}) \\ = \frac{5}{6} * \frac{5}{6} * \frac{5}{6} * \frac{5}{6} = \left(\frac{5}{6}\right)^4 = 0.482$$

Pascal entonces usó el hecho de que la probabilidad de ningún seis en cuatro lanzamientos es el complemento de al menos un seis en cuatro lanzamientos (por lo que deben sumar uno), y usó la regla de la resta para calcular la probabilidad de interés:

$$P(\text{al menos un seis en cuatro lanzamientos}) = 1 - \left(\frac{5}{6}\right)^4 = 0.517$$

La apuesta de de Méré de que obtendría al menos un seis en cuatro lanzamientos tiene una probabilidad mayor a 0.5, lo que explica por qué de Méré ganaba dinero en esta apuesta en promedio.

¿Pero qué pasaba con la segunda apuesta de de Méré? Pascal usó el mismo truco:

$$P(\text{no doble seis en 24 lanzamientos}) = \left(\frac{35}{36}\right)^{24} = 0.509$$

$$P(\text{al menos un doble seis en 24 lanzamientos}) = 1 - \left(\frac{35}{36}\right)^{24} = 0.491$$

La probabilidad de este resultado era ligeramente menor a 0.5, mostrando por qué de Méré perdía dinero con esta apuesta en promedio.

6.3 Distribuciones de probabilidad

Una *distribución de probabilidad* describe la probabilidad de todos los posibles resultados en un experimento. Por ejemplo, el 20 de enero de 2018, el jugador de basketball Steph Curry anotó sólo 2 de 4 lanzamientos libres en un juego contra los Houston Rockets. Sabemos que la probabilidad general de Curry de anotar en lanzamientos libres a lo largo de toda la temporada fue de 0.91, por lo que parece bastante poco probable que sólo hubiera anotado 50% de sus lanzamientos libres en un juego, ¿pero exactamente qué tan poco probable es? Podemos determinar esto usando una distribución de probabilidad teórica; a lo largo de este libro nos encontraremos con una variedad de estas distribuciones de probabilidad, cada una es apropiada para describir diferentes tipos de datos. En este caso, usaremos la distribución *binomial*, que provee una manera de calcular la probabilidad de un número de éxitos en un número de ensayos en donde se puede tener sólo un éxito o un fallo y nada intermedio (conocidos como “ensayos de Bernoulli”) dada una probabilidad conocida de éxito en cada ensayo. Esta distribución es definida como:

$$P(k; n, p) = P(X = k) = \binom{n}{k} p^k (1 - p)^{n-k}$$

Esto se refiere a la probabilidad de k éxitos en n ensayos cuando la probabilidad de éxito es p . Tal vez no estés familiarizado con $\binom{n}{k}$, a la que nos referimos como el *coeficiente binomial*. El coeficiente binomial también es

conocido como “n-choose-k” porque describe el número de maneras diferentes en las que uno puede elegir k elementos de un total de elementos n . El coeficiente binomial es calculado como:

$$\binom{n}{k} = \frac{n!}{k!(n-k)!}$$

donde el signo de exclamación (!) se refiere al *factorial* de un número:

$$n! = \prod_{i=1}^n i = n * (n-1) * \dots * 2 * 1$$

El operador de la multiplicación $\prod$ es similar al operador de suma $\sum$, excepto que multiplica en lugar de sumar. En este caso, está multiplicando juntos todos los números de uno hasta n .

En el ejemplo de los lanzamientos libres de Steph Curry:

$$P(2; 4, 0.91) = \binom{4}{2} 0.91^2 (1 - 0.91)^{4-2} = 0.040$$

Esto demuestra que dado el porcentaje de anotaciones en lanzamientos libres de Curry en la temporada, era bastante improbable que anotara sólo 2 de 4 tiros libres. Esto sólo muestra que en el mundo real efectivamente suceden cosas improbables.

6.3.1 Distribuciones de probabilidad acumuladas

Frecuentemente queremos conocer no sólo qué tan probable es un valor en específico, sino saber qué tan probable es encontrar un valor que es igualmente extremo o más extremo que cierto valor en particular; esto se volverá muy importante cuando discutamos las pruebas de hipótesis en el capítulo 9. Para contestar esta pregunta, podemos usar la distribución de probabilidad *acumulada*; mientras que la distribución de probabilidad estándar nos dice la probabilidad de un valor en específico, la distribución acumulada nos dice la probabilidad de un valor igual de grande o mayor (o igual de pequeño o menor) que un valor específico.

Table 6.1: Distribuciones de probabilidad simple y acumulada para el número de tiros libres exitosos en los 4 intentos de Steph Curry.

numSuccesses	Probability	CumulativeProbability
0	0.000	0.000
1	0.003	0.003
2	0.040	0.043
3	0.271	0.314
4	0.686	1.000

En el ejemplo del tiro libre, tal vez quisiéramos saber: ¿Cuál es la probabilidad de que Steph Curry anotara 2 o *menos* de un total de cuatro tiros libres, dado que su probabilidad general de anotar un tiro libre es de 0.91? Para determinar esto, podríamos simplemente usar la ecuación de probabilidad binomial y alimentarla con todos los valores posibles de k y sumarlos todos juntos:

$$P(k \leq 2) = P(k = 2) + P(k = 1) + P(k = 0) = 6e^{-5} + .002 + .040 = .043$$

En muchos casos el número de resultados posibles podría ser demasiado grande para poder calcular la probabilidad acumulada con este método de enumerar todos los valores posibles; afortunadamente, puede ser calculado directamente para cualquier distribución de probabilidad teórica. La Tabla 6.1 muestra la probabilidad acumulada de cada número posible de tiros libres exitosos del ejemplo de arriba, donde podemos ver que la probabilidad de que Curry anote 2 o menos tiros libres de un total de 4 intentos es 0.043.

6.4 Probabilidad condicional

Hasta ahora nos hemos limitado a probabilidades simples - esto es, la probabilidad de un solo evento o combinación de eventos. Sin embargo, frecuentemente deseamos determinar la probabilidad de algunos eventos dependiendo de que otro evento haya ocurrido, lo cual se conoce como *probabilidad condicional*.

Tomemos como ejemplo la elección Presidencial de EUA en 2016. Existen dos probabilidades simples que podríamos usar para describir al electorado. Primero, conocemos la probabilidad de que un votante en EUA esté afiliado al Partido Republicano: $p(\text{Republican}) = 0.44$. También conocemos la probabilidad de que un votante dé su voto en favor de Donald Trump: $p(\text{Trumpvoter}) = 0.46$. Sin embargo, digamos que queremos saber lo siguiente: ¿Cuál es la probabilidad de que una persona vote por Donald Trump, *dado que esa persona sea Republicana*?

Para calcular la probabilidad condicional de A dado B (que escribimos como $P(A|B)$, “probabilidad de A, dado B”), necesitamos conocer la *probabilidad conjunta* (esto es, la probabilidad de que ambos A y B ocurran) así como la probabilidad general de B:

$$P(A|B) = \frac{P(A \cap B)}{P(B)}$$

Esto es, queremos saber la probabilidad de que ambas cosas sean ciertas, dado que aquella sobre la que está condicionada sea cierta.

Puede ser útil pensar en esto gráficamente. La Figura 6.3 muestra un diagrama de flujo que representa cómo el total de la población de votantes se divide en Republicanos y Demócratas, y cómo la probabilidad condicional (condicinada sobre el partido) divide aún a los miembros de cada partido de acuerdo a su voto.

6.5 Calcular probabilidades condicionales a partir de los datos

También podemos calcular probabilidades condicionales desde los datos. Digamos que estamos interesadas en la siguiente pregunta: ¿Cuál es la probabilidad de que alguien tenga diabetes, dado que no sea una persona físicamente activa? – esto es, $P(\text{diabetes}|\text{inactive})$. La base de datos NHANES incluye dos variables que abordan las dos partes de esta pregunta. La primera (**Diabetes**) pregunta si una persona ha sido enterada de que tenga diabetes, y la segunda (**PhysActive**) registra si una persona se involucra en deportes, fitness, o actividades recreativas que sean de al menos intensidad moderada.

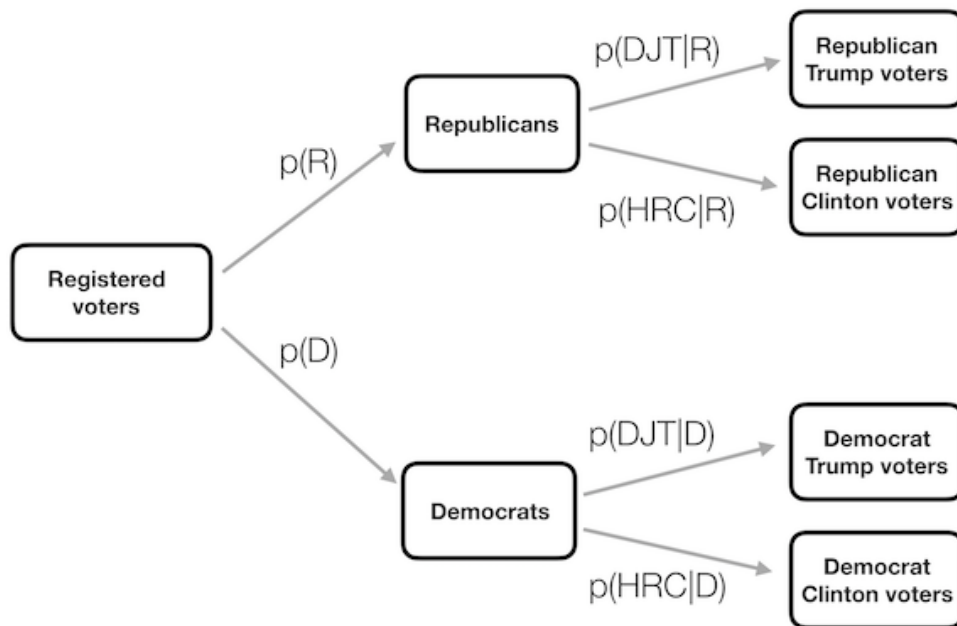


Figure 6.3: Representación gráfica de la probabilidad condicional, mostrando cómo la probabilidad condicional limita nuestro análisis a un subconjunto de los datos.

Table 6.2: Resumen de datos para diabetes y actividad física.

Answer	N_diabetes	P_diabetes	N_PhysActive	P_PhysActive
No	4893	0.9	2472	0.45
Yes	550	0.1	2971	0.55

Table 6.3: Probabilidades conjuntas de las variables Diabetes y PhysActive.

Diabetes	PhysActive	n	prob
No	No	2123	0.39
No	Yes	2770	0.51
Yes	No	349	0.06
Yes	Yes	201	0.04

Primero calculemos las probabilidades simples, las cuales se muestran en la Tabla 6.2. La tabla muestra que la probabilidad de que una persona en la base de datos NHANES tenga diabetes es .1, y la probabilidad de que una persona sea inactiva es .45.

Para calcular $P(\text{diabetes}|\text{inactive})$ necesitaríamos también conocer la probabilidad conjunta de ser diabético y ser inactivo, además de las probabilidades simples de cada uno. Estas probabilidades se muestran en la Tabla 6.3.

Basados en estas probabilidades conjuntas, podemos calcular $P(\text{diabetes}|\text{inactive})$. Una manera de hacer esto en un programa de computadora es primero determinar si la variable PhysActive era igual a “No” en cada individuo, y luego obtener la media de esos valores. Debido a que los valores TRUE/FALSE son tratados como 1/0 respectivamente por la mayoría de los lenguajes de programación (incluidos R y Python), esto nos permite identificar fácilmente la probabilidad de un evento simple obteniendo simplemente la media de una variable lógica que representa si el valor era verdadero. Entonces usamos ese valor para calcular la probabilidad condicional, donde podemos encontrar la probabilidad de que alguien tenga diabetes dado que sea una persona físicamente inactiva es 0.141.

6.6 Independencia

El término “independiente” tiene un significado muy específico en estadística, que es un poco diferente del uso común del término. Independencia estadística entre dos variables significa que el conocer el valor de una variable no dice nada sobre el valor de la otra. Esto puede ser expresado como:

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

Esto es, la probabilidad de A dado algún valor de B es la misma que la probabilidad general de A. Mirándolo de esta manera, podemos ver que muchos casos de lo que llamaríamos “independencia” en el mundo real no son realmente estadísticamente independientes. Por ejemplo, actualmente hay un movimiento de un pequeño grupo de ciudadanos de California que quiere declarar un nuevo estado independiente llamado Jefferson, que comprendería a un número de condados del norte de California y Oregon. Si esto pasara, entonces la probabilidad de que un residente actual de California ahora viviera en el estado de Jefferson sería $P(\text{Jeffersonian}) = 0.014$, mientras que la probabilidad de que se mantuviera siendo un residente de California sería $P(\text{Californian}) = 0.986$. Los nuevos estados serían políticamente independientes, pero *no* serían estadísticamente independientes, porque ¡si sabemos que una persona es Jeffersonian, entonces podemos estar seguros de que *no* es Californian! Esto es, mientras que independencia en el lenguaje común frecuentemente se refiere a conjuntos que son excluyentes, independencia estadística se refiere al caso donde no se puede predecir nada sobre una variable del valor de otra variable. Por ejemplo, conocer el color de cabello de una persona es improbable que te diga algo sobre si la persona prefiere nieve de chocolate o fresa.

Revisemos otro ejemplo, usando la base de datos NHANES: ¿La salud mental y la salud física son independientes la una de la otra? NHANES incluye dos preguntas relevantes: *PhysActive*, que pregunta si un individuo es físicamente activo, y *DaysMentHlthBad*, que pregunta cuántos días en los últimos 30 días la persona ha experimentado malos días de salud mental. Consideremos a cualquiera que haya tenido más de 7 días de mala salud mental en el último mes como parte de un grupo con mala salud mental. Basados en esto, podemos definir una nueva variable llamada *badMentalHealth* como una variable lógica que nos diga si la persona ha tenido más de 7 días con mala

Table 6.4: Resumen de frecuencias absolutas de los datos de salud mental y actividad física.

PhysActive	Bad Mental Health	Good Mental Health	Total
No	414	1664	2078
Yes	292	1926	2218
Total	706	3590	4296

Table 6.5: Resumen de frecuencias relativas de los datos de salud mental y actividad física.

PhysActive	Bad Mental Health	Good Mental Health	Total
No	0.10	0.39	0.48
Yes	0.07	0.45	0.52
Total	0.16	0.84	1.00

salud mental o no. Primero podemos resumir estos datos para que muestren cuántas personas caen en cada combinación de las dos variables (mostradas en la Tabla 6.4), y luego dividir entre el total de observaciones para crear una tabla de proporciones (mostrada en la Tabla 6.5):

Esto nos muestra la proporción de todas las observaciones que caen en cada celda. Sin embargo, lo que queremos saber aquí es la probabilidad condicional de tener mala salud mental, dependiendo de si la persona es físicamente activa o no. Para calcular esto, dividimos cada grupo de actividad física sobre su número total de observaciones, de manera que cada renglón ahora suma uno (mostrado en la Tabla 6.6). Aquí vemos las probabilidades condicionales de tener mala o buena salud mental para cada grupo de actividad física (en las filas superiores) junto a la probabilidad general de tener buena o mala salud mental (en la tercera fila). Para determinar si la salud mental y la actividad física son independientes, compararíamos la probabilidad simple de tener mala salud mental (en la tercera fila) con la probabilidad condicional de tener mala salud mental dado que la persona sea físicamente activa (en la segunda fila).

La probabilidad general de mala salud mental $P(\text{bad mental health})$ es 0.16 mientras que la probabilidad condicional $P(\text{bad mental health}|\text{physically active})$ es 0.13. Por lo tanto, parece ser que la probabilidad condicional es un poco

Table 6.6: Resumen de probabilidades condicionales de salud mental dada actividad física.

PhysActive	Bad Mental Health	Good Mental Health	Total
No	0.20	0.80	1
Yes	0.13	0.87	1
Total	0.16	0.84	1

menor que la probabilidad general, sugiriendo que no son independientes, aunque no podemos saber con certeza sólo observando estos números, porque estos números podrían ser diferentes debido a variabilidad aleatoria en nuestra muestra. Más tarde en el libro revisaremos herramientas estadísticas que nos permitirán probar de manera directa si estas variables son independientes.

6.7 Invertir una probabilidad condicional: regla de Bayes

En muchos casos, conocemos $P(A|B)$ pero lo que realmente queremos conocer es $P(B|A)$. Esto comúnmente ocurre en tamizajes (*screenings*) médicos, donde conocemos $P(\text{resultado positivo en un test} | \text{enfermedad})$ pero lo que queremos conocer es $P(\text{enfermedad} | \text{resultado positivo en un test})$. Por ejemplo, algunos doctores recomiendan que los hombres mayores a 50 años se sometan a un screening usando una prueba llamada antígeno prostático específico (APE) para detectar posible cáncer prostático. Antes de que una prueba sea aprobada para su uso la práctica médica, el fabricante debe probar dos aspectos del rendimiento de la prueba. Primero, deben mostrar qué tan *sensible* es – esto es, qué tan probable es que encuentre la enfermedad cuando está presente: sensibilidad = $P(\text{prueba positiva} | \text{enfermedad})$. También deben mostrar qué tan *específica* es: esto es, qué tan probable es que dé un resultado negativo cuando no hay enfermedad presente: especificidad = $P(\text{prueba negativa} | \text{no enfermedad})$. Para la prueba APE, sabemos que la sensibilidad es cercana al 80% y la especificidad es alrededor de 70%. Sin embargo, estos números no responden a la pregunta que el médico quiere responder acerca de un paciente en particular: ¿cuál es la probabilidad de

que el paciente tenga cáncer realmente, dado que la prueba haya salido positiva? Esto requiere que se invierta la probabilidad condicional que define a la sensibilidad: en lugar de $P(\text{prueba positiva}|\text{enfermedad})$ nosotros queremos saber $P(\text{enfermedad}|\text{prueba positiva})$.

Para poder invertir la probabilidad condicional, podemos usar la *regla de Bayes*:

$$P(B|A) = \frac{P(A|B) * P(B)}{P(A)}$$

La regla de Bayes es bastante sencilla de derivar, basados en las reglas de probabilidad que aprendimos previamente en este capítulo (ve el Apéndice para esta derivación).

Si sólo tenemos dos resultados, podemos expresar la regla de Bayes en una manera un poco más clara, usando la regla de la suma para redefinir $P(A)$:

$$P(A) = P(A|B) * P(B) + P(A|\neg B) * P(\neg B)$$

Usando esto, podemos redefinir la regla de Bayes:

$$P(B|A) = \frac{P(A|B) * P(B)}{P(A|B) * P(B) + P(A|\neg B) * P(\neg B)}$$

Podemos alimentar estos números a la ecuación para determinar la probabilidad de que una persona con un resultado APE positivo realmente tenga cáncer – pero nota que para poder hacer esto, también necesitamos saber la probabilidad general de cáncer para esa persona, a la cual nos referimos frecuentemente como la *tasa base*. Tomemos el ejemplo de un hombre de 60 años, para el cual la probabilidad de cáncer de próstata en los siguientes 10 años es $P(\text{cancer}) = 0.058$. Usando los valores de sensibilidad y especificidad que mencionamos arriba, podemos calcular la probabilidad individual de tener cáncer dado un resultado positivo en la prueba:

$$P(\text{cancer}|\text{test}) = \frac{P(\text{test}|\text{cancer}) * P(\text{cancer})}{P(\text{test}|\text{cancer}) * P(\text{cancer}) + P(\text{test}|\neg\text{cancer}) * P(\neg\text{cancer})}$$

$$= \frac{0.8 * 0.058}{0.8 * 0.058 + 0.3 * 0.942} = 0.14$$

Eso es una probabilidad bastante baja – ¿lo encuentras sorprendente? Para muchas personas lo es, y de hecho existe una sustancial literatura en psicología que muestra que las personas sistemáticamente ignoramos las *tasas base* (i.e. prevalencia general) en nuestros juicios.

6.8 Aprender de los datos

Otra manera de pensar la regla de Bayes es verla como una manera de actualizar nuestras creencias con base en los datos – esto es, aprender sobre el mundo usando datos. Veamos la regla de Bayes otra vez:

$$P(B|A) = \frac{P(A|B) * P(B)}{P(A)}$$

Las diferentes partes de la regla de Bayes tienen nombres específicos, que se relacionan con su rol al usar la regla de Bayes para actualizar nuestras creencias. Comenzamos con una conjetura inicial acerca de la probabilidad de B ($P(B)$), al cual nos referimos como la probabilidad *previa* (*prior probability*). En el ejemplo de APE usamos la tasa base como nuestra probabilidad previa, porque era nuestra mejor conjetura sobre la probabilidad de cáncer en la persona antes de conocer los resultados de la prueba. Luego recolectamos datos, que en nuestro ejemplo era el resultado de la prueba. El grado en que la información A es consistente con el resultado B es dado por $P(A|B)$, al cual nos referimos como *probabilidad (likelihood)*. Puedes considerar ese valor como el qué tan probable es el dato, dado que la hipótesis particular que estamos probando fuera cierta. En nuestro ejemplo, la hipótesis que está siendo probada era si el individuo tenía cáncer, y la probabilidad estaba basada en nuestro conocimiento acerca de la sensibilidad de la prueba (esto es, la probabilidad de tener un resultado positivo en la prueba si la persona tuviera cáncer). El denominador ($P(A)$) es referido como la *probabilidad marginal*, porque expresa la probabilidad general del dato, promediado a lo largo de todos los valores posibles de B (que en nuestro ejemplo eran: enfermedad presente y enfermedad ausente). El resultado a la izquierda ($P(B|A)$) es referido como la probabilidad *posterior* - porque es lo que se obtiene después de hacer los cálculos.

Existe otra manera de escribir la regla de Bayes que hace esto un poco más claro:

$$P(B|A) = \frac{P(A|B)}{P(A)} * P(B)$$

La parte del lado izquierdo ($\frac{P(A|B)}{P(A)}$) nos dice qué tanto es más probable o menos probable el dato A dado B, relativo a la probabilidad general (marginal) de los datos. Mientras que la parte del lado derecho ($P(B)$) nos dice qué tan probable nosotros pensábamos que era B antes de saber nada acerca del dato A. Esto hace más claro que el papel del teorema de Bayes es el actualizar nuestro conocimiento previo basado en el grado en que los datos son más probables dado B de lo que serían en general. Si la hipótesis es mucho más probable dado el dato que se obtuvo de lo que sería en general, entonces incrementamos nuestra creencia en la hipótesis; si es menos probable dado el dato que se obtuvo, entonces disminuimos nuestra creencia.

6.9 Posibilidades (odds) y razón de posibilidades (odds ratios)

El resultado de la sección anterior nos mostró que la probabilidad de que la persona tuviera cáncer basada en un resultado positivo de la prueba APE es aún bastante bajo, aunque es más que el doble de lo que pensábamos antes de conocer el resultado de la prueba. A veces nos gustaría cuantificar la relación entre probabilidades de manera más directa, lo cual podemos hacer al convertirlas en *posibilidades* (*odds*) que expresan la probabilidad relativa de que algo suceda o no suceda:

$$\text{odds of A} = \frac{P(A)}{P(\neg A)}$$

En nuestro ejemplo de APE, las posibilidades (*odds*) de tener cáncer (dada la prueba positiva) son:

$$\text{odds of cancer} = \frac{P(\text{cancer})}{P(\neg \text{cancer})} = \frac{0.14}{1 - 0.14} = 0.16$$

Esto nos dice que las posibilidades (*odds*) de tener cáncer son bastante bajas, aún incluso de que la prueba salió positiva. Para comparar, las posibilidades de obtener un 6 en un dado sencillo son:

$$\text{odds of 6} = \frac{1}{5} = 0.2$$

Como punto aparte, esta es la razón por la que muchos investigadores médicos se han vuelto crecientemente preocupados por el uso generalizado de pruebas de tamizaje para condiciones relativamente poco comunes; la mayoría de los resultados positivos terminarán siendo falsos positivos, resultando en pruebas de seguimiento innecesarias con posibles complicaciones, sin mencionar el estrés añadido al paciente.

También podemos usar posibilidades (*odds*) para comparar diferentes probabilidades, al calcular lo que es conocido como una *razón de posibilidades* (*odds ratio*) - que significa justamente eso. Por ejemplo, digamos que queremos saber qué tanto el resultado positivo en la prueba incrementa las posibilidades (*odds*) de un individuo de tener cáncer. Primero calculamos las *posibilidades previas* (*prior odds*) - esto es, las posibilidades antes de saber que la persona salió con un resultado positivo en la prueba. Estas son calculadas usando la tasa base (*base rate*):

$$\text{prior odds} = \frac{P(\text{cancer})}{P(\neg\text{cancer})} = \frac{0.058}{1 - 0.058} = 0.061$$

Luego podemos comparar estas con las *posibilidades posteriores* (*posterior odds*), que son calculadas usando la probabilidad posterior:

$$\text{odds ratio} = \frac{\text{posterior odds}}{\text{prior odds}} = \frac{0.16}{0.061} = 2.62$$

Esto nos dice que las posibilidades (*odds*) de tener cáncer se incrementan por 2.62 veces dado el resultado positivo en la prueba. Una razón de posibilidades (*odds ratio*) es un ejemplo de lo que después llamaremos un *tamaño del efecto*, que es una manera de cuantificar qué tan relativamente grande es un efecto estadístico en particular.

Nota de traducción: los *odds ratio* tienen muchas traducciones diferentes al español, lo que hace complicado explicarlos con un término que se use de

manera generalizada en español. En México ha sido muy común llamarles *razón de momios*, pero *momio* es un término de lugares de apuestas que prácticamente sólo se usa en México. En esta traducción usamos la sugerencia de Tapia y Nieto (1993) en su artículo “Razón de posibilidades: una propuesta de traducción de la expresión *odds ratio*” publicado en la revista Salud Pública en México. Por lo que aquí traducimos *odds* como *posibilidades* y *odds ratio* como *razón de posibilidades*.

6.10 ¿Qué significan las probabilidades?

Podría sorprenderte que es un poco extraño hablar acerca de la probabilidad de que una persona tenga cáncer dependiendo del resultado de una prueba; después de todo, la persona tiene o no tiene cáncer. Históricamente, han habido dos maneras diferentes en que se han interpretado las probabilidades. La primera (conocida como la interpretación *frecuentista*) interpreta las probabilidades en términos de frecuencias a largo plazo. Por ejemplo, en el caso del lanzamiento de moneda, reflejaría las frecuencias relativas de obtener cara en el largo plazo después de un gran número de lanzamientos. Mientras que esta interpretación puede hacer sentido para eventos que pueden ser repetidos muchas veces como un lanzamiento de moneda, hace menos sentido para eventos que sólo sucederán una vez, como la vida de una persona o una elección presidencial en particular; y como dijo famosamente el economista John Maynard Keynes, “En el largo plazo, todos estaremos muertos” (“In the long run, we are all dead”).

La otra interpretación de probabilidades (conocida como la interpretación *Bayesiana*) es como un grado de creencia en una proposición particular. Si yo te preguntara “¿Qué tan probable que los EUA regresarán a la Luna en 2040?” tú podrías dar una respuesta a esta pregunta basada en tu conocimiento y en tus creencias, aunque no haya ninguna frecuencia relevante para calcular una probabilidad frecuentista. Una manera en que frecuentemente encuadramos las probabilidades subjetivas es en términos de la disposición a aceptar una apuesta en particular. Por ejemplo, si tu crees que la probabilidad de que EUA llegue a la Luna en 2040 es 0.1 (i.e. posibilidades de 9 a 1), entonces eso significa que deberías estar dispuesto a aceptar una apuesta que pagara posibilidades de 9 a 1 o más si el evento sí ocurriera.

Como veremos, estas dos diferentes definiciones de probabilidad son muy relevantes para las dos maneras en que los estadísticos piensan sobre las pruebas de hipótesis estadísticas, que nos encontraremos en capítulos posteriores.

6.11 Objetivos de Aprendizaje

Habiendo leído este capítulo, deberías ser capaz de:

- Describir el espacio muestral para un experimento aleatorio seleccionado.
- Calcular la frecuencia relativa y probabilidad empírica para un conjunto de eventos dado.
- Calcular las probabilidades de eventos simples, eventos complementarios, y la unión e intersección de conjuntos de eventos.
- Describir la ley de números grandes.
- Describir la diferencia entre una probabilidad y una probabilidad condicional.
- Describir el concepto de independencia estadística.
- Usar el teorema de Bayes para calcular la probabilidad condicional inversa.

6.12 Lecturas sugeridas

- *The Drunkard's Walk: How Randomness Rules Our Lives*, por Leonard Mlodinow.
- *Ten Great Ideas about Chance*, por Persi Diaconis y Brian Skyrms.

6.13 Apéndice

6.13.1 Derivación de la regla de Bayes

Primero, recuerda la regla para calcular una probabilidad condicional:

$$P(A|B) = \frac{P(A \cap B)}{P(B)}$$

Podemos reordenar esto para obtener la fórmula para calcular la probabilidad conjunta usando la condicional:

$$P(A \cap B) = P(A|B) * P(B)$$

Usando esto podemos calcular la probabilidad inversa:

$$P(B|A) = \frac{P(A \cap B)}{P(A)} = \frac{P(A|B) * P(B)}{P(A)}$$

Chapter 7

Muestreo

Una de las ideas fundamentales en estadística es que podemos hacer inferencias acerca de una población completa basadas en una muestra relativamente pequeña de individuos de esa población. En este capítulo vamos a introducir el concepto estadístico de muestreo (*sampling*) y discutiremos cómo funciona.

Cualquiera viviendo en Estados Unidos está familiarizado con el concepto de muestreo de las encuestas políticas que se han convertido en un tema central de nuestro proceso electoral. En algunos casos, estas encuestas pueden ser increíblemente acertadas al predecir los resultados de las elecciones. El mejor ejemplo proviene de las elecciones presidenciales de 2008 y 2012, cuando el encuestador Nate Silver predijo correctamente los resultados de 49 de 50 estados en 2008 y todos los 50 estados en 2012. Silver hizo esto mediante la combinación de 21 diferentes encuestas, las cuales varían en el grado en que tienden a inclinarse ya sea al lado republicano o demócrata. Cada una de estas encuestas incluye datos de 1000 votantes – lo que significa que Silver fue capaz de casi predecir perfectamente el patrón de los votos de más de 125 millones de votantes utilizando datos de aproximadamente 21,000 personas, junto con otros conocimientos (tales como la forma en la que estos estados han votado en el pasado).

7.1 ¿Cómo hacemos una muestra?

Nuestro objetivo en el muestreo es determinar el valor de una estadística para una población entera de interés, utilizando únicamente un subconjunto de dicha población. Hacemos esto primeramente para ahorrar tiempo y esfuerzo – ¿por qué iríamos tras la batalla de medir cada individuo en la población si con una pequeña muestra es más que suficiente para estimar precisamente la estadística de interés?

En el ejemplo de las elecciones, la población son todos los votantes registrados en la región siendo encuestada, y la muestra es el conjunto de los 1000 individuos seleccionados por la organización encuestada. La manera en la que seleccionamos la muestra es crítica para asegurar que la muestra es *representativa* de la población entera, el cual es el objetivo principal del muestreo estadístico. Es fácil imaginar una muestra no representativa; si unx encuestadorx únicamente llama a personas cuyos nombres haya recibido del partido demócrata, entonces sería poco probable que los resultados de la encuesta fueran representativos de una población completa. En general, definiríamos una encuesta representativa como una en la que cada miembro de la población tiene la misma oportunidad de ser seleccionado. Cuando esto falla, tenemos entonces que preocuparnos acerca de si la estadística que calculamos está *sesgada* - esto es, si el valor es sistemáticamente diferente del valor poblacional (al que nos referimos como *parámetro*). Mantén en mente que generalmente no conocemos este parámetro poblacional, ¡porque si lo supiéramos no necesitaríamos hacer una muestra! Pero usaremos ejemplos donde tenemos acceso a una población entera, para poder explicar algunas ideas clave.

Es importante distinguir entre dos modos muy diferentes de muestreo: con reemplazo versus sin reemplazo. En el muestreo *con reemplazo*, después de que un miembro de la población ha sido muestreado, es puesto de regreso al grupo para que pueda ser potencialmente muestrado otra vez. En el muestreo *sin reemplazo*, una vez que lxs miembrxs han sido muestreadxs no son elegibles para ser muestreados otra vez. Es más común utilizar el muestreo sin reemplazo, pero hay algunos contextos en los cuales vamos a utilizar el muestreo con reemplazo, como cuando discutimos la técnica llamada *bootstrapping* en el capítulo 8.

7.2 Error de muestreo

Independientemente de qué tan representativa sea nuestra muestra, es muy probable que la estadística que calculemos de esa muestra vaya a diferir al menos ligeramente del parámetro poblacional. Nos referimos a esto como *error de muestreo* (*sampling error*). Si tomamos múltiples muestras, el valor de nuestro estimado estadístico va a variar de muestra a muestra; nos referimos a esta distribución de nuestra estadística a lo largo de diferentes muestras como *distribución muestral*.

El error de muestreo está directamente relacionado a la calidad de nuestra medición de la población. Claramente queremos que los estimados obtenidos de nuestra muestra sean lo más cercanos posible al verdadero valor del parámetro poblacional. Sin embargo, incluso cuando nuestra estadística no está sesgada (esto es, que esperamos que tenga el mismo valor que el parámetro poblacional), el valor para cualquier estimado particular va a diferir del valor poblacional, y esas diferencias van a ser mayores cuando el error de muestreo sea mayor. De este modo, reducir el error de muestreo es un paso importante para mejorar la medición.

Vamos a usar el conjunto de datos NHANES como ejemplo; vamos a asumir que el conjunto de datos NHANES es toda nuestra población de interés, y luego extraeremos muestras de datos aleatorios de dicha población. Mencionaremos más en el siguiente capítulo acerca de cómo funcionan las muestras “aleatorias” en un software estadístico.

En este ejemplo, sabemos que la media de la población adulta es (168.35) y la desviación estándar (10.16) para la altura porque estamos asumiendo que el conjunto de datos NHANES es la población. La Tabla 7.1 muestra estadísticos calculados de algunas muestras de 50 personas de la población NHANES.

La media y la desviación estándar de la muestra son similares pero no exactamente iguales a los valores de la población. Ahora tomemos una gran cantidad de muestras de 50 individuos, calculemos la media de cada muestra y observemos la distribución muestral de medias resultante. Tenemos que decidir cuántas muestras tomar para hacer un buen trabajo en la estimación de la distribución muestral – en este caso, tomaremos 5000 muestras para estar muy seguros de la respuesta. Ten en cuenta que simulaciones como esta a veces pueden tardar unos minutos en ejecutarse y pueden hacer que

Table 7.1: Ejemplos de medias y desviaciones estándar para varios ejemplos de la variable de Altura de NHANES.

sampleMean	sampleSD
167	9.1
171	8.3
170	10.6
166	9.5
168	9.5

tu computadora resople y reniege. El histograma de la Figura 7.1 muestra que las medias estimadas para cada una de las muestras de 50 individuos varían un poco, pero que en general se centran en la media de la población. El promedio de las 5000 medias muestrales (168.3463) está muy cerca de la media poblacional real (168.3497).

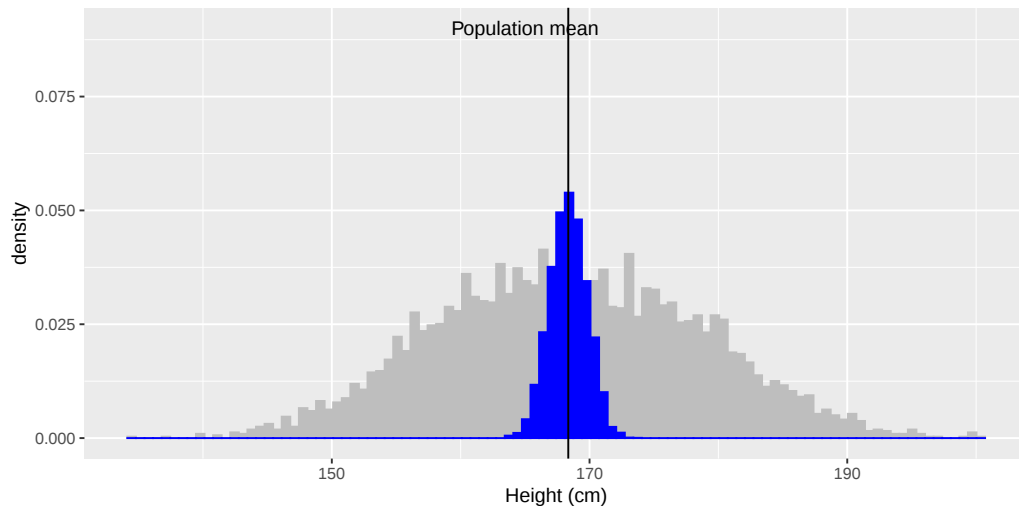


Figure 7.1: El histograma azul muestra la distribución muestral de la media de más de 5000 muestras aleatorias del conjunto de datos NHANES. El histograma del conjunto de datos completo se muestra en gris como referencia.

7.3 Error estándar de la media

Más adelante en el libro será esencial poder caracterizar qué tan variables son nuestras muestras, para poder hacer inferencias sobre la estadística de la muestra. Para la media, hacemos esto utilizando una cantidad llamada *error estándar de la media* (SEM, *standard error of the mean*), podemos pensar en ella como la desviación estándar de la distribución muestral de las medias. Para calcular el error estándar de la media para nuestra muestra, dividimos la desviación estándar estimada entre la raíz cuadrada del tamaño de la muestra:

$$SEM = \frac{\hat{\sigma}}{\sqrt{n}}$$

Nota que tenemos que ser cuidadosos al calcular el error estándar de la media utilizando la desviación estándar estimada si nuestra muestra es pequeña (menor que 30).

Debido a que tenemos muchas muestras de la población NHANES y realmente conocemos el SEM de la población (que calculamos dividiendo la desviación estándar de la población entre el tamaño de la población), podemos confirmar que el SEM que se calculó usando el parámetro de población (1.44) está muy cerca de la desviación estándar observada de las medias para las muestras que tomamos del conjunto de datos NHANES (1.43).

La fórmula para el error estándar de la media implica que la calidad de nuestra medición involucra dos cantidades: la variabilidad de la población y el tamaño de nuestra muestra. Dado que el tamaño de la muestra es el denominador en la fórmula de SEM, un tamaño de muestra más grande producirá un SEM más pequeño cuando se mantiene constante la variabilidad de la población. No tenemos control sobre la variabilidad de la población, pero *sí* tenemos control sobre el tamaño de la muestra. Por lo tanto, si deseamos mejorar nuestras estadísticas muestrales (reduciendo su variabilidad muestral), entonces deberíamos utilizar muestras más grandes. Sin embargo, la fórmula también nos dice algo muy fundamental sobre el muestreo estadístico, a saber, que la utilidad de muestras más grandes disminuye con la raíz cuadrada del tamaño de la muestra. Esto significa que duplicar el tamaño de la muestra *no* duplicará la calidad de las estadísticas; más bien, lo mejorará

en un factor de $\sqrt{2}$. En la Sección 10.3 discutiremos la potencia estadística, que está íntimamente ligada a esta idea.

7.4 El teorema del límite central

El teorema del límite central nos dice que a medida que el tamaño de la muestra aumenta, la distribución muestral de la media se distribuirá normalmente, *incluso si los datos dentro de cada muestra no se distribuyen normalmente*.

Primero, comentemos un poco sobre la distribución normal. También se conoce como la distribución *gaussiana*, en honor a Carl Friedrich Gauss, un matemático que no la inventó pero que jugó un papel en su desarrollo. La distribución normal se describe en términos de dos parámetros: la media (que puede considerarse como la ubicación del pico) y la desviación estándar (que especifica el ancho de la distribución). La forma de campana de la distribución nunca cambia, solo su ubicación y ancho. La distribución normal se observa comúnmente en los datos recopilados en el mundo real, como ya hemos visto en el capítulo 3 – y el teorema del límite central nos da una idea de por qué ocurre eso.

Para ver el teorema del límite central en acción, trabajemos con la variable *AlcoholYear* del conjunto de datos NHANES, que está muy sesgada, como se muestra en el panel izquierdo de la Figura 7.2. Esta distribución es, a falta de una palabra mejor, original – y definitivamente no se distribuye normalmente. Ahora veamos la distribución muestral de la media de esta variable. La Figura 7.2 muestra la distribución muestral para esta variable, que se obtiene extrayendo repetidamente muestras de tamaño 50 del conjunto de datos NHANES y tomando la media. A pesar de la clara no normalidad de los datos originales, la distribución muestral es notablemente cercana a la normal.

El teorema de límite central es importante para la estadística porque nos permite asumir con seguridad que la distribución de muestreo de la media va a ser normal en la mayoría de los casos. Esto significa que podemos tomar ventaja de las técnicas estadísticas que asumen una distribución normal, como veremos en la próxima sección. Es también importante porque nos dice por qué las distribuciones normales son tan comunes en el mundo real; siempre que combinamos factores diferentes en un solo número, el resultado

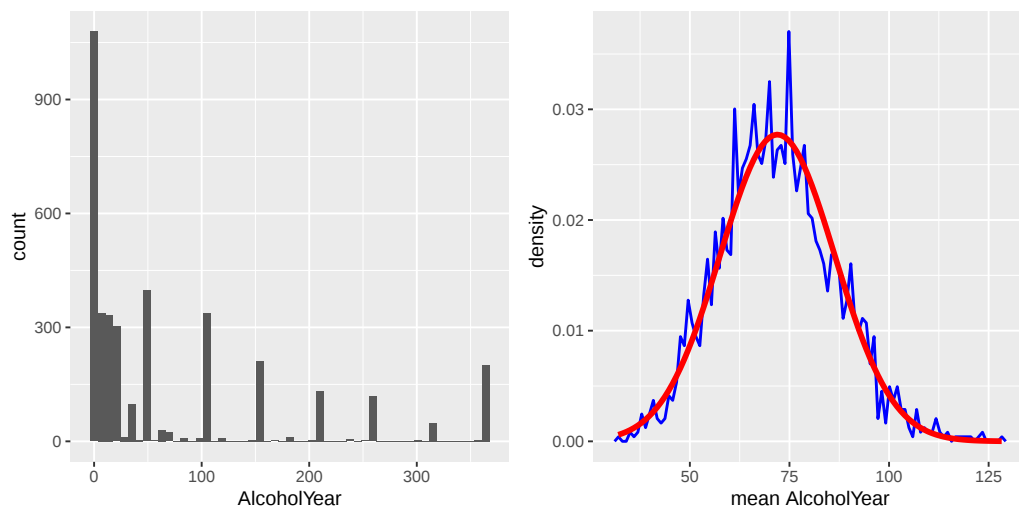


Figure 7.2: Izquierda: Distribución de la variable `AlcoholYear` en el conjunto de datos NHANES, la cual refleja el número de días que el individuo bebió en el año. Derecha: La distribución de muestreo de la media para `AlcoholYear` en el conjunto de datos NHANES, obtenido dibujando muestras repetidas de tamaño 50, en azul. La distribución normal con la misma media y misma desviación estándar está mostrada en rojo.

muy probablemente será una distribución normal. Por ejemplo, la altura de cualquier adulto depende en una compleja mezcla de su genética y experiencia; incluso si las contribuciones individuales pueden no estar normalmente distribuidas, cuando las combinemos el resultado es una distribución normal.

7.5 Objetivos de aprendizaje

Al haber leído este capítulo, tu deberías de ser capaz de:

- Distinguir entre una población y una muestra, y entre parámetros de población y estadísticas de muestra
- Describir los conceptos de error muestral y distribución muestral.
- Calcular el error estándar de la media.
- Describir cómo el teorema del límite central determina la naturaleza de la distribución muestral de la media.

7.6 Lecturas sugeridas

- *The Signal and the Noise: Why So Many Predictions Fail - But Some Don't*, por Nate Silver.

Chapter 8

Remuestreo y Simulación

El uso de las simulaciones en computadora se ha convertido en un aspecto esencial de la estadística moderna. Por ejemplo, uno de los libros más importantes en informática práctica se llama “Recetas numéricas,” y recita lo siguiente:

“Si nos ofrecieran la opción entre tener el dominio de una estantería de cinco pies llena de libros de estadística y una mediana capacidad para realizar simulaciones estadísticas a lo Montecarlo, seguramente elegiríamos la segunda opción.”

En este capítulo hablaremos del concepto de una simulación Montecarlo y discutiremos cómo puede ser usada para realizar análisis estadísticos.

8.1 Simulación Montecarlo

El concepto de la simulación Montecarlo fue ideada por los matemáticos Stan Ulam y Nicholas Metropolis, quienes estuvieron trabajando para desarrollar un arma atómica para los Estados Unidos de América, como parte del Proyecto Manhattan. Necesitaban calcular el promedio de la distancia que recorrería un neutrón en una sustancia antes de que chocara con un núcleo atómico, pero no pudieron calcular esto usando matemáticas estándar.

Ulam notó que estos cálculos podían ser simulados usando números aleatorios, justo como un juego de casino. En un juego de casino, como la ruleta, los números son generados de manera aleatoria; para estimar la probabilidad de un resultado específico, uno podría jugar el juego cientos de veces. El tío de Ulam había jugado en el casino Montecarlo en Mónaco, de ahí viene el nombre para esta nueva técnica.

Hay cuatro pasos a seguir para realizar una simulación Montecarlo:

1. Definir el dominio posible de los valores.
2. Generar números al azar dentro de ese dominio a partir de una distribución de probabilidad.
3. Realizar un cálculo usando números aleatorios .
4. Combinar los resultados a través de muchas repeticiones .

Como un ejemplo, digamos que quiero descubrir cuánto tiempo debo dejar para un test en clase. Pretenderemos por el momento que sabemos que la distribución del tiempo para completar el test es normal, con una media de 5 minutos y una desviación estándar de 1 minuto. Sabiendo esto, ¿qué tan extenso debe ser el periodo de tiempo para que esperemos que todos los estudiantes terminen el examen el 99% de las veces? Hay dos formas de resolver este problema. El primero es calculando la respuesta usando una teoría matemática conocida como estadística de valores extremos. No obstante, esto requiere matemáticas complejas. De forma alternativa, podríamos usar el método de Montecarlo. Para hacer esto, necesitamos generar muestras aleatorias obtenidas de una distribución normal.

8.2 Aleatoriedad en Estadística

El término “aleatorio” es usado coloquialmente para describir cosas que son bizarras o inesperadas, pero en estadística el término tiene un significado específico: Un proceso se considera *aleatorio* si es impredecible. Por ejemplo, si lanzo una moneda 10 veces, el valor del resultado de una vez que la lances no va a predecir el resultado de la segunda vez que la lances. Es importante destacar que el hecho de que algo es impredecible, no quiere decir que no es determinista. Por ejemplo, cuando lanzamos una moneda, el resultado de

ésta está determinada por las leyes de la física; si supiéramos que todas las condiciones con suficiente detalle, podríamos predecir el resultado de cuando lancemos la moneda. De cualquier forma, son muchos factores los que se combinan para hacer el resultado del lanzamiento de la moneda impredecible en la práctica.

Lxs psicólogxs han demostrado que lxs humanxs tienen un sentido algo ineficiente para la aleatoriedad. En primera instancia, tendemos a ver patrones en donde no existen. De forma extrema, esto nos lleva al fenómeno de la *pareidolia*, en el cual las personas tienden a percibir objetos familiares en patrones aleatorios (como ver una nube con una rostro humano, o ver a la Virgen María en un pedazo de pan tostado). En segunda instancia, lxs humanxs tienden a pensar en procesos aleatorios como una forma de auto-corrección, lo cual nos lleva a creer que vamos a ganar después de varias rondas de perder un juego de azar, un fenómeno llamado “la falacia del jugador.”

8.3 Generando números aleatorios

Hacer correr una simulación con el método de Montecarlo requiere que generemos números aleatorios. Para generar números genuinamente aleatorios (por ejemplo, números que son completamente impredecibles) es solamente posible a través de procesos físicos, como el decaimiento de átomos o el rodar unos dados, los cuales son difíciles de obtener o muy lentos como para que sean útiles en una simulación en computadora (aunque pueden obtenerse mediante [NIST Randomness Beacon](#)).

En general, en lugar de números verdaderamente aleatorios, podemos usar números *pseudo-aleatorios*, generados utilizando un algoritmo de computadora; estos números pueden aparentar ser aleatorios en el sentido de que son difíciles de predecir, pero las series de números eventualmente se repetirán en algún punto. Por ejemplo, el generador de números aleatorios utilizados en R se repetirán después de $2^{19937} - 1$ números. Eso es mucho más que el número de segundos en la historia de universo, y generalmente pensamos que esto funciona para la mayoría de los propósitos en análisis estadísticos.

La mayoría de los softwares estadísticos incluyen funciones para generar números aleatorios para cada una de las grandes distribuciones de probabilidad, tal como la distribución uniforme (todos los valores entre 0 y 1 son

igualmente probables), la distribución normal y la distribución binominal (por ejemplo, echar los dados o lanzar una moneda). La Figura 8.1 muestra ejemplos de números generados a partir de funciones de distribución uniformes y normales.

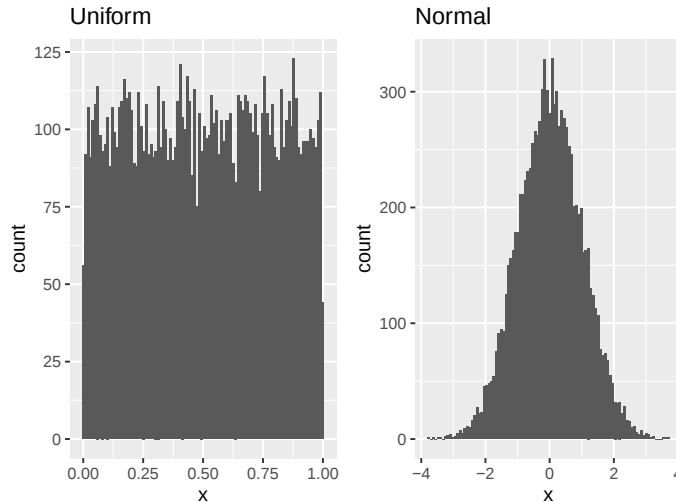


Figure 8.1: Ejemplos de números aleatorios generados a partir de una distribución uniforme (izquierda) y normal (derecha).

Unx puede también generar números aleatorios para cualquier distribución utilizando una función de *cuantil* para la distribución. Esto es lo inverso de la función de distribución acumulativa; en lugar de identificar las probabilidades acumulativas de un conjunto de valores, la función de cuantiles identifica los valores para un conjunto de probabilidades acumulativas. Usando la función de cuantiles, podemos generar números aleatorios de una distribución uniforme, y después mapearlos en la distribución de interés mediante su función de cuantil.

Por la forma en la que están creados, los generadores de números aleatorios en software estadísticos generan diferentes grupos de números aleatorios cada vez que los eches a correr. Sin embargo, también es posible que generen el mismo grupo de números aleatorios al configurar lo que se llama *semilla aleatoria* (o por su nombre en inglés *random seed*) en un valor específico. Haremos esto en muchos ejemplos en este libro, con el propósito de asegu-

rarnos que los ejemplos sean reproducibles.

8.4 Utilizando una simulación con el Método de Montecarlo

Regresemos a nuestro ejemplo sobre los tiempos de finalización de un examen. Digamos que administro tres pruebas y grabo los tiempos en que cada alumno termina su examen, lo cual se vería como las distribuciones que se presentan en la Figura 8.2.

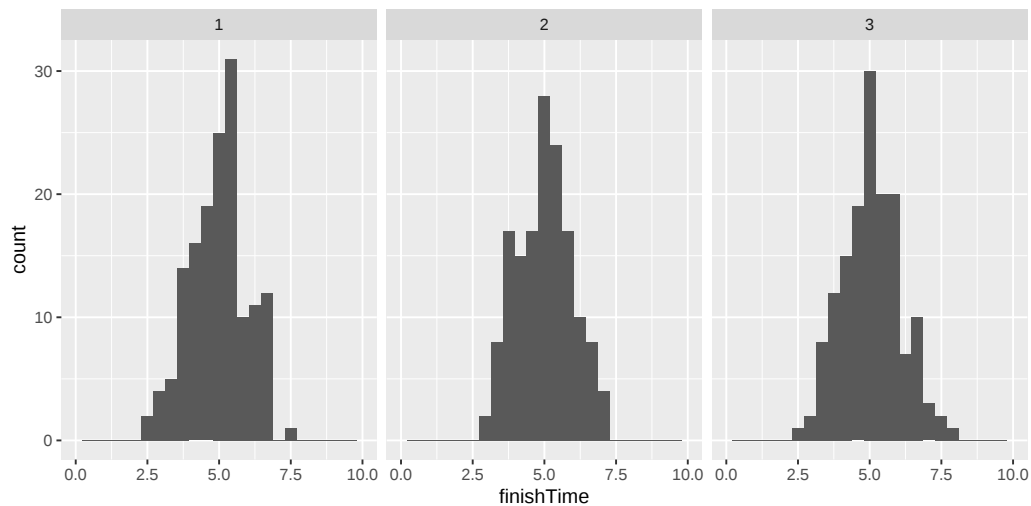


Figure 8.2: Distribuciones de simulaciones de tiempos de término del examen.

Lo que realmente queremos saber para contestar nuestra pregunta no es cómo se ve la distribución de los tiempos de finalización del examen, sino más bien cómo se ve la distribución del tiempo *más largo* de finalización de cada examen. Para hacer eso, podemos simular el tiempo de finalización para cada examen, asumiendo que los tiempos de finalización están distribuidos de forma normal, como hemos establecido arriba; para cada uno de estas simulaciones de exámenes, después registramos el tiempo más largo de finalización. Repetimos esta simulación un gran número de veces (5000 debería

ser suficiente) y luego registramos la distribución de los tiempos de finalización, lo cual se muestra en la Figura 8.3.

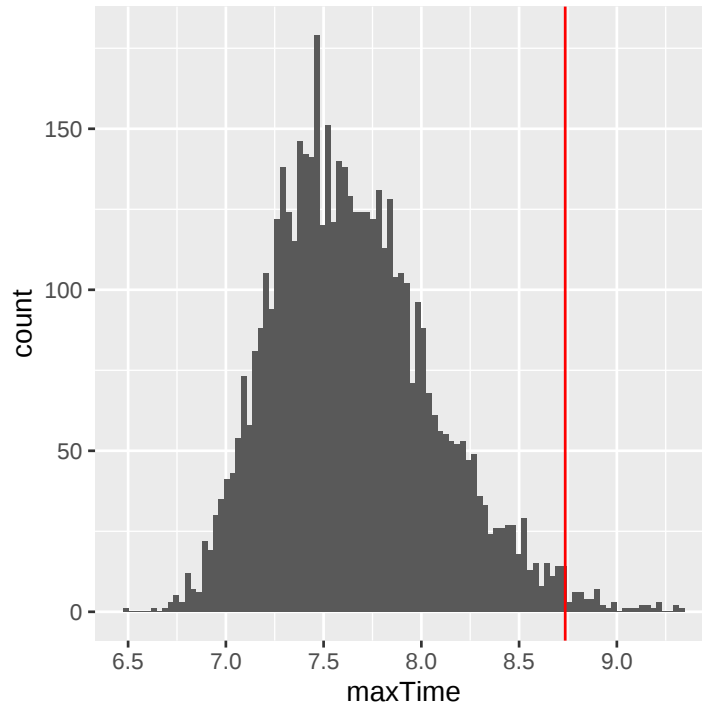


Figure 8.3: Distribución de tiempos máximos de finalización de examen a lo largo de diferentes simulaciones.

Esto muestra que el percentil número 99 de la distribución de la finalización del examen se encuentra en 8.74, lo cual significa que si diéramos esa cantidad de tiempo para el examen, entonces al menos el 99% de las veces todas las personas terminarían el examen a tiempo. Siempre es importante recordar que nuestras suposiciones importan— si están mal, entonces los resultados de la simulación serán inservibles. En este caso, asumimos que la distribución del tiempo de finalización estaba distribuido normalmente con una media y una desviación estándar en particular; si estas suposiciones son incorrectas (y casi ciertamente lo son, puesto que es raro que los tiempos de finalización tengan una distribución normal), entonces la respuesta real podría ser muy diferente.

8.5 Usando simulaciones para estadística: bootstrap

Hasta ahora hemos utilizado simulaciones para demostrar principios estadísticos, pero también podemos usar simulaciones para responder a preguntas estadísticas reales. En esta sección vamos a presentar un concepto conocido como el *bootstrap* (por su nombre en inglés, que no tiene traducción al español), este nos permite usar simulaciones para cuantificar la incertidumbre de estimaciones estadísticas. Más tarde en este curso, veremos otros ejemplos de cómo la simulación puede ser utilizada en muchas ocasiones para responder preguntas estadísticas, en especial, cuando los métodos de teoría estadística no están disponibles o sus suposiciones son muy difíciles de cumplir.

8.5.1 Calculando el bootstrap

En el capítulo anterior, utilizamos nuestro conocimiento del muestreo de la distribución de la media para calcular el error estándar de la media. Pero ¿qué pasa si no podemos asumir que las estimaciones están distribuidas de forma normal, o si no sabemos su distribución? La idea del bootstrap es usar los mismos datos para estimar la respuesta. El nombre viene de la idea de levantarse a unx mismx por las agujetas de sus propias botas, expresando la idea de que no necesitamos herramientas externas para utilizar como palanca, así que tenemos que asirnos de los mismos datos. El método bootstrap fue acuñado por Bradley Efron en el Departamento de Estadística de Stanford, quien es uno de los estadísticos más influyentes del mundo.

La idea detrás del bootstrap es que repetidamente tomamos muestras del conjunto de datos real; lo que es más importante, muestreamos *con reemplazo*, de modo que el mismo punto de datos a menudo terminará representado varias veces en una de las muestras. Después calculamos nuestro estadístico de interés en cada una de las muestras del bootstrap, y utilizamos la distribución de esos estimados como nuestra distribución muestral. En cierto sentido, tratamos a nuestra muestra como si fuera la población completa, y luego muestreamos repetidamente con reemplazo para generar nuestras muestras para el análisis. Esto se basa en la suposición de que nuestra muestra particular es una representación precisa de la población, lo cual es razonablemente probable para muestras grandes, pero puede quebrantarse cuando las

muestras son pequeñas.

Comencemos utilizando el bootstrap para estimar la distribución muestral de la media de alturas de personas adultas en la base de datos NHANES, para que podamos comparar el resultado del error estándar de la media (SEM, *standard error of the mean*), que mencionamos hace unos momentos.

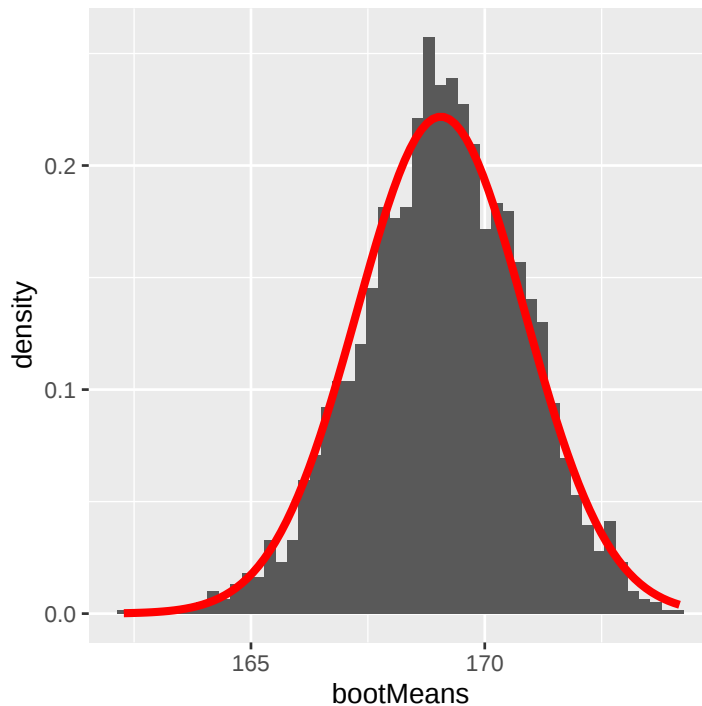


Figure 8.4: Un ejemplo de cálculo de bootstrap del error estándar de la media (SEM) de altura de personas adultas en la base de datos NHANES. El histograma muestra la distribución de las medias a lo largo de las diferentes muestras bootstrap, mientras que la línea roja muestra la distribución normal basada en la media y desviación estándar de la muestra.

La Figura 8.4 muestra que la distribución de la media a través de las muestras del bootstrap es muy cercana al estimado teórico basado en la suposición de normalidad. Usualmente no usaríamos el bootstrap para calcular intervalos de confianza de la media (puesto que generalmente podemos asumir que la distribución normal es apropiada para la distribución muestral de la media, siempre y cuando nuestra muestra sea lo suficientemente grande),

pero este ejemplo muestra cómo este método nos brinda aproximadamente el mismo resultado que el método estándar basado en la distribución normal. El bootstrap sería más comúnmente usado para generar errores estándar para estimaciones de otros estadísticos donde sabemos o sospechamos que la distribución normal no es apropiada. Además, en un capítulo posterior revisarás cómo podemos usar también muestras de bootstrap para generar estimaciones de incertidumbre del estadístico de nuestra muestra.

8.6 Objetivos de aprendizaje

Después de haber leído este capítulo, deberías ser capaz de:

- Describir el concepto del método de Montecarlo.
- Describir el significado de la aleatoriedad en estadística.
- Describir cómo son generados los números pseudo-aleatorios.
- Describir el concepto de bootstrap.

8.7 Lecturas sugeridas

- *Computer Age Statistical Inference: Algorithms, Evidence and Data Science*, por Bradley Efron y Trevor Hastie.

Chapter 9

Prueba de hipótesis

En el primer capítulo discutimos los tres grandes objetivos de la estadística:

- Describir
- Decidir
- Predecir

En este capítulo presentaremos las ideas detrás del uso de la estadística para tomar decisiones – en particular, decisiones acerca de si una hipótesis en particular es apoyada por los datos.

9.1 Prueba Estadística de Hipótesis Nula (Null Hypothesis Statistical Testing, NHST)

El tipo específico de prueba de hipótesis que discutiremos es conocido (por razones que serán claras más adelante) como *prueba estadística de hipótesis nula* (*null hypothesis statistical testing*, NHST). Si tomaras casi cualquier publicación científica o biomédica, verías la NHST siendo usada para probar hipótesis, y en su libro de texto de introducción a la psicología, Gerrig & Zimbardo (2002) se refirieron a la NHST como el “pilar de la investigación psicológica.” Por lo tanto, aprender cómo usar e interpretar los resultados

de la prueba de hipótesis es esencial para entender los resultados de muchos campos de investigación.

También es importante que sepas, sin embargo, que la NHST tiene serias fallas, y muchos estadísticos e investigadores (incluyéndome) piensan que esto ha sido la causa de problemas serios en la ciencia, que discutiremos en el Capítulo 17. Por más de 50 años, ha habido llamados para abandonar la NHST en favor de otras aproximaciones (como aquellas que discutiremos en los siguientes capítulos):

- “La prueba de significatividad estadística en la investigación psicológica podría considerarse como un ejemplo de un tipo de sinsentido fundamental en el desarrollo de la investigación” [“The test of statistical significance in psychological research may be taken as an instance of a kind of essential mindlessness in the conduct of research”] (Bakan, 1966)
- La prueba de hipótesis es “una visión errada acerca de lo que constituye el progreso científico” [Hypothesis testing is “a wrongheaded view about what constitutes scientific progress”] (Luce, 1988)

NHST también es ampliamente malentendida, en gran medida porque va contra nuestras intuiciones acerca de cómo debería funcionar una prueba estadística de hipótesis. Veamos un ejemplo para observar esto.

9.2 Prueba estadística de hipótesis nula: Un ejemplo

Hay un gran interés en el uso de cámaras llevadas en el cuerpo por oficiales de policía, que se piensa que reducen el uso de la fuerza y mejoran el comportamiento del oficial. Sin embargo, para poder establecer esto necesitamos evidencia experimental, y se ha vuelto cada vez más común que los gobiernos usen ensayos controlados aleatorizados (*randomized control trials*) para probar este tipo de ideas. Un ensayo controlado aleatorizado de la efectividad del uso de cámaras en el cuerpo fue realizado por el gobierno de Washington, DC, y el DC Metropolitan Police Department en 2015/2016. Los oficiales fueron asignados de manera aleatoria a usar cámaras en el cuerpo o no, y su

comportamiento fue seguido por un tiempo para determinar si las cámaras resultaron en menor uso de la fuerza y menos quejas de civiles acerca del comportamiento del oficial.

Antes de que lleguemos a los resultados, preguntémonos cómo piensas que el análisis estadístico debería funcionar. Digamos que queremos específicamente probar la hipótesis de si el uso de la fuerza disminuye por el uso de las cámaras. El ensayo controlado aleatorizado nos provee con los datos para probar la hipótesis – concretamente, la frecuencia de uso de la fuerza por oficiales asignados ya sea al grupo de cámara o al grupo control. El siguiente paso obvio es mirar los datos y determinar si proveen evidencia convincente a favor o en contra de esta hipótesis. Esto es: ¿Cuál es la probabilidad de que las cámaras usadas en el cuerpo reduzcan el uso de la fuerza, dados los datos y todo lo demás que sabemos?

Resulta que esta *no* es la manera en que funciona la prueba de hipótesis nula. En su lugar, primero tomamos nuestra hipótesis de interés (i.e. que las cámaras usadas en el cuerpo reducen el uso de la fuerza), y la volteamos de cabeza, creando una *hipótesis nula* – en este caso, la hipótesis nula sería que las cámaras no reducen el uso de la fuerza. De manera importante, luego de esto asumimos que la hipótesis nula es verdadera. Después miramos los datos, y determinamos qué tan probable serían estos datos si la hipótesis nula fuera cierta. Si los datos son lo suficientemente improbables bajo la hipótesis nula, entonces podemos rechazar la nula en favor de la *hipótesis alternativa* que es nuestra hipótesis de interés. Si no hay suficiente evidencia para rechazar la nula, entonces decimos que conservamos (o “fallamos en rechazar”) la nula, quedándonos con nuestra suposición inicial de que la nula es cierta.

El entender algunos de los conceptos de NHST, particularmente el notable “valor p,” es invariablemente desafiante la primera vez que uno se encuentra con ellos, porque son tan contra-intuitivos. Como veremos después, existen otras aproximaciones que proveen maneras más intuitivas para abordar la prueba de hipótesis (pero tienen sus propias complejidades). Sin embargo, antes de que lleguemos a esas, es importante que tengas una comprensión profunda de cómo funciona la prueba de hipótesis, porque claramente no se irá a ningún lado pronto.

9.3 El proceso de la prueba de hipótesis nula

Podemos descomponer el proceso de la prueba de hipótesis nula en un número de pasos:

1. Formula una hipótesis que represente nuestra predicción (*antes de ver los datos*).
2. Especifica las hipótesis nula y alternativa.
3. Recolecta datos relevantes para la hipótesis.
4. Ajusta el modelo a los datos que representen la hipótesis alternativa y calcula un estadístico de prueba.
5. Calcula la probabilidad del valor observado de ese estadístico asumiendo que la hipótesis nula es verdadera.
6. Evalúa la “significatividad estadística” del resultado.

Para un ejemplo práctico, usemos la base de datos NHANES para hacernos la siguiente pregunta: ¿La actividad física está relacionada con el índice de masa corporal? En NHANES, los participantes respondieron si se involucran regularmente en deportes moderados o de intensidad vigorosa, *fitness*, o actividades recreativas (guardado en la variable *PhysActive*). Lxs investigadorxs también midieron la altura y el peso y los usaron para calcular el *Índice de Masa Corporal* (IMC, o *BMI* por el término en inglés *Body Mass Index*):

$$IMC = \frac{\text{peso}(kg)}{\text{altura}(m)^2}$$

9.3.1 Paso 1: Formular una hipótesis de interés

Hipotetizamos que el IMC es mayor en las personas que no se involucran en actividades físicas, comparado con aquellas que sí lo hacen.

9.3.2 Paso 2: Especifica las hipótesis nula y alternativa

Para el paso 2, necesitamos especificar nuestra hipótesis nula (que llamaremos H_0) y nuestra hipótesis alternativa (que llamaremos H_A). H_0 es la línea

base contra la que probamos nuestra hipótesis de interés: esto es, ¿cómo esperaríamos que se vieran los datos si no hubiera un efecto? La hipótesis nula siempre involucra algún tipo de igualdad ($=$, $\leq$, o $\geq$). H_A describe lo que esperaríamos si realmente hubiera un efecto. La hipótesis alternativa siempre involucra algún tipo de diferencia/desigualdad ($\neq$, $>$, o $<$). De manera importante, la prueba de hipótesis nula opera bajo la suposición de que la hipótesis nula es verdadera a menos que la evidencia demuestre lo contrario.

También tenemos que decidir si queremos probar una hipótesis *direccional* o *no direccional*. Una hipótesis no direccional simplemente predice que habrá una diferencia, sin predecir en qué dirección irá. Para el ejemplo de IMC/actividad, una hipótesis nula no direccional sería:

$$H_0 : IMC_{activo} = IMC_{inactivo}$$

y la correspondiente hipótesis alternativa no direccional sería:

$$H_A : IMC_{activo} \neq IMC_{inactivo}$$

Una hipótesis direccional, por otro lado, predice en qué dirección irá la diferencia. Por ejemplo, tenemos conocimiento previo fuerte para predecir que la gente que se involucre en actividad física debería pesar menos que aquellos que no lo hacen, por lo tanto podríamos proponer la siguiente hipótesis nula direccional:

$$H_0 : IMC_{activo} \geq IMC_{inactivo}$$

y la alternativa direccional:

$$H_A : IMC_{activo} < IMC_{inactivo}$$

Como veremos más tarde, probar una hipótesis no direccional es más conservador, por lo que esto es lo que generalmente se prefiere a menos que haya alguna razón fuerte *a priori* para hipotetizar un efecto en una dirección en particular. ¡Las hipótesis, incluyendo si son direccionales o no, siempre deberán ser especificadas antes de ver los datos!

9.3.3 Paso 3: Recolectar datos

En este caso, seleccionaremos una muestra de 250 personas de la base de datos NHANES. La Figura 9.1 muestra un ejemplo de esa muestra, con el

Table 9.1: Resumen de datos de IMC para personas activas vs inactivas

PhysActive	N	mean	sd
No	131	30	9.0
Yes	119	27	5.2

IMC mostrado separando a las personas activas e inactivas, y la Tabla 9.1 muestra un resumen estadístico de cada grupo.

9.3.4 Paso 4: Ajusta un modelo a los datos y calcula el estadístico de prueba

Después queremos usar los datos para calcular un estadístico que ultimadamente nos permitirá decidir si la hipótesis nula es rechazada o no. Para hacer esto, el modelo necesita cuantificar la cantidad de evidencia en favor de la hipótesis alternativa, relativa a la variabilidad en los datos. Por lo que podemos pensar en el estadístico de prueba como el que provee una medida del tamaño del efecto comparado con la variabilidad en los datos. En general, este estadístico de prueba tendrá una distribución de probabilidad asociada con él, porque eso nos permitirá determinar qué tan probable es nuestro valor estadístico observado bajo la hipótesis nula.

Para el ejemplo de IMC, necesitamos un estadístico de prueba que nos permita probar si hay una diferencia entre dos medias, puesto que las hipótesis están elaboradas en términos de la media de IMC en cada grupo. Un estadístico que es frecuentemente usado para comparar dos medias es el estadístico t , desarrollado primero por el estadístico William Sealy Gossett, quien trabajó para la Guinness Brewery en Dublín y escribió bajo el pseudónimo “Student” - por eso, es frecuentemente llamada “estadístico t de Student.” El estadístico t es apropiado para comparar las medias de dos grupos cuando los tamaños de muestra son relativamente pequeños y la desviación estándar de la población es desconocida. El estadístico t para comparar dos grupos independientes es calculado de la siguiente manera:

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}}}$$

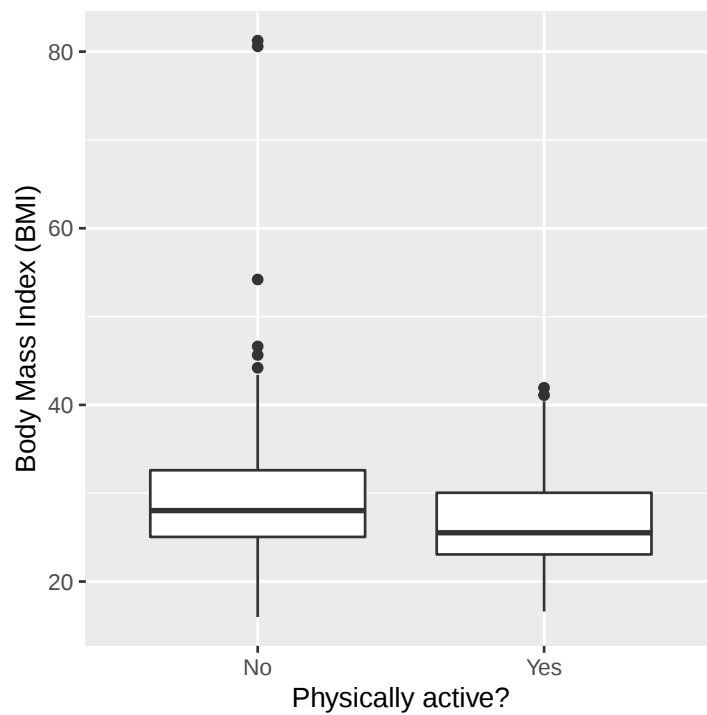


Figure 9.1: Gráfica de cajas (boxplot) de los datos de IMC de una muestra de personas adultas de NHANES, divididas según reportaron involucrarse en actividad física regular.

donde $\bar{X}_1$ y $\bar{X}_2$ son las medias de los dos grupos, S_1^2 y S_2^2 son las varianzas estimadas de los grupos, y n_1 y n_2 son los tamaños de cada grupo. Debido a que la varianza de las diferencias entre dos variables independientes es igual a la suma de las varianzas de cada variable separada ($var(A - B) = var(A) + var(B)$), entonces sumamos las varianzas de cada grupo divididas entre sus tamaños de muestras para poder calcular el error estándar de la diferencia (*standard error of the difference*). Por lo tanto, uno puede ver al estadístico t como una manera de cuantificar qué tan grande es la diferencia entre los grupos en relación con la variabilidad muestral de la diferencia entre las medias.

El estadístico t se distribuye de acuerdo a una distribución de probabilidad conocida como distribución t . La distribución t se mira muy similar a una distribución normal, pero difiere dependiendo del número de grados de libertad (*degrees of freedom*). Cuando la cantidad de grados de libertad es grande (digamos 1,000), entonces la distribución t se mira esencialmente como una distribución normal, pero cuando es pequeña entonces la distribución t tiene colas más largas que la normal (ve la Figura 9.2). En el caso más simple, donde los grupos son del mismo tamaño y tienen varianzas iguales, los grados de libertad para la prueba t son el número de observaciones menos 2, porque hemos calculado dos medias y por lo tanto hemos renunciado a dos grados de libertad. En este caso es bastante obvio a partir de ver el diagrama de cajas (*box plot*) que el grupo inactivo es más variable que el grupo activo, y los tamaños de muestra son diferentes en cada grupo, por lo que necesitamos usar una fórmula un poco más compleja para calcular los grados de libertad, a la cual se le conoce comúnmente como *prueba t de Welch* (*Welch t-test*). La fórmula es:

$$\text{d.f.} = \frac{\left(\frac{S_1^2}{n_1} + \frac{S_2^2}{n_2}\right)^2}{\frac{(S_1^2/n_1)^2}{n_1-1} + \frac{(S_2^2/n_2)^2}{n_2-1}}$$

Esta fórmula nos dará un resultado igual a $n_1 + n_2 - 2$ cuando las varianzas y los tamaños de muestras sean iguales; de otra manera será un resultado menor, aplicando una penalización sobre la prueba debido a las diferencias en los tamaños de muestra o varianzas. Para este ejemplo, el resultado es 241.12 grados de libertad, que es ligeramente menor que el valor de 248 que obtendríamos si restamos 2 a la suma de los tamaños de muestra.

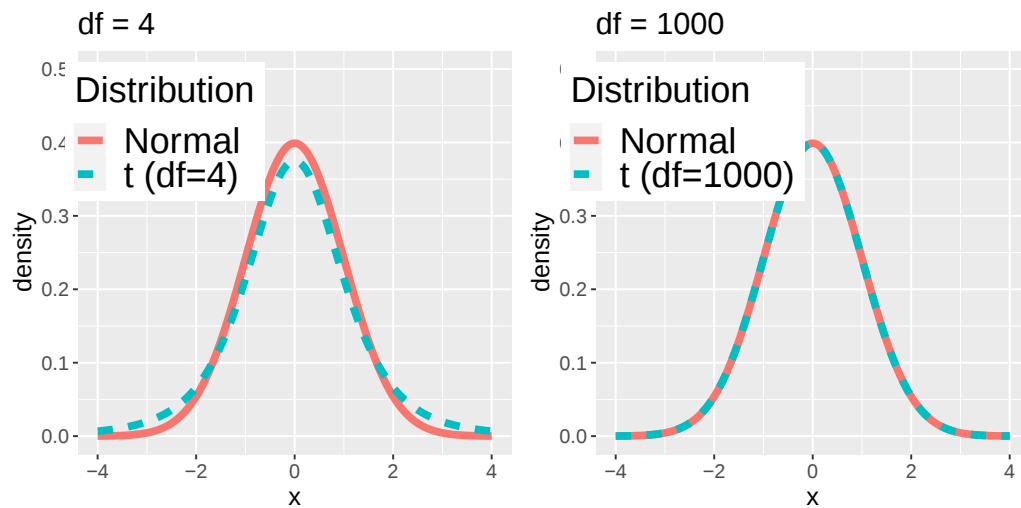


Figure 9.2: Cada panel muestra la distribución t (la línea azul punteada) sobrepuesta a la distribución normal (la línea roja continua). El panel izquierdo muestra una distribución t con 4 grados de libertad, en cuyo caso la distribución es similar pero tiene colas ligeramente más anchas. El panel derecho muestra una distribución t con 1000 grados de libertad, en cuyo caso es virtualmente idéntica a la normal.

9.3.5 Paso 5: Determinar la probabilidad de los resultados observados bajo la hipótesis nula

Este es el paso donde la NHST comienza a ir contra nuestra intuición. En lugar de determinar la probabilidad de que la hipótesis nula sea cierta dados los datos obtenidos, en su lugar determinamos la probabilidad (*likelihood*) bajo la hipótesis nula de observar un estadístico al menos tan extremo como el que hemos observado — ¡porque comenzamos los pasos asumiendo que la hipótesis nula es verdadera! Para hacer esto, necesitamos conocer la distribución de probabilidad esperada del estadístico bajo la hipótesis nula, de tal manera que podamos preguntar qué tan probable (*likely*) sería el resultado bajo esa distribución. Nota que cuando digo “qué tan probable (*likely*) sería el resultado,” lo que realmente quiero decir es “qué tan probable (*likely*) sería el resultado observado o uno más extremo.” Existen (por lo menos) dos razones por las que necesitamos agregar esta advertencia. La primera es porque cuando hablamos de valores continuos, la probabilidad de cualquier valor particular es cero (lo que recordarás si has tomado un curso de cálculo). De manera más importante, la segunda razón es porque estamos tratando de determinar qué tan raro sería nuestro resultado si la hipótesis nula fuera verdadera, por lo que cualquier resultado que sea más extremo sería incluso más raro, por lo que queremos contar todas esas posibilidades más raras cuando calculemos la probabilidad de nuestro resultado bajo la hipótesis nula.

Podemos obtener esta “distribución nula” ya sea usando una distribución teórica (como la distribución t), o usando aleatorización. Antes de movernos al ejemplo de IMC, comencemos con unos ejemplos más sencillos.

9.3.5.1 Valores p: Un ejemplo muy sencillo

Digamos que queremos determinar si una moneda en particular está sesgada a caer cara. Para recolectar datos, lanzamos la moneda 100 veces, y digamos que contamos 70 caras. En este ejemplo, $H_0 : P(\text{cara}) \leq 0.5$ y $H_A : P(\text{cara}) > 0.5$, y nuestro estadístico de prueba es simplemente el número de caras que contamos. La pregunta que entonces queremos hacernos es: ¿Qué tan probable es que hubiéramos observado 70 o más caras en 100 lanzamientos de moneda si la probabilidad verdadera de obtener cara es 0.5? Podríamos imaginar que esto podría suceder muy ocasionalmente sólo

por azar, pero no parece muy probable. Para cuantificar esta probabilidad, podemos usar la *distribución binomial*:

$$P(X \leq k) = \sum_{i=0}^k \binom{N}{i} p^i (1-p)^{n-i}$$

Esta ecuación nos dirá la probabilidad de tener un cierto número de caras (k) o menos, dada una probabilidad en particular de obtener cara (p) y un número de eventos (N). Sin embargo, lo que realmente queremos saber es la probabilidad de un cierto número o más, que podemos obtener restando el resultado de uno, basados en las reglas de probabilidad:

$$P(X \geq k) = 1 - P(X < k)$$

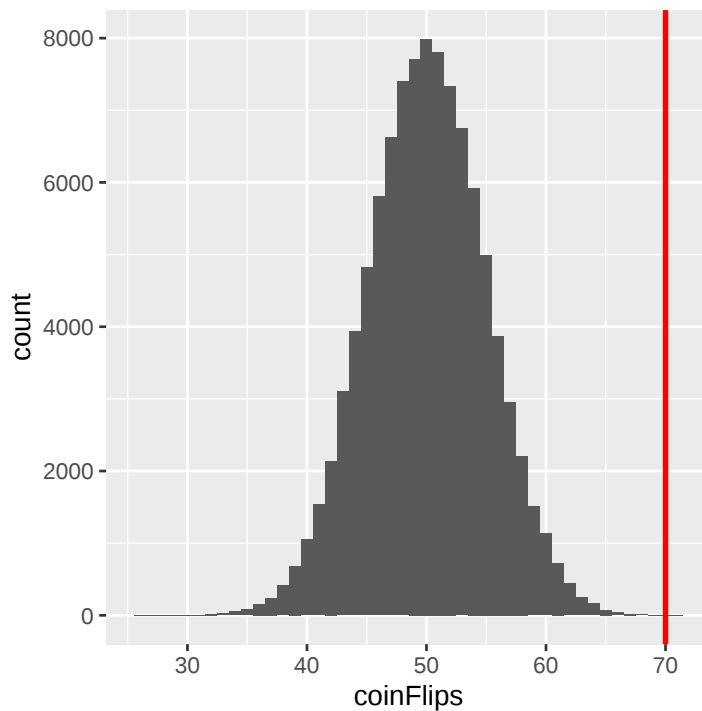


Figure 9.3: Distribución de cantidad de caras (de un total de 100 lanzamientos) a lo largo de 100,000 simulaciones con el valor de 70 representado por la línea vertical.

Usando la distribución binomial, la probabilidad de 69 o menos caras dado $P(\text{cara})=0.5$ es 0.999961, por lo tanto la probabilidad de 70 o más caras es simplemente uno menos ese valor (0.000039). Este cálculo nos muestra que la probabilidad de obtener 70 o más caras si la moneda efectivamente estuviera balanceada (no trucada) es muy pequeña.

Ahora, ¿qué pasaría si no tuviéramos una función estándar que nos dijera la probabilidad de ese número de caras? Entonces podríamos determinarla por medio de una simulación – repetidamente lanzar la moneda 100 veces usando una probabilidad verdadera de 0.5, y luego calcular la distribución del número de caras a lo largo de estas simulaciones. La Figura 9.3 muestra el resultado de esta simulación. Aquí podemos ver que la probabilidad calculada a través de simulación (0.000030) es muy cercana a la probabilidad teórica (0.000039).

9.3.5.2 Calcular valores p usando la distribución t

Ahora calculemos el valor p para nuestro ejemplo de IMC/actividad usando la distribución t . Primero, calculamos el estadístico t usando los valores de nuestra muestra que calculamos arriba, donde encontramos que $t = 3.86$. La pregunta que entonces queremos hacernos es: ¿Cuál es la probabilidad de que encontráramos un estadístico t de este tamaño, si la diferencia verdadera entre grupos fuera cero o menor (i.e. la dirección de la hipótesis nula)?

Podemos usar la distribución t para determinar esta probabilidad. Arriba aclaramos que los grados de libertad apropiados (después de corregirlos debido a las diferencias en las varianzas y tamaños de muestras) eran $t = 241.12$. Podemos usar una función de nuestro software estadístico para determinar la probabilidad de encontrar un valor del estadístico t mayor o igual al observado en nuestra muestra. Encontramos que $p(t > 3.86, df = 241.12) = 0.000072$, que nos dice que el valor estadístico t observado de 3.86 es relativamente improbable si la hipótesis nula realmente fuera cierta.

En este caso, usamos una hipótesis direccional, por eso sólo tuvimos que observar un lado de la distribución nula. Si hubiéramos querido probar una hipótesis no direccional, entonces tendríamos que haber identificado qué tan inesperado es el tamaño del efecto, sin importar la dirección. En el contexto de la prueba t , eso significa que debemos saber qué tan probable es que el estadístico fuera tan extremo tanto en la dirección positiva como en la negativa. Para hacer esto, multiplicamos el valor t observado por -1, porque

la distribución t está centrada alrededor de cero, y luego sumamos juntas las probabilidades de ambas colas para obtener un valor p de *dos colas* (*two-tailed*): $p(t > 3.86 \text{ or } t < -3.86, df = 241.12) = 0.000145$. Aquí vemos que el valor p para la prueba de dos colas es el doble que para la prueba de una cola, esto refleja el hecho de que un valor extremo es menos sorprendente porque podría haber ocurrido en cualquier dirección.

¿Cómo eliges si usar una prueba de una cola o de dos colas? La prueba de dos colas siempre será más conservadora, por lo que es una buena apuesta usar esa, a menos que ya tuvieras de antemano una razón fuerte previa para usar una prueba de una cola. En ese caso, tendrías que haber escrito la hipótesis antes de haber visto los datos. En el Capítulo 17 discutiremos la idea del pre-registro de hipótesis, que formaliza la idea de escribir tus hipótesis antes de siquiera haber visto los datos reales. *Nunca* deberías tomar una decisión de cómo elaborar la hipótesis después de haber visto los datos, porque esto puede introducir sesgos serios en tus resultados.

9.3.5.3 Calcular valores p usando aleatorización

Hasta ahora, hemos visto cómo podemos usar la distribución t para calcular la probabilidad de los datos bajo la hipótesis nula, pero también podemos hacer esto usando simulaciones. La idea básica es que generemos datos simulados similares a los que esperaríamos bajo la hipótesis nula, y luego preguntarnos qué tan extremo es el dato observado en comparación con esos datos simulados. La pregunta clave es: ¿Cómo podemos generar datos para los cuales la hipótesis nula es verdadera? La respuesta general es que podemos reordenar nuestros datos de manera aleatoria en una manera particular que haga que los datos se vean como se deberían ver si la nula fuera realmente verdadera. Esto es similar a la idea de *bootstrapping*, en el sentido de que usa nuestros propios datos para obtener una respuesta, pero lo hace de una manera diferente.

9.3.5.4 Aleatorización: un ejemplo simple

Comencemos con un ejemplo simple. Digamos que queremos comparar la habilidad promedio de hacer sentadillas de jugadores de football (FB) contra corredores de campo (XC , *cross-country runners*), con $H_0 : \mu_{FB} \leq \mu_{XC}$

Table 9.2: Squatting data for the two groups

group	squat	shuffledSquat
FB	265	125
FB	310	230
FB	335	125
FB	230	315
FB	315	115
XC	155	335
XC	125	155
XC	125	125
XC	125	265
XC	115	310

y $H_A : \mu_{FB} > \mu_{XC}$. Medimos la habilidad máxima de hacer sentadillas de 5 jugadores de football y de 5 corredores de campo (que generaremos aleatoriamente, asumiendo que $\mu_{FB} = 300$, $\mu_{XC} = 140$, and $\sigma = 30$). Los datos se muestran en la Tabla 9.2.

En la sección izquierda de la Figura 9.4 es claro que hay una gran diferencia entre los dos grupos. Podemos aplicar una prueba t estándar para probar nuestra hipótesis; para este ejemplo usaremos el comando `t.test()` en R, que nos da el siguiente resultado:

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  squat by group
## t = 8, df = 5, p-value = 2e-04
## alternative hypothesis: true difference in means is greater than 0
## 95 percent confidence interval:
##  121 Inf
## sample estimates:
## mean in group FB mean in group XC
##                291                129
```

Si miramos el valor p reportado aquí, vemos que la probabilidad de tal diferencia bajo la hipótesis nula es muy pequeña, usando la distribución t para

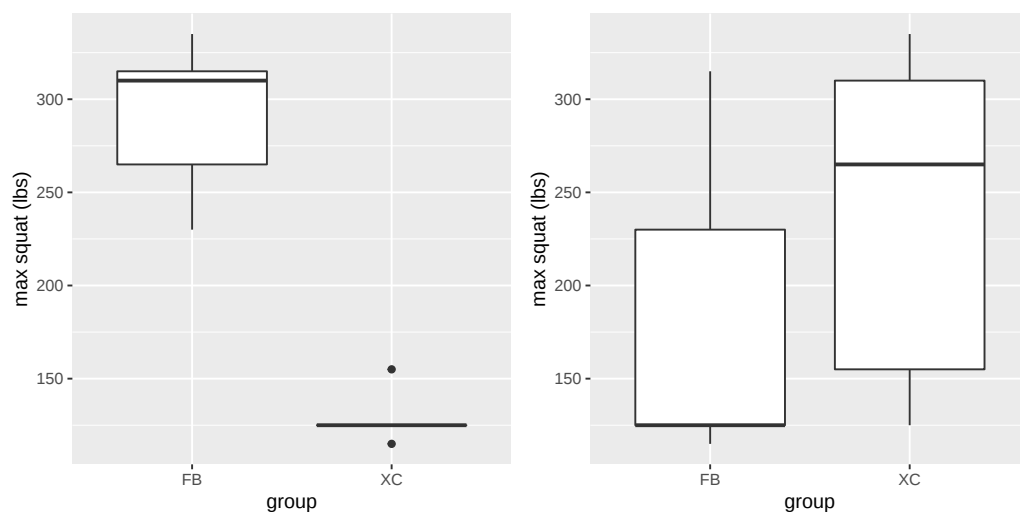


Figure 9.4: Izquierda: Boxplot de la simulación de habilidad de hacer sentadillas de jugadores de football y de corredores de campo. Derecha: Boxplots para sujetos asignados a cada grupo después de revolver las etiquetas de grupo.

definir la nula.

Ahora veamos cómo podemos responder la misma pregunta usando aleatorización. La idea básica es que si la hipótesis nula de no diferencia entre grupos es verdadera, entonces no debería importar de qué grupo proviene cada participante (jugadores de football versus corredores de campo) – por eso, para crear datos que son como nuestros datos observados pero que se conforman a la hipótesis nula, podemos reordenar aleatoriamente los datos para cada persona, y luego recalcular la diferencia entre los grupos. Los resultados de tal barajado se muestran en la columna etiquetada “shuffleSquat” en la Tabla 9.2, y los boxplots de los datos resultantes están en el panel derecho de la Figura 9.4.

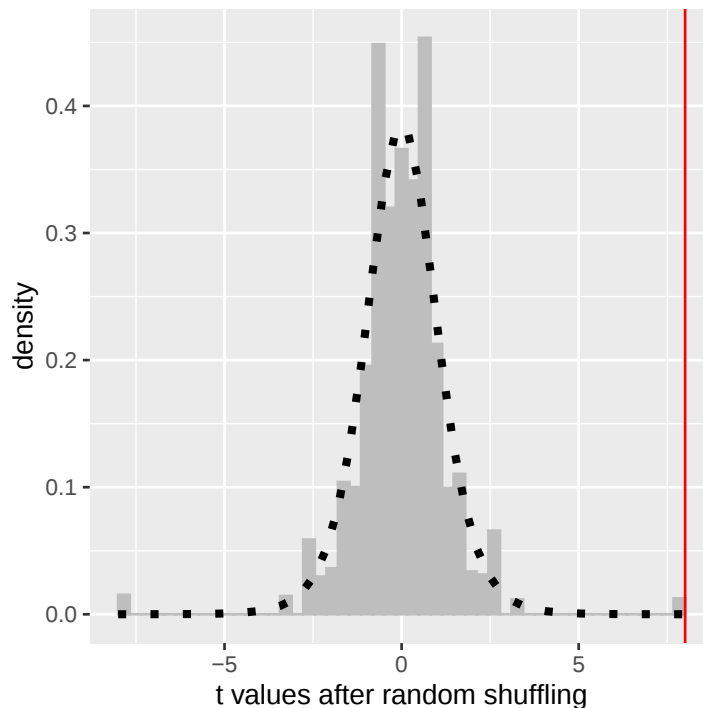


Figure 9.5: Histograma de valores t para la diferencia de medias entre los grupos de jugadores de football y corredores de campo después de barajar la pertenencia al grupo. La línea vertical denota la diferencia real entre los dos grupos, y la línea punteada muestra la distribución t teórica para este análisis.

Después de revolver las etiquetas, vemos que los dos grupos son ahora mucho más similares, y de hecho el grupo de corredores de campo ahora tiene una media ligeramente mayor. Ahora hagamos eso 10,000 veces y guardemos el estadístico t para cada iteración; si estás haciendo esto en tu computadora, tomará un momento en completarse. La Figura 9.5 muestra el histograma de los valores t a lo largo de todas las barajadas aleatorias. Como se esperaba bajo la hipótesis nula, la distribución está centrada en cero (la media de la distribución es 0.007). De la figura podemos ver también que la distribución de los valores t después de barajar sigue aproximadamente la distribución t teórica bajo la hipótesis nula (con media = 0), mostrando que la aleatorización funcionó para generar datos nulos. Podemos calcular el valor p a partir de estos datos aleatorizados al medir cuántos de estos valores barajados son tan o más extremos que el valor observado: $p(t > 8.01, df = 8)$ usando aleatorización = 0.00410. Este valor p es muy similar al valor p que obtuvimos usando la distribución t , y ambos son bastante extremos, sugiriendo que los datos observados son muy improbables que hubieran surgido si la hipótesis nula fuera cierta - y en este caso nosotros *sabemos* que no es cierta, porque nosotros generamos los datos.

9.3.5.4.1 Aleatorización: ejemplo IMC/actividad Ahora usemos la aleatorización para calcular el valor p del ejemplo de IMC/actividad. En este caso, vamos a barajar aleatoriamente la variable `PhysActive` y a calcular la diferencia entre grupos después de cada barajada, y luego comparar nuestro estadístico t observado con la distribución de estadísticos t obtenido de los datos barajados. La Figura 9.6 muestra la distribución de valores t de las muestras barajadas, y podemos calcular la probabilidad de encontrar un valor tan grande o más grande que el valor observado. El valor p obtenido de la aleatorización (0.000000) es muy similar al obtenido usando la distribución t (0.000075). La ventaja de la prueba de aleatorización es que no requiere que asumamos que los datos de cada grupo tienen una distribución normal, aunque la prueba t es generalmente bastante robusta a violaciones de esta suposición. Además de eso, la prueba de aleatorización nos puede permitir calcular valores p para estadísticos cuando no tenemos una distribución teórica como la que tenemos para la prueba t .

Sí tenemos que hacer una suposición principal cuando usamos la prueba de aleatorización, a la que nos referimos como *intercambiabilidad* (*exchangeability*). Esto significa que todas las observaciones están distribuidas de la

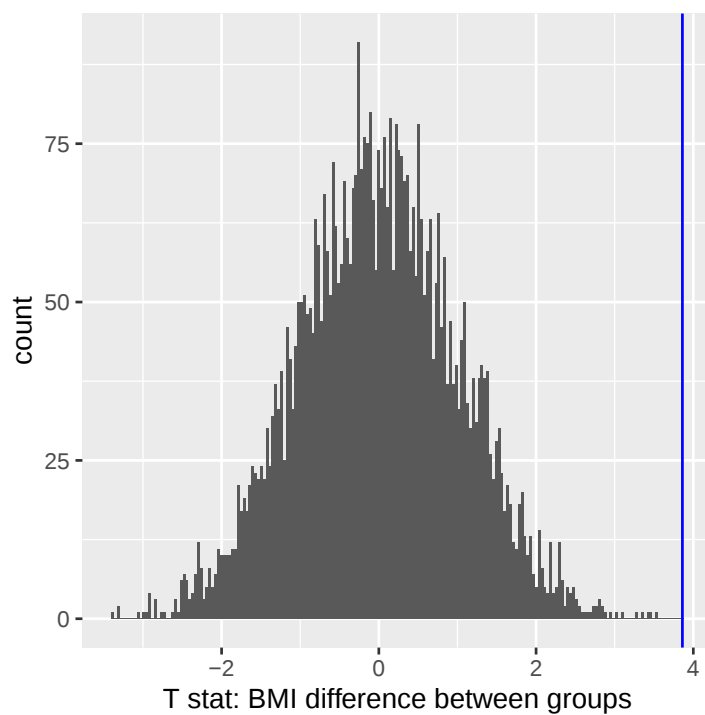


Figure 9.6: Histograma de estadísticos t después de barajar las etiquetas de grupos, con el valor observado del estadístico t mostrado en la línea vertical, y los valores tan extremos o más extremos que el valor observado mostrados en gris más claro.

misma manera, de tal manera que podemos intercambiarlas sin cambiar la distribución en general. El principal lugar donde esto no se cumple es cuando tenemos observaciones relacionadas en los datos; por ejemplo, si tuviéramos datos de personas en 4 diferentes familias, entonces no podríamos asumir que los individuos son intercambiables, porque los hermanos serían más parecidos unos a otros de lo que serían a individuos de otras familias. En general, si los datos se obtuvieron de un muestreo aleatorio, entonces la suposición de intercambiabilidad se debería sostener.

9.3.6 Paso 6: Evalúa la “significatividad estadística” del resultado

El siguiente paso es determinar si el valor p que resultó del paso previo es suficientemente pequeño para que estemos dispuestos a rechazar la hipótesis nula y concluir en su lugar que la alternativa es correcta. ¿Qué tanta evidencia necesitamos? Esta es una de las preguntas más controversiales en estadística, en parte porque requiere un juicio subjetivo – no hay una respuesta “correcta.”

Históricamente, la respuesta más común a esta pregunta ha sido que deberíamos rechazar la hipótesis nula si el valor p es menor a 0.05. Esto viene de los escritos de Ronald Fisher, quien ha sido referenciado como “la figura individual más importante en la estadística del siglo 20” (Efron 1998):

“Si P está entre .1 y .9 ciertamente no hay razón para sospechar de la hipótesis probada. Si es menor a .02 indica fuertemente que la hipótesis falla en dar cuenta de todos los hechos. No fallaremos frecuentemente si dibujamos una línea convencional en .05 . . . es conveniente dibujar la línea en el nivel en el que podamos decir: O hay algo en el tratamiento, o una coincidencia ha sucedido de tal manera que no sucede más de una vez cada veinte ensayos” (R. A. Fisher 1925)

Sin embargo, Fisher nunca tuvo la intención de que $p < 0.05$ fuera una regla fija:

“ningún trabajo científico tiene un nivel fijo de significatividad con el cual, año con año, y en todas las circunstancias, él rechace

hipótesis; en su lugar él considera cada caso en particular a la luz de la evidencia y de sus ideas” (Ronald Aylmer Fisher 1956)

En cambio, es probable que $p < .05$ se convirtió en un ritual debido a la dependencia en tablas de valores p que fueron usadas antes de que las computadoras hicieran fácil el calcular valores p para valores arbitrarios de un estadístico. Todas las tablas tenían una entrada para 0.05, haciendo fácil determinar si el estadístico en nuestros datos excedía el valor requerido para alcanzar ese nivel de significatividad.

La elección de umbrales estadísticos se mantiene profundamente controversial, y recientemente (Benjamin et al., 2018) se ha propuesto que el umbral por defecto sea cambiado de .05 a .005, haciendo sustancialmente más estricto y por lo tanto más difícil el rechazar la hipótesis nula. En gran medida este movimiento ha surgido por preocupaciones crecientes de que la evidencia obtenida de un resultado significativo al nivel $p < .05$ sea relativamente débil; regresaremos a esto en nuestra futura discusión sobre reproducibilidad en el Capítulo 17.

9.3.6.1 Prueba de hipótesis como toma de decisiones: la aproximación Neyman-Pearson

Mientras Fisher pensaba que el valor p podría proveer de evidencia sobre una hipótesis específica, los estadísticos Jerzy Neyman y Egon Pearson estaban en desacuerdo de manera vehemente. En su lugar, ellos propusieron que pensáramos en la prueba de hipótesis en términos de su tasa de error en el largo plazo:

“ninguna prueba basada en la teoría de probabilidad puede en sí misma proveer ninguna evidencia de valor sobre la verdad o falsedad de una hipótesis. Pero podríamos darle un vistazo al propósito de las pruebas desde otro punto de vista. Sin esperar conocer si cada hipótesis separada es verdadera o falsa, podríamos buscar reglas que gobiernen nuestro comportamiento respecto a ellas, que siguiéndolas podamos asegurar que, en el largo plazo de la experiencia, no estemos equivocados frecuentemente” (J. Neyman and Pearson 1933)

Esto es: no podemos saber cuáles decisiones específicas son correctas o incorrectas, pero si seguimos las reglas, podemos por lo menos saber qué tan frecuentemente nuestras decisiones serán incorrectas en el largo plazo.

Para entender el marco para toma de decisiones que Neyman y Pearson desarrollaron, primero necesitamos discutir la toma de decisiones estadísticas en términos de los tipos de resultados que pueden ocurrir. Existen dos posibles estados de la realidad (H_0 es verdadera, o H_0 es falsa), y dos posibles decisiones (rechazar H_0 , o conservar H_0). Existen dos maneras en que podemos tomar una decisión correcta:

- Podemos rechazar H_0 cuando es falsa (en el lenguaje de la teoría de detección de señales, llamamos a esto un *acierto*, en inglés *hit*)
- Podemos conservar H_0 cuando es verdadera (de manera algo confusa en este contexto, llamamos a esto un *rechazo correcto*)

Existen también dos tipos de errores que podemos cometer:

- Podemos rechazar H_0 cuando realmente es correcta (llamamos a esto una *falsa alarma*, o un *Error Tipo I*)
- Podemos conservar H_0 cuando realmente es falsa (llamamos a esto una *omisión*, en inglés *miss*, o un *Error Tipo II*)

Neyman y Pearson acuñaron estos dos términos para describir la probabilidad de estos dos tipos de errores en el largo plazo:

- $P(\text{Type I error}) = \alpha$
- $P(\text{Type II error}) = \beta$

Esto es, si definimos un α en .05, entonces en el largo plazo deberíamos cometer un Error Tipo I el 5% de las veces. Mientras que es común definir un α en .05, el valor estándar para un nivel aceptable de β es .2 - esto es, estamos dispuestos a aceptar que un 20% del tiempo fallaremos en detectar un verdadero efecto cuando realmente existe. Regresaremos a esto después cuando discutamos poder estadístico en la Sección 10.3, que es el complemento del Error Tipo II.

9.3.7 ¿Qué significa un resultado significativo?

Existe mucha confusión sobre lo que realmente significan los valores p (Gigerenzer, 2004). Digamos que hacemos un experimento comparando las medias entre condiciones, y encontramos una diferencia con un valor p de .01. Hay varias interpretaciones posibles que podrían plantearse.

9.3.7.1 ¿Significa que la probabilidad de que la hipótesis nula sea verdadera es .01?

No. Recuerda que en la prueba de hipótesis nula, el valor p es la probabilidad de los datos dada la hipótesis nula ($P(data|H_0)$). No garantiza conclusiones acerca de la probabilidad de la hipótesis nula dados los datos ($P(H_0|data)$). Regresaremos a esta pregunta cuando discutamos la inferencia Bayesiana en un capítulo posterior, porque el teorema de Bayes nos permite invertir la probabilidad condicional de una manera que nos permite determinar la probabilidad de la hipótesis dados los datos.

9.3.7.2 ¿Significa que la probabilidad de que estés tomando la decisión incorrecta es .01?

No. Esto sería $P(H_0|data)$, pero recuerda, como mencionamos arriba, que los valores p son probabilidades de los datos bajo H_0 , no probabilidades de las hipótesis.

9.3.7.3 ¿Significa que si vuelves a hacer el estudio, obtendrías el mismo resultado 99% de las veces?

No. El valor es un enunciado sobre la probabilidad de un conjunto particular de datos bajo la hipótesis nula; no nos permite hacer inferencias sobre la probabilidad de eventos futuros como las replicaciones.

9.3.7.4 ¿Significa que encuentre un efecto importante de manera práctica?

No. Existe una distinción esencial entre *significatividad estadística* y *significatividad práctica*. Como ejemplo, digamos que realizamos un ensayo controlado aleatorizado para examinar el efecto de una dieta particular sobre el peso corporal, y encontramos un efecto estadísticamente significativo a nivel $p < .05$. Lo que esto no nos dice es cuánto peso realmente se bajó, que es a lo que nos referimos como *tamaño del efecto* (*effect size*, que será discutido en mayor detalle en el Capítulo 10). Si pensamos en un estudio sobre pérdida de peso, probablemente no pensaremos que el perder una onza (28 gramos, i.e. el peso de una tortilla y media) sea significativo de manera práctica. Démosle un vistazo a nuestra habilidad para detectar una diferencia significativa de 28 gramos conforme el tamaño de la muestra incrementa.

La Figura 9.7 muestra cómo la proporción de resultados significativos incrementa conforme el tamaño de muestra incrementa, con lo cual con una muestra muy grande (cercana a 262,000 sujetos en total), encontraremos un resultado significativo en más del 90% de los estudios donde haya 1 onza de diferencia de peso perdido entre las dietas que estén siendo comparadas. Mientras que estos datos son estadísticamente significativos, la mayoría de los médicos no considerarían la pérdida de peso de una onza como algo significativo de manera práctica o clínica. Exploraremos esta relación en mayor detalle cuando regrems al concepto de *poder estadístico* en la Sección 10.3, pero debería ser claro en este momento de este ejemplo que la significatividad estadística no es necesariamente indicadora de significatividad práctica.

9.4 NHST en un contexto moderno: Pruebas múltiples

Hasta ahora hemos discutido ejemplos donde estamos interesados en probar una sola hipótesis estadística, y esto es consistente con la ciencia tradicional que frecuentemente sólo medía unas pocas variables a la vez. Sin embargo, en la ciencia moderna frecuentemente medimos millones de variables por persona. Por ejemplo, en estudios genéticos que cuantifican el genoma completo, podría haber varios millones de medidas por persona, y en la investigación

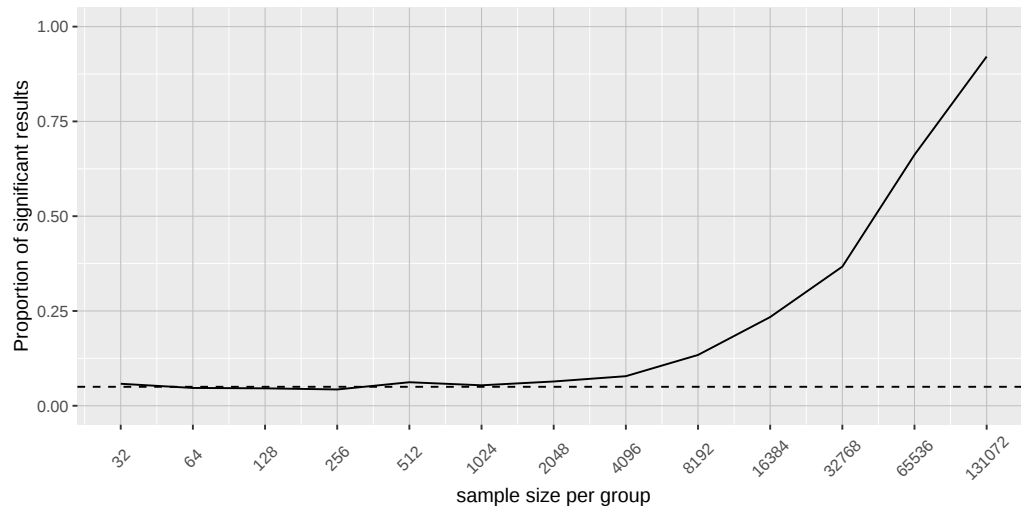


Figure 9.7: La proporción de resultados significativos para un cambio muy pequeño (1 onza = 28 gramos, que es alrededor de .001 desviaciones estándar) como función del tamaño de la muestra.

en neuroimagen que mi grupo realiza, frecuentemente recolectamos datos de más de 100,000 localizaciones en cada cerebro al mismo tiempo. Cuando la manera estándar de la prueba de hipótesis se aplica en estos contextos, malas cosas pueden suceder a menos que tomemos las medidas apropiadas.

Veamos un ejemplo de cómo podría funcionar esto. Hay un gran interés en entender los factores genéticos que pueden predisponer a las personas a enfermedades mentales como la esquizofrenia, porque sabemos que cerca del 80% de las variaciones entre personas en la presencia de esquizofrenia es debida a diferencias genéticas. El Proyecto de Genoma Humano y la revolución subsecuente en ciencia genómica ha provisto herramientas para examinar las múltiples maneras en que los humanos difieren unos de otros en sus genomas. Una aproximación que ha sido usada en años recientes es conocida como *estudios de asociación del genoma completo* (*genome-wide association study*, GWAS), en el cual el genoma para cada persona es caracterizado en un millón o más de lugares para determinar cuáles letras del código genético tienen en cada lugar, concentrándose en lugares donde los humanos tienden a variar frecuentemente. Después de que éstas han sido determinadas, los investigadores realizan una prueba estadística en cada localización del genoma

para determinar si las personas diagnosticadas con esquizofrenia tienen mayor o menor probabilidad de tener una versión específica de la secuencia genética en ese lugar del genoma.

Imaginemos qué pasaría si los investigadores simplemente preguntaran si la prueba fue significativa al nivel $p < .05$ en cada localización, cuando en realidad no hay un efecto verdadero en ninguna de las localizaciones. Para hacer esto, generamos un gran número de valores t simulados de una distribución nula, y preguntamos cuántos de ellos son significativos al nivel $p < .05$. Hagamos esto muchas veces, y en cada ocasión contemos cuántas de estas pruebas salen significativas (ve la Figura 9.8).

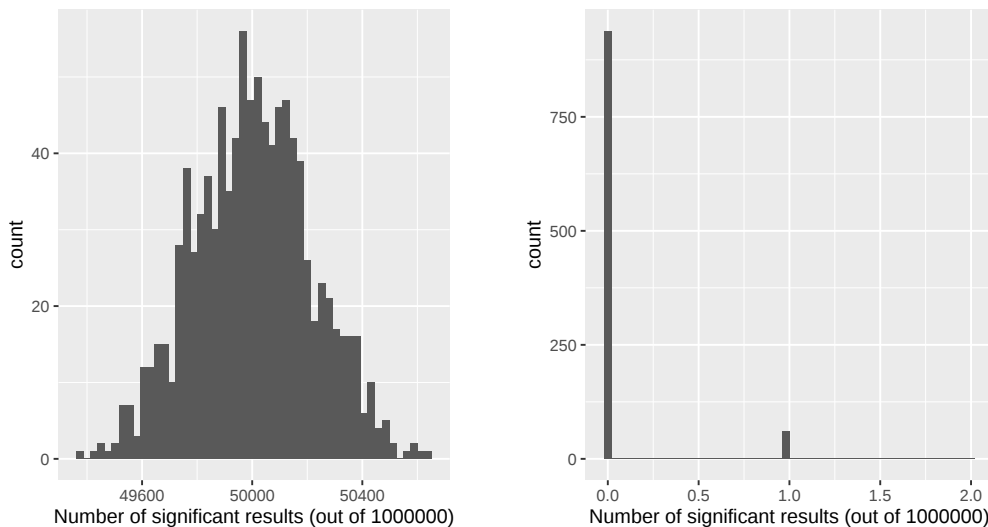


Figure 9.8: Izquierda: Histograma con el número de resultados significativos en cada conjunto de un millón de pruebas estadísticas, cuando en realidad no hay ningún efecto verdadero. Derecha: Histograma con el número de resultados significativos a lo largo de todas las simulaciones después de aplicar la corrección de Bonferroni para pruebas múltiples.

Esto muestra que cerca del 5% de todas las pruebas fueron significativas en cada simulación, significando que si usáramos $p < .05$ como nuestro umbral para significatividad estadística, entonces a pesar de que no hay ninguna relación presente verdaderamente significativa, aún así “encontraríamos” cerca de 500 genes que parecerían significativos en cada estudio (el número

esperado de resultados significativos es simplemente $n * \alpha$). Esto es porque mientras controlamos por el error por cada prueba, no controlamos la tasa de errores a lo largo de la *familia* completa de pruebas (conocido como el *error de familia*, en inglés *familiy-wise error*), que es lo que realmente queremos controlar si vamos a observar los resultados de un número grande de pruebas. Usando $p < .05$, nuestra tasa de error de familia en el ejemplo de arriba es uno – esto es, prácticamente tenemos garantizado el que cometeremos un error en cada estudio en particular.

Una manera simple de controlar este error de familia es dividir el nivel alfa entre el número de pruebas; esto es conocido como la corrección *Bonferroni*, nombrada en honor al estadístico italiano Carlo Bonferroni. Usando los datos del ejemplo anterior, vemos en la Figura 9.8 que sólo cerca del 5 por ciento de los estudios muestra algún resultado significativo usando el nivel de alfa corregido de 0.000005 en lugar del valor nominal de .05. Hemos controlado efectivamente el error de familia, de tal manera que la probabilidad de cometer *cualquier* error en nuestro estudio está controlado justo alrededor de .05.

9.5 Objetivos de aprendizaje

- Identificar los componentes de una prueba de hipótesis, incluyendo el parámetro de interés, las hipótesis nula y alternativa, y el estadístico de prueba.
- Describir las interpretaciones apropiadas de un valor p así como de las interpretaciones erróneas comunes.
- Distinguir entre los dos tipos de errores en la prueba de hipótesis, y los factores que los determinan.
- Describir cómo el remuestreo puede ser usado para calcular un valor p.
- Describir el problema de múltiples pruebas, y cómo se puede resolver.
- Describir las principales críticas a la prueba estadística de hipótesis nula.

9.6 Lecturas sugeridas

- [Mindless Statistics](#), por Gerd Gigerenzer

Chapter 10

Cuantificar efectos y diseñar estudios

En el capítulo anterior discutimos cómo podemos usar los datos para probar hipótesis. Esos métodos proporcionaron una respuesta binaria: o rechazamos o no rechazamos la hipótesis nula. Sin embargo, este tipo de decisión pasa por alto un par de cuestiones importantes. Primero, nos gustaría saber cuánta incertidumbre tenemos sobre la respuesta (independientemente de la dirección que tome). Además, a veces no tenemos una hipótesis nula clara, por lo que nos gustaría ver qué rango de estimaciones son consistentes con los datos. En segundo lugar, nos gustaría saber qué tan grande es el efecto en realidad, ya que como vimos en el ejemplo de pérdida de peso en el capítulo anterior, un efecto estadísticamente significativo no es necesariamente un efecto importante prácticamente.

En este capítulo analizaremos métodos para abordar estas dos preguntas: intervalos de confianza para proporcionar una medida de nuestra incertidumbre acerca de nuestras estimaciones y tamaños del efecto para proporcionar una forma estandarizada de comprender qué tan grandes son los efectos. También discutiremos el concepto de *poder estadístico* que nos dice con cuánta probabilidad encontraremos algún efecto verdadero que realmente exista.

10.1 Intervalos de confianza

Hasta ahora en el libro nos hemos enfocado en estimar un estadístico de un solo valor. Por ejemplo, digamos que queremos estimar el peso medio de los adultos en el conjunto de datos de NHANES, por lo que tomamos una muestra del conjunto de datos y estimamos la media. En este ejemplo, el peso medio tiene 79.92 kilogramos. Nos referimos a esto como un *punto estimado* ya que nos provee con un simple número para describir nuestra estimación del parámetro poblacional. Como sea, sabemos de nuestra discusión anterior sobre el error de muestreo que hay cierta incertidumbre acerca de este estimado, que es descrito como error estándar. También recordarás que el error estándar es determinado por dos componentes: la desviación estándar de la población (que es el numerador), y la raíz cuadrada del tamaño de la muestra (que es el denominador). La desviación estándar de la población es un parámetro generalmente desconocido, pero fijo que no está bajo nuestro control, mientras que el tamaño de la muestra *está* bajo nuestro control. De este modo, podemos disminuir nuestra incertidumbre acerca del estimado aumentando nuestro tamaño de muestra – hasta el límite del tamaño de dicha población, al punto que no hay incertidumbre del todo porque podemos calcular el parámetro poblacional directamente de los datos de la población entera.

Frecuentemente queremos tener una manera más directa de describir nuestra incertidumbre acerca de un estadístico estimado, lo que podemos lograr usando un *intervalo de confianza* (*confidence interval*). La mayoría de las personas están familiarizadas con los intervalos de confianza a partir de la idea de un “margen de error” en encuestas políticas. Estas encuestas usualmente intentan proveer una respuesta que es precisa dentro de un $\pm 3\%$. Por ejemplo, cuando se estima que un candidato gane la elección por 9 puntos porcentuales con un margen de error de 3, el porcentaje por el cual va a ganar se estima que estará dentro de 6-12 puntos porcentuales. En estadística nos referimos a este tipo de rango de valores como un *intervalo de confianza*, el cual provee un rango de valores para nuestro parámetro estimado que son consistentes con los datos de nuestra muestra, en lugar de sólo darnos un solo valor estimado basado en los datos. Entre más amplio sea el intervalo de confianza, mayor incertidumbre tendremos acerca de nuestro parámetro estimado.

Los intervalos de confianza son notoriamente confusos, primeramente porque

no significan lo que intuitivamente pensaríamos que significan. Si te dijera que he calculado un “intervalo de confianza al 95%” de mi estadística, entonces parecería natural pensar que tendríamos 95% de confianza en que el verdadero valor del parámetro estará dentro de este intervalo. Sin embargo, como veremos a través del curso, los conceptos en estadística regularmente no significan lo que creemos que deberían significar. En el caso de los intervalos de confianza, no podemos interpretarlos en esta manera porque el parámetro poblacional tiene un valor fijo – está o no está en el intervalo, por lo que no tiene sentido hablar de la probabilidad de que eso ocurra. Jerzy Neyman, el inventor del intervalo de confianza, dijo:

“El parámetro es una constante desconocida y no se puede hacer ninguna declaración de probabilidad sobre su valor.” (J. Neyman 1937)

En lugar de eso, tenemos que ver al procedimiento del intervalo de confianza desde el mismo punto de vista con el que vimos la prueba de hipótesis: Un procedimiento que en el largo plazo nos permitirá hacer enunciados correctos con una probabilidad particular. Por lo tanto, la interpretación correcta del intervalo de confianza del 95% es que es un intervalo que contendrá la media poblacional verdadera el 95% del tiempo y, de hecho, podemos confirmarlo usando simulación, como verás más abajo.

El intervalo de confianza para la media se calcula como:

$$CI = \text{point estimate} \pm \text{critical value} * \text{standard error}$$

donde el valor crítico es determinado por la distribución muestral de la medida estimada. La pregunta importante, entonces, es cómo obtener nuestra estimación para esa distribución muestral.

10.1.1 Intervalos de confianza usando la distribución normal

Si sabemos la desviación estándar de la población, entonces podemos usar la distribución normal para calcular un intervalo de confianza. Usualmente no la sabemos, pero para nuestro ejemplo en el conjunto de datos NHANES sí

sabemos, puesto que tomamos a la base de datos completa como si fuera la población (es 21.3 para el peso).

Digamos que queremos calcular un intervalo de confianza de 95% para la media. El valor crítico entonces serían los valores de la distribución normal estándar que capturen el 95% de la distribución; estos son simplemente 2.5 de percentil y el 97.5 percentil de la distribución, el cual podemos calcular usando un software estadístico, y resulta un valor de ± 1.96 . Por lo tanto, el intervalo de confianza para la media ($\bar{X}$) es:

$$CI = \bar{X} \pm 1.96 * SE$$

Usando la media estimada de nuestra muestra (79.92) y la conocida desviación estándar de la población podemos calcular el intervalo de confianza de [77.28,82.56].

10.1.2 Intervalos de confianza utilizando la distribución t

Como se indicó anteriormente, si conociéramos la desviación estándar de la población, podríamos usar la distribución normal para calcular nuestros intervalos de confianza. Sin embargo, en general no lo sabemos, en cuyo caso la distribución t es más apropiada como distribución de muestreo. Recuerde que la distribución t es ligeramente más amplia que la distribución normal, especialmente para muestras más pequeñas, lo que significa que los intervalos de confianza serán ligeramente más amplios de lo que serían si estuviéramos usando la distribución normal. Esto incorpora la incertidumbre adicional que surge cuando estimamos parámetros basados en muestras pequeñas.

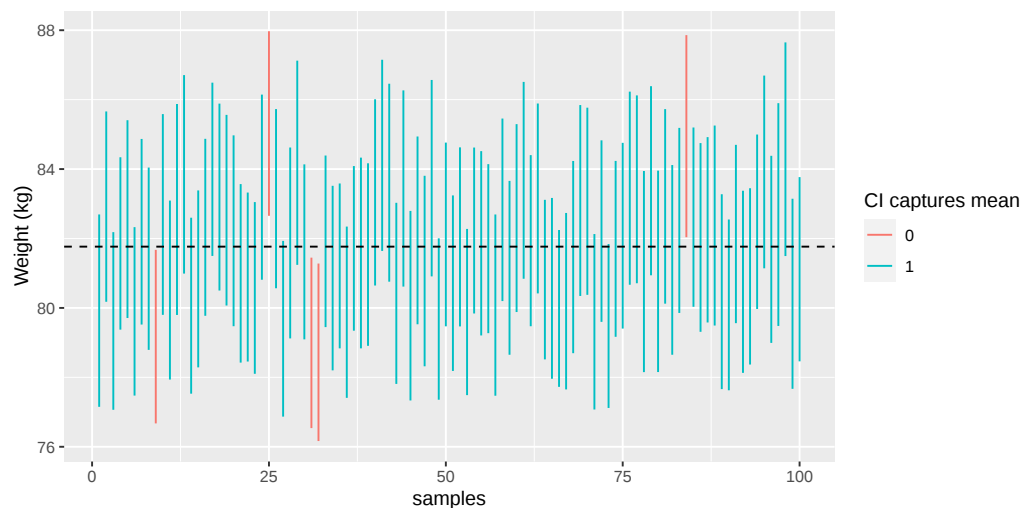
Podemos calcular el intervalo de confianza al 95% en una manera similar al de la distribución normal en el ejemplo de arriba, pero el valor crítico es determinado por el percentil 2.5 y por el 97.5 percentil de la distribución t con los grados apropiados de libertad. Por lo tanto el intervalo de confianza para la media ($\bar{X}$) es:

$$CI = \bar{X} \pm t_{crit} * SE$$

donde t_{crit} es el valor crítico de t. Para el ejemplo del peso en NHANES (con una muestra de tamaño 250), el intervalo de confianza sería de $79.92 \pm 1.97 * 1.41$ [77.15 - 82.69].

Recuerde que esto no nos dice nada acerca de la probabilidad de que el valor real de la población caiga dentro de este intervalo, ya que es un parámetro fijo (que sabemos que es 81.77 porque tenemos a toda la población en este caso) y cae o no dentro de este intervalo específico (en este caso, sí). En cambio, nos dice que a largo plazo, si calculamos el intervalo de confianza utilizando este procedimiento, el 95% de las veces ese intervalo de confianza capturará el parámetro de población real.

Podemos ver esto usando la base de datos NHANES como si fuera nuestra población; en este caso, sabemos el verdadero valor del parámetro poblacional, por lo que podemos ver qué tan frecuentemente el intervalo de confianza termina capturando ese valor a lo largo de muchas diferentes muestras. La Figura 10.1.2 muestra los intervalos de confianza para las medias estimadas del peso calculadas para 100 muestras obtenidas de la base de datos NHANES. De estos, 95 capturaron la verdadera media poblacional del peso, mostrando que el procedimiento del intervalo de confianza funcionó como debía.



`\begin{figure}`

`\caption{Las muestras fueron obtenidas repetidamente de la base de datos NHANES, y el intervalo de confianza de la media al 95% fue calculado para cada muestra. Los intervalos mostrados en rojo no capturaron la media poblacional verdadera (mostrada con la línea punteada).}` `\end{figure}`

10.1.3 Intervalos de confianza y tamaño de muestra

Debido a que el error estándar disminuye con el tamaño de la muestra, el intervalo de confianza debería hacerse más estrecho a medida que aumenta el tamaño de la muestra, proporcionando límites progresivamente más estrechos en nuestra estimación. La figura 10.1 muestra un ejemplo de cómo cambiaría el intervalo de confianza en función del tamaño de la muestra para el ejemplo del peso. A partir de la figura es evidente que el intervalo de confianza se vuelve cada vez más estrecho a medida que aumenta el tamaño de la muestra, pero el aumento de las muestras proporciona rendimientos decrecientes, en consonancia con el hecho de que el denominador del término del intervalo de confianza es proporcional a la raíz cuadrada del tamaño de la muestra.

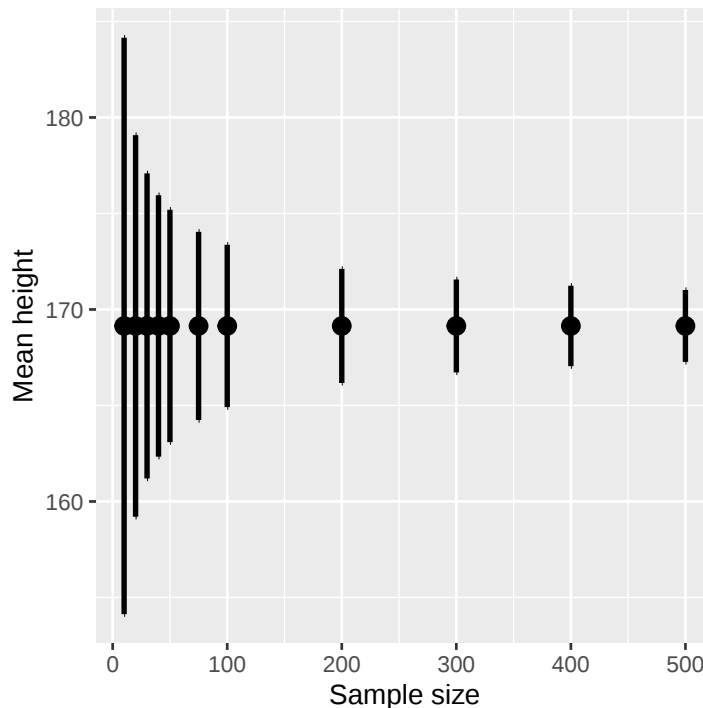


Figure 10.1: Ejemplo del efecto de tamaño de muestra en la amplitud del intervalo de confianza para la media.

10.1.4 Calcular el intervalo de confianza utilizando “bootstrap”

En algunos casos, no podemos asumir la normalidad o no conocemos la distribución muestral del estadístico. En estos casos, podemos usar el bootstrap (que presentamos en el Capítulo 8). Como recordatorio, el bootstrap implica volver a muestrear repetidamente los datos *con reemplazo*, y luego usar la distribución de la estadística calculada en esas muestras como un sustituto de la distribución muestral de la estadística. Estos son los resultados cuando usamos la función integrada en R para calcular el intervalo de confianza para el peso en nuestra muestra NHANES:

```
## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 1000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = bs, type = "perc")
##
## Intervals :
## Level      Percentile
## 95%      (78, 84 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

Estos valores son bastante cercanos a los valores obtenidos usando la distribución t antedicha, pero no exactamente iguales.

10.1.5 Relación de los intervalos de confianza con la prueba de hipótesis

Existe una estrecha relación entre los intervalos de confianza y las pruebas de hipótesis. En particular, si el intervalo de confianza no incluye la hipótesis nula, entonces la prueba estadística asociada sería estadísticamente significativa. Por ejemplo, si se está probando si la media de una muestra es mayor que cero con $\alpha = 0.05$, simplemente puede verificarse si el cero está contenido dentro del intervalo de confianza del 95% para la media.

→ Las cosas se complican si queremos comparar las medias de dos condiciones (Schenker and Gentleman 2001). Hay un par de situaciones que están claras. Primero, si cada media está contenida dentro del intervalo de confianza de la otra media, entonces definitivamente no hay diferencia significativa en el nivel de confianza elegido. En segundo lugar, si no hay superposición entre los intervalos de confianza, ciertamente hay una diferencia significativa en el nivel elegido; de hecho, esta prueba es sustancialmente *conservadora*, de modo que la tasa de error real será menor que el nivel elegido. Pero, ¿qué pasa con el caso en el que los intervalos de confianza se superponen entre sí pero no contienen la media del otro grupo? En este caso, la respuesta depende de la variabilidad relativa de las dos variables y no hay una respuesta general. Sin embargo, en general, se debe evitar el uso de “medir a simple vista” para los intervalos de confianza superpuestos.

10.2 Tamaño de efecto (effect sizes)

“La significatividad estadística es lo menos interesante de los resultados. Debes describir los resultados en términos de medidas de magnitud, no solo si un tratamiento afecta a las personas, sino cuánto las afecta.” Gene Glass, citado en (Sullivan and Feinn 2012).

En el capítulo anterior, discutimos la idea de que la significación estadística no necesariamente refleja significación práctica. Para discutir la importancia práctica, necesitamos una forma estándar de describir el tamaño de un efecto en términos de los datos reales, a los que nos referimos como *tamaño del efecto* (*effect size*). En esta sección presentaremos el concepto y discutiremos varias formas en que se pueden calcular los tamaños del efecto.

El tamaño del efecto es una medida estandarizada que compara el tamaño de algún efecto estadístico con una cantidad de referencia, como la variabilidad de la estadística. En algunos campos de la ciencia y la ingeniería, esta idea se conoce como “relación señal/ruido.” Hay muchas formas diferentes de cuantificar el tamaño del efecto, que dependen de la naturaleza de los datos.

Table 10.1: Interpretation of Cohen's D

D	Interpretation
0.0 - 0.2	negligible
0.2 - 0.5	small
0.5 - 0.8	medium
0.8 -	large

10.2.1 D de Cohen

Una de las medidas más comunes de tamaño de efectos es conocida como la *d de Cohen*, nombrada en honor al estadístico Jacob Cohen (quien es más famoso por su trabajo de 1994 “El mundo es redondo ($p < .05$)”). Es usada para cuantificar la diferencia entre dos medias, en términos de su desviación estándar:

$$d = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{s}$$

donde $\bar{X}_1$ y $\bar{X}_2$ son las medias de los dos grupos, y s es la desviación estándar agrupada (la cual es una combinación de las desviaciones estándar de las dos muestras, ponderadas por sus tamaños de muestra):

$$s = \sqrt{\frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2}{n_1 + n_2 - 2}}$$

donde n_1 y n_2 son tamaños de muestra y s_1^2 y s_2^2 son las desviaciones estándar de los dos grupos, respectivamente. Nótese que esto es muy similar en espíritu al estadístico t — la diferencia principal es que el denominador en la estadística está basada en el error estándar de la media, mientras que el denominador en la D de Cohen está basada en la desviación estándar de los datos. Esto significa que mientras que la estadística t va a crecer conforme al tamaño de la muestra aumente, el valor de la D de Cohen se mantendrá igual.

Hay una escala comúnmente usada para interpretar el tamaño de un efecto en términos de la D de Cohen, mostrada en la Tabla 10.1. Puede ser útil observar algunos efectos comúnmente entendidos para ayudar a comprender

estas interpretaciones. Por ejemplo, el tamaño del efecto para las diferencias de altura por género en personas adultas ($d = 2.05$) es muy grande en referencia a nuestra tabla anterior. También podemos ver esto al observar las distribuciones de las alturas de hombres y mujeres en una muestra del conjunto de datos de NHANES. La figura 10.2 muestra que las dos distribuciones están bastante bien separadas, aunque todavía se superponen, lo que destaca el hecho de que incluso cuando hay un tamaño de efecto muy grande para la diferencia entre dos grupos, habrá individuos de cada grupo que son más como el otro grupo.

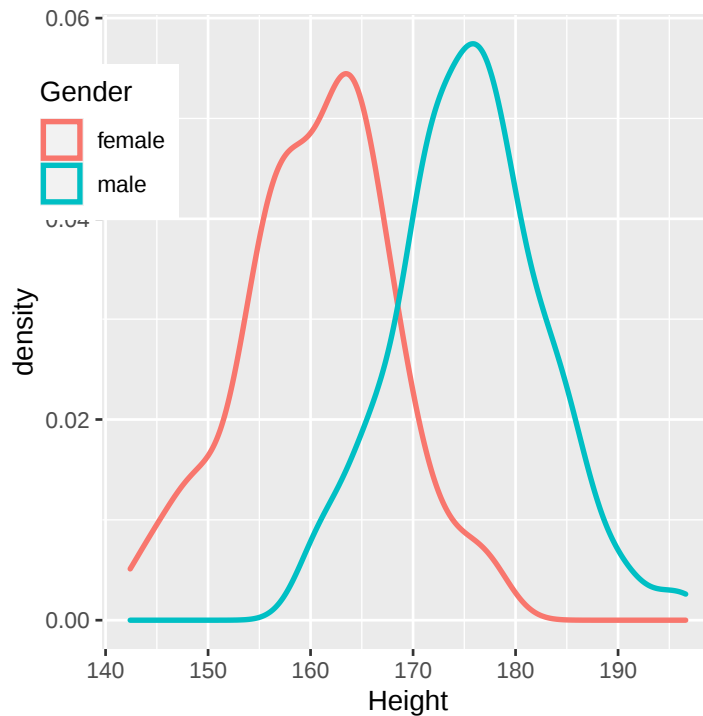


Figure 10.2: Gráficos de histograma suavizados para alturas masculinas y femeninas en el conjunto de datos de NHANES, que muestran distribuciones claramente distintas pero también claramente superpuestas.

También vale la pena señalar que rara vez encontramos efectos de esta magnitud en la ciencia, en parte porque son efectos tan obvios que no necesitamos investigación científica para encontrarlos. Como veremos en el Capítulo 17 sobre la reproducibilidad, los efectos muy grandes reportados en la in-

vestigación científica a menudo reflejan el uso de prácticas de investigación cuestionables en lugar de efectos verdaderamente enormes en la naturaleza. También vale la pena señalar que incluso para un efecto tan grande, las dos distribuciones aún se superponen: habrá algunas mujeres que serán más altas que el hombre promedio, y viceversa. Para la mayoría de los efectos científicos más interesantes, el grado de superposición será mucho mayor, por lo que no deberíamos sacar conclusiones sólidas de inmediato sobre personas de diferentes poblaciones basadas incluso en un tamaño de efecto grande.

10.2.2 r de Pearson

La r de Pearson, también conocida como el coeficiente de correlación, es una medida sobre la fuerza de la relación lineal entre dos variables continuas. Hablaremos sobre correlación con mayor detalle en el capítulo 13, para que podamos guardar los detalles para ese capítulo aquí simplemente presentaremos r como una manera de cuantificar la relación entre dos variables.

r es una medida que varía de -1 a 1, donde el valor de 1 representa una perfecta relación positiva entre variables, 0 representa no relación y -1 representa una relación perfectamente negativa. La figura 10.3 muestra ejemplos de varios niveles de correlación utilizando datos generados aleatoriamente.

10.2.3 Razón de posibilidades (odds ratio)

En nuestra discusión anterior sobre probabilidad discutimos el concepto de las posibilidades – esto es, la probabilidad de que un evento suceda versus a que no suceda.

$$\text{odds of } A = \frac{P(A)}{P(\neg A)}$$

También discutimos la *razón de posibilidades* (*odds ratio*) que es simplemente la razón entre dos posibilidades. La razón de posibilidades es una manera útil para describir tamaños de efectos para variables binarias.

Por ejemplo, tomemos el caso de fumar y el cáncer de pulmón. Un estudio publicado en el *International Journal of Cancer* en 2012 (Pesch et al.

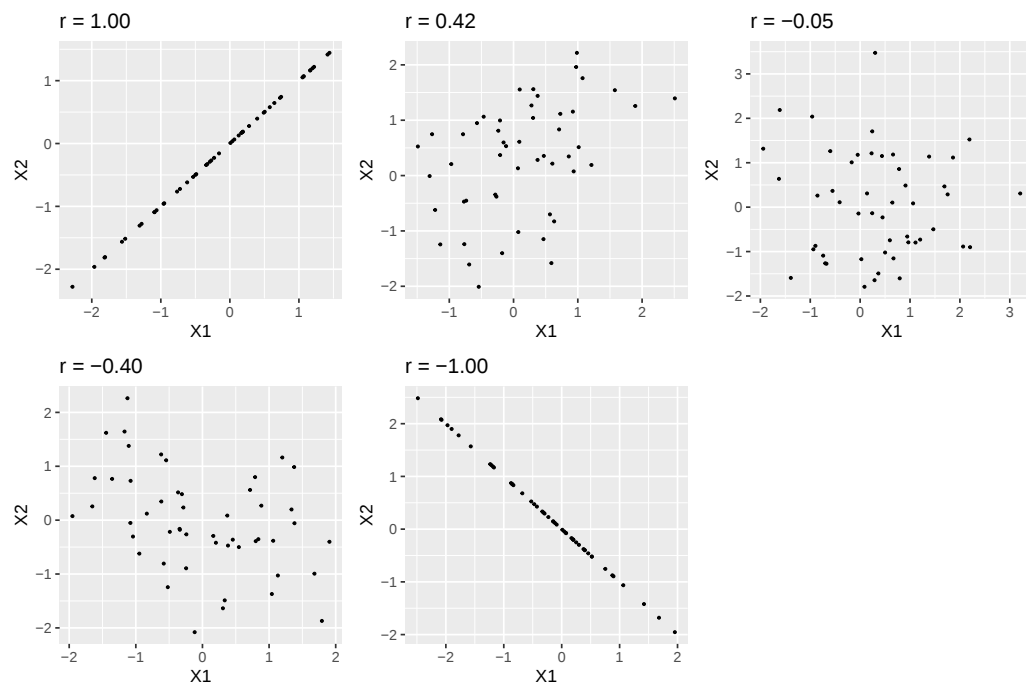


Figure 10.3: Ejemplos de varios niveles de la r de Pearson.

Table 10.2: Aparición del cáncer de pulmón por separado para los fumadores actuales y los que nunca han fumado.

Status	NeverSmoked	CurrentSmoker
No Cancer	2883	3829
Cancer	220	6784

2012) combinó datos sobre la aparición de cáncer de pulmón en fumadores y personas que nunca han fumado en una serie de estudios diferentes. Ten en cuenta que estos datos provienen de estudios de casos y controles, lo que significa que los participantes en los estudios fueron reclutados porque tenían o no tenían cáncer; luego se examinó su condición de fumador. Por tanto, estas cifras (mostradas en la Tabla 10.2) no representan la prevalencia del cáncer entre los fumadores de la población general, pero pueden informarnos sobre la relación entre el cáncer y el tabaquismo.

Podemos convertir estos números en razones de posibilidades (*odds ratios*) para cada uno de los grupos. Las posibilidades de que un no fumador tenga cáncer de pulmón son 0.08 mientras que las posibilidades de que un fumador actual tenga cáncer de pulmón son 1.77. La razón de estas posibilidades nos dice acerca de la probabilidad relativa de cáncer entre los dos grupos: La razón de posibilidades de 23.22 nos dice que las posibilidades de cáncer de pulmón en los fumadores son aproximadamente 23 veces más altas que en los que nunca han fumado.

10.3 Poder estadístico

Recuerda del capítulo anterior que bajo el enfoque de prueba de hipótesis de Neyman-Pearson, tenemos que especificar nuestro nivel de tolerancia para dos tipos de errores: falsos positivos (que llamaron *error tipo I*) y falsos negativos (que llamaron *error tipo II*). La gente a menudo se enfoca mucho en el error de Tipo I, porque hacer una afirmación de falso positivo generalmente se ve como algo muy malo; por ejemplo, las afirmaciones ahora desacreditadas de Wakefield (1999) de que el autismo estaba asociado con la vacunación llevaron a un sentimiento antivacunas que ha resultado en un aumento sustancial de enfermedades infantiles como el sarampión. De manera similar, no queremos

afirmar que un medicamento cura una enfermedad si realmente no lo hace. Es por eso que la tolerancia para los errores de Tipo I generalmente se establece bastante baja, generalmente en $\alpha = 0.05$. Pero, ¿qué pasa con los errores de tipo II?

El concepto de *poder estadístico* (*statistical power*) es el complemento al tipo de error II – que es la probabilidad (*likelihood*) de encontrar un resultado positivo, dado que exista ese efecto:

$$power = 1 - \beta$$

Otro aspecto importante del modelo de Neyman-Pearson que no discutimos anteriormente es el hecho de que además de especificar los niveles aceptables de errores de Tipo I y Tipo II, también tenemos que describir una hipótesis alternativa específica, es decir, ¿cuál es el tamaño del efecto que deseamos detectar? De lo contrario, no podemos interpretar β ; la probabilidad de encontrar un efecto grande siempre será mayor que encontrar un efecto pequeño, por lo que β será diferente dependiendo del tamaño del efecto que estemos tratando de detectar.

Existen tres factores que pueden afectar el poder estadístico:

- Tamaño de la muestra: las muestras más grandes proporcionan una mayor potencia estadística.
- Tamaño del efecto: cualquier diseño dado siempre tendrá mayor poder para encontrar un efecto grande que un efecto pequeño (porque encontrar efectos grandes es más fácil).
- Tasa de error tipo I: existe una relación entre el error de tipo I y la potencia de modo que (en igualdad de condiciones) la disminución del error de tipo I también disminuirá la potencia.

Podemos ver esto a través de la simulación. Primero simulemos un solo experimento, en el que comparamos las medias de dos grupos usando una prueba t estándar. Variaremos el tamaño del efecto (especificado en términos de la d de Cohen), la tasa de error de Tipo I y el tamaño de la muestra, y para cada uno de ellos examinaremos cómo se ve afectada la proporción de resultados significativos (es decir, el poder). La figura 10.4 muestra un ejemplo de cómo cambia la potencia en función de estos factores.

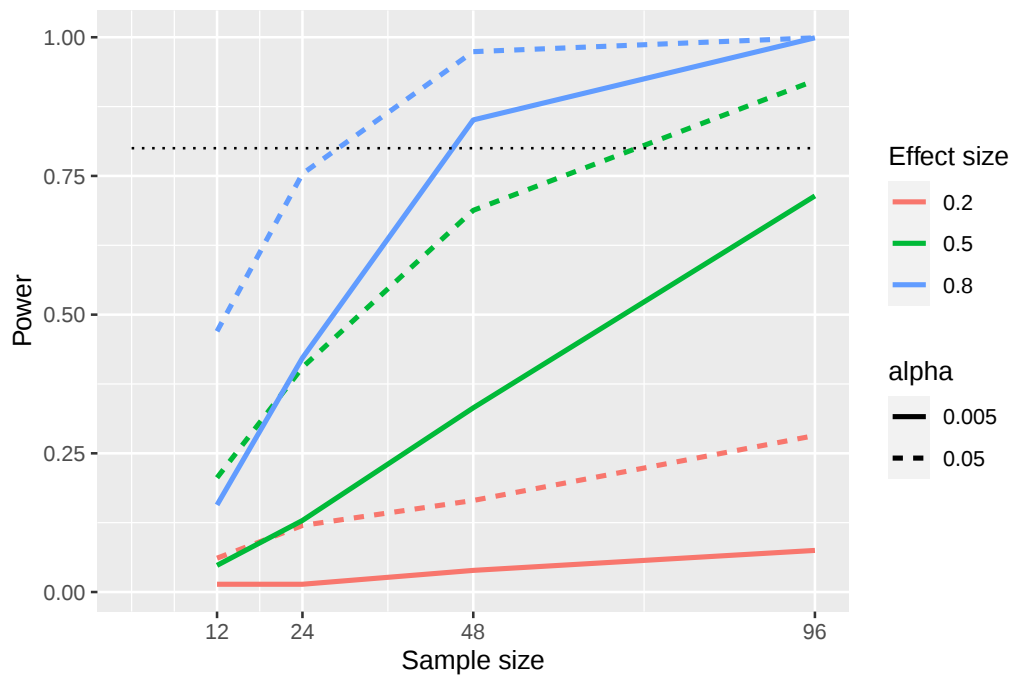


Figure 10.4: Resultados de la simulación de potencia, que muestran la potencia en función del tamaño de la muestra, con tamaños de efecto mostrados como diferentes colores y alfa como el tipo de línea. El criterio estándar del 80 por ciento de potencia se muestra mediante la línea negra punteada.

Esta simulación nos muestra que incluso con una muestra de 96, relativamente tendremos poco poder para encontrar un efecto pequeño ($d = 0.2$) con $\alpha = 0.005$. Esto significa que un estudio diseñado para hacer esto sería *fútil*, o sea que está casi garantizado que no encontrará nada, incluso si un efecto real de ese tamaño existe.

Hay al menos dos razones importantes para preocuparse por el poder estadístico. Primero, si usted es un investigador, probablemente no quiera perder su tiempo haciendo experimentos fútiles. Realizar un estudio con poca potencia es esencialmente fútil, porque significa que hay una probabilidad muy baja de que uno encuentre un efecto, incluso si existe. En segundo lugar, resulta que cualquier hallazgo positivo que provenga de un estudio con poca potencia es más probable que sea falso en comparación con un estudio con buena potencia, un punto que discutimos con más detalle en el Capítulo 17.

10.3.1 Análisis de poder

Afortunadamente, existen herramientas disponibles que nos permiten determinar el poder estadístico de un experimento. El uso más común de estas herramientas es en la planificación de un experimento, cuando nos gustaría determinar qué tan grande debe ser nuestra muestra para tener suficiente poder para encontrar nuestro efecto de interés.

Digamos que estamos interesados en realizar un estudio de cómo un rasgo de personalidad en particular difiere entre los usuarios de dispositivos iOS y Android. Nuestro plan es recolectar dos grupos de individuos y medirlos en función del rasgo de personalidad, y luego comparar los dos grupos usando una prueba t. En este caso, pensaríamos que un efecto mediano ($d = 0.5$) es de interés científico, por lo que usaremos ese nivel para nuestro análisis de poder. Para determinar el tamaño de muestra necesario, podemos utilizar la función de potencia/poder de nuestro software estadístico:

```
##
##      Two-sample t test power calculation
##
##              n = 64
##            delta = 0.5
##              sd = 1
```

```
##          sig.level = 0.05
##          power = 0.8
##          alternative = two.sided
##
## NOTE: n is number in *each* group
```

Esto nos dice que necesitaríamos al menos 64 sujetos en cada grupo para tener suficiente poder para encontrar un efecto de tamaño medio. Siempre es importante realizar un análisis de poder antes de comenzar un nuevo estudio, para asegurarse de que el estudio no sea fútil debido a una muestra demasiado pequeña.

Puede que se le haya ocurrido que si el tamaño del efecto es lo suficientemente grande, la muestra necesaria será muy pequeña. Por ejemplo, si realizamos el mismo análisis de potencia con un tamaño del efecto de $d=2$, veremos que solo necesitamos unos 5 sujetos en cada grupo para tener la potencia suficiente para encontrar la diferencia.

```
##
##          Two-sample t test power calculation
##
##          n = 5.1
##          d = 2
##          sig.level = 0.05
##          power = 0.8
##          alternative = two.sided
##
## NOTE: n is number in *each* group
```

Sin embargo, es raro en la ciencia estar haciendo un experimento en el que esperamos encontrar un efecto tan grande, al igual que no necesitamos estadísticas para decirnos que los niños de 16 años son más altos que los de 6 años. Cuando ejecutamos un análisis de poder, necesitamos especificar un tamaño de efecto que sea plausible y/o científicamente interesante para nuestro estudio, que normalmente provendría de investigaciones previas. Sin embargo, en el Capítulo 17 discutiremos un fenómeno conocido como la “maldición del ganador” que probablemente resulte en tamaños de efecto publicados mayores que el tamaño del efecto real, por lo que esto también debe tenerse en cuenta.

10.4 Objetivos de aprendizaje

Después de leer este capítulo, deberías poder:

- Describir la interpretación adecuada de un intervalo de confianza y calcular un intervalo de confianza para la media de un conjunto de datos dado.
- Definir el concepto de tamaño del efecto y calcular el tamaño del efecto para una prueba determinada.
- Describir el concepto de poder estadístico y por qué es importante para la investigación.

10.5 Lecturas sugeridas

- [Robust misinterpretation of confidence intervals](#), por Hoekstra et al.

Chapter 11

Estadística Bayesiana

En este capítulo estaremos trabajando desde el enfoque del modelado estadístico e inferencial que contrasta con el marco de prueba de hipótesis nula que vimos en el capítulo 9. Esto se conoce como “Estadística Bayesiana,” en honor al reverendo Thomas Bayes, cuyo teorema ya has visto en el capítulo 6. En este capítulo aprenderás cómo el teorema de Bayes proporciona una forma de entender los datos que resuelve muchos de los problemas conceptuales que discutimos con respecto a la prueba de hipótesis nula, mientras introduce a su vez nuevos retos.

11.1 Modelos Generativos

Digamos que estás caminando por la calle y unx amigx tuyx camina a tu lado pero no te saluda. Probablemente vas a tratar de decidir por qué pasó esto, ¿no te vieron? ¿están enojadxs contigo? ¿De repente traes una capa de invisibilidad y no te has dado cuenta? Una de las ideas básicas de la estadística Bayesiana es que queremos inferir los detalles de cómo son generados los datos, basándonos en los datos mismos. En este caso, tú quieres usar los datos (por ejemplo, el hecho de que tu amigx no te saludó), para inferir el proceso que generó esos datos (si de verdad no te vieron, cómo se sienten con respecto tuyo, etc.).

La idea detrás de los modelos generativos es que un proceso *latente* (que no se ha visto) genera los datos que observamos, usualmente con una cantidad

de aleatoridad en el proceso. Cuando tomamos una muestra de datos de una población y estimamos el parámetro a partir de la muestra, lo que estamos haciendo en esencia es tratar de conocer el valor de la variable latente (la media de la población), la cual da lugar a través del muestreo a los datos observados (la media de la muestra). La Figura 11.1 muestra un esquema de esta idea.

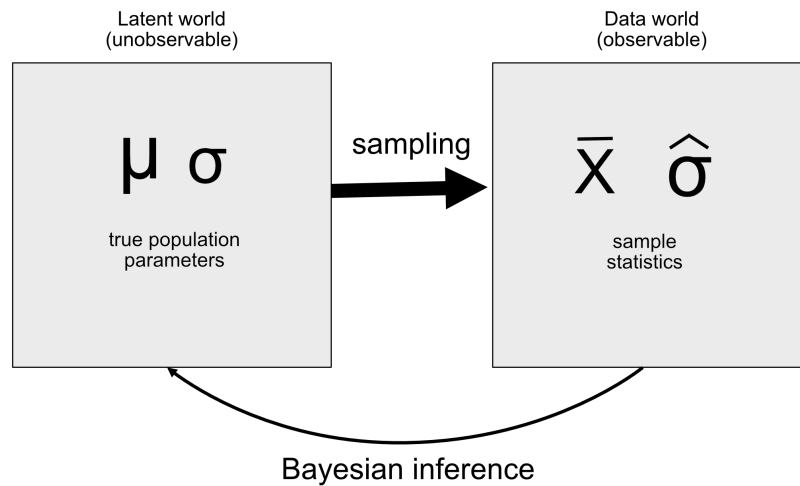


Figure 11.1: A schematic of the idea of a generative model.

Si conociéramos el valor de la variable latente, entonces debería de ser fácil reconstruir cómo deberían verse los datos observados. Por ejemplo, digamos que lanzamos una moneda que sabemos que está balanceada, por lo que podemos esperar que caiga cara el 50% de las veces que se lanza. Podemos describir la moneda con una distribución binomial con un valor de $P_{heads} = 0.5$, y luego podemos generar una muestra aleatoria de tal distribución con el fin de visualizar cómo se deberían de ver los datos. No obstante, en general estamos en la posición contraria: No sabemos el valor de la variable de interés latente, pero tenemos algunos datos que nos gustaría usar para estimarlo.

11.2 El Teorema de Bayes y la Inferencia Inversa

La razón por la cual la estadística Bayesiana tiene tal nombre es porque aprovecha el teorema de Bayes para hacer inferencias a partir de los datos sobre el proceso subyacente que generó los datos. Digamos que queremos saber si una moneda está balanceada. Para probar esto, lanzamos la moneda 10 veces y en 7 ocasiones cae en cara. Antes de esta prueba, estábamos muy seguros de que $P_{heads} = 0.5$, pero al caer cara 7 veces de 10 lanzamientos sin duda nos daría una pausa si creyéramos que $P_{heads} = 0.5$. Ya sabemos cómo calcular la probabilidad condicional de que caiga 7 o más veces en cara (de 10 veces que se lanza la moneda) si la moneda realmente está balanceada ($P(n \geq 7 | p_{heads} = 0.5)$), usando la distribución binomial.

La probabilidad resultante es 0.055. Ese es un número bastante pequeño, pero este número no responde realmente a la pregunta que estamos haciendo—nos está diciendo la probabilidad de que en 7 ocasiones o más la moneda caiga en cara, dada una probabilidad particular de cara, mientras que lo que queremos saber en realidad es la probabilidad verdadera de que caiga cara en esta moneda en particular. Esto debería sonar familiar, ya que es una situación exactamente igual a la que estábamos con la prueba de hipótesis nula, la cual nos mostró la probabilidad de los datos, en lugar de la probabilidad de las hipótesis.

Recuerda que el teorema de Bayes nos provee con una herramienta que necesitamos para invertir una probabilidad condicional.

$$P(H|D) = \frac{P(D|H) * P(H)}{P(D)}$$

Podemos pensar este teorema como si tuviéramos cuatro partes (entre paréntesis están sus nombres en inglés, y su notación matemática):

- *Probabilidad previa (prior: $P(\text{Hipótesis})$):* Nuestro grado de creencia sobre la hipótesis H antes de ver los datos D.
- *Probabilidad (Likelihood: $P(\text{Datos}|\text{Hipótesis})$):* ¿Qué tan probables son los datos observados D bajo la hipótesis H?

- *Probabilidad marginal* (*marginal likelihood*: $P(\text{Datos})$): ¿Qué tan probables son los datos observados, combinando todas las hipótesis posibles?
- *Probabilidad Posterior* (*posterior*: $P(\text{Hipótesis}|\text{Datos})$): Nuestra creencia actualizada sobre la hipótesis H, dados los datos D.

En el caso de nuestro ejemplo de lanzar la moneda:

- *Probabilidad previa* (P_{cara}): Nuestro grado de creencia sobre la probabilidad de que caiga en cara, que fue $P_{cara} = 0.5$.
- *Probabilidad* ($P(7 \text{ o más caras en } 10 \text{ lanzamientos} | P_{cara} = 0.5)$): ¿Qué probabilidad hay de 7 o más caras de 10 lanzamientos si $P_{cara} = 0.5$)?
- *Probabilidad marginal* ($P(7 \text{ o más caras en } 10 \text{ lanzamientos})$): ¿Qué probabilidades hay de que observemos 7 caras de cada 10 lanzamientos de moneda, en general?
- *Probabilidad posterior* ($P_{cara} | 7 \text{ o más caras en } 10 \text{ lanzamientos}$): Nuestra creencia actualizada sobre P_{cara} dados los lanzamientos de moneda observados.

Aquí vemos una de las principales diferencias entre la estadística frecuentista y bayesiana. Lxs frecuentistas no creen en la idea de una probabilidad de una hipótesis (es decir, nuestro grado de creencia sobre una hipótesis); para ellxs, una hipótesis es verdadera o no lo es. Otra forma de decir esto es que para la/el frecuentista, la hipótesis es fija y los datos son aleatorios, por lo que la inferencia frecuentista se centra en describir la probabilidad de los datos dada una hipótesis (es decir, el valor p). Lxs bayesianos, por otro lado, se sienten cómodos haciendo declaraciones de probabilidad sobre datos e hipótesis.

11.3 Haciendo estimaciones Bayesianas

En última instancia, queremos utilizar la estadística bayesiana para tomar decisiones sobre las hipótesis, pero antes de hacerlo, debemos estimar los parámetros que son necesarios para tomar la decisión. Aquí recorreremos el proceso de estimación bayesiana. Usemos otro ejemplo de inspecciones (*screening*): la inspección de seguridad del aeropuerto. Si vuelas mucho, es solo cuestión de tiempo para que una de las inspecciones aleatorias de explosivos resulte positiva; tuve la experiencia particularmente desafortunada

de que esto sucediera poco después del 11 de septiembre de 2001, cuando el personal de seguridad del aeropuerto estaba especialmente nervioso.

Lo que el personal de seguridad quiere saber es cuál es la probabilidad de que una persona lleve un explosivo, dado que la máquina ha dado positivo en la prueba. Veamos cómo calcular este valor mediante el análisis bayesiano.

11.3.1 Especificar la probabilidad previa

Para usar el teorema de Bayes, primero debemos especificar la probabilidad previa para la hipótesis. En este caso, no sabemos el número real pero podemos asumir que es pequeño. De acuerdo a la [FAA](#), había 971,595,898 pasajeros aéreos en los Estados Unidos de América en 2017. Digamos que uno de esos viajeros llevaba un explosivo en su bolsa — esto nos daría una probabilidad previa de 1 entre 971 millones, lo cual es muy pequeño. El personal de seguridad seguramente tuvo en mente una probabilidad previa mucho mayor en los meses después del ataque del 9/11, así que diremos que su pensamiento subjetivo era que uno en un millón de viajeros traía consigo un explosivo.

11.3.2 Recolectar los datos

Los datos se componen de los resultados de las pruebas de screening de explosivos. Digamos que el staff de seguridad pasa una bolsa a través de su aparato para comprobar que sea seguro, lo pasa durante 3 veces, y da positivo en 3 de las 3 pruebas.

11.3.3 Calcular la probabilidad (likelihood)

Queremos calcular la probabilidad (*likelihood*) de los datos observados bajo la hipótesis de que hay un explosivo en la bolsa. Digamos que sabemos (por los fabricantes de la máquina) que la sensibilidad de la prueba es 0.99 – o sea, cuando un objeto explosivo está presente lo detectará un 99% de las veces. Para determinar la probabilidad de nuestros datos bajo la hipótesis de que un objeto explosivo está presente, podemos tratar cada prueba como un ensayo de Bernoulli (o sea, un ensayo con un resultado de verdadero o

falso) con una probabilidad de éxito de 0.99, lo cual podemos modelar con una distribución binomial.

11.3.4 Calcular la probabilidad marginal (marginal likelihood)

También necesitamos saber la probabilidad (*likelihood*) total de los datos – esto es, el encontrar 3 positivos de 3 pruebas. Calcular la probabilidad marginal es comúnmente uno de los aspectos del análisis Bayesiano más difíciles, pero para nuestro ejemplo, es simple, ya que, podemos tomar ventaja de la forma específica del teorema de Bayes para un resultado binario que presentamos en la sección 6.7:

$$P(E|T) = \frac{P(T|E) * P(E)}{P(T|E) * P(E) + P(T|\neg E) * P(\neg E)}$$

en donde E se refiere a la presencia de explosivos y T se refiere a un resultado positivo de la prueba.

En este caso, la probabilidad marginal es una probabilidad ponderada (*weighted probability*) de la probabilidad de los datos en la presencia y en la ausencia de explosivos, multiplicada por la probabilidad de que haya un explosivo presente (es decir, la probabilidad previa). En este caso, digamos que sabemos (gracias al fabricante), que la especificidad de la prueba es 0.99, por lo que la probabilidad de un resultado positivo cuando no hay explosivo ($P(T|\neg E)$) es 0.01.

11.3.5 Calcular la probabilidad posterior

Ahora que tenemos todas las partes que necesitamos para calcular la probabilidad posterior de que un explosivo esté presente en la bolsa, dados los resultados observados de 3 positivos de 3 pruebas. Este resultado nos muestra que la probabilidad posterior de que haya un explosivo en la bolsa dadas estas pruebas positivas (0.492) está justo por debajo del 50%, de nuevo resaltando el hecho de que las pruebas para detectar eventos raros casi siempre pueden producir un gran número de falsos positivos, incluso cuando la especificidad y la sensibilidad son muy altas.

Un aspecto importante del análisis Bayesiano es que puede ser secuencial. Una vez que tenemos la probabilidad posterior de un análisis, se puede convertir en la probabilidad previa del siguiente análisis.

11.4 Estimar distribuciones posteriores

En el ejemplo anterior solamente había dos posibilidades – el explosivo estaba ahí o no – y queríamos saber cuál resultado era más probable dados los datos que teníamos. Sin embargo, en otros casos queremos usar estimaciones Bayesianas para estimar el valor numérico de un parámetro. Digamos que queremos conocer la efectividad de un nuevo medicamento para el dolor; para probar esto, podemos administrar el medicamento a un grupo de pacientes y luego preguntarles si su dolor disminuyó o no después de tomar el medicamento. Podemos usar un análisis Bayesiano para estimar la proporción de personas para las cuales el medicamento será efectivo utilizando estos datos.

11.4.1 Especificar la probabilidad previa

En este caso, no tenemos información previa sobre la efectividad del medicamento, así que usaremos una *distribución uniforme* como nuestra probabilidad previa, ya que los valores son igualmente probables en una distribución uniforme. Para simplificar este ejemplo, solo veremos un subconjunto de 99 posibles valores de efectividad (de .01 a .99, en pasos de .01). Por lo que cada valor posible tiene una probabilidad previa de $1/99$.

11.4.2 Recolectar algunos datos

Necesitamos algunos datos para poder estimar la efectividad del medicamento. Digamos que administramos el medicamento a 100 individuos, y encontramos que 64 responden positivamente al medicamento (*responders*).

11.4.3 Calcular la probabilidad (likelihood)

Podemos calcular la probabilidad (*likelihood*) de los datos observados bajo cualquier valor particular del parámetro de efectividad usando la función de

densidad binomial. En la Figura 11.2 puedes ver las curvas de probabilidad sobre el número de respondientes (quienes respondieron positivamente al medicamento, *responders*) para varios valores de $P_{respond}$. Observando esto, parece que nuestros datos observados son relativamente más probables bajo la hipótesis de $P_{respond} = 0.7$, algo menos probable bajo la hipótesis de $P_{respond} = 0.5$, y bastante improbable bajo la hipótesis de $P_{respond} = 0.3$. Una de las ideas fundamentales de la inferencia bayesiana es que debemos cambiar nuestra creencia sobre los valores de nuestro parámetro de interés en proporción a qué tan probables serían los datos bajo esos valores, contrastados contra lo que creíamos acerca de los valores del parámetro antes de haber visto los datos (nuestro conocimiento previo).

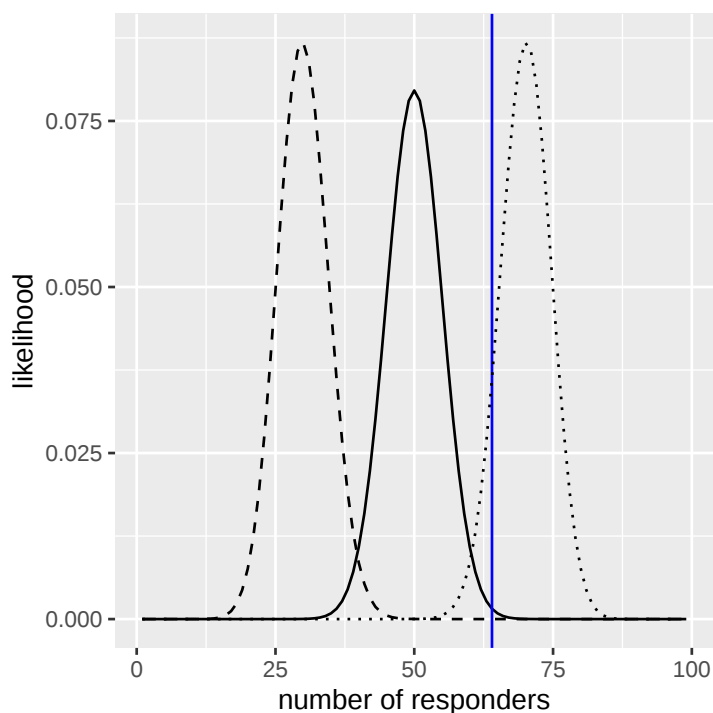


Figure 11.2: Probabilidad (likelihood) de cada número de respondientes posible bajo diferentes hipótesis ($p(\text{respond})=0.5$ (línea continua), 0.7 (línea punteada), 0.3 (línea discontinua). Los valores observados se muestran en la línea vertical.

11.4.4 Calcular la probabilidad marginal

Además de la probabilidad de los datos bajo diferentes hipótesis, necesitamos conocer la probabilidad general de los datos, combinando todas las hipótesis (es decir, la probabilidad marginal). Esta probabilidad marginal es particularmente importante porque ayuda a asegurar que los valores posteriores sean probabilidades verdaderas. En este caso, nuestro uso de un conjunto de posibles valores discretos de parámetros facilita el cálculo de la probabilidad marginal, porque podemos simplemente calcular la probabilidad de cada valor del parámetro bajo cada hipótesis y sumarlos.

11.4.5 Calcular la probabilidad posterior

Ahora tenemos todas las partes que necesitamos para calcular la distribución de probabilidad posterior a lo largo de todos los valores posibles de $p_{respond}$, como se muestra en la Figura 11.3.

11.4.6 Estimación máxima a posteriori (MAP, maximum a posteriori)

Dados nuestros datos, nos gustaría obtener una estimación de $p_{respond}$ para nuestra muestra. Una forma de hacer esto es encontrar el valor de $p_{respond}$ para el cual la probabilidad posterior es la más alta, al que nos referimos como la estimación *máxima a posteriori* (MAP). Podemos encontrar esto a partir de los datos en la Figura 11.3 — es el valor que se muestra con un marcador en la parte superior de la distribución. Ten en cuenta que el resultado (0.64) es simplemente la proporción de personas respondientes (quienes respondieron positivamente al medicamento) de nuestra muestra; esto ocurre porque la probabilidad a priori (probabilidad previa) era uniforme y por lo tanto no influyó en nuestra estimación.

11.4.7 Intervalos de credibilidad

Frecuentemente nos gustaría saber no solo una estimación única para la probabilidad posterior, sino un intervalo en el que confiamos que la probabilidad

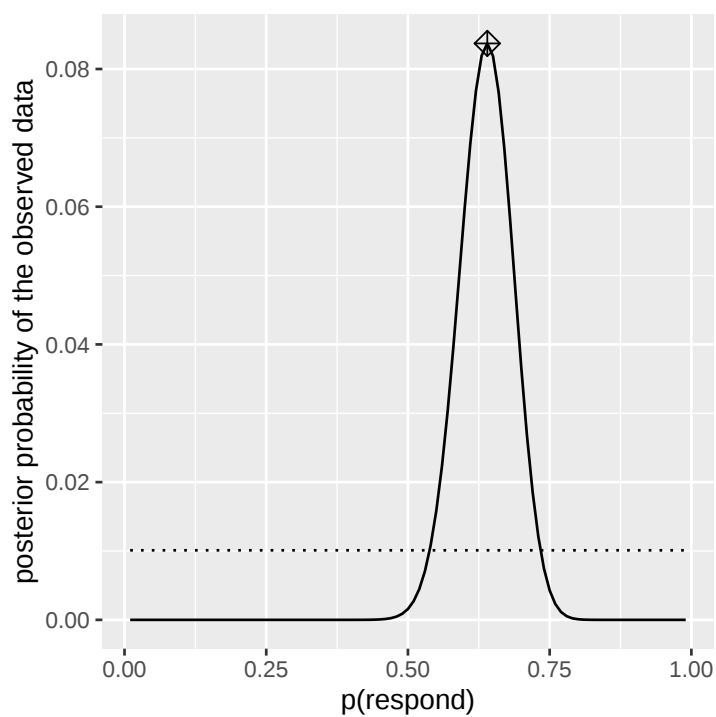


Figure 11.3: Distribución de probabilidad posterior para los datos observados graficada con la línea sólida en comparación con la distribución de probabilidad previa uniforme (línea punteada). El valor máximo a posteriori (MAP) está señalado con el símbolo de diamante.

posterior caerá. Anteriormente discutimos el concepto de intervalos de confianza en el contexto de la inferencia frecuentista, y podrás recordar que la interpretación de los intervalos de confianza fue particularmente complicada: era un intervalo que contendrá el valor del parámetro el 95% del tiempo. Lo que realmente queremos es un intervalo en el que estemos seguros que el verdadero parámetro estará incluido, y las estadísticas bayesianas pueden darnos ese intervalo, al que llamamos *intervalo de credibilidad*.

La interpretación de este intervalo de credibilidad está mucho más cerca de lo que esperábamos que pudiéramos obtener de un intervalo de confianza (pero que no obtuvimos): nos dice que hay un 95% de probabilidad de que el valor de p_{respond} se encuentre entre estos dos valores. Es importante destacar que, en este caso, muestra que tenemos una alta confianza en que $p_{\text{respond}} > 0.0$, lo que significa que el medicamento parece tener un efecto positivo.

En algunos casos el intervalo de credibilidad puede ser calculado *numéricamente* basado en una distribución conocida, pero es mucho más común generar un intervalo de credibilidad al muestrear de la distribución posterior y luego calcular cuantiles de las muestras. Esto es particularmente útil cuando no tenemos una forma sencilla de expresar la distribución posterior numéricamente, que es común en un análisis de datos Bayesiano real. Uno de estos métodos (muestreo de rechazo, *rejection sampling*) se explica con más detalle en el Apéndice al final de este capítulo.

11.4.8 Efectos de diferentes probabilidades previas

En el ejemplo anterior usamos una *probabilidad previa plana*, lo cual quiere decir que no teníamos ninguna razón para creer que algún valor en particular de p_{respond} era más o menos probable. Sin embargo, digamos que en su lugar hubiéramos comenzado con algunos datos previos: En un estudio previo, investigadores habían puesto a prueba a 20 personas y habían encontrado que 10 de ellas respondieron positivamente. Esto nos habría llevado a comenzar con la creencia previa de que el tratamiento tiene efecto en el 50% de las personas. Podemos hacer el mismo cálculo que en el anterior, pero usando la información de nuestro estudio anterior para informar nuestra probabilidad previa (ve el panel A en la Figura 11.4).

Nota que la probabilidad y la probabilidad marginal no cambiaron - solamente cambió la probabilidad previa. El efecto del cambio en la probabilidad

previa fue jalar la probabilidad posterior más cerca de la masa de la nueva probabilidad previa, la cual está centrada en 0.5.

Ahora veamos qué pasa si llegamos al análisis con un conocimiento previo más fuerte aún. Digamos que en lugar de haber observado con anterioridad a 10 personas que respondieron positivamente de 20, el estudio previo había puesto a prueba a 500 personas y encontró 250 que respondieron positivamente. Esto en principio nos debería de dar una probabilidad previa más fuerte, y como vemos en el panel B de la Figura 11.4, eso es lo que pasa: La probabilidad previa está mucho más concentrada alrededor de 0.5, y la probabilidad posterior está mucho más cerca de la probabilidad previa. La idea general es que la inferencia Bayesiana combina la información de la probabilidad previa y la probabilidad (*likelihood*), ponderando el peso relativo de cada una.

Este ejemplo también destaca la naturaleza secuencial de los análisis Bayesianos – la probabilidad posterior de un análisis puede tornarse en la probabilidad previa del siguiente análisis.

Finalmente, es importante destacar que si las probabilidades previas son lo suficientemente fuertes, pueden abrumar completamente a los datos. Digamos que tienes una probabilidad previa absoluta en donde $p_{respond}$ es 0.8 o más, por lo que defines la probabilidad previa de todos los demás valores a cero. ¿Qué pasa entonces cuando calculamos la probabilidad posterior?

En el panel de C de la Figura 11.4 observamos que hay una densidad cero en la probabilidad posterior para cualquiera de los valores en donde la probabilidad previa se ha puesto en cero - los datos se ven abrumados por el valor previo absoluto.

11.5 Elegir una probabilidad previa

El impacto de las probabilidades previas en el resultado de las inferencias es uno de los aspectos más controversiales de la estadística Bayesiana. ¿Cuál es la probabilidad correcta a usar? Si la elección de probabilidad previa determina los resultados (es decir, la probabilidad posterior), ¿cómo puedes estar seguro que los resultados son confiables? Estas son preguntas difíciles, pero no deberíamos de retroceder solamente porque nos enfrentemos con preguntas difíciles. Como lo discutimos previamente, los análisis Bayesianos

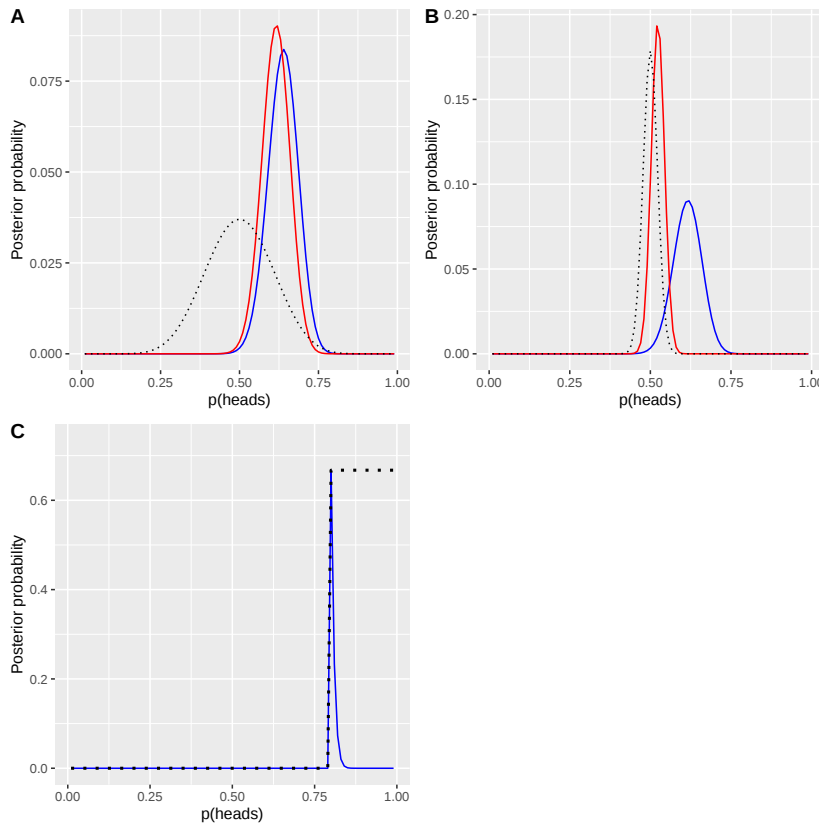


Figure 11.4: A: Efectos de probabilidades previas sobre la distribución posterior. La distribución posterior original que se basó en una probabilidad previa plana se muestra en azul. La probabilidad previa basada en la observación de 10 respondientes de un total de 20 personas está graficada con la línea negra punteada, y la probabilidad posterior usando esta probabilidad previa está graficada en rojo. B: Efectos de la fuerza de la probabilidad previa sobre la distribución posterior. La línea azul muestra la probabilidad posterior obtenida usando una probabilidad previa basada en 50 respondientes de un total de 100 personas. La línea negra punteada muestra la probabilidad previa basada en 250 respondientes de 500 personas, y la línea roja muestra la probabilidad posterior basada en esta probabilidad previa. C: Efectos de la fuerza de la probabilidad previa sobre la distribución posterior. La línea azul muestra la probabilidad posterior obtenida usando una probabilidad previa absoluta que indica que $p(\text{respond})$ es 0.8 o mayor. La probabilidad previa se muestra con la línea negra punteada.

nos dan resultados interpretables (intervalos de credibilidad, etc.). Esto nos debería de inspirar a pensar seriamente sobre estas preguntas, y así poder llegar a resultados que sean razonables e interpretables.

Hay varias formas de elegir probabilidades previas, que (como vimos anteriormente) pueden afectar las inferencias resultantes. A veces tenemos una probabilidad previa muy específica, como en el caso en el que esperábamos que nuestra moneda saliera cara el 50% de las veces, pero en muchos casos no tenemos un punto de partida tan sólido. Las *probabilidades previas no informativas* (*Uninformative priors*) intentan influir lo menos posible en la probabilidad posterior resultante, como vimos en el ejemplo anterior con probabilidad uniforme. También es común usar *probabilidades previas débilmente informativas* (o *probabilidades previas por defecto*, *weakly informative priors* o *default priors*), que influyen en el resultado sólo muy levemente. Por ejemplo, si hubiéramos usado una distribución binomial basada en el resultado de una cara de dos lanzamientos de moneda, la probabilidad previa se habría centrado alrededor de 0.5, pero bastante plana, influyendo en la probabilidad posterior sólo ligeramente. También es posible utilizar probabilidades previas basadas en la literatura científica o datos preexistentes, que llamaríamos *probabilidades previas empíricas* (*empirical priors*). En general, sin embargo, nos ceñiremos al uso de probabilidades previas no-informativas / poco-informativas, ya que generan la menor preocupación de influir en nuestros resultados.

11.6 Prueba de hipótesis Bayesiana

Habiendo aprendido cómo realizar la estimación bayesiana, ahora pasamos al uso de métodos bayesianos para la prueba de hipótesis. Digamos que hay dos políticos que difieren en sus creencias sobre si el público está a favor de un impuesto extra para apoyar los parques nacionales. El senador Smith piensa que solo el 40% de la gente está a favor del impuesto, mientras que el senador Jones cree que el 60% de la gente está a favor. Organizan una encuesta para probar esto, que pregunta a 1000 personas seleccionadas al azar si apoyan tal impuesto. Los resultados son que 490 de las personas de la muestra encuestada estaban a favor del impuesto. Con base en estos datos, nos gustaría saber: ¿Los datos respaldan las afirmaciones de un senador sobre el otro y en qué medida? Podemos probar esto usando un concepto conocido

como el **factor de Bayes** (*Bayes Factors*), que cuantifica qué hipótesis es mejor comparando qué tan bien predican los datos cada una de las hipótesis.

11.6.1 Factores de Bayes

El factor de Bayes caracteriza la probabilidad relativa de los datos bajo dos hipótesis diferentes. Es definido como:

$$BF = \frac{p(data|H_1)}{p(data|H_2)}$$

para dos hipótesis H_1 y H_2 . En el caso de nuestros dos senadores, sabemos cómo calcular la probabilidad de los datos bajo cada hipótesis utilizando la distribución binomial; supongamos por el momento que nuestra probabilidad previa de que cada senador esté en lo correcto es la misma ($P_{H_1} = P_{H_2} = 0.5$). Pondremos al senador Smith en el numerador y al senador Jones en el denominador, de modo que un valor mayor que uno reflejará una mayor evidencia para el senador Smith, y un valor menor que uno reflejará una mayor evidencia para el senador Jones. El factor de Bayes resultante (3325.26) proporciona una medida de la evidencia que los datos proporcionan con respecto a las dos hipótesis; en este caso, nos dice que los datos apoyan al senador Smith más de 3000 veces más de lo que apoyan al senador Jones.

11.6.2 Factores de Bayes para hipótesis estadísticas

En el ejemplo anterior teníamos predicciones específicas de cada senador, cuya probabilidad pudimos cuantificar utilizando la distribución binomial. Además, nuestra probabilidad previa para las dos hipótesis era igual. Sin embargo, en el análisis de datos reales generalmente debemos lidiar con la incertidumbre acerca de nuestros parámetros, lo que complica el factor de Bayes, porque necesitamos calcular la probabilidad marginal (es decir, un promedio integrado de las probabilidades sobre todos los parámetros posibles del modelo, ponderado por sus probabilidades). Sin embargo, a cambio, obtenemos la capacidad de cuantificar la cantidad relativa de evidencia a favor de la hipótesis nula frente a la alternativa.

Digamos que somos un investigador médico que realiza un ensayo clínico para el tratamiento de la diabetes y deseamos saber si un medicamento en particular reduce la glucosa en sangre en comparación con el placebo. Reclutamos un conjunto de voluntarios y los asignamos aleatoriamente al grupo de fármaco o placebo, y medimos el cambio en la hemoglobina A1C (un marcador de los niveles de glucosa en sangre) en cada grupo durante el período en el que se administró el fármaco o el placebo. Lo que queremos saber es: ¿Existe alguna diferencia entre el fármaco y el placebo?

Primero, generemos algunos datos y analicémoslos usando la prueba de hipótesis nula (ve la Figura 11.5). Luego, realicemos una prueba t de muestras independientes, que muestra que hay una diferencia significativa entre los grupos:

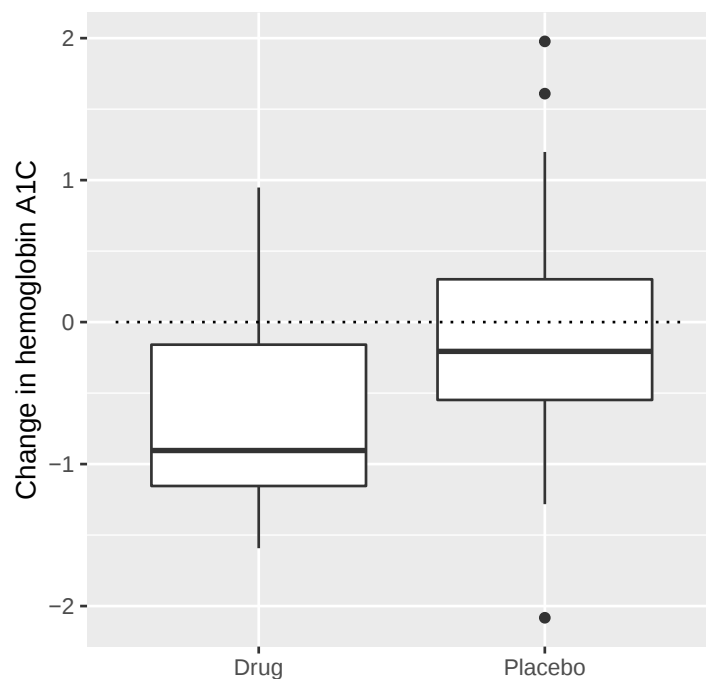


Figure 11.5: Box plots mostrando los datos de los grupos de medicamento y de placebo.

##

```
## Welch Two Sample t-test
##
## data:  hbchange by group
## t = 2, df = 32, p-value = 0.02
## alternative hypothesis: true difference in means is greater than 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.11      Inf
## sample estimates:
## mean in group 0 mean in group 1
##           -0.082           -0.650
```

Esta prueba nos dice que hay una diferencia significativa entre los grupos, pero no cuantifica la fuerza con la que la evidencia apoya la hipótesis nula versus la alternativa. Para medir eso, podemos calcular un factor de Bayes usando la función `ttestBF` del paquete de `BayesFactor` en R:

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Alt., r=0.707 0<d<Inf      : 3.4  ±0%
## [2] Alt., r=0.707 !(0<d<Inf) : 0.12 ±0.01%
##
## Against denominator:
##   Null, mu1-mu2 = 0
## ---
## Bayes factor type: BFindepSample, JZS
```

Estamos particularmente interesados en el factor de Bayes para un efecto mayor que cero, que se enumera en la línea marcada “[1]” en el informe. El factor de Bayes aquí nos dice que la hipótesis alternativa (es decir, que la diferencia sea mayor que cero) es aproximadamente 3 veces más probable que la hipótesis nula puntual (es decir, una diferencia media de exactamente cero) dados los datos. Por lo tanto, si bien el efecto es significativo, la cantidad de evidencia que nos proporciona a favor de la hipótesis alternativa es bastante débil.

11.6.2.1 Pruebas unilaterales (one-sided tests)

Por lo general, estamos menos interesados en contrastar la hipótesis nula de un valor puntual específico (por ejemplo, diferencia media = 0) que en contrastar una hipótesis nula direccional (por ejemplo, que la diferencia es menor o igual a cero). También podemos realizar una prueba direccional (o *unilateral*, en inglés *one-sided*) utilizando los resultados del análisis `ttestBF`, ya que proporciona dos factores de Bayes: uno para la hipótesis alternativa de que la diferencia media es mayor que cero y otro para la hipótesis alternativa de que la diferencia media es menor que cero. Si queremos evaluar la evidencia relativa de un efecto positivo, podemos calcular un factor de Bayes comparando la evidencia relativa de un efecto positivo versus negativo simplemente dividiendo los dos factores de Bayes devueltos por la función:

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Alt., r=0.707 0<d<Inf : 29 ±0.01%
##
## Against denominator:
##   Alternative, r = 0.707106781186548, mu != 0 !(0<d<Inf)
## ---
## Bayes factor type: BFindepSample, JZS
```

Ahora vemos que el factor Bayes para un efecto positivo frente a un efecto negativo es sustancialmente mayor (casi 30).

11.6.2.2 Interpretar Factores de Bayes

¿Cómo sabemos si un factor de Bayes de 2 o 20 es bueno o malo? Existe una guía general para la interpretación de los factores de Bayes sugerida por [Kass & Raftery \(1995\)](#):

BF	Fuerza de la evidencia
1 to 3	No merece más que una simple mención
3 to 20	Positiva
20 to 150	Fuerte

BF	Fuerza de la evidencia
>150	Muy fuerte

Con base en esto, aunque el resultado estadístico es significativo, la cantidad de evidencia a favor de la hipótesis alternativa frente a la hipótesis nula puntual es tan débil que apenas vale la pena mencionarla, mientras que la evidencia para la hipótesis direccional es relativamente sólida.

11.6.3 Evaluar evidencia a favor de la hipótesis nula

Debido a que el factor de Bayes está comparando evidencia para dos hipótesis, también nos permite evaluar si hay evidencia a favor de la hipótesis nula, lo cual no podríamos hacer con la prueba estándar de hipótesis nula (porque comienza con la suposición de que la nula es cierta). Esto puede ser muy útil para determinar si un resultado no significativo realmente proporciona pruebas sólidas de que no hay ningún efecto o, en cambio, solo refleja una evidencia débil en general.

11.7 Objetivos de aprendizaje

Después de leer este capítulo, debes ser capaz de:

- Describir las principales diferencias entre el análisis bayesiano y la prueba de hipótesis nula.
- Describir y realizar los pasos en un análisis bayesiano.
- Describir los efectos de diferentes probabilidades previas y las consideraciones que intervienen en la elección de una probabilidad previa.
- Describir la diferencia de interpretación entre un intervalo de confianza y un intervalo de credibilidad bayesiano.

11.8 Lecturas sugeridas

- *The Theory That Would Not Die: How Bayes' Rule Cracked the Enigma Code, Hunted Down Russian Submarines, and Emerged*

Triumphant from Two Centuries of Controversy, por Sharon Bertsch McGrayne.

- *Doing Bayesian Data Analysis: A Tutorial Introduction with R*, por John K. Kruschke.

11.9 Apéndice:

11.9.1 Muestreo de rechazo

Generaremos muestras a partir de nuestra distribución de probabilidad posterior usando un algoritmo simple conocido como *muestreo de rechazo* (*rejection sampling*). La idea es que elegimos un valor aleatorio de x (en este caso p_{respond}) y un valor aleatorio de y (en este caso, la probabilidad posterior de p_{respond}) cada uno de una distribución uniforme. Luego aceptamos la muestra sólo si $y < f(x)$ - en este caso, si el valor seleccionado aleatoriamente de y es menor que la probabilidad posterior real de y . La Figura 11.6 muestra un ejemplo de un histograma de muestras usando el muestreo de rechazo, junto con el intervalo de credibilidad del 95% obtenido usando este método (con los valores presentados en la Tabla ??).

	x
2.5%	0.54
98%	0.73

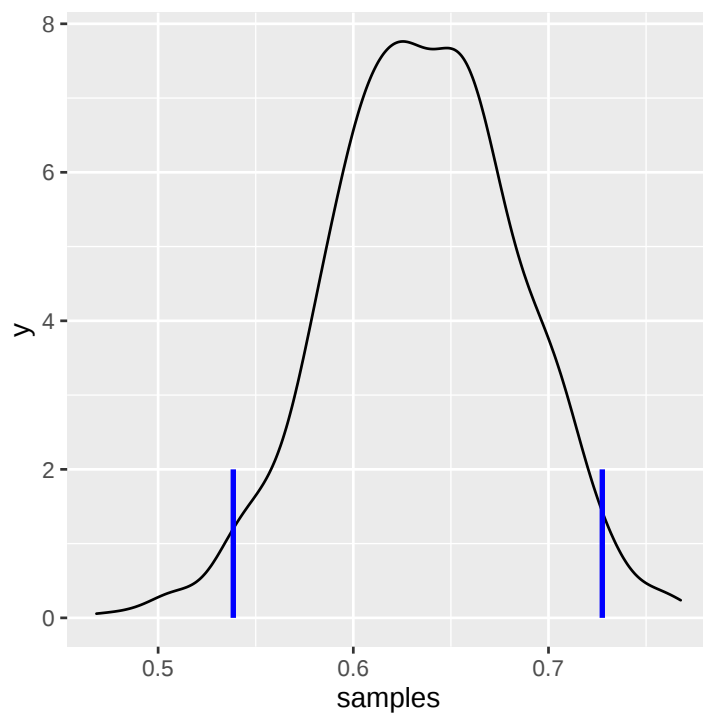


Figure 11.6: Ejemplo de muestreo de rechazo. La línea negra muestra la densidad de todos los posibles valores de $p(\text{respond})$; las líneas azules muestran los percentiles 2.5 y 97.5 de la distribución, que representan el intervalo de credibilidad al 95 por ciento para la estimación de $p(\text{respond})$.

Chapter 12

Modelar relaciones categóricas

Hasta ahora hemos discutido los conceptos generales de la modelación estadística y de la prueba de hipótesis, y los hemos aplicado a algunos análisis simples; ahora nos enfocaremos a la pregunta de cómo modelar tipos particulares de relaciones en nuestros datos. En este capítulo nos enfocaremos en la modelación de relaciones *categóricas*, con lo cual queremos decir relaciones entre variables que son medidas de manera cualitativa. Estos datos son usualmente expresados en términos de conteos; esto es, para cada valor de la variable (o combinación de valores de múltiples variables), ¿cuántas observaciones toman ese valor? Por ejemplo, cuando contamos cuántas personas de cada licenciatura hay en nuestra clase, estamos ajustando un modelo categórico a nuestros datos.

12.1 Ejemplo: Dulces de colores

Digamos que compré una bolsa con 100 dulces, que está etiquetada diciendo que tiene $1/3$ de chocolates, $1/3$ de regaliz (*licorice*), y $1/3$ de chicles. Cuando cuento los dulces en la bolsa, tengo los siguientes números: 30 chocolates, 33 de regaliz, y 37 chicles. Como me gusta el chocolate mucho más que el regaliz y los chicles, me siento ligeramente estafado y quisiera saber si esto fue sólo un accidente azaroso. Para responder esta pregunta, necesito saber: ¿Cuál es la probabilidad de que el conteo hubiera salido como salió si la verdadera probabilidad de cada tipo de dulce es realmente el promedio de una proporción de $1/3$ de cada uno?

Table 12.1: Conteos observados, conteos esperados bajo la hipótesis nula, y las diferencias al cuadrado, en nuestros datos de los dulces.

Candy Type	count	nullExpectation	squared difference
chocolate	30	33	11.11
licorice	33	33	0.11
gumball	37	33	13.44

12.2 Prueba Ji-cuadrada de Pearson

La prueba Ji-cuadrada de Pearson (también conocida como *chi-cuadrada*, del inglés *chi-squared*) nos provee de una manera de probar si el conjunto de conteos observados difiere de algunos valores esperados en específico definidos por la hipótesis nula:

$$\chi^2 = \sum_i \frac{(\text{observado}_i - \text{esperado}_i)^2}{\text{esperado}_i}$$

En el caso de nuestro ejemplo de los dulces, la hipótesis nula es que la proporción de cada tipo de dulce es igual. Para calcular el estadístico Ji-cuadrada, primero necesitamos proponer nuestros conteos esperados bajo la hipótesis nula: como la nula es que todos los conteos sean iguales, entonces estos valores esperados serán sólo el conteo total dividido entre las tres categorías (como se muestra en la Tabla 12.1). Luego tomamos la diferencia entre cada conteo observado y lo esperado bajo la hipótesis nula, lo elevamos al cuadrado, dividimos entre lo esperado por la nula, y los sumamos para obtener el estadístico Ji-cuadrada.

El estadístico Ji-cuadrada para este análisis resulta en 0.74, que por sí mismo no es interpretable, porque depende del número de valores diferentes que fueron sumados en conjunto. Sin embargo, podemos aprovechar el hecho de que el estadístico Ji-cuadrada se distribuye de acuerdo a una distribución específica bajo la hipótesis nula, que es conocida como la distribución *Ji-cuadrada*. Esta distribución es definida por la suma de los cuadrados de un conjunto de variables aleatorias normales estándares; tiene un número de grados de libertad que es igual al número de variables que están siendo sumadas. La forma de la distribución depende del número de grados de liber-

tad. El panel izquierdo de la Figura 12.1 muestra ejemplos de la distribución de diferentes grados de libertad.

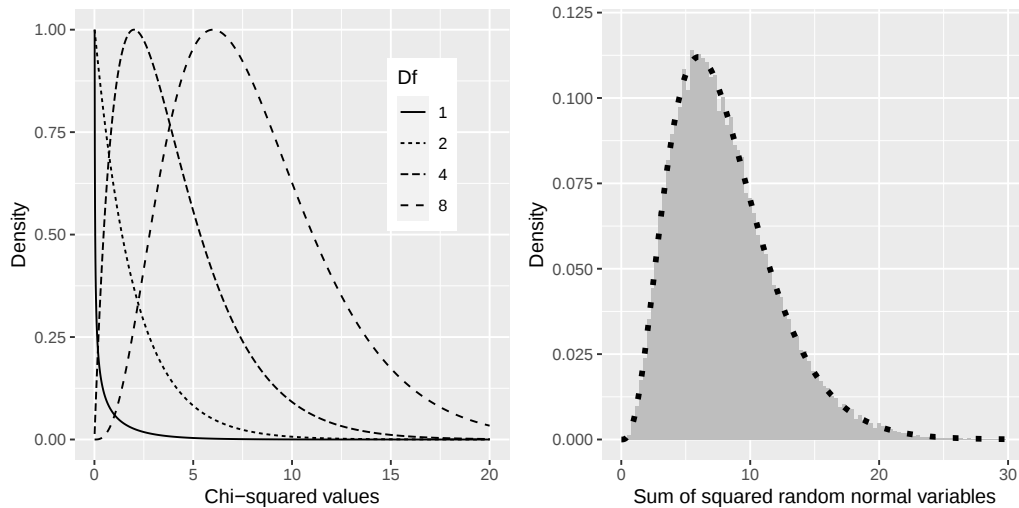


Figure 12.1: Izquierda: Ejemplos de una distribución Ji-cuadrada para varios grados de libertad. Derecha: Simulación de la suma de cuadrados de variables aleatorias normales. El histograma está basado en la suma de cuadrados de 50,000 conjuntos de 8 variables normales aleatorias; la línea punteada muestra los valores de la distribución ji-cuadrada teórica con 8 grados de libertad.

Verifiquemos que la distribución ji-cuadrada describe con exactitud la suma de cuadrados de un conjunto de variables aleatorias normales estándares, usando una simulación. Para hacer esto, repetidamente tomamos un conjunto de 8 números aleatorios, y sumamos cada conjunto después de haberlos elevado al cuadrado. El panel derecho de la Figura 12.1 muestra que la distribución teórica coincide cercanamente con los resultados de la simulación que repetidamente suma los cuadrados de un conjunto de variables normales aleatorias.

Para el ejemplo de los dulces, podemos calcular la probabilidad de nuestro valor ji-cuadrada observado de 0.74 bajo la hipótesis nula de que la frecuencia de los diferentes tipos de dulces sería igual. Usamos una distribución ji-cuadrada con grados de libertad igual a $k - 1$ (donde $k =$ número de categorías) porque perdimos un grado de libertad cuando calculamos la media

Table 12.2: Tabla de contingencia para los datos de revisiones policíacas.

searched	Black	White	Black (relative)	White (relative)
FALSE	36244	239241	0.13	0.86
TRUE	1219	3108	0.00	0.01

para generar los valores esperados. El valor p resultante ($P(\text{Chi-squared}) > 0.74 = 0.691$) muestra que los conteos observados de dulces no son particularmente sorprendentes basados en las proporciones que menciona la etiqueta de la bolsa de dulces, y no rechazaríamos la hipótesis nula de proporciones iguales.

12.3 Tablas de contingencia y la prueba de dos vías

Otra manera en que frecuentemente usamos la prueba ji-cuadrada es para preguntar si dos variables categóricas están relacionadas una con la otra. Como un ejemplo más realista, tomemos la pregunta de si un conductor negro es más probable que sea revisado cuando un oficial de policía le pide orillarse, comparado con un conductor blanco. El Stanford Open Policing Project (<https://openpolicing.stanford.edu/>) ha estudiado esto, y provee datos que podemos usar para analizar esta pregunta. Usaremos los datos del estado de Connecticut porque es un estado más pequeño y por lo tanto más fácil de analizar.

La manera estándar de representar datos de un análisis categórico es a través de una *tabla de contingencia*, que representa el número o la proporción de observaciones que cayeron en cada posible combinación de valores de cada una de las variables. La Tabla 12.2 muestra la tabla de contingencia para los datos de las revisiones policíacas. También puede ser útil armar la tabla de contingencia usando proporciones en lugar de números crudos, porque son más fáciles de comparar visualmente, así que incluimos ambos números absolutos y relativos aquí.

La prueba ji-cuadrada de Pearson nos permite probar si las frecuencias observadas son diferentes de las frecuencias esperadas, por lo que necesitamos

Table 12.4: Resumen de la tabla de contingencia de 2 vías para los datos de revisiones policíacas.

searched	driver_race	n	expected	stdSqDiff
FALSE	Black	36244	36884	11.1
TRUE	Black	1219	579	706.3
FALSE	White	239241	238601	1.7
TRUE	White	3108	3748	109.2

determinar cuáles frecuencias se esperarían en cada celda si las revisiones y la raza no estuvieran relacionadas – es decir, si fueran *independientes*. Recuerda del capítulo de probabilidad que si X y Y son independientes, entonces:

$$P(X \cap Y) = P(X) * P(Y)$$

Esto es, la probabilidad conjunta bajo la hipótesis nula de independencia es simplemente la multiplicación de las probabilidades *marginales* de cada variable individual. Las probabilidades marginales son simplemente las probabilidades de que ocurra cada evento sin importar los otros eventos. Podemos calcular estas probabilidades marginales, y luego multiplicarlas juntas para obtener las proporciones esperadas bajo la hipótesis de independencia.

	Black	White	
Not searched	$P(NS)*P(B)$	$P(NS)*P(W)$	$P(NS)$
Searched	$P(S)*P(B)$	$P(S)*P(W)$	$P(S)$
	$P(B)$	$P(W)$	

Luego calculamos el estadístico ji-cuadrada, que resulta igual a 828.3. Para calcular el valor p , necesitamos comparar este valor con la distribución ji-cuadrada nula para poder determinar qué tan extremo es nuestro valor ji-cuadrada comparado con nuestras expectativas bajo la hipótesis nula. Los grados de libertad para esta distribución son $gl = (nFilas - 1) * (nColumnas - 1)$ (en inglés: $df = (nRows - 1) * (nColumns - 1)$, nota que $df = gl$) - por lo que, para una tabla 2X2 como la que tenemos aquí, $gl = (2 - 1) * (2 - 1) = 1$. La intuición aquí es que el calcular las frecuencias esperadas requiere que

usemos tres valores: el número total de observaciones y la probabilidad marginal para cada una de las dos variables. Por lo que, una vez que esos valores con calculados, sólo hay un número que es libre de variar, por lo que sólo hay un grado de libertad. Dado esto, podemos calcular el valor p para el estadístico ji-cuadrada, el cual termina siendo tan cercano a cero como se podría obtener: 3.79×10^{-182} . Esto muestra que los datos observados serían altamente improbables si no hubiera realmente una relación entre raza y revisiones policíacas, y por lo tanto debemos rechazar la hipótesis nula de independencia.

También podemos realizar esta prueba fácilmente usando nuestro software estadístico:

```
##
## Pearson's Chi-squared test
##
## data: summaryDf2wayTable and 1
## X-squared = 828, df = 1, p-value <2e-16
```

12.4 Residuales estandarizados (standardized residuals)

Cuando encontramos un efecto significativo con la prueba ji-cuadrada, esto nos dice que los datos son improbables bajo la hipótesis nula, pero no nos dice *cómo* difieren los datos. Para obtener un insight más profundo sobre cómo los datos difieren de lo que esperaríamos bajo la hipótesis nula, podemos examinar los residuales del modelo, que reflejan la desviación que tuvieron los datos (i.e., las frecuencias observadas) del modelo (i.e., las frecuencias esperadas) en cada celda. En lugar de ver los residuales crudos (que variarán simplemente dependiendo del número de observaciones en los datos), es más común observar los *residuales estandarizados* (a veces llamados *residuales de Pearson*), que se calculan como sigue:

$$\text{residuales estandarizados}_{ij} = \frac{\text{observados}_{ij} - \text{esperados}_{ij}}{\sqrt{\text{esperados}_{ij}}}$$

Table 12.5: Resumen de los residuales estandarizados de los datos de revisiones policíacas.

searched	driver_race	Standardized residuals
FALSE	Black	-3.3
TRUE	Black	26.6
FALSE	White	1.3
TRUE	White	-10.4

donde i y j son los índices de los renglones/filas y las columnas, respectivamente.

La Tabla 12.5 muestra estos valores para los datos de las revisiones policíacas. Estos residuales estandarizados pueden interpretarse como valores Z – en este caso, vemos que el número de revisiones para las personas negras son sustancialmente mayores que los esperados basados en independencia, y el número de revisiones para las personas blancas son sustancialmente menores que las esperadas. Esto nos provee del contexto que necesitamos para interpretar el resultado significativo de la ji-cuadrada.

12.5 Razones de posibilidades (odds ratios)

También podemos representar la probabilidad relativa de los diferentes resultados en la tabla de contingencia usando las razones de posibilidades (*odds ratios*) que presentamos en capítulos anteriores, para poder entender mejor la magnitud del efecto. Primero, representamos las posibilidades (*odds*) de ser revisado de cada raza, luego calculamos su razón:

$$odds_{searched|black} = \frac{N_{searched \cap black}}{N_{not\ searched \cap black}} = \frac{1219}{36244} = 0.034$$

$$odds_{searched|white} = \frac{N_{searched \cap white}}{N_{not\ searched \cap white}} = \frac{3108}{239241} = 0.013$$

$$odds\ ratio = \frac{odds_{searched|black}}{odds_{searched|white}} = 2.59$$

La razón de posibilidades muestra que las posibilidades de ser revisado son 2.59 veces mayores para conductores negros versus conductores blancos, basados en esta base de datos.

12.6 Factores de Bayes

Discutimos los factores de Bayes en el capítulo anterior sobre estadística Bayesiana – podrás recordar que representan la razón de las probabilidades (*likelihood*) de los datos bajo cada una de las dos hipótesis:

$$K = \frac{P(data|H_A)}{P(data|H_0)} = \frac{P(H_A|data) * P(H_A)}{P(H_0|data) * P(H_0)}$$

Podemos calcular el factor de Bayes para los datos de las revisiones policiacas usando nuestro software estadístico:

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Non-indep. (a=1) : 1.8e+142 ±0%
##
## Against denominator:
##   Null, independence, a = 1
## ---
## Bayes factor type: BFcontingencyTable, independent multinomial
```

Esto nos muestra que la evidencia en favor de una relación entre la raza de los conductores y las revisiones policiacas en este conjunto de datos es extremadamente fuerte — $1.8 * 10^{142}$ es tan cercano a infinito como podemos imaginarnos llegar a obtener en estadística.

12.7 Análisis categóricos más allá de la tabla 2 X 2

El análisis categórico también puede aplicarse a tablas de contingencia donde haya más de dos categorías para cada variables.

Table 12.6: Relación entre depresión y problemas de sueño en la base de datos NHANES.

Depressed	NoSleepTrouble	YesSleepTrouble
None	2614	676
Several	418	249
Most	138	145

Por ejemplo, veamos los datos de NHANES y comparemos la variable *Depressed* que registra el “número de días auto-reportado donde el participante se sintió bajo de ánimo, deprimido, o desesperanzado.” Esta variable está codificada como *None*, *Several*, o *Most*. Hagamos la prueba de si esta variable está relacionada con la variable *SleepTrouble* que registra si la persona ha reportado problemas de sueño a su doctor.

Simplemente observando estos datos podemos decir que es probable que haya una relación entre estas dos variables; notablemente, mientras que el total de personas con problemas de sueño es mucho menor que aquellas sin estos problemas, para aquellas personas que reportaron sentirse deprimidas la mayoría de los días el número de personas con problemas de sueño es mayor que las que no tienen problemas de sueño. Podemos cuantificar esto directamente usando la prueba ji-cuadrada:

```
##
## Pearson's Chi-squared test
##
## data: depressedSleepTroubleTable
## X-squared = 191, df = 2, p-value <2e-16
```

Esta prueba muestra que hay una relación fuerte entre depresión y problemas de sueño. También podemos calcular el factor de Bayes para cuantificar la fuerza de la evidencia a favor de la hipótesis alternativa:

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Non-indep. (a=1) : 1.8e+35 ±0%
##
```

```
## Against denominator:
##   Null, independence, a = 1
## ---
## Bayes factor type: BFcontingencyTable, joint multinomial
```

Aquí podemos ver que el factor de Bayes es muy grande (1.8×10^{35}), mostrando que la evidencia a favor de la relación entre depresión y problemas de sueño es muy fuerte.

12.8 Cuídate de la paradoja de Simpson

Las tablas de contingencia anteriores representan resúmenes de números grandes de observaciones, pero los resúmenes pueden ser engañosos. Veamos un ejemplo de baseball. La tabla debajo muestra los datos de bateo (hits/turnos al bate y bateo promedio) para Derek Jeter y David Justice sobre los años 1995-1997:

Player	1995		1996		1997		Combined	
Derek Jeter	12/48	.250	183/582	.314	190/654	.291	385/1284	.300
David Justice	104/411	.253	45/140	.321	163/495	.329	312/1046	.298

Si miras cuidadosamente, verás que algo raro está sucediendo: En cada año individual Justice tuvo un promedio de bateo mayor a Jeter, pero cuando combinamos los datos a lo largo de los tres años, ¡el promedio de Jeter es finalmente mayor que el de Justice! Esto es un ejemplo de un fenómeno conocido como la *paradoja de Simpson*, en el cual un patrón que está presente en un conjunto combinado de datos puede no estar presente en cualquier de los subconjuntos de los mismos datos. Esto ocurre cuando hay otra variable que puede estar cambiando a través de los diferentes subconjuntos – en este caso, el número de turnos al bate varía en los diferentes años, donde Justice tuvo muchos más turnos al bate en 1995 (cuando el promedio de hits era bajo). Nos referimos a esto como una *variable oculta (lurking variable)*, y es siempre importante estar atentos a tales variables cada vez que examinemos datos categóricos.

12.9 Objetivos de aprendizaje

- Describir el concepto de una tabla de contingencia para datos categóricos.
- Describir el concepto de la prueba ji-cuadrada para una asociación y calcularla para una tabla de contingencia.
- Describir la paradoja de Simpson y por qué es importante para análisis de datos categóricos.

12.10 Lecturas adicionales

- Kievit et al. (2013). [Simpson's paradox in psychological science: a practical guide](#)

Chapter 13

Modelar relaciones continuas

La mayoría de las personas están familiarizadas con el concepto de *correlación*, no obstante en este capítulo proveeremos un entendimiento más formal para este concepto comúnmente usado y malentendido.

13.1 Un ejemplo: Crímenes de odio y desigualdad de ingreso

En 2017, el sitio web Fivethirtyeight.com publicó una historia titulada [*Higher Rates Of Hate Crimes Are Tied To Income Inequality*](#) en la cual se discute la relación entre la prevalencia de los crímenes de odio y la desigualdad de ingreso al inicio de la elección presidencial de 2016. La historia reportó un análisis de datos del FBI acerca de crímenes de odio y del Centro de leyes Southern Poverty, basados en esto informan:

“Descubrimos que la desigualdad de ingresos era el determinante más significativo de los delitos de odio e incidentes de odio ajustados a la población en los Estados Unidos.”

Los datos de este análisis están disponibles como parte del `fivethirtyeight`, un paquete para el software estadístico de R, el cual facilita nuestro acceso a él. El análisis reportado en la historia se focaliza en la relación entre la

desigualdad de ingresos (definida por una medida llamada *índice Gini* — véase Apéndice para más detalles) y la prevalencia de crímenes de odio de cada estado.

13.2 ¿La desigualdad de ingreso está relacionada con los crímenes de odio?

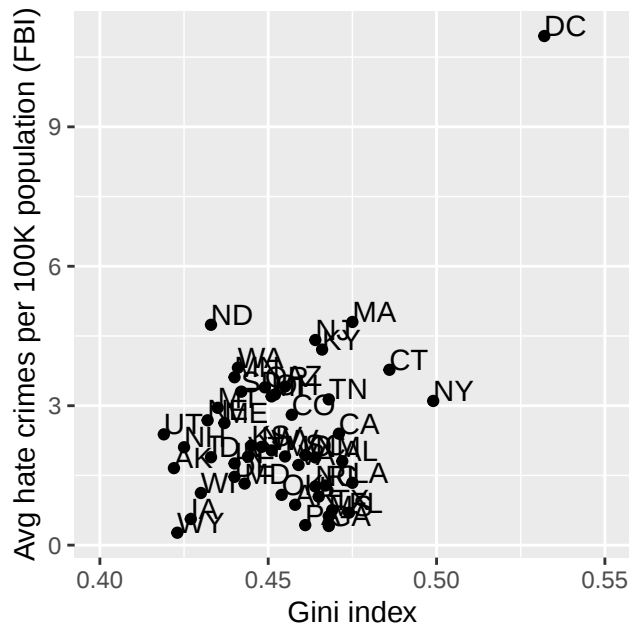


Figure 13.1: Gráfica de tasas de crímenes de odio vs. Índice Gini.

La relación entre la inequidad de ingreso y los índices de crímenes de odio se muestra en la Figura 13.1. Observando los datos, parece que puede haber una relación positiva entre ambas variables. ¿Cómo podemos cuantificar esa relación?

Table 13.1: Datos del ejemplo de juguete para covarianzas.

x	y	y_dev	x_dev	crossproduct
3	5	-3.6	-4.6	16.56
5	4	-4.6	-2.6	11.96
8	7	-1.6	0.4	-0.64
10	10	1.4	2.4	3.36
12	17	8.4	4.4	36.96

13.3 Covarianza y correlación

Una manera de cuantificar la relación entre dos variables es la *covarianza*. Recuerda que la varianza para una sola variable se calcula como el promedio de las diferencias cuadráticas entre cada punto de los datos y la media:

$$s^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{N - 1}$$

Esto nos indica qué tan lejana está cada observación de la media, en promedio, en unidades cuadradas. La covarianza nos indica si hay una relación entre las desviaciones de dos variables diferentes a lo largo de las observaciones. Esto se define como:

$$covariance = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{N - 1}$$

Este valor estará lejos de cero cuando los puntos individuales de los datos se desvíen en cantidades similares de sus respectivas medias; si se desvíen en la misma dirección, la covarianza es positiva, mientras que si se desvíen en direcciones opuestas, la covarianza es negativa. Veamos primero un ejemplo de juguete. Los datos se muestran en la Tabla 13.1, junto con sus desviaciones individuales de la media y sus productos cruzados (*crossproducts*).

La covarianza es simplemente la media de los productos cruzados (*crossproducts*), en este caso es 17.05. Por lo general, no usamos la covarianza para describir relaciones entre variables, porque varía con el nivel general de varianza en los datos. En su lugar, usualmente usamos el *coeficiente de correlación* (a menudo referido como *correlación de Pearson* en honor al estadístico Karl

Pearson). La correlación se calcula escalando la covarianza sobre las desviaciones estándar de las dos variables:

$$r = \frac{\text{covariance}}{s_x s_y} = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{(N - 1) s_x s_y}$$

En este caso, el valor es 0.89. El coeficiente de correlación es útil porque varía entre -1 y 1 independientemente de la naturaleza de los datos; de hecho, ya discutimos el coeficiente de correlación anteriormente en nuestra discusión de los tamaños del efecto. Como vimos en ese capítulo anterior, una correlación de 1 indica una relación lineal perfecta, una correlación de -1 indica una relación negativa perfecta y una correlación de cero indica que no hay relación lineal.

13.3.1 Prueba de hipótesis para correlaciones

El valor de correlación de 0.42 entre crímenes de odio y la desigualdad de ingreso parece indicar una relación razonablemente fuerte entre los dos, pero también podemos imaginar que esto puede suceder al azar incluso si no hay relación. Podemos probar la hipótesis nula de que la correlación es cero, utilizando una simple ecuación que nos permita convertir el valor de correlación en un estadístico t :

$$t_r = \frac{r\sqrt{N-2}}{\sqrt{1-r^2}}$$

Bajo la hipótesis nula $H_0 : r = 0$, este estadístico se distribuye como una distribución t con $N - 2$ grados de libertad. Podemos calcular esto utilizando nuestro software estadístico:

```
##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data:  hateCrimes$avg_hatecrimes_per_100k_fbi and hateCrimes$gini_index
## t = 3, df = 48, p-value = 0.002
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.16 0.63
## sample estimates:
```

```
## cor
## 0.42
```

Esta prueba nos muestra que la probabilidad de un valor r así o más extremo es realmente baja bajo la hipótesis nula, así que rechazaríamos la hipótesis nula de $r = 0$. Nota que este test asume que ambas variables están normalmente distribuidas.

También podríamos probar esto por aleatorización, en la que mezclamos (reordenamos) los valores de una de las variables y calculamos la correlación, repetidamente, luego comparamos el valor observado de nuestra correlación con esta distribución nula para determinar qué tan probable sería nuestro valor observado bajo la hipótesis nula. Los resultados se muestran en la Figura 13.2. El valor p calculado usando la aleatorización es razonablemente similar a la respuesta dada por la prueba t .

También podríamos usar inferencia Bayesiana para estimar la correlación; véase el Apéndice para más sobre esto.

13.3.2 Correlaciones robustas

Podrás haber notado algo un poco extraño en la Figura 13.1 – uno de los puntos de los datos (el del Distrito de Columbia) parece estar un tanto separado de los otros. Nos referimos a esto como un *valor atípico* o *outlier*, y el coeficiente de correlación estándar es muy sensible a valores atípicos. Por ejemplo, en la figura 13.3 podemos ver cómo un solo punto de datos periférico puede causar un valor de correlación positivo muy alto, incluso cuando la relación real entre los otros puntos de datos es perfectamente negativa.

Una manera de abordar los valores atípicos es calcular la correlación sobre los rangos (*ranks*) de los datos después de ordenarlos, en lugar de sobre los datos mismos; esto es conocido como la *correlación de Spearman*. Mientras que la correlación de Pearson en el ejemplo de la Figura 13.3 era 0.83, la correlación de Spearman es -0.45 mostrando que la correlación de rangos (*rank correlation*) reduce el efecto del valor atípico y refleja la relación negativa entre la mayoría de los puntos de datos.

Podemos calcular la correlación de rangos de los datos de crímenes de odio también:

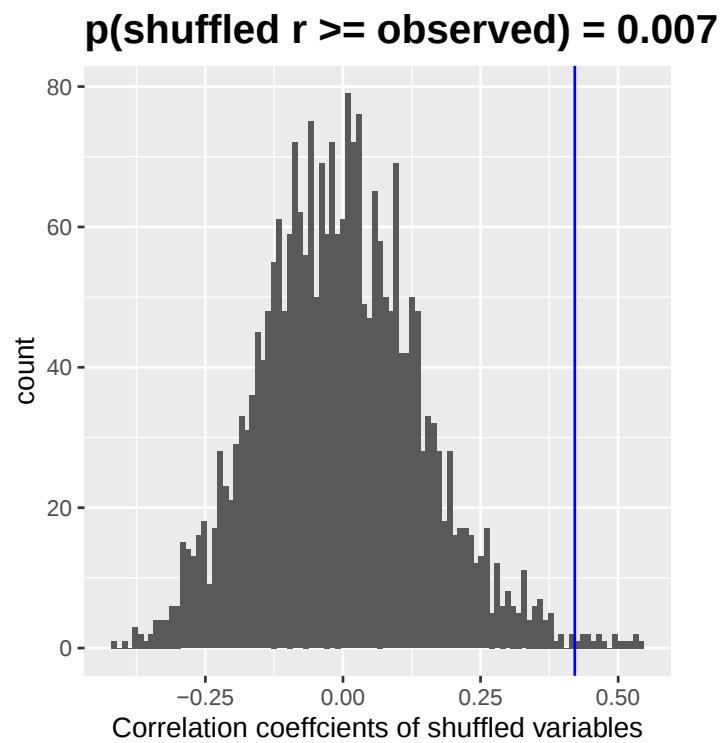


Figure 13.2: Histograma de los valores de correlación bajo la hipótesis nula, obtenidos al mezclar los valores. El valor observado está marcado por la línea azul.

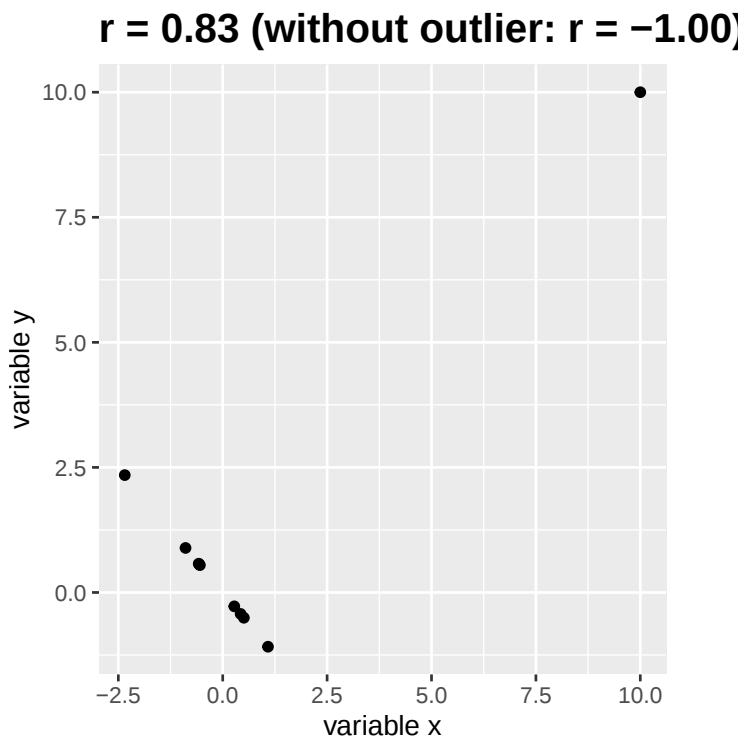


Figure 13.3: Un ejemplo simulado de los efectos de los valores atípicos o outliers sobre la correlación. Sin el outlier, el resto de los datos tienen una correlación negativa perfecta, pero ese solo valor atípico cambia el valor de la correlación a uno positivo alto.

```
##  
## Spearman's rank correlation rho  
##  
## data: hateCrimes$avg_hatecrimes_per_100k_fbi and hateCrimes$gini_index  
## S = 20146, p-value = 0.8  
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0  
## sample estimates:  
## rho  
## 0.033
```

Ahora podemos ver que la correlación ya no es significativa (y en efecto es muy cercana a cero), sugiriendo que las afirmaciones del blog FiveThirtyEight pueden haber sido incorrectas debido al efecto del valor atípico.

13.4 Correlación y causalidad

Cuando decimos que una cosa *causa* otra, ¿a qué nos referimos? Hay una larga historia en filosofía de la discusión acerca del significado de la causalidad, pero en estadística una manera más común de pensar en la causalidad es en términos de control experimental. Eso es, si pensamos que el factor X causa el factor Y, entonces si manipulamos el valor de X afectará el valor de Y.

En medicina, hay un conjunto de ideas conocidas como los *postulados de Koch* (*Koch's postulates*) que históricamente se han utilizado para determinar si un organismo en particular causa una enfermedad. La idea básica es que el organismo debe estar presente en las personas con la enfermedad y no en las que no la padecen; por lo tanto, un tratamiento que elimine el organismo también debe eliminar la enfermedad. Además, infectar a alguien con el organismo debería hacer que contraiga la enfermedad. Un ejemplo de esto se vio en el trabajo del Dr. Barry Marshall, quien tenía la hipótesis de que las úlceras de estómago eran causadas por una bacteria (*Helicobacter pylori*). Para demostrar esto, se infectó con la bacteria y poco después desarrolló una inflamación severa en su estómago. Luego se trató a sí mismo con un antibiótico y su estómago pronto se recuperó. Más tarde ganó el Premio Nobel de Medicina por este trabajo.

A menudo nos gustaría probar hipótesis causales, pero en realidad no podemos hacer un experimento, ya sea porque es imposible (“¿Cuál es la relación entre las emisiones de carbono humano y el clima de la Tierra?”) o porque no es ético (“¿Cuáles son los efectos del abuso severo sobre el desarrollo del cerebro infantil?”). Sin embargo, aún podemos recopilar datos que podrían ser relevantes para esas preguntas. Por ejemplo, potencialmente podemos recopilar datos de niños que han sido abusados y de aquellos que no, y luego podemos preguntarnos si su desarrollo cerebral es diferente.

Digamos que hicimos tal análisis y encontramos que los niños abusados tenían un desarrollo cerebral más pobre que los niños no abusados. ¿Demostraría esto que el abuso *causa* un peor desarrollo cerebral? No. Siempre que observemos una asociación estadística entre dos variables, es ciertamente posible que una de esas dos variables cause la otra. Sin embargo, también es posible que ambas variables estén influenciadas por una tercera variable; en este ejemplo, podría ser que el abuso infantil esté asociado con el estrés familiar, que también podría causar un desarrollo cerebral más deficiente debido a una menor interacción intelectual, estrés alimentario o muchas otras posibles vías. El punto es que una correlación entre dos variables generalmente nos dice que algo *probablemente* está causando otra cosa, pero no nos dice qué está causando qué.

13.4.1 Gráficas causales

Una forma útil de describir las relaciones causales entre variables es mediante un *gráfico causal* (*causal graph*), que muestra las variables como círculos y las relaciones causales entre ellas como flechas. Por ejemplo, la Figura 13.4 muestra las relaciones causales entre el tiempo de estudio y dos variables que creemos que deberían verse afectadas por él: las calificaciones del examen y los tiempos de finalización del examen.

Sin embargo, en realidad, los efectos sobre el tiempo de finalización y las calificaciones no se deben directamente a la cantidad de tiempo dedicado al estudio, sino más bien a la cantidad de conocimientos que adquiere el alumno al estudiar. Por lo general, diríamos que el conocimiento es una variable *latente*, es decir, no podemos medirlo directamente, pero podemos verlo reflejado en variables que podemos medir (como calificaciones y tiempos de finalización). La Figura 13.5 muestra esto.

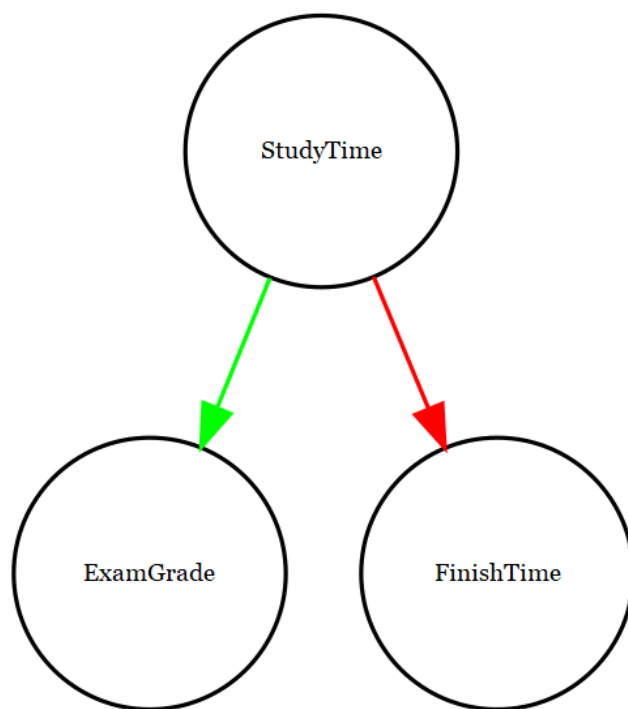


Figure 13.4: Una gráfica mostrando las relaciones causales entre tres variables: tiempo de estudio, calificaciones de exámenes, y tiempos de finalización de exámenes. Una flecha verde representa una relación positiva (esto es, más tiempo de estudio causa mayor calificación en exámenes), y una flecha roja representa una relación negativa (esto es, más tiempo de estudio causa menor tiempo para finalizar un examen).

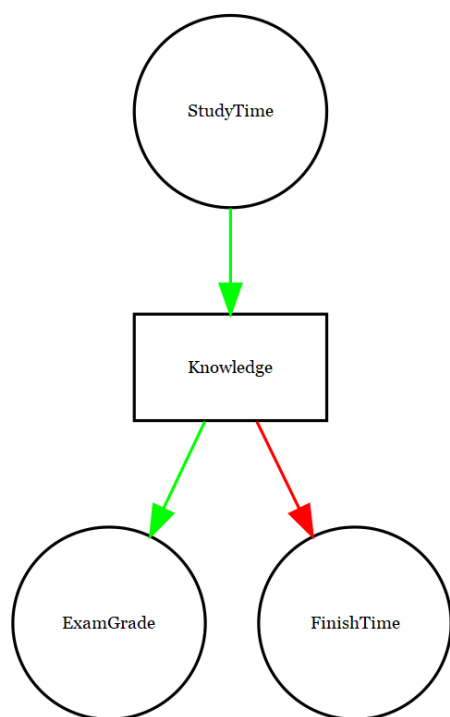


Figure 13.5: Una gráfica mostrando las mismas relaciones causales que antes, pero ahora también mostrando la variable latente (conocimiento) en un cuadro.

Aquí diríamos que el conocimiento *media* la relación entre el tiempo de estudio y las calificaciones/tiempos de finalización. Eso significa que si pudiéramos mantener el conocimiento constante (por ejemplo, administrando un medicamento que causa el olvido inmediato), entonces la cantidad de tiempo de estudio ya no debería tener un efecto sobre las calificaciones y los tiempos de finalización.

Nota que si simplemente midiéramos las calificaciones de los exámenes y los tiempos de finalización, generalmente veríamos una relación negativa entre ellos, porque las personas que terminan los exámenes más rápido obtienen las calificaciones más altas. Sin embargo, si interpretáramos esta correlación como una relación causal, esto nos diría que para obtener mejores calificaciones, ¡deberíamos terminar el examen más rápido! Este ejemplo muestra lo engañosa que puede ser la inferencia de causalidad a partir de datos no experimentales.

En las áreas de la estadística y del aprendizaje automático (*machine learning*), existe una comunidad de investigación muy activa que actualmente está estudiando la cuestión de cuándo y cómo podemos inferir relaciones causales a partir de datos no experimentales. Sin embargo, estos métodos a menudo requieren suposiciones fuertes y, en general, deben usarse con gran precaución.

13.5 Objetivos de aprendizaje

Después de leer este capítulo tú deberás ser capaz de:

- Describir el concepto del coeficiente de correlación y su interpretación.
- Calcular la correlación entre dos variables continuas.
- Describir las posibles influencias causales que pueden dar lugar a una correlación observada.

13.6 Lecturas sugeridas

- [The Book of Why](#) por Judea Pearl - una excelente introducción a las ideas detrás de la inferencia causal.

13.7 Apéndice:

13.7.1 Cuantificando la desigualdad: El índice Gini

Antes de que miremos el análisis reportado en la historia, primero es útil entender cómo se usa el índice de Gini para cuantificar la desigualdad. El índice de Gini generalmente se define en términos de una curva que describe la relación entre los ingresos y la proporción de la población que tiene ingresos en ese nivel o menos, conocida como *curva de Lorenz*. Sin embargo, otra forma de pensarlo es más intuitiva: es la diferencia absoluta media relativa (*relative mean absolute difference*) entre ingresos, dividida entre dos (de https://en.wikipedia.org/wiki/Gini_coefficient):

$$G = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n |x_i - x_j|}{2n \sum_{i=1}^n x_i}$$

<!-- fig.cap="Lorenz curves for A) perfect equality, B) normally distributed income, and C) high inequality (equal income except for one very wealthy individual)." -->

La Figura 13.6 muestra las curvas de Lorenz para varias distribuciones de ingresos diferentes. El panel superior izquierdo (A) muestra un ejemplo con 10 personas donde todos tienen exactamente los mismos ingresos. La longitud de los intervalos entre puntos es igual, lo que indica que cada persona gana una parte idéntica del ingreso total de la población. El panel superior derecho (B) muestra un ejemplo donde los ingresos se distribuyen normalmente. El panel inferior izquierdo muestra un ejemplo con alta desigualdad; todos tienen los mismos ingresos (\$40,000) excepto una persona, que tiene ingresos de \$40,000,000. Según el censo de EE.UU., Estados Unidos tenía un índice de Gini de 0,469 en 2010, aproximadamente a la mitad entre nuestros ejemplos de distribución normal y máxima desigualdad.

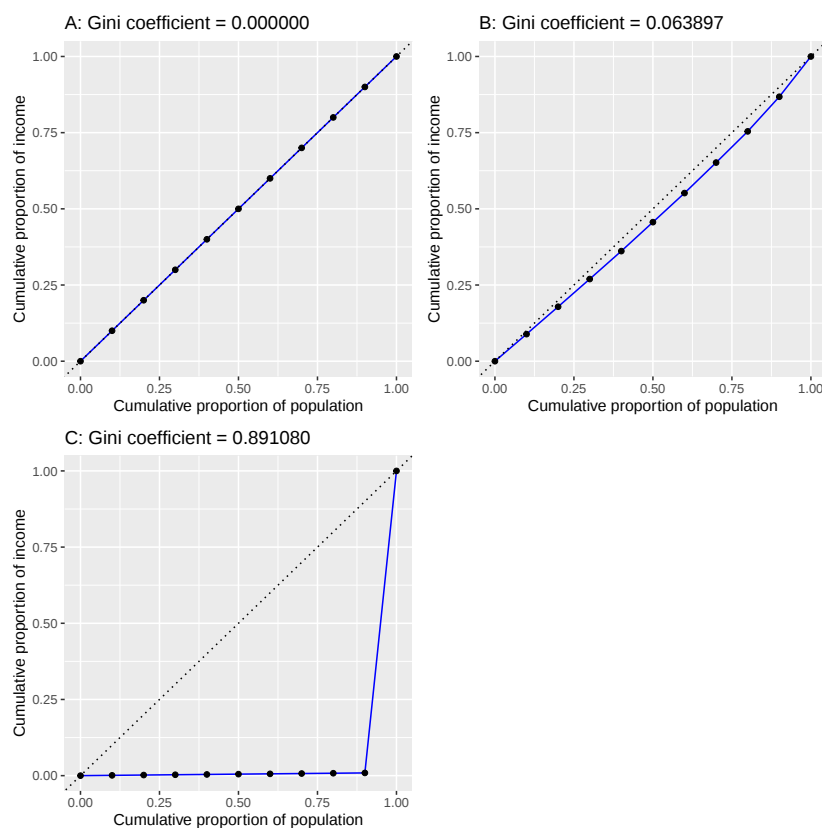


Figure 13.6: Curvas de Lorenz para A) igualdad perfecta, B) ingreso distribuido normalmente, y C) alta desigualdad (ingreso igual a excepción de una sola persona con muy altos ingresos).

13.7.2 Análisis de correlación bayesiana

También podemos analizar los datos de *FiveThirtyEight* utilizando el análisis bayesiano, que tiene dos ventajas. Primero, nos proporciona una probabilidad posterior, en este caso, la probabilidad de que el valor de correlación sea superior a cero. En segundo lugar, la estimación bayesiana combina la evidencia observada con una *probabilidad previa*, que tiene el efecto de *regularizar* la correlación estimada, efectivamente llevándola hacia cero. Aquí podemos calcularlo usando el paquete *BayesFactor* en R.

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Alt., r=0.333 : 21 ±0%
##
## Against denominator:
##   Null, rho = 0
## ---
## Bayes factor type: BFcorrelation, Jeffreys-beta*
```



```
## Summary of Posterior Distribution
##
## Parameter | Median |      95% CI |      pd |      ROPE | % in ROPE |      BF |
## -----
```

Parameter	Median	95% CI	pd	ROPE	% in ROPE	BF
rho	0.38	[0.16, 0.60]	99.88%	[-0.05, 0.05]	0%	20.85

Nótese que la correlación estimada usando el método bayesiano (0.38) es ligeramente menor que la estimada usando el coeficiente de correlación estándar (0.42), lo cual se debe al hecho de que la estimación se basa en una combinación de la evidencia y de la probabilidad previa, lo que efectivamente reduce la estimación hacia cero. Sin embargo, observe que el análisis bayesiano no es robusto para el valor atípico, y todavía dice que hay evidencia bastante fuerte de que la correlación es mayor que cero (con un factor de Bayes mayor a 20).

Chapter 14

El Modelo Lineal General

Recuerda que previamente en este libro describimos el modelo básico en estadística:

$$datos = modelo + error$$

donde nuestro objetivo principal es encontrar el modelo que minimice el error, sujeto a otras restricciones (como el mantener el modelo relativamente simple para que podamos generalizar más allá de nuestros datos específicos). En este capítulo nos enfocaremos en una implementación particular de esta aproximación, que es conocido como el *modelo lineal general* (*general linear model*, o GLM). Ya has visto el modelo lineal general en el capítulo de Ajustar Modelos a los Datos, donde modelamos la altura de los datos de la base NHANES como una función de la edad; aquí proveeremos una introducción más general al concepto del GLM y de sus múltiples usos. Casi todos los modelos usados en estadística pueden ser planteados en términos del modelo lineal general o como una extensión de éste.

Antes de que discutamos el modelo lineal general, primero definamos dos conceptos que serán importantes para nuestra discusión:

- *variable dependiente*: Es la variable de los resultados que nuestro modelo busca explicar (usualmente referida como Y)
- *variable independiente*: Es la variable que queremos usar para poder explicar la variable dependiente (usualmente referida como X)

Puede haber múltiples variables dependientes, pero para este curso nos enfocaremos principalmente en situaciones donde sólo hay una variable dependiente en nuestro análisis.

Un modelo lineal general es uno en donde nuestro modelo para la variable dependiente está compuesto por una *combinación lineal* de variables independientes que cada una es multiplicada por un peso (el cual es frecuentemente referido con la letra griega beta - β), que determina la contribución relativa de esa variable independiente a la predicción del modelo.

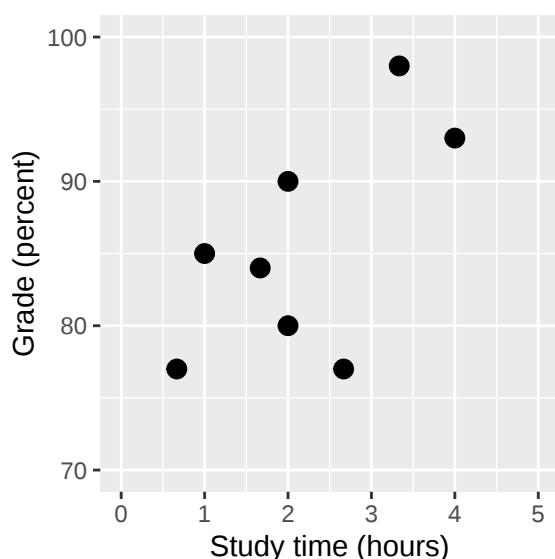


Figure 14.1: Relation between study time and grades

Como ejemplo, generemos unos datos simulados de la relación entre tiempo de estudio y calificación en exámenes (ve la Figura 14.1). Dados estos datos, quisiéramos hacer el ejercicio de desarrollar cada una de las tres actividades fundamentales de la Estadística:

- *Describir*: ¿Qué tan fuerte es la relación entre calificación y tiempo de estudio?
- *Decidir*: ¿Hay una relación estadísticamente significativa entre calificación y tiempo de estudio?
- *Predecir*: Dado un tiempo particular de estudio, ¿qué calificación esperaríamos?

En el capítulo anterior aprendimos cómo describir la relación entre dos variables usando el coeficiente de correlación. Usemos nuestro software estadístico para calcular esa relación para estos datos y hacer la prueba de si esa correlación es significativamente diferente de cero:

```
##  
## Pearson's product-moment correlation  
##  
## data: df$grade and df$studyTime  
## t = 2, df = 6, p-value = 0.09  
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0  
## 95 percent confidence interval:  
## -0.13 0.93  
## sample estimates:  
## cor  
## 0.63
```

Esta correlación es bastante alta, pero nota que el intervalo de confianza alrededor de nuestra estimación es bastante amplio, cubriendo casi todo el rango de valores desde cero a uno, que en parte se debe a que nuestro tamaño de muestra es pequeño.

14.1 Regresión lineal

Podemos usar el modelo lineal general para describir la relación entre dos variables y para decidir si la relación es estadísticamente significativa; además, el modelo nos permite predecir el valor de la variable dependiente dado algún o algunos valores nuevos de la(s) variable(s) independiente(s). Aún más importante, el modelo lineal general nos permite construir modelos que incorporen múltiples variables independientes, mientras que el coeficiente de correlación sólo puede describir la relación entre dos variables individuales.

La versión específica del GLM que usamos para esto es conocida como *regresión lineal* (*linear regression*). El término *regresión* fue acuñado por Francis Galton, quien notó que cuando él comparó padres y madres con sus hijos en algunas características (como altura), los hijos de padres y madres con valores extremos (i.e. los padres y madres muy altos, o muy bajos de estatura)

generalmente caían más cerca de la media que de los valores de sus padres y madres. Este es un punto extremadamente importante al que regresaremos más abajo.

La versión más simple del modelo de regresión lineal (con una sola variable independiente) puede ser expresada de la siguiente manera:

$$y = x * \beta_x + \beta_0 + \epsilon$$

El valor β_x nos dice cuánto esperaríamos que y cambiara dado un cambio de una sola unidad en x . El intercepto β_0 es un offset general (una compensación general), que nos dice cuál valor esperaríamos de y cuando $x = 0$; recordarás de nuestra discusión previa sobre modelos que esto es importante para poder modelar la magnitud general de los datos, aún cuando x nunca tenga realmente un valor de cero. El término del error ϵ se refiere al error que queda después de que el modelo ha sido ajustado a los datos; frecuentemente nos referimos a este error como los *residuales* del modelo. Si queremos saber cómo predecir y (que llamamos $\hat{y}$) después de estimar los valores β , entonces podemos ignorar el término del error por el momento:

$$\hat{y} = x * \hat{\beta}_x + \hat{\beta}_0$$

Nota que esto es simplemente la ecuación de una línea, donde $\hat{\beta}_x$ es nuestra estimación de la pendiente y $\hat{\beta}_0$ es la constante. La Figura 14.2 muestra un ejemplo de este modelo aplicado a los datos de tiempo de estudio.

No entraremos en detalles sobre cómo se calcula la pendiente y el intercepto que mejor ajustan a los datos; si estás interesadox, los detalles están disponibles en el Apéndice.

14.1.1 Regresión a la media

El concepto de *regresión a la media* fue una de las contribuciones esenciales de Galton a la ciencia, y aún se mantiene como un punto crítico a entender cuando interpretamos los resultados de análisis de datos experimentales. Digamos que queremos estudiar los efectos de una intervención de lectura para el rendimiento de lectores de baja habilidad de lectura (“lectores pobres”). Para probar nuestra hipótesis, podríamos ir a una escuela y reclutar

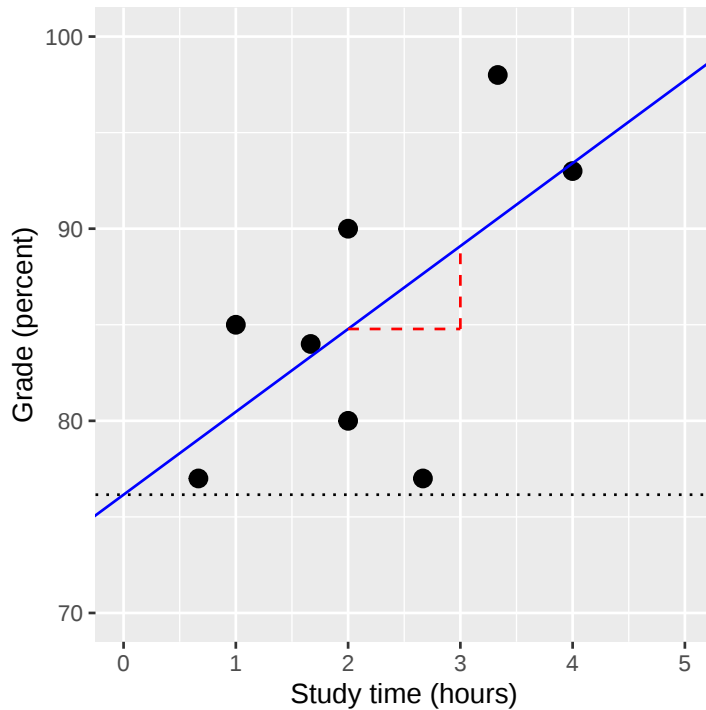


Figure 14.2: The linear regression solution for the study time data is shown in the solid line. The value of the intercept is equivalent to the predicted value of the y variable when the x variable is equal to zero; this is shown with a dotted line. The value of beta is equal to the slope of the line – that is, how much y changes for a unit change in x. This is shown schematically in the dashed lines, which show the degree of increase in grade for a single unit increase in study time.

Table 14.1: Puntajes de Lectura del Test 1 (que son menores, porque fueron la base para seleccionar a lxs estudiantes) y del Test 2 (que son mayores, porque no se relacionaban con el Test 1).

	Score
Test 1	88
Test 2	101

a aquellas personas en el 25% más bajo de la distribución en una prueba de lectura, administrar la intervención, y luego examinar su rendimiento en la prueba después de la intervención. Digamos que la intervención realmente no tiene efecto, de manera que los puntajes de lectura de cada persona son simplemente muestras independientes de una distribución normal. Los resultados de una simulación por computadora de este experimento hipotético se presentan en la Tabla 14.1.

Si observamos la diferencia entre el rendimiento promedio en el primer y en el segundo test, pareciera que la intervención ha ayudado a estos estudiantes sustancialmente, ¡pues sus puntajes han incrementado en más de diez puntos en la prueba! Sin embargo, sabemos de cierto que estos estudiantes no mejoraron para nada, pues en ambos casos los puntajes simplemente fueron seleccionados de una distribución normal aleatoria. Lo que ha sucedido es que algunos estudiantes obtuvieron puntajes bajos en el primer test simplemente debido al azar. Si seleccionamos justo esos estudiantes con base en su puntaje del primer test, está garantizado que sus puntajes promedio se moverán hacia la media del grupo completo en su segundo test, aún cuando no hay ningún efecto del entrenamiento. Esta es una de las razones por las que siempre necesitamos un *grupo control* al que no se haya aplicado la intervención, para poder estar en posición de interpretar cualquier cambio en rendimiento como un cambio debido a la intervención; de otra manera probablemente seremos engañados por este truco de regresión a la media. Además, los participantes deben ser asignados aleatoriamente al grupo control o al experimental, para que no haya ninguna diferencia sistemática entre los grupos (en promedio).

14.1.2 La relación entre correlación y regresión

Hay una relación cercana entre los coeficientes de correlación y los coeficientes de regresión. Recuerda que el coeficiente de correlación de Pearson es calculado como la división de la covarianza entre la multiplicación de las desviaciones estándar de x y y :

$$\hat{r} = \frac{covariance_{xy}}{s_x * s_y}$$

mientras que el coeficiente de regresión beta para x es calculado como:

$$\hat{\beta}_x = \frac{covariance_{xy}}{s_x * s_x}$$

Basándonos en estas dos ecuaciones, podemos derivar la relación entre $\hat{r}$ y $\hat{\beta}_x$:

$$covariance_{xy} = \hat{r} * s_x * s_y$$

$$\hat{\beta}_x = \frac{\hat{r} * s_x * s_y}{s_x * s_x} = \hat{r} * \frac{s_y}{s_x}$$

Esto es, la pendiente de la regresión es igual al valor de la correlación multiplicado por la división/proporción entre las desviaciones estándar de y y x . Una cosa que nos dice esto es que cuando las desviaciones estándar de x y y son iguales (e.g. cuando los datos han sido convertidos a puntajes Z), entonces la correlación estimada es igual a la pendiente estimada de la regresión.

14.1.3 Errores estándar de los modelos de regresión

Si queremos realizar inferencias acerca de los parámetros estimados de regresión, entonces también necesitamos un estimado de su variabilidad. Para calcular esto, primero necesitamos calcular la *varianza residual* o *varianza de error* para el modelo – esto es, cuánta variabilidad en la variable dependiente no es explicada por el modelo. Podemos calcular los residuales del modelo de la manera siguiente:

$$residual = y - \hat{y} = y - (x * \hat{\beta}_x + \hat{\beta}_0)$$

Después calculamos la *suma de errores cuadráticos* (*sum of squared errors*, *SSE*):

$$SS_{error} = \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2 = \sum_{i=1}^n residuals^2$$

y de aquí podemos calcular la *media del error cuadrático* (*mean squared error*, *MSE*):

$$MS_{error} = \frac{SS_{error}}{df} = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{N - p}$$

donde los grados de libertad (*gl*, *degrees of freedom*, *df*) se determinan al restar el número de parámetros estimados (2 en este caso: $\hat{\beta}_x$ y $\hat{\beta}_0$) del número de observaciones (N). Una vez que tenemos la media del error cuadrático (MSE), podemos calcular el error estándar para el modelo de la siguiente manera:

$$SE_{model} = \sqrt{MS_{error}}$$

Para poder obtener el error estándar para un parámetro estimado específico de la regresión, SE_{β_x} , necesitamos reescalar el error estándar para el modelo mediante la raíz cuadrada de la suma de los cuadrados de la variable X:

$$SE_{\hat{\beta}_x} = \frac{SE_{model}}{\sqrt{\sum (x_i - \bar{x})^2}}$$

14.1.4 Pruebas estadísticas para los parámetros de la regresión

Una vez que obtenemos los parámetros estimados y sus errores estándar, podemos calcular un estadístico t que nos diga la probabilidad (*likelihood*) del parámetro estimado observado comparado con algún valor esperado bajo la hipótesis nula. En este caso realizaremos la prueba contra la hipótesis nula de que no haya ningún efecto (i.e. $\beta = 0$):

$$t_{N-p} = \frac{\hat{\beta} - \beta_{expected}}{SE_{\hat{\beta}}}$$

$$t_{N-p} = \frac{\hat{\beta} - 0}{SE_{\hat{\beta}}}$$

$$t_{N-p} = \frac{\hat{\beta}}{SE_{\hat{\beta}}}$$

En general usaríamos un software estadístico para calcular estos valores en lugar de calcularlos a mano. Aquí están los resultados de la función del modelo lineal en R:

```
##
## Call:
## lm(formula = grade ~ studyTime, data = df)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -10.656  -2.719   0.125   4.703   7.469
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    76.16      5.16    14.76 6.1e-06 ***
## studyTime       4.31      2.14     2.01  0.091 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 6.4 on 6 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.403, Adjusted R-squared:  0.304
## F-statistic: 4.05 on 1 and 6 DF, p-value: 0.0907
```

En este caso podemos ver que la constante es significativamente diferente de cero (lo cual no es muy interesante) y que el efecto de studyTime sobre las calificaciones es marginalmente significativo ($p = .09$) – el mismo valor p que el de la prueba de correlación que realizamos anteriormente.

14.1.5 Cuantificar la bondad de ajuste del modelo

Algunas veces es útil cuantificar qué tan bien ajusta el modelo a los datos en general, y una manera de hacer esto es preguntar cuánta de la variabilidad

en los datos es explicada por el modelo. Esto es cuantificado usando un valor llamado R^2 (también conocido como *coeficiente de determinación*, o *coefficient of determination* en inglés). Si sólo hay una variable x , entonces este valor es fácil de calcular al simplemente elevar al cuadrado el coeficiente de correlación:

$$R^2 = r^2$$

En el caso de nuestro ejemplo del tiempo de estudio, $R^2 = 0.4$, que significa que hemos explicado cerca del 40% de la varianza en las calificaciones.

De manera más general, podemos pensar en R^2 como una medida de la fracción de la varianza en nuestros datos que es explicada por el modelo, lo que puede ser calculado fraccionando la varianza en múltiples componentes:

$$SS_{total} = SS_{model} + SS_{error}$$

donde SS_{total} es la varianza de los datos (y) y SS_{model} y SS_{error} son calculadas como se vio previamente en este capítulo. Usando esto, podemos calcular el coeficiente de determinación como:

$$R^2 = \frac{SS_{model}}{SS_{total}} = 1 - \frac{SS_{error}}{SS_{total}}$$

Un valor pequeño de R^2 nos dice que aún cuando el ajuste del modelo sea estadísticamente significativo, estaría explicando sólo una pequeña cantidad de información en los datos.

14.2 Ajustar modelos más complejos

Frecuentemente nos gustaría entender los efectos de múltiples variables sobre un resultado en particular, y cómo se relacionan unas con otras. En el contexto de nuestro ejemplo del tiempo de estudio, digamos que descubrimos que algunos de los estudiantes habían tomado un curso previo sobre el tema. Si graficamos sus calificaciones (ve la Figura 14.3), podemos ver que aquellos que han tomado un curso previo obtuvieron un rendimiento más alto que aquellos que no, dado un mismo tiempo de estudio. Nos gustaría

armar un modelo estadístico que tome eso en cuenta, lo cual podemos hacer expandiendo el modelo que construimos arriba:

$$\hat{y} = \hat{\beta}_1 * studyTime + \hat{\beta}_2 * priorClass + \hat{\beta}_0$$

Para modelar si cada persona había tomado un curso previo o no, usamos lo que se conoce como *dummy coding* (o *codificación ficticia*) en donde creamos una nueva variable que tiene el valor de uno para representar que se ha tomado una clase previa, y cero si no. Esto significa que para las personas que han tomado una clase previa, simplemente añadiremos el valor $\hat{\beta}_2$ a nuestro valor predicho para ellos – esto es, el usar *dummy coding* $\hat{\beta}_2$ simplemente refleja la diferencia en medias entre los dos grupos. Nuestra estimación de $\hat{\beta}_1$ refleja la pendiente de regresión a lo largo de todos los datos – estamos asumiendo que la pendiente de regresión es la misma sin importar si las personas han tomado una clase previa o no (ve la Figura 14.3).

```
##
## Call:
## lm(formula = grade ~ studyTime + priorClass, data = df)
##
## Residuals:
##      1      2      3      4      5      6      7      8
## 3.5833 0.7500 -3.5833 -0.0833 0.7500 -6.4167 2.0833 2.9167
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    70.08      3.77    18.60 8.3e-06 ***
## studyTime       5.00      1.37     3.66 0.015 *
## priorClass1     9.17      2.88     3.18 0.024 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 4 on 5 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.803, Adjusted R-squared:  0.724
## F-statistic: 10.2 on 2 and 5 DF, p-value: 0.0173
```

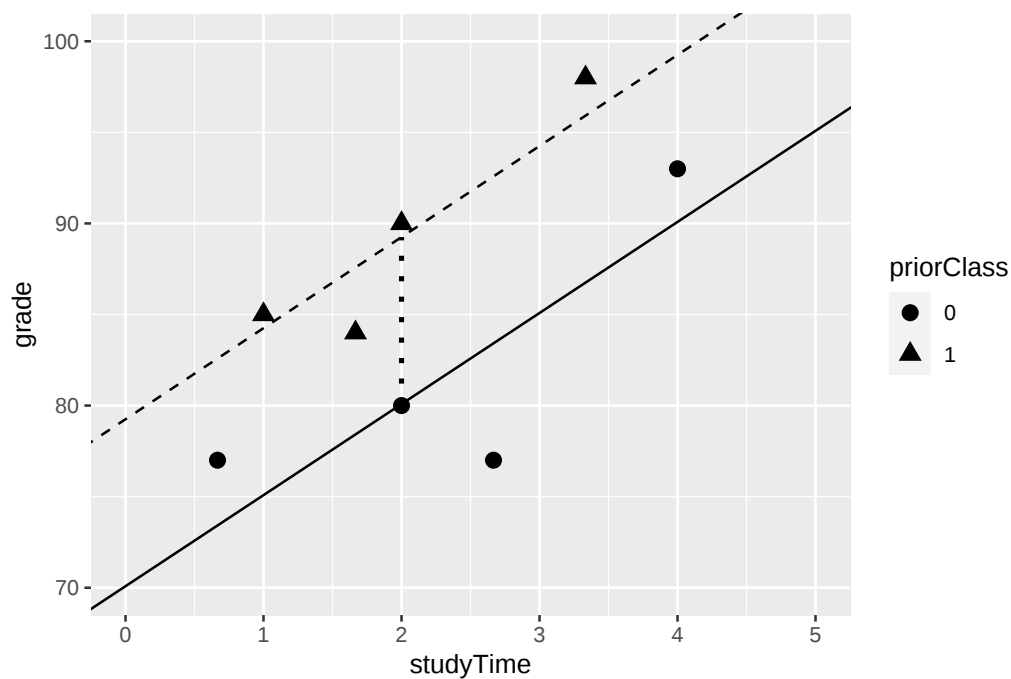


Figure 14.3: The relation between study time and grade including prior experience as an additional component in the model. The solid line relates study time to grades for students who have not had prior experience, and the dashed line relates grades to study time for students with prior experience. The dotted line corresponds to the difference in means between the two groups.

14.3 Interacciones entre variables

En el modelo anterior, asumimos que el efecto del tiempo de estudio sobre las calificaciones (i.e. la pendiente de la regresión) era el mismo para ambos grupos. Sin embargo, en algunos casos podríamos imaginar que el efecto de una variable podría diferir dependiendo del valor de alguna otra variable, a lo que llamamos una *interacción* (*interaction*) entre variables.

Usemos un nuevo ejemplo que haga la pregunta: ¿cuál es el efecto de la cafeína sobre el hablar en público? Primero generemos algunos datos y grafiquémoslos. Observando el panel A de la Figura 14.4, no parece haber una relación, y podemos confirmarlo realizando una regresión lineal sobre los datos:

```
##
## Call:
## lm(formula = speaking ~ caffeine, data = df)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -33.10 -16.02   5.01  16.45  26.98
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   -7.413      9.165   -0.81    0.43
## caffeine       0.168      0.151    1.11    0.28
##
## Residual standard error: 19 on 18 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.0642, Adjusted R-squared:  0.0122
## F-statistic: 1.23 on 1 and 18 DF,  p-value: 0.281
```

Pero digamos que luego encontramos una investigación que sugiere que las personas ansiosas y las no ansiosas reaccionan diferente a la cafeína. Primero grafiquemos los datos separando a las personas ansiosas de las no ansiosas.

Como podemos ver en el panel B de la Figura 14.4, parece ser que la relación entre el hablar en público y la cafeína es diferente en los dos grupos, donde la cafeína mejora el rendimiento de las personas sin ansiedad y empeora

el rendimiento de aquellas que tienen ansiedad. Queremos crear un modelo estadístico que resuelva esta pregunta. Primero veamos qué pasa si incluimos sólo ansiedad en el modelo.

```
##
## Call:
## lm(formula = speaking ~ caffeine + anxiety, data = df)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -32.97  -9.74   1.35  10.53  25.36
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    -12.581     9.197   -1.37    0.19
## caffeine         0.131     0.145    0.91    0.38
## anxietynotAnxious 14.233     8.232    1.73    0.10
##
## Residual standard error: 18 on 17 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.204, Adjusted R-squared:  0.11
## F-statistic: 2.18 on 2 and 17 DF,  p-value: 0.144
```

Aquí vemos que no hay efectos significativos de la cafeína ni de la ansiedad, lo que podría parecer un poco confuso. El problema es que este modelo está tratando de usar la misma pendiente al relacionar el hablar en público con la cafeína para ambos grupos. Si queremos ajustar los datos usando líneas con pendientes separadas, necesitamos incluir una *interacción* en el modelo, lo que es equivalente a ajustar diferentes líneas para cada uno de los dos grupos; esto es frecuentemente denotado usando el símbolo $*$ en el modelo.

```
##
## Call:
## lm(formula = speaking ~ caffeine + anxiety + caffeine * anxiety,
##      data = df)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
```

```
## -11.385  -7.103  -0.444   6.171  13.458
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      17.4308     5.4301   3.21  0.00546 **
## caffeine          -0.4742     0.0966  -4.91  0.00016 ***
## anxietynotAnxious -43.4487     7.7914  -5.58  4.2e-05 ***
## caffeine:anxietynotAnxious  1.0839     0.1293   8.38  3.0e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 8.1 on 16 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.852, Adjusted R-squared:  0.825
## F-statistic: 30.8 on 3 and 16 DF, p-value: 7.01e-07
```

De estos resultados podemos ver que hay efectos significativos tanto de la cafeína como de la ansiedad (lo que llamamos *efectos principales*, o *main effects*) y también una interacción entre cafeína y ansiedad. El Panel C de la Figura 14.4 muestra las líneas de regresión separadas para cada grupo.

Un punto importante por resaltar es que debemos ser muy cuidadosos al interpretar un efecto principal significativo si también está presente una interacción significativa, porque la interacción sugiere que el efecto principal difiere de acuerdo con los valores de otra variable, por lo que no es fácilmente interpretable.

Algunas veces queremos comparar el ajuste relativo de dos modelos diferentes, para poder determinar cuál modelo es mejor; llamamos a esto *comparación de modelos* (o *model comparison*). Para los modelos anteriores, podemos comparar la bondad de ajuste (*goodness of fit*) del modelo sin y con interacción, usando lo que se conoce como *análisis de varianza* (*analysis of variance*):

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: speaking ~ caffeine + anxiety
## Model 2: speaking ~ caffeine + anxiety + caffeine * anxiety
##   Res.Df  RSS Df Sum of Sq    F Pr(>F)
## 1      17 5639
```

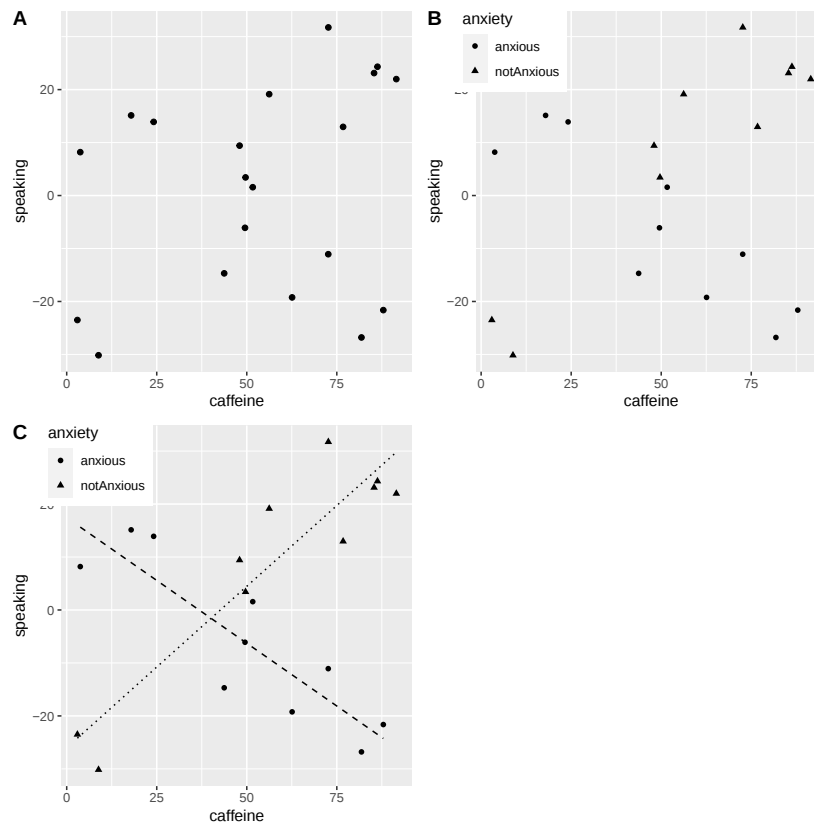


Figure 14.4: A: The relationship between caffeine and public speaking. B: The relationship between caffeine and public speaking, with anxiety represented by the shape of the data points. C: The relationship between public speaking and caffeine, including an interaction with anxiety. This results in two lines that separately model the slope for each group (dashed for anxious, dotted for non-anxious).

```
## 2      16 1046  1      4593 70.3  3e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Esto nos indica que hay buena evidencia para preferir el modelo que incluye la interacción sobre el modelo que no la incluye. La comparación de modelos es relativamente simple en este caso porque los dos modelos están *anidados* (del inglés: *nested*) – uno de los modelos es una versión simplificada del otro modelo, de manera tal que todas las variables en el modelo simple están contenidas en el modelo más complejo. La comparación de modelos no-anidados se puede volver mucho más complicada.

14.4 Más allá de predictores y resultados lineales

Es importante hacer notar que a pesar del hecho de que se llame modelo *lineal* general, realmente podemos usar la misma maquinaria para modelar efectos que no siguen una línea recta (como las curvas). La palabra “lineal” en el modelo lineal general no se refiere a la forma de la respuesta, sino al hecho de que el modelo es lineal en sus parámetros – esto es, que los predictores en el modelo sólo pueden ser multiplicados por los parámetros, contrario a relaciones no lineales como el que fueran elevados a la potencia del parámetro. También es común analizar datos donde los resultados son binarios en lugar de continuos, como vimos en el capítulo sobre resultados categóricos. Existen formas de adaptar el modelo lineal general (conocidos como *modelos lineales generalizados*) que permiten este tipo de análisis. Exploraremos estos modelos después en este libro.

14.5 Criticar nuestro modelo y revisar suposiciones

El dicho “si metes basura, sacas basura” (“garbage in, garbage out”) es cierto para la estadística como en cualquier lugar. En el caso de modelos estadís-

ticos, debemos asegurarnos de que nuestro modelo está especificado apropiadamente y que nuestros datos son apropiados para el modelo.

Cuando decimos que el modelo está “especificado apropiadamente,” queremos decir que hemos incluido el conjunto apropiado de variables independientes en el modelo. Ya hemos visto ejemplos de modelos mal especificados, en la Figura 5.3. Recuerda que vimos varios casos donde el modelo falló en explicar apropiadamente los datos, como cuando no se incluyó el intercepto. Cuando construimos un modelo, debemos asegurarnos que incluye todas las variables apropiadas.

También debemos preocuparnos si nuestro modelo satisface las suposiciones de nuestros métodos estadísticos. Una de las suposiciones más importantes que hacemos cuando usamos el modelo lineal general es que los residuales (esto es, la diferencia entre las predicciones de nuestro modelo y los datos verdaderos) están normalmente distribuidas. Esto puede fallar en cumplirse por varias razones, puede ser porque el modelo no estaba apropiadamente especificado, o porque los datos que estamos modelando son inapropiados.

Podemos usar algo conocido como una gráfica Q - Q (quantile-quantile, Q - Q plot) para ver si nuestros residuales están normalmente distribuidos. Ya te has encontrado con los *cuantiles* (*quantiles*) — son los valores que establecen un punto de corte para una proporción particular de una distribución acumulada. La gráfica Q - Q presenta los cuantiles de dos distribuciones una contra la otra; en este caso, presentaremos los cuantiles de los datos reales contra los cuantiles de una distribución normal ajustada a los mismos datos. La Figura 14.5 muestra ejemplos de dos gráficas Q - Q . El panel izquierdo muestra una gráfica Q - Q para datos de una distribución normal, mientras que el panel derecho muestra una gráfica Q - Q de una distribución no normal. Los datos en el panel derecho se desvían sustancialmente de la línea diagonal, reflejando el hecho de que no están normalmente distribuidos.

```
qq_df <- tibble(norm=rnorm(100),
                unif=runif(100))

p1 <- ggplot(qq_df, aes(sample=norm)) +
  geom_qq() +
  geom_qq_line() +
  ggtitle('Normal data')
```

```
p2 <- ggplot(qq_df,aes(sample=unif)) +
  geom_qq() +
  geom_qq_line()+
  ggtitle('Non-normal data')

plot_grid(p1,p2)
```

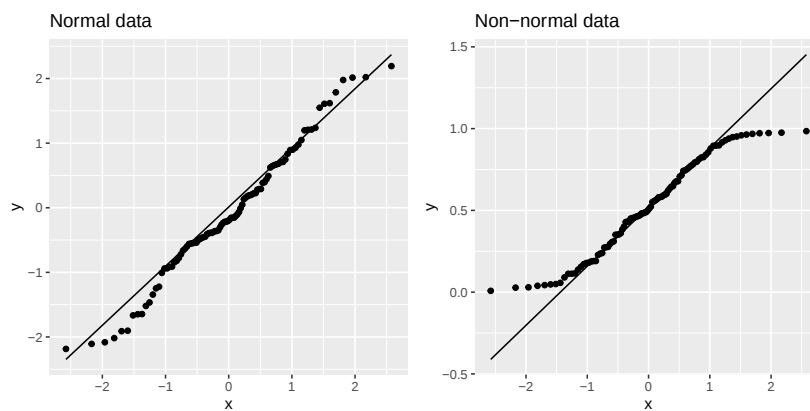


Figure 14.5: Q-Q plots of normal (left) and non-normal (right) data. The line shows the point at which the x and y axes are equal.

Herramientas para el diagnóstico de modelos serán exploradas en mayor detalle en el capítulo siguiente.

14.6 ¿Qué significa realmente “predecir?”

Cuando hablamos de “predicción” en la vida diaria, generalmente nos referimos a la habilidad para estimar el valor de alguna variable antes de ver los datos. Sin embargo, el término frecuentemente es usado en el contexto de regresión lineal para referirse al ajuste de un modelo a los datos; los valores estimados ($\hat{y}$) en ocasiones son conocidos como “predicciones” y las variables independientes son conocidas como “predictores.” Esto tiene una connotación desafortunada, porque parece implicar que nuestro modelo debería ser capaz de predecir los valores de nuevos datos en el futuro. En realidad, el ajuste

Table 14.2: Root mean squared error for model applied to original data and new data, and after shuffling the order of the y variable (in essence making the null hypothesis true)

Data type	RMSE (original data)	RMSE (new data)
True data	3.0	25
Shuffled data	7.8	59

de un modelo al conjunto de datos usado para obtener sus parámetros casi siempre será mejor que el ajuste del mismo modelo a un nuevo conjunto de datos (Copas 1983).

Como ejemplo, tomemos una muestra de 48 niños de la base de datos NHANES y ajustemos un modelo de regresión para los datos de peso que incluya varios regresores (edad, altura, horas que pasan viendo TV y usando la computadora, e ingreso económico del hogar) junto con sus interacciones.

Aquí podemos ver que mientras que el modelo mostró un ajuste muy bueno en los datos originales (sólo con error de algunos kg por persona), el mismo modelo hace un peor trabajo prediciendo los datos del peso de nuevos niños muestreados de la misma población (con error de más de 25 kg por persona). Esto sucede porque nuestro modelo especificado es bastante complejo, ya que incluye no sólo las variables individuales, sino también todas las posibles combinaciones entre ellas (i.e. sus *interacciones*), resultando en un modelo con 32 parámetros. Como esto significa tener casi tantos coeficientes como datos en la muestra (i.e., las alturas de 48 niños), el modelo se *sobreajusta* (*overfits*) a los datos, justo como sucedió con nuestra curva polinomial compleja en nuestro ejemplo inicial sobre el sobreajuste en la Sección 5.4.

Otra manera de ver los efectos del sobreajuste es el observar qué sucede si reordenamos aleatoriamente los valores de nuestra variable de peso (mostrada en la segunda fila de la tabla). El reordenar aleatoriamente los valores debería hacer imposible el predecir el peso a partir de otras variables, porque no tendrían ninguna relación sistemática. Los resultados en la tabla muestran que incluso cuando no hay una verdadera relación a ser modelada (porque el reordenar aleatoriamente debería haber destruido cualquier relación), el modelo complejo aún muestra un error muy bajo en sus predicciones de los datos ajustados, porque termina ajustándose al error en nuestros datos específicos. Sin embargo, cuando el modelo es aplicado a nuevos datos, vemos

que el error es mucho mayor, como debería suceder.

14.6.1 Validación cruzada (Cross-validation)

Un método que ha sido desarrollado para ayudar a resolver el problema del sobreajuste es conocido como *validación cruzada* (*cross-validation*). Esta técnica es comúnmente usada en el campo del aprendizaje máquina (*machine learning*), que está enfocado en construir modelos que puedan generalizarse bien a nuevos datos, incluso cuando no tenemos un nuevo conjunto de datos con el cual probar el modelo. La idea detrás de la validación cruzada es que ajustemos nuestro modelo repetidamente, cada vez dejando fuera un subconjunto de los datos, y luego probar la habilidad de nuestro modelo de predecir los valores en cada subconjunto de datos que se dejó fuera.

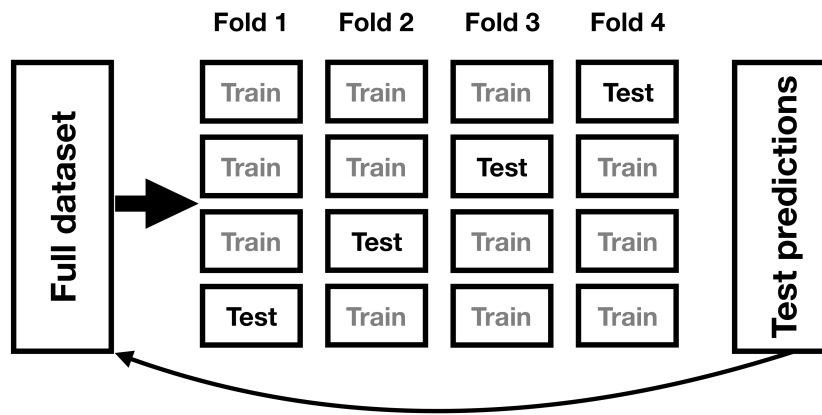


Figure 14.6: A schematic of the cross-validation procedure.

Veamos cómo funcionaría en nuestro ejemplo de predicción de pesos. En este caso realizaremos una validación cruzada con 12 subconjuntos (en inglés: *12-fold cross-validation*), lo que significa que dividiremos nuestros datos en 12 subconjuntos, y luego ajustaremos el modelo 12 veces, en cada caso dejando fuera uno de los subconjuntos y luego probando la habilidad del modelo de poder predecir el valor de la variable dependiente para cada uno de los datos que se dejaron fuera. La mayoría de los softwares estadísticos provee herramientas para aplicar validación cruzada. Usando esta función podemos realizar una validación cruzada en 100 muestras de nuestros datos

Table 14.3: R-squared from cross-validation and new data, showing that cross-validation provides a reasonable estimate of the model's performance on new data.

	R-squared
Original data	0.95
New data	0.34
Cross-validation	0.60

de NHANES, y calcular el RMSE para la validación cruzada, junto con el RMSE para los datos originales y para un nuevo conjunto de datos, como lo hicimos arriba.

Aquí vemos que la validación cruzada nos da una estimación de la precisión predictiva que está mucho más cercana a lo que vemos con un conjunto de datos completamente nuevo, en lugar de la precisión inflada que vemos con los datos originales – de hecho, incluso es un poco más pesimista que el promedio para un nuevo conjunto de datos, probablemente porque sólo parte de los datos están siendo usados para entrenar cada uno de los modelos.

Nota que el usar la validación cruzada apropiadamente es complicado, y es recomendable que consultes con un experto antes de usarlo en la práctica. Sin embargo, esperemos que esta sección te haya mostrado tres cosas:

- “Predicción” no siempre significa lo que crees que significa.
- Modelos complejos pueden sobreajustarse a los datos pésimamente, a tal grado que unx podría aparentemente observar una buena predicción incluso cuando no hay una verdadera señal que predecir.
- Deberías de ver de manera muy escéptica afirmaciones acerca de la precisión de predicciones, a menos que hayan sido realizadas usando los métodos apropiados.

14.7 Objetivos de aprendizaje

Habiendo leído este capítulo, deberías ser capaz de:

- Describir el concepto de regresión lineal y aplicarlo a un conjunto de datos.
- Describir el concepto del modelo lineal general y proveer ejemplos de su aplicación.
- Describir cómo se utiliza la validación cruzada (*cross-validation*) para estimar el rendimiento predictivo de un modelo sobre nuevos datos.

14.8 Lecturas sugeridas

- [The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction \(2nd Edition\)](#) - The “bible” of machine learning methods, available freely online.

14.9 Apéndice

14.9.1 Estimar parámetros de una regresión lineal

Generalmente estimamos los parámetros de un modelo lineal a partir de los datos usando *álgebra lineal*, que es el tipo de álgebra que se aplica a vectores y matrices. Si no estás familiarizado con el álgebra lineal, no te preocupes – pues realmente no la necesitaremos usar aquí, porque R (o el programa estadístico que uses) hará el trabajo por nosotros. Sin embargo, una breve excursión dentro del álgebra lineal nos puede proveer algún insight a cómo son estimados los parámetros de los modelos en la práctica.

Primero, presentemos la idea de vectores y matrices; ya los has encontrado en el contexto de R, pero los revisaremos aquí. Una matriz es un conjunto de números que están organizados en un cuadro o rectángulo, de manera que haya una o más *dimensiones* a lo largo de las cuales la matriz varía. La costumbre es colocar las diferentes unidades de observación (como las personas que observamos) en las filas, y diferentes variables en las columnas. Tomemos nuestro ejemplo de tiempo de estudio anterior. Podríamos organizar nuestros números en una matriz, que tendría ocho renglones o filas (una por cada estudiante) y dos columnas (una para tiempo de estudio, y otra para calificación). Si estás pensando “eso suena como un *dataframe* de R”

(o de JASP) ¡estás totalmente en lo correcto! De hecho, un *dataframe* es una versión especializada de una matriz, y podemos convertir un *dataframe* a una matriz usando la función `as.matrix()`.

```
df <-
  tibble(
    studyTime = c(2, 3, 5, 6, 6, 8, 10, 12) / 3,
    priorClass = c(0, 1, 1, 0, 1, 0, 1, 0)
  ) %>%
  mutate(
    grade =
      studyTime * betas[1] +
      priorClass * betas[2] +
      round(rnorm(8, mean = 70, sd = 5))
  )

df_matrix <-
  df %>%
  dplyr::select(studyTime, grade) %>%
  as.matrix()
```

Podemos escribir el modelo lineal general en álgebra lineal de la siguiente manera:

$$Y = X * \beta + E$$

Esto se parece mucho a la ecuación que usamos anteriormente, a excepción de que las letras están todas en mayúsculas, lo que quiere expresar el hecho de que son vectores.

Sabemos que los datos de las calificaciones van en la matriz Y , pero ¿qué va en la matriz X ? Recuerda de nuestra discusión inicial sobre la regresión lineal que necesitamos añadir una constante además de nuestra variable independiente de interés, por lo que nuestra matriz X (que llamamos *matriz de diseño*, o *design matrix*) necesita incluir dos columnas: una representando la variable tiempo de estudio, y una columna con el mismo valor para cada persona (que generalmente llenamos con números uno). Podemos ver la matriz de diseño resultante de manera gráfica (ve la Figura 14.7).

Independent variable		Design matrix	
0.67		77	1
1.0		85	1
1.67		84	1
2.0	=	80	1
2.0		90	1
2.67		77	1
3.33		98	1
4.0		93	1

$$* \beta + E$$

Figure 14.7: A depiction of the linear model for the study time data in terms of matrix algebra.

Las reglas de multiplicación de matrices nos dicen que las dimensiones de las matrices deben coincidir unas con otras; en este caso, la matriz de diseño tiene dimensiones de 8 (filas) X 2 (columnas) y la variable Y tiene dimensiones de 8 X 1. Entonces, la matriz β necesita tener dimensiones 2 X 1, porque una matriz 8 X 2 multiplicada por una matriz 2 X 1 resulta en una matriz 8 X 1 (pues las dimensiones de en medio que coinciden terminan desapareciendo). La interpretación de los dos valores en la matriz β es que son los valores por los cuales multiplicar el tiempo de estudio y el valor de 1 respectivamente para obtener la estimación de calificación para cada persona en la muestra. También podemos ver el modelo lineal como un conjunto de ecuaciones individuales para cada persona:

$$\hat{y}_1 = studyTime_1 * \beta_1 + 1 * \beta_2$$

$$\hat{y}_2 = studyTime_2 * \beta_1 + 1 * \beta_2$$

...

$$\hat{y}_8 = studyTime_8 * \beta_1 + 1 * \beta_2$$

Recuerda que nuestra meta es el determinar los valores β con mejor ajuste

dado que conocemos los valores X y Y . Una manera ingenua de hacer esto sería el resolver para β usando álgebra simple – aquí quitamos el término para el error E porque está fuera de nuestro control:

$$\hat{\beta} = \frac{Y}{X}$$

El reto aquí está en que X y β son ahora matrices, no números sencillos – pero las reglas del álgebra lineal nos dicen cómo dividir entre una matriz, que es lo mismo que multiplicarla por el *inverso* de la matriz (referida como X^{-1}). Podemos hacer esto en R:

```
# compute beta estimates using linear algebra

#create Y variable 8 x 1 matrix
Y <- as.matrix(df$grade)
#create X variable 8 x 2 matrix
X <- matrix(0, nrow = 8, ncol = 2)
#assign studyTime values to first column in X matrix
X[, 1] <- as.matrix(df$studyTime)
#assign constant of 1 to second column in X matrix
X[, 2] <- 1

# compute inverse of X using ginv()
# %*% is the R matrix multiplication operator

beta_hat <- ginv(X) %*% Y #multiple the inverse of X by Y
print(beta_hat)
```

```
##      [,1]
## [1,]  8.2
## [2,] 68.0
```

Cualquier persona que esté interesada en un uso serio de métodos estadísticos se le recomienda fuertemente que invierta algún tiempo en aprender álgebra lineal, puesto que provee las bases para casi todas las herramientas que son usadas en estadística estándar.

Chapter 15

Comparar medias

Hemos encontrado ya un número de casos donde queremos hacer preguntas acerca de la media de una muestra. En este capítulo, profundizaremos en las varias maneras en que podemos comparar medias entre grupos.

15.1 Probar el valor de una media simple

La pregunta más sencilla que podríamos hacernos acerca de una media es si tiene un valor específico. Digamos que queremos probar si el valor medio de presión sanguínea diastólica en adultos de la base de datos NHANES es mayor a 80, que es un punto de corte para hipertensión de acuerdo al Colegio Americano de Cardiología. Tomamos una muestra de 200 adultos para hacernos esta pregunta; cada adulto tiene su presión sanguínea medida en tres momentos, y usaremos el promedio de estos valores para nuestra prueba.

Una manera sencilla de probar esta diferencia es usando una prueba llamada *prueba de los signos* (*sign test*), que pregunta si la proporción de diferencias positivas entre el valor real y el valor hipotetizado es diferente que el que se esperaría por azar. Para hacer esto, tomamos las diferencias entre cada dato y el valor de la media hipotetizada y calculamos su signo. Si los datos están normalmente distribuidos y la media real es igual a la media hipotetizada, entonces la proporción de valores arriba de la media hipotetizada (o por debajo) debería ser 0.5, de tal manera que la proporción de diferencias positivas

también debería ser de 0.5. En nuestra muestra, vemos que el 19.0 por ciento de las personas tienen una presión sanguínea diastólica arriba de 80. Luego podemos usar una prueba binomial para preguntarnos si la proporción de diferencias positivas es mayor a 0.5, usando la función de la prueba binomial en nuestro software estadístico:

```
##
## Exact binomial test
##
## data:  npos and nrow(NHANES_sample)
## number of successes = 38, number of trials = 200, p-value = 1
## alternative hypothesis: true probability of success is greater than 0.5
## 95 percent confidence interval:
##  0.15 1.00
## sample estimates:
## probability of success
##                0.19
```

Aquí vemos que la proporción de personas con signo positivo no es muy sorprendente bajo la hipótesis nula de $p \leq 0.5$, lo que no debería sorprendernos dado que el valor observado en realidad es menor que 0.5.

También podemos hacer esta pregunta usando la prueba t de Student, que ya te has encontrado antes en este libro. Nos referiremos a la media como $\bar{X}$ y a la media poblacional hipotetizada como μ . Entonces, la prueba t para una sola media es:

$$t = \frac{\bar{X} - \mu}{SEM}$$

donde SEM (*standard error of the mean*, o *error estándar de la media*, como podrás recordar del capítulo sobre muestreo) es definido por:

$$SEM = \frac{\hat{\sigma}}{\sqrt{n}}$$

En esencia, el estadístico t pregunta qué tan grande es la desviación de la media muestral de la cantidad hipotetizada con respecto a la variabilidad muestral de la media.

Podemos calcular esto para la base de datos NHANES en nuestro software estadístico:

```
##
## One Sample t-test
##
## data:  NHANES_adult$BPDiaAve
## t = -55, df = 4593, p-value = 1
## alternative hypothesis: true mean is greater than 80
## 95 percent confidence interval:
##    69 Inf
## sample estimates:
## mean of x
##          70
```

Esto nos muestra que la media de presión sanguínea diastólica en la base de datos (69.5) es realmente mucho menor que 80, por lo que nuestra prueba sobre si la media es superior a 80 está muy lejos de resultar significativa.

Recuerda que un valor p grande no nos provee de evidencia en favor de la hipótesis nula, porque hemos asumido desde el inicio que la hipótesis nula es verdadera. Sin embargo, como discutimos en el capítulo sobre análisis Bayesiano, podemos usar el factor de Bayes para cuantificar la evidencia a favor o en contra de la hipótesis nula:

```
ttestBF(NHANES_sample$BPDiaAve, mu=80, nullInterval=c(-Inf, 80))

## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Alt., r=0.707 -Inf<d<80      : 2.7e+16  ±NA%
## [2] Alt., r=0.707 !(-Inf<d<80) : NaNe-Inf ±NA%
##
## Against denominator:
##   Null, mu = 80
## ---
## Bayes factor type: BFoneSample, JZS
```

El primer factor de Bayes enlistado aquí ($2.73 * 10^{16}$) denota el hecho de que hay una evidencia excesivamente fuerte en favor de la hipótesis nula sobre la alternativa.

15.2 Comparar dos medias

Una pregunta más común que frecuentemente surge en estadística es si existe una diferencia entre las medias de dos grupos diferentes. Digamos que quisiéramos saber si fumadores regulares de marihuana miran más televisión, que también podemos preguntarnos usando la base de datos NHANES. Tomamos una muestra de 200 personas de la base de datos y probamos si el número de horas de ver televisión por día está relacionado con el uso regular de marihuana. El panel izquierdo de la Figura 15.1 muestra estos datos usando una gráfica de violín.

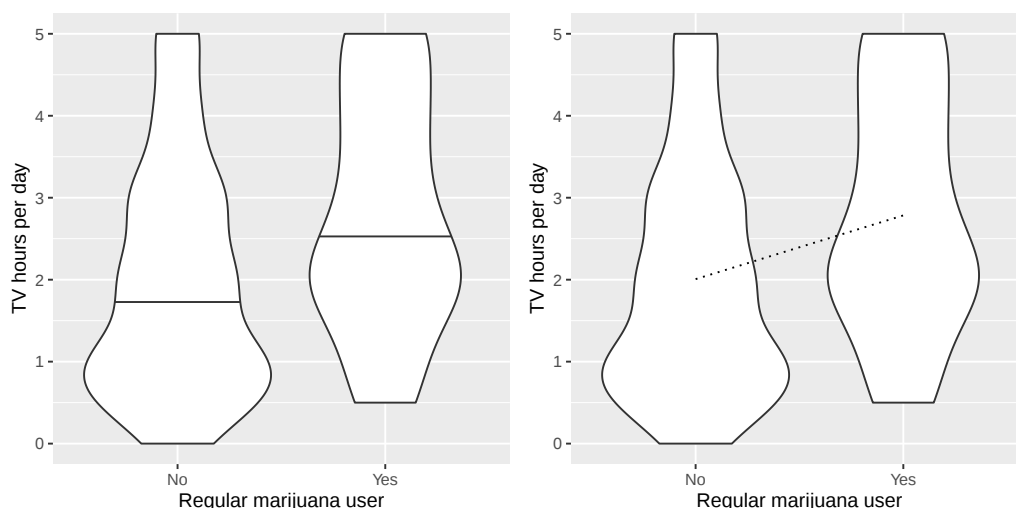


Figure 15.1: Izquierda: Gráfica de violín mostrando distribuciones de horas de ver TV por día separados por el uso regular de marihuana. Derecha: Gráficas de violín mostrando los datos para cada grupo, con una línea punteada conectando los valores predichos para cada grupo, calculado con base en los resultados del modelo lineal.

También podemos usar la prueba t de Student para probar diferencias entre

dos grupos de observaciones independientes (como revisamos en un capítulo anterior); regresaremos después en este capítulo a casos donde las observaciones no son independientes. Como recordatorio, el estadístico t para comparaciones entre dos grupos independientes se calcula así:

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{\frac{S_1^2}{n_1} + \frac{S_2^2}{n_2}}}$$

donde $\bar{X}_1$ y $\bar{X}_2$ son las medias de los dos grupos, S_1^2 y S_2^2 son las varianzas para cada grupo, y n_1 y n_2 son los tamaños de los dos grupos. Bajo la hipótesis nula de no diferencia entre medias, este estadístico se distribuye de acuerdo a una distribución t , con grados de libertad calculados usando la prueba de Welch (como se discutió previamente) puesto que el número de personas difiere entre los dos grupos. En este caso, comenzamos con la hipótesis específica de que fumar marihuana está asociado con mayor tiempo de ver TV, por lo que usaremos una prueba de una cola. Aquí están los resultados de nuestro software estadístico:

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  TVHrsNum by RegularMarij
## t = -3, df = 85, p-value = 6e-04
## alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
## 95 percent confidence interval:
##   -Inf -0.39
## sample estimates:
##  mean in group No mean in group Yes
##                2.0                2.8
```

En este caso vemos que existe una diferencia estadísticamente significativa entre los grupos, en la dirección esperada - los fumadores regulares de marihuana ven más TV.

15.3 La prueba t como un modelo lineal

La prueba t es frecuentemente presentada como una herramienta especializada para comparar medias, pero también se puede ver como una aplicación del modelo lineal general. En este caso, el modelo se vería como esto:

$$\hat{TV} = \hat{\beta}_1 * \text{Marihuana} + \hat{\beta}_0$$

Como el fumar es una variable binaria, la tratamos como una *variable ficticia* (*dummy variable*) como discutimos en el capítulo anterior, fijándola en un valor de 1 para fumadores o de cero para no fumadores. En este caso, $\hat{\beta}_1$ es simplemente la diferencia de las medias entre los dos grupos, y $\hat{\beta}_0$ es la media para el grupo que fue codificado con cero. Podemos ajustar este modelo usando la función del modelo lineal general en nuestro software estadístico, y ver que nos da el mismo estadístico t como la prueba t de arriba, excepto que fue positiva en este caso por la manera en que nuestro software ordena los grupos:

```
##
## Call:
## lm(formula = TVHrsNum ~ RegularMarij, data = NHANES_sample)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.2843 -1.0067 -0.0067  0.9933  2.9933
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      2.007      0.116   17.27 < 2e-16 ***
## RegularMarijYes    0.778      0.230    3.38 0.00087 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.4 on 198 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.0546, Adjusted R-squared:  0.0498
## F-statistic: 11.4 on 1 and 198 DF,  p-value: 0.000872
```

También podemos ver los resultados del model lineal gráficamente (ve el panel derecho de la Figura 15.1). En este caso, el valor predicho para no fumadores es $\hat{\beta}_0$ (2.0), y el valor predicho para fumadores es $\hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1$ (2.8).

Para calcular los errores estándar para este análisis, podemos usar exactamente las mismas ecuaciones que usamos para regresión lineal – porque este es realmente sólo otro ejemplo de regresión lineal. De hecho, si comparas el valor p de la prueba t de arriba con el valor p en el análisis de regresión lineal para la variable de uso de marihuana, verás que el del análisis de regresión lineal es exactamente el doble que el de la prueba t, porque el análisis de regresión lineal está realizando una prueba de dos colas.

15.3.1 Tamaños de efecto para comparar dos medias

El tamaño de efecto más comúnmente usado para comparar dos medias es la d de Cohen, la cual (como recordarás del Capítulo 10) es una expresión del tamaño del efecto en términos de unidades de desviación estándar. Para la prueba t estimada usando el modelo lineal general desarrollado arriba (i.e. con una sola variable dummy codificada), esto es expresado como:

$$d = \frac{\hat{\beta}_1}{\sigma_{residual}}$$

Podemos obtener estos valores de la salida del análisis arriba, dándonos una $d = 0.55$, que generalmente interpretaríamos como un tamaño de efecto medio.

También podemos calcular R^2 para este análisis, que nos dice qué proporción de la varianza en el tiempo de ver TV es explicada por el fumar marihuana. Este valor (que es reportado hasta abajo del resumen del análisis del modelo lineal) es 0.05, que nos dice que mientras que el efecto podrá ser estadísticamente significativo, explica relativamente poco de la varianza en tiempo de ver TV.

15.4 Factores de Bayes para diferencias entre medias

Como discutimos en el capítulo sobre análisis Bayesiano, los factores de Bayes nos proveen de una mejor manera de cuantificar la evidencia a favor o en contra de la hipótesis nula de no diferencia. Podemos calcular este análisis con los mismos datos:

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Alt., r=0.707 0<d<Inf      : 0.041 ±0%
## [2] Alt., r=0.707 !(0<d<Inf) : 61      ±0%
##
## Against denominator:
##   Null, mu1-mu2 = 0
## ---
## Bayes factor type: BFindepSample, JZS
```

Por la manera en que los datos están organizados, la segunda línea nos muestra el factor de Bayes relevante para este análisis, que es 61.4. Esto nos muestra que la evidencia en contra de la hipótesis nula es bastante fuerte.

15.5 Comparar observaciones pareadas/relacionadas

En investigación experimental, frecuentemente usamos diseños *intra-sujetos* (*within-subjects*), en donde comparamos a la misma persona en múltiples mediciones. Las mediciones que se obtienen de este tipo de diseño son frecuentemente referidas como *medidas repetidas* (*repeated measures*). Por ejemplo, en la base de datos NHANES la presión sanguínea fue medida tres veces. Digamos que estamos interesados en probar si existe una diferencia en la presión sanguínea sistólica entre la primera y la segunda medición en las personas de nuestra muestra (Figura 15.2).

Vemos que no parece haber mucha diferencia en la media de presión sanguínea (cerca de un punto) entre la primera y la segunda medición. Primero

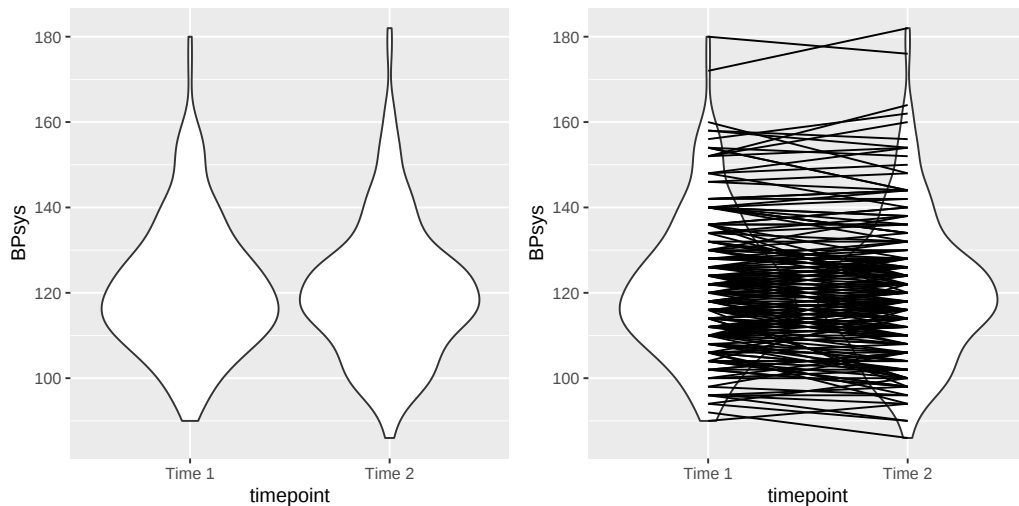


Figure 15.2: Izquierda: Gráfica de violín de la presión sanguínea sistólica en el primer y segundo registro, de NHANES. Derecha: Misma gráfica de violín con líneas conectando los dos registros de una misma persona.

probemos si hay una diferencia usando un prueba t para muestras independientes, la cual ignora el hecho que los pares de datos vienen de una misma persona.

```
##
## Two Sample t-test
##
## data: BPsyst by timepoint
## t = 0.6, df = 398, p-value = 0.5
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -2.1 4.1
## sample estimates:
## mean in group BPsyst1 mean in group BPsyst2
## 121 120
```

Este análisis muestra que no hay una diferencia estadísticamente significativa. Sin embargo, este análisis es inapropiado porque asume que las dos muestras

son independientes, cuando de hecho no lo son, ya que los datos vienen de las mismas personas. Podemos graficar los datos con una línea para cada individuo para mostrar esto (ve el panel derecho de la Figura 15.2).

En este análisis, lo que realmente nos importa es saber si la presión sanguínea de cada persona cambia de una manera sistemática entre las dos mediciones, así que otra manera de representar estos datos es calculando la diferencia entre dos puntos en el tiempo para cada persona, y luego analizar estas diferencias en lugar de analizar las mediciones individuales. En la Figura 15.3 vemos un histograma de estas puntuaciones de diferencias, con una línea azul denotando la media de las diferencias.

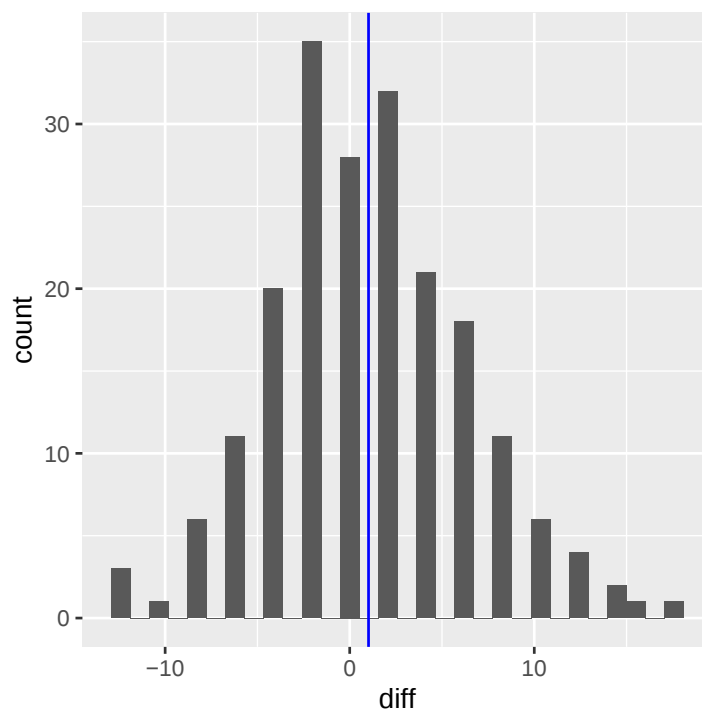


Figure 15.3: Histograma de las puntuaciones de diferencias entre la primera y la segunda medición de presión sanguínea. La línea vertical representa la diferencia promedio en la muestra.

15.5.1 Prueba de los signos

Una manera simple de probar las diferencias es usando la *prueba de los signos* (*sign test*). Para hacer esto, tomamos las diferencias y calculamos su signo, y luego usamos la prueba binomial para preguntarnos si la proporción de signos positivos difiere de 0.5.

```
##
## Exact binomial test
##
## data:  npos and nrow(NHANES_sample)
## number of successes = 96, number of trials = 200, p-value = 0.6
## alternative hypothesis: true probability of success is not equal to 0.5
## 95 percent confidence interval:
##  0.41 0.55
## sample estimates:
## probability of success
##                      0.48
```

Aquí vemos que la proporción de personas con signos positivos (0.48) no es suficientemente grande como para ser sorprendente bajo la hipótesis nula de $p = 0.5$. Sin embargo, un problema con la prueba de los signos es que está descartando información acerca de la magnitud de las diferencias, y por lo tanto podría estar perdiéndose de algo.

15.5.2 Prueba t para muestras relacionadas (paired t-test)

Una estrategia más común es usar una *prueba t para muestras relacionadas* (*paired t-test*), que es el equivalente a una prueba t para una muestra en la cual se espera que la media de la diferencias entre mediciones para cada persona sea cero. Podemos calcular esto usando nuestro software estadístico, diciéndole que los datos son pareados/relacionados:

```
##
## Paired t-test
```

```
##
## data:  BPsys by timepoint
## t = 3, df = 199, p-value = 0.007
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.29 1.75
## sample estimates:
## mean of the differences
##                                1
```

Con este análisis vemos que de hecho existe una diferencia significativa entre las dos mediciones. Calculemos el factor de Bayes para ver cuánta evidencia brinda este resultado:

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Alt., r=0.707 : 3 ±0.01%
##
## Against denominator:
##   Null, mu = 0
## ---
## Bayes factor type: BFoneSample, JZS
```

El factor de Bayes observado de 2.97 nos dice que aunque el efecto fue significativo en la prueba t para muestras relacionadas, realmente provee de evidencia muy débil en favor de la hipótesis alternativa.

La prueba t para muestras relacionadas puede también ser definida en términos de un modelo lineal; ve el Apéndice para más detalles sobre esto.

15.6 Comparar más de dos medias

Frecuentemente queremos comparar más de dos medias para determinar si alguna de ellas difiere de las otras. Digamos que estamos analizando datos de un ensayo clínico sobre el tratamiento para presión sanguínea alta. En este estudio, los voluntarios se asignan aleatoriamente a una de tres posibles condiciones: Medicamento 1, Medicamento 2, o placebo. Generemos algunos datos y grafiquémoslos (ve la Figura 15.4).

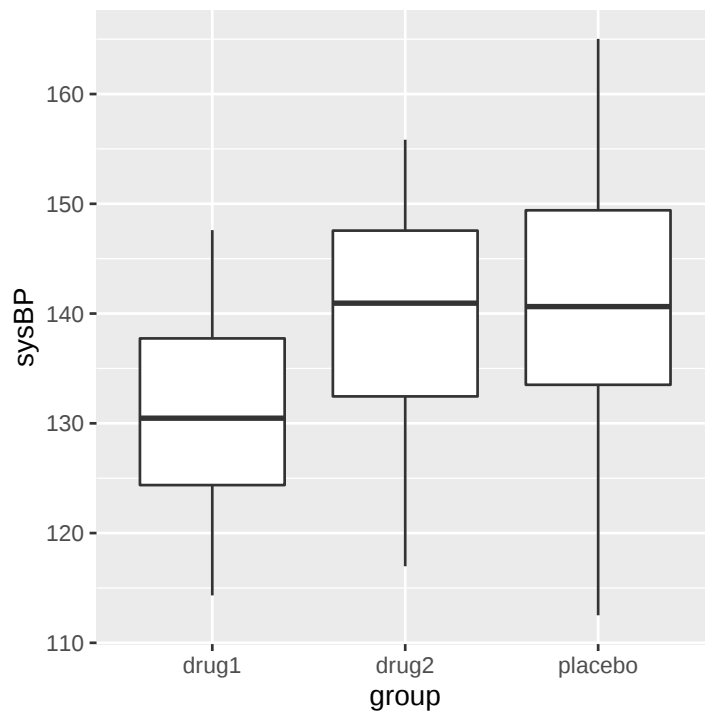


Figure 15.4: Boxplots mostrando la presión sanguínea de tres grupos diferentes en nuestro ensayo clínico.

15.6.1 Análisis de varianza (analysis of variance, ANOVA)

Primero queríamos probar la hipótesis nula de que las medias de todos los grupos son iguales – esto es, que ninguno de los tratamientos tenga ningún efecto comparado con el placebo. Podemos hacer esto usando un método llamado *análisis de varianza* (*analysis of variance*, ANOVA). Este es uno de los métodos más comúnmente usados en estadística en psicología, aquí sólo lo revisaremos superficialmente. La idea básica detrás de ANOVA es una que ya discutimos en el capítulo sobre el modelo lineal general, y de hecho el ANOVA es sólo un nombre para una versión específica de ese modelo.

Recordarás del capítulo anterior que podemos dividir la varianza total de los datos (SS_{total} , donde SS es por *sum of squares*) en la varianza que es explicada por el modelo (SS_{modelo}) y la varianza que no es explicada por el modelo (SS_{error}). Entonces podemos calcular la *media cuadrática* (*mean square*, MS) para cada una de éstas al dividir las entre sus grados de libertad; para el error, los grados de libertad son $N - p$ (donde p es el número de medias que calculamos), y para el modelo, son $p - 1$:

$$MS_{modelo} = \frac{SS_{modelo}}{df_{modelo}} = \frac{SS_{modelo}}{p - 1}$$

$$MS_{error} = \frac{SS_{error}}{df_{error}} = \frac{SS_{error}}{N - p}$$

Con ANOVA, queremos probar si la varianza explicada por el modelo es mayor que lo que esperaríamos por el azar, bajo la hipótesis nula de no diferencias entre medias. Mientras que para la distribución t el valor esperado es cero bajo la hipótesis nula, ese no es el caso aquí, porque las sumas de cuadrados dan siempre números positivos. Afortunadamente, existe otra distribución teórica que describe cómo las razones de sumas de cuadrados se distribuyen bajo la hipótesis nula: la distribución F (ve la Figura 15.5). Esta distribución considera dos diferentes grados de libertad, que corresponden a los grados de libertad del numerador (que en este caso es el modelo), y del denominador (que en este caso es el error).

Para crear un modelo ANOVA, extendemos la idea de la *codificación ficticia* (*dummy coding*) que presentamos en el capítulo anterior. Recuerda que

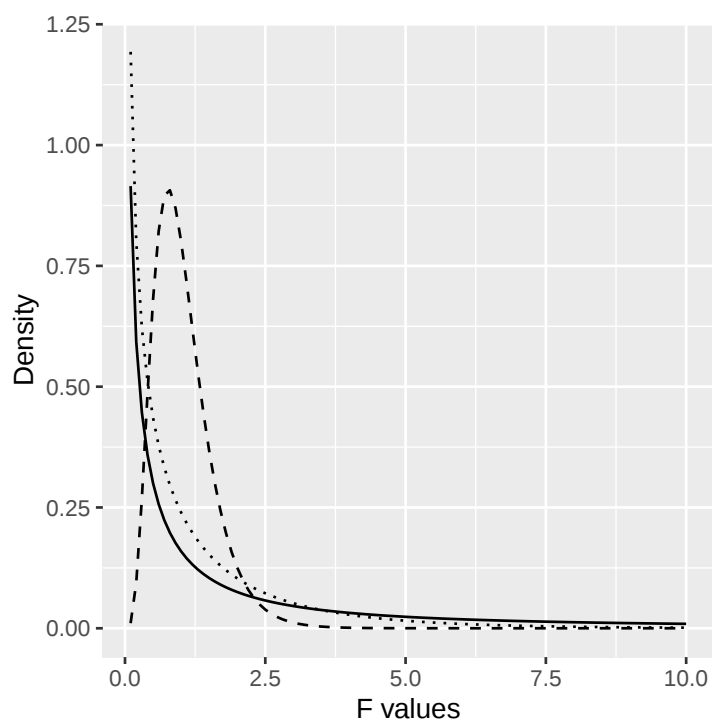


Figure 15.5: Distribuciones F bajo la hipótesis nula, para diferentes valores de los grados de libertad.

para la prueba t comparando dos medias, creamos una sola variable ficticia (dummy) que tomó el valor de 1 para una condición y cero para la otra. Aquí extendemos esa idea creando dos variables ficticias (dummy), una que codifica para la condición del Medicamento 1 y la otra que codifica para la condición del Medicamento 2. Justo como en la prueba t, tendremos una condición (en este caso, placebo) que no tiene una variable ficticia (dummy), y por lo tanto representa la línea base contra la cual las otras condiciones son comparadas; su media define la constante (origen) del modelo. Usando variables ficticias (dummy) para los medicamentos 1 y 2, podemos ajustar un modelo usando la misma aproximación que usamos en el capítulo anterior:

```
##
## Call:
## lm(formula = sysBP ~ d1 + d2, data = df)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -29.084  -7.745  -0.098   7.687  23.431
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    141.60       1.66   85.50 < 2e-16 ***
## d1             -10.24       2.34   -4.37 2.9e-05 ***
## d2              -2.03       2.34   -0.87  0.39
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 9.9 on 105 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.169, Adjusted R-squared:  0.154
## F-statistic: 10.7 on 2 and 105 DF,  p-value: 5.83e-05
```

La salida de este comando nos provee de dos cosas. Primero, nos muestra el resultado de una prueba t para cada una de las variables ficticias (dummy), que básicamente nos dice si cada una de las condiciones separadas difiere del placebo; parece que el Medicamento 1 lo hace, pero el Medicamento 2 no. Sin embargo, ten en cuenta que si quisiéramos interpretar estas pruebas, necesitaríamos corregir los valores p para tomar en cuenta el hecho de que

hemos realizado múltiples pruebas de hipótesis; veremos un ejemplo de cómo hacer esto en el siguiente capítulo.

Recuerda que la hipótesis que inicialmente queríamos probar era si había alguna diferencia entre cualquiera de las condiciones; llamamos a esto una prueba de hipótesis *ómnibus*, y es la prueba a la que se refiere el estadístico F. El estadístico F básicamente nos dice si nuestro modelo es mejor que un modelo simple que sólo incluye la constante. En este caso vemos que la prueba F es altamente significativa, consistente con nuestra impresión de que parece haber diferencias entre los grupos (que de hecho sabemos que sí las hay, porque nosotros creamos los datos).

15.7 Objetivos de aprendizaje

Después de leer este capítulo, deberías ser capaz de:

- Describir el razonamiento detrás de la prueba de los signos.
- Describir cómo se puede usar la prueba t para comparar una sola media contra un valor hipotetizado.
- Comparar las medias de dos grupos independientes o relacionados usando una prueba t para dos muestras.
- Describir cómo se puede usar el análisis de varianza para probar diferencias entre más de dos medias.

15.8 Apéndice

15.8.1 La prueba t de muestras relacionadas como un modelo lineal

También podemos definir la prueba t para muestras relacionadas en términos del modelo lineal general. Para hacer esto, incluimos todas las mediciones para cada participante como el conjunto de datos (dentro de un *dataframe* ordenado). Luego incluimos una variable en el modelo que codifique la identidad de cada persona (en este caso, la variable ID que contiene un ID para cada persona). Esto es conocido como un *modelo mixto*, porque incluye

efectos de variables independientes así como efectos de individuos. El procedimiento para ajustar el modelo estándar `lm()` no puede hacer esto, pero podemos realizarlo usando la función `lmer()` del popular paquete *lme4* en R, que se especializa en estimar modelos mixtos. La parte `(1|ID)` en la fórmula le dice a la función `lmer()` que estime una constante separada (que es a lo que se refiere el 1) para cada valor de la variable ID (i.e. para cada persona en el conjunto de datos), y luego que estime una pendiente común que relacione el momento en el tiempo con la presión sanguínea (BP, *blood pressure*).

```
# compute mixed model for paired test

lmrResult <- lmer(BPsys ~ timepoint + (1 | ID),
                  data = NHANES_sample_tidy)
summary(lmrResult)
```

```
## Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
## lmerModLmerTest]
## Formula: BPsys ~ timepoint + (1 | ID)
##   Data: NHANES_sample_tidy
##
## REML criterion at convergence: 2895
##
## Scaled residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.3843 -0.4808  0.0076  0.4221  2.1718
##
## Random effects:
##   Groups   Name                Variance Std.Dev.
##   ID       (Intercept) 236.1      15.37
##   Residual                    13.9      3.73
## Number of obs: 400, groups: ID, 200
##
## Fixed effects:
##              Estimate Std. Error    df t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    121.370     1.118 210.361  108.55  <2e-16 ***
## timepointBPsys2  -1.020     0.373 199.000   -2.74   0.0068 **
## ---
```

```
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1  
##  
## Correlation of Fixed Effects:  
##                (Intr)  
## tmpntBPSys2 -0.167
```

Puedes ver que esto nos muestra un valor p que es muy cercano al resultado de la prueba t para muestras relacionadas calculado usando la función `t.test()`.

Chapter 16

Modelación estadística práctica

En este capítulo reuniremos todo lo que hemos aprendido, aplicando nuestro conocimiento a un ejemplo práctico. En 2007, Christopher Gardner y colegas de Stanford publicaron un estudio en el *Journal of the American Medical Association* titulado “Comparison of the Atkins, Zone, Ornish, and LEARN Diets for Change in Weight and Related Risk Factors Among Overweight Premenopausal Women – The A TO Z Weight Loss Study: A Randomized Trial” (Gardner et al. 2007). Usaremos este estudio para mostrar cómo analizaríamos un conjunto de datos experimental de inicio a fin.

16.1 El proceso de modelación estadística

Hay un conjunto de pasos que generalmente seguimos cuando queremos usar nuestro modelo estadístico para probar hipótesis científicas:

1. Especificar nuestra pregunta de interés.
2. Identificar o recolectar los datos apropiados.
3. Preparar los datos para el análisis.
4. Determinar el modelo apropiado.
5. Ajustar el modelo a los datos.
6. Criticar el modelo para asegurarnos que se ajusta apropiadamente.
7. Probar hipótesis y cuantificar el tamaño del efecto.

16.1.1 1: Especificar nuestra pregunta de interés.

De acuerdo a los autores, el objetivo de su estudio fue:

Comparar 4 dietas para perder peso que representan un espectro de ingesta de calorías de bajo a alto según sus efectos en la pérdida de peso y variables metabólicas relacionadas.

16.1.2 2: Identificar o recolectar los datos apropiados.

Para responder la pregunta, los investigadores asignaron aleatoriamente a 311 mujeres con sobrepeso u obesidad a una de cuatro diferentes dietas (Atkins, Zone, Ornish, o LEARN), y midieron su peso junto con otras variables de salud a lo largo del tiempo. Los autores registraron un gran número de variables, pero para la pregunta principal de interés nos enfocaremos en una variable sencilla: Índice de Masa Corporal (IMC; *Body Mass Index*, BMI). Además, como nuestra meta es medir cambios perdurables en IMC, revisaremos únicamente la medición tomada 12 meses después del inicio de la dieta.

16.1.3 3: Preparar los datos para el análisis.

Los datos reales del estudio A a la Z no están disponibles públicamente, por lo que usaremos el resumen de los datos reportado en su artículo para generar datos sintéticos que aproximadamente coincidan con los datos obtenidos en su estudio, con las mismas medias y desviaciones estándar para cada grupo. Una vez que tenemos los datos, podemos visualizarlos para asegurarnos que no haya valores atípicos (outliers). Los diagramas de caja (boxplots) son útiles para ver la forma de la distribución, como se muestra en la Figura 16.1. Esos datos se ven bastante razonables - hay algunos outliers dentro de cada grupo individual (denotados por los puntos que quedan fuera de los boxplots), pero no se ve que sean extremos en comparación con los otros grupos. También podemos ver que las distribuciones parecen diferir un poco en sus varianzas, la dieta Atkins parece mostrar una variabilidad un poco mayor que las demás. Esto significa que cualquier análisis que asuma que las varianzas son iguales entre los grupos podría resultar inapropiado. Afortunadamente, el modelo ANOVA que planeamos usar es bastante robusto a esto.

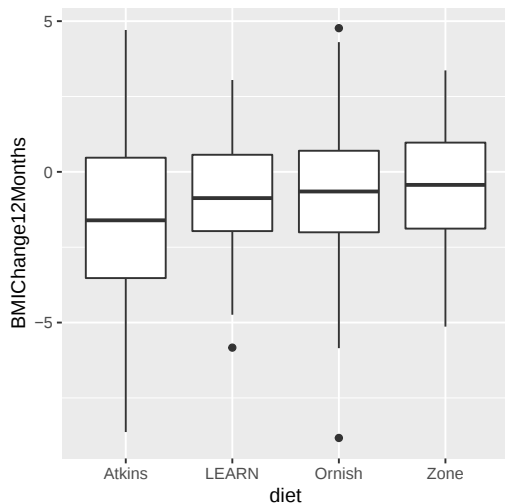


Figure 16.1: Boxplots para cada condición, con el percentil 50 (i.e. la mediana) mostrada con una línea negra para cada grupo.

16.1.4 4: Determinar el modelo apropiado.

Hay varias preguntas que necesitamos hacer para poder determinar el modelo estadístico apropiado para nuestro análisis.

- ¿Qué tipo de variable dependiente?
 - IMC: continua, aproximadamente distribuida de manera normal.
- ¿Qué estamos comparando?
 - Media de IMC de cuatro grupos de dieta.
 - ANOVA es apropiado.
- ¿Las observaciones son independientes?
 - La asignación aleatoria debería asegurar que la suposición de independencia es apropiada.
 - El uso de puntuaciones de diferencias (en este caso la diferencia entre el peso inicial y el peso después de 12 meses) es algo controversial, especialmente cuando los puntos de inicio difieren entre los grupos. En este caso los puntos de inicio son muy similares entre

los grupos, así que usaremos las puntuaciones de diferencias, pero en general uno querrá consultar a un estadístico antes de aplicar ese tipo de modelo a datos reales.

16.1.5 5: Ajustar el modelo a los datos.

Realicemos un ANOVA sobre los cambios en IMC para compararlo entre los cuatro tipos de dieta. La mayoría de los softwares estadísticos automáticamente convertirán una variable nominal en un conjunto de variables ficticias (dummy). Una manera común de especificar el modelo estadístico es usando la *notación de fórmula*, en la cual el modelo es especificado usando una fórmula con la estructura:

variable dependiente $\sim$ variables independientes

En este caso, queremos revisar los cambios en IMC (que están guardados en una variable llamada *BMICChange12Months*) como una función de la dieta (que está guardada en la variable llamada *diet*), así que usamos la siguiente fórmula:

BMICChange12Months $\sim$ *diet*

La mayoría del software estadístico (incluyendo R) automáticamente creará un conjunto de variables ficticias (dummy) cuando el modelo incluye una variable nominal (como la variable *diet*, que contiene el nombre de la dieta que cada persona recibió). Aquí están los resultados de este modelo ajustado a nuestros datos:

```
##
## Call:
## lm(formula = BMICChange12Months ~ diet, data = dietDf)
##
## Residuals:
```

##	Min	1Q	Median	3Q	Max
##	-8.14	-1.37	0.07	1.50	6.33

```
##
```

```
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   -1.622      0.251   -6.47  3.8e-10 ***
## dietLEARN      0.772      0.352    2.19  0.0292 *
## dietOrnish     0.932      0.356    2.62  0.0092 **
## dietZone       1.050      0.352    2.98  0.0031 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 2.2 on 307 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.0338, Adjusted R-squared:  0.0243
## F-statistic: 3.58 on 3 and 307 DF,  p-value: 0.0143
```

Nota que el software estadístico automáticamente generó las variables ficticias (*dummy variable*) que corresponden a tres de las cuatro dietas, dejando la dieta Atkins sin una variable ficticia (*dummy variable*). Esto significa que la constante representa la media del grupo de la dieta Atkins, y las otras tres variables modelan la diferencia entre las medias de cada una de las dietas y la media de la dieta Atkins. Atkins fue elegida como la variable de línea base sin modelar simplemente porque es la primera en orden alfabético.

16.1.6 6: Criticar el modelo para asegurarnos que se ajusta apropiadamente.

La primera cosa que queremos hacer es criticar el modelo para asegurarnos que es apropiado. Una cosa que podemos hacer es ver los residuales del modelo. En la Figura 16.2, graficamos los residuales para cada persona agrupados según la dieta. No hay diferencias obvias en las distribuciones de los residuales entre las condiciones, podemos seguir adelante con el análisis.

Otra suposición importante de las pruebas estadísticas que aplicamos a modelos lineales es que los residuales del modelo estén normalmente distribuidos. Es una idea equivocada algo común pensar que los modelos lineales requieren que los *datos* estén distribuidos de manera normal, pero esto no es correcto; el único requisito para que las estadísticas estén correctas es que los errores residuales estén normalmente distribuidos. El panel derecho de la Figura 16.3 muestra una gráfica Q-Q (*quantile-quantile*, cuantil-cuantil) que grafica

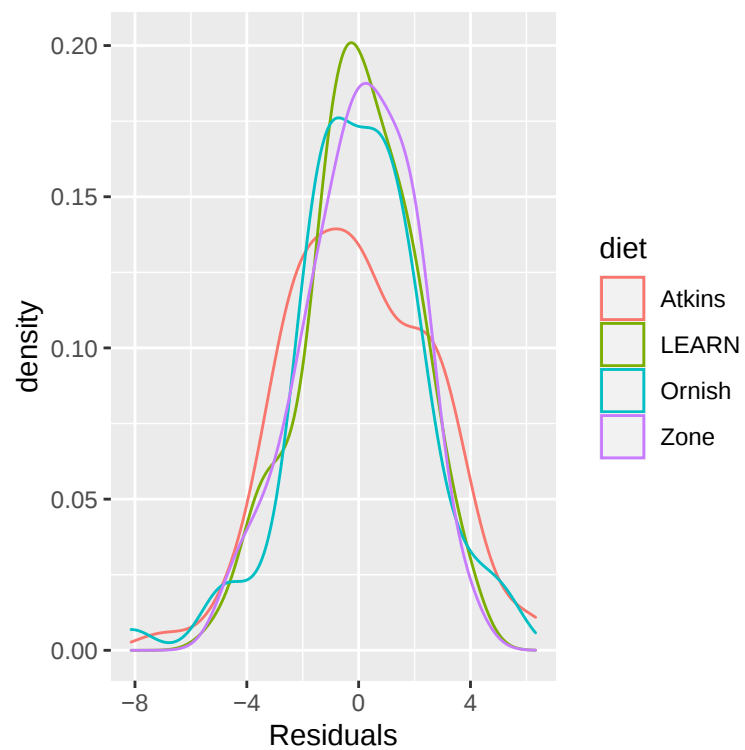


Figure 16.2: Distribución de residuales para cada condición.

los residuales contra su valor esperado basado en sus cuantiles en la distribución normal. Si los residuales están normalmente distribuidos entonces los datos caerían a lo largo de la línea punteada — en este caso se ven bastante bien, excepto por un par de valores atípicos (*outliers*) que son evidentes hasta abajo. Debido a que este modelo es también relativamente robusto a desviaciones de la normalidad, y a que éstas son relativamente pequeñas, seguiremos adelante y usaremos estos resultados.

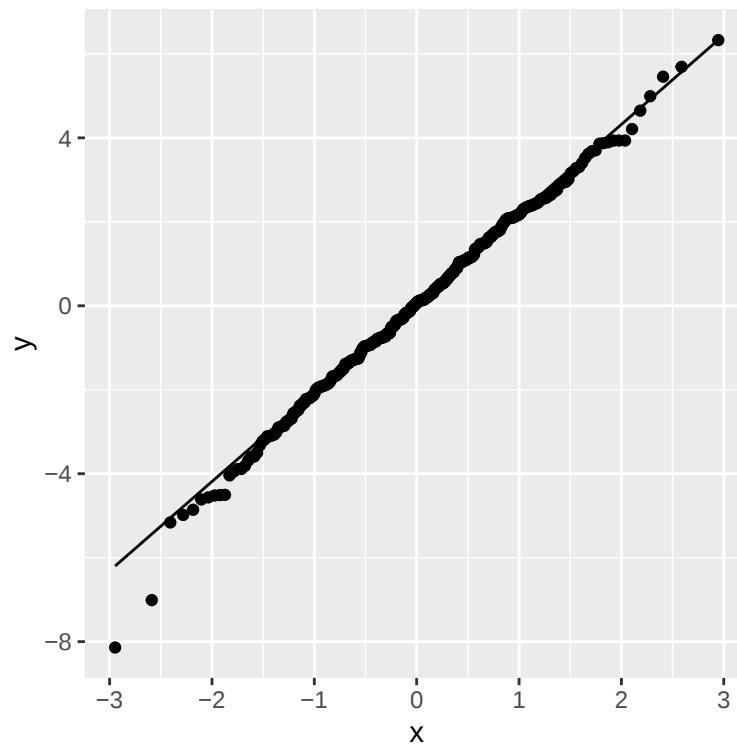


Figure 16.3: Gráfica Q-Q de los valores residuales reales contra sus valores residuales teóricos.

16.1.7 7: Probar hipótesis y cuantificar el tamaño del efecto.

Primero, veamos de nuevo el resumen de resultados del ANOVA, mostrado en el Paso 5 arriba. La prueba F significativa nos muestra que existe una

diferencia significativa entre las dietas, pero deberíamos notar también que el modelo realmente no explica mucha varianza en los datos; el valor de *R-cuadrada* (*R-squared*) es sólo 0.03, mostrando que el modelo sólo explica muy poco porcentaje de la varianza en la pérdida de peso. Por lo tanto, no queremos sobre-interpretar este resultado.

El resultado significativo en la prueba F omnibus tampoco nos dice cuáles dietas difieren de cuáles otras. Podemos averiguar más si comparamos las medias entre condiciones. Como estaríamos haciendo varias comparaciones, necesitamos aplicar una corrección por esas comparaciones múltiples, esto se puede lograr usando un procedimiento conocido como método Tukey, que se puede calcular con nuestro software estadístico:

```
## diet    emmean    SE  df lower.CL upper.CL .group
## Atkins  -1.62 0.251 307   -2.11   -1.13    a
## LEARN   -0.85 0.247 307   -1.34   -0.36   ab
## Ornish  -0.69 0.252 307   -1.19   -0.19    b
## Zone    -0.57 0.247 307   -1.06   -0.08    b
##
## Confidence level used: 0.95
## P value adjustment: tukey method for comparing a family of 4 estimates
## significance level used: alpha = 0.05
## NOTE: Compact letter displays can be misleading
##       because they show NON-findings rather than findings.
##       Consider using 'pairs()', 'pwpp()', or 'pwpm()' instead.
```

Las letras en la columna hasta la derecha nos muestran cuáles de los grupos difieren de los otros, usando un método que ajusta por el número de comparaciones siendo realizadas; las condiciones que comparten una letra no son significativamente diferentes entre ellas. Esto nos muestra que las dietas Atkins y LEARN no difieren entre sí (porque comparten la letra a), y las dietas LEARN, Ornish, y Zone no difieren entre sí (porque comparten la letra b), pero la dieta Atkins difiere de las dietas Ornish y Zone (porque no comparten letras).

Table 16.1: Presencia de síndrome metabólico en cada grupo del estudio AtoZ.

Diet	N	P(metabolic syndrome)
Atkins	77	0.29
LEARN	79	0.25
Ornish	76	0.38
Zone	79	0.34

16.1.8 ¿Qué pasa con los posibles factores de confusión (confounds)?

Si vemos más de cerca el artículo de Gardner, veremos que también reportaron estadísticas sobre cuántas personas en cada grupo habían sido diagnosticadas con *síndrome metabólico*, que es un síndrome caracterizado por presión sanguínea alta, alta glucosa en sangre, exceso de grasa corporal alrededor de la cintura, y niveles de colesterol anormales; este síndrome está asociado con mayor riesgo de problemas cardiovasculares. Los datos del artículo de Gardner se presentan en la Tabla 16.1.

Mirando estos datos parece que las proporciones son ligeramente distintas entre los grupos, con más casos de síndrome metabólico en las dietas Ornish y Zone – que fueron justamente las dietas con peores resultados. Digamos que estamos interesados en probar si la proporción de personas con síndrome metabólico fue significativamente diferente entre los grupos, porque esto nos podría llevar a preocuparnos de que estas diferencias hayan podido haber afectado los resultados de las dietas.

16.1.8.1 Determinar el modelo apropiado

- ¿Qué tipo de variable dependiente?
 - proporciones
- ¿Qué estamos comparando?
 - proporción de síndrome metabólico en los cuatro grupos de dieta
 - prueba ji-cuadrada de bondad de ajuste (*goodness of fit*) es apropiada contra la hipótesis nula de no diferencia

Primero calculemos el estadístico, usando una función de la prueba ji-cuadrada en nuestro software estadístico:

```
##
## Pearson's Chi-squared test
##
## data:  contTable
## X-squared = 4, df = 3, p-value = 0.3
```

Esta prueba muestra que no hay una diferencia significativa entre los grupos. Sin embargo, no nos dice qué tan seguros estamos de que no haya una diferencia; recuerda que bajo la NHST, siempre estamos trabajando bajo la suposición de que la nula es verdadera a menos que los datos nos muestren suficiente evidencia que nos lleve a rechazar la hipótesis nula.

¿Qué pasa si queremos cuantificar la evidencia a favor o en contra de la nula? Podemos hacer esto usando el factor de Bayes.

```
## Bayes factor analysis
## -----
## [1] Non-indep. (a=1) : 0.058 ±0%
##
## Against denominator:
##   Null, independence, a = 1
## ---
## Bayes factor type: BFcontingencyTable, independent multinomial
```

Esto nos muestra que la hipótesis alternativa es 0.058 veces más probable que la hipótesis nula, que significa que la hipótesis nula es $1/0.058 \sim 17$ veces más probable que la hipótesis alternativa dados estos datos. Esto es evidencia bastante fuerte, si no abrumadoramente fuerte, en favor de la hipótesis nula.

16.2 Obtener ayuda

Siempre que uno analiza datos reales, es útil verificar nuestro plan de análisis con una persona entrenada en estadística, porque hay muchos problemas

potenciales que podrían surgir en datos reales. De hecho, es mucho mejor hablar con un estadísticx antes de siquiera comenzar el proyecto, pues su asesoría acerca del diseño o implementación del estudio podrían salvarte de grandes dolores de cabeza posteriormente. La mayoría de las universidades tienen oficinas o departamentos de consultoría estadística que ofrecen asistencia gratuita a los miembros de la comunidad universitaria. Entender el contenido de este libro no evitará que necesites su ayuda en algún punto, pero sí te ayudará a tener una conversación más informada con ese departamento y a entender mejor la asesoría que puedan ofrecerte.

Chapter 17

Hacer investigación reproducible

La mayoría de la gente piensa que la ciencia es una manera confiable de contestar preguntas acerca del mundo. Cuando nuestro médico prescribe un tratamiento confiamos en que el tratamiento ha demostrado efecto a través de investigación, y tenemos una fe similar en que los aviones sobre los que volamos no se van a caer desde el cielo. Sin embargo, desde 2005 ha habido una creciente preocupación de que la ciencia podría no siempre trabajar tan bien como pensábamos que lo hacía. En este capítulo discutiremos estas preocupaciones acerca de la reproducibilidad de la investigación científica, y esbozaremos los pasos que uno podría tomar para asegurarse que nuestros resultados estadísticos sean tan reproducibles como sea posible.

17.1 Cómo pensamos que funciona la ciencia

Digamos que estamos interesados en un proyecto de investigación sobre cómo los niños escogen lo que comen. Esta es una pregunta que fue realizada por un estudio de un investigador muy conocido en temas de hábitos alimenticios, Brian Wansink, y sus colegas en 2012. La visión estándar (y, como veremos, algo ingenua) propone algo como esto:

- Comienzas con una hipótesis.

- Etiquetar comidas con personajes populares deberían causar que lxs niñxs elijan comidas “saludables” más frecuentemente.
- Recolectas algunos datos.
 - Ofreces a niñxs la decisión de comer entre una galleta o una manzana, etiquetados ya sea con un Elmo o con una etiqueta control, y registras lo que eligieron.
- Realizas análisis estadísticos para probar la hipótesis nula.
 - “La comparación preplaneada muestra que las manzanas etiquetadas con Elmo se asocian con un incremento en la selección de los niños por sobre una galleta, de 20.7% a 33.8% ($\chi^2=5.158$; $P=.02$)” (Wansink, Just, and Payne 2012).
- Llegas a una conclusión basado en los datos.
 - “Este estudio sugiere que el uso de etiquetados con personajes atractivos puede beneficiar comidas saludables más de lo que beneficiarían comidas más indulgentes y altamente procesadas. Así como nombres atractivos han mostrado incrementar la selección de comidas saludables en cafeterías escolares, marcas y personajes de caricaturas podrían hacer lo mismo con niños pequeños” (Wansink, Just, and Payne 2012).

17.2 Cómo funciona (a veces) realmente la ciencia

Brian Wansink es muy reconocido por sus libros sobre “Mindless Eating,” y sus honorarios por dar charlas corporativas en algún momento estuvieron en las decenas de miles de dólares. En 2017, un grupo de investigadores comenzó a examinar algunos de sus investigaciones publicadas, comenzando por un conjunto de artículos acerca de cuánta pizza come la gente en un buffet. Los investigadores pidieron a Wansink que compartiera sus datos de esos estudios pero él se rehusó, por lo que excavaron en sus artículos publicados y encontraron un gran número de inconsistencias y problemas estadísticos. La publicidad alrededor de este análisis llevó a un número de otros investigadores a examinar el pasado de Wansink, incluyendo el obtener

emails entre Wansink y sus colaboradores. Como [reportó Stephani Lee en BuzzFeed](#), estos emails mostraron justo qué tan lejos estaban las prácticas reales de investigación de Wansink del modelo ingenuo de hacer ciencia:

...en septiembre de 2008, cuando Payne estaba revisando los datos después de haber sido recolectados, él no encontró una fuerte relación entre manzanas-y-Elmo - al menos aún no. ... “He adjuntado en este mensaje unos resultados iniciales del estudio de niños para tu reporte,” escribió Payne a sus colaboradores. “No se desanimen. Parece que las etiquetas en las frutas podrían funcionar (con un poco más de magia).” ... Wansink también reconoció que el artículo era débil mientras lo preparaba para enviar a las revistas. El valor p era de 0.06, sólo un poco por arriba del estándar de oro del punto de corte de 0.05. Era un “escollo,” como lo mencionó en un email el 7 de enero de 2012. ... “Me parece que debería ser más bajo,” escribió, adjuntando un borrador. “Quieren darle un vistazo y ver qué piensan. Si pueden tener los datos, y necesitan algunos ajustes, sería bueno lograr que ese valor sea menor que .05.” ... Después, en 2012, el estudio apareció en la prestigiosa revista JAMA Pediatrics, con el valor p de 0.06 intacto. Pero en septiembre de 2017, fue retractado y reemplazado con una versión que reporta un valor p de 0.02. Y un mes después, fue retractado de nuevo por una razón completamente diferente: Wansink admitió que el experimento no había sido realizado con niños de 8 a 11 años, como originalmente habían reportado, sino con preescolares.

Este tipo de comportamientos finalmente atrapó a Wansink; [quince de sus estudios publicados han sido retractados](#) y en 2018 renunció a su cargo como profesor en Cornell University.

17.3 La crisis de reproducibilidad en la ciencia

Mientras que pensamos que el tipo de comportamiento fraudulento visto en el caso de Wansink es relativamente raro, se ha vuelto crecientemente claro

que los problemas con la reproducibilidad son mucho más generalizados en la ciencia de lo que se pensaba. Esto se volvió particularmente evidente en 2015, cuando un grupo grande de investigadores publicó un estudio en la revista *Science* titulado “Estimating the reproducibility of psychological science”(Open Science Collaboration 2015). En este artículo, los investigadores tomaron 100 estudios publicados en psicología e intentaron reproducir los resultados originalmente reportados en los artículos. Sus hallazgos fueron desconcertantes: Mientras que 97% de los artículos originales había reportado resultados estadísticamente significativos, sólo 37% de estos efectos fueron estadísticamente significativos en el estudio de replicación. Aunque estos problemas en psicología han recibido una gran atención, parecen estar presentes en casi todas las áreas de la ciencia, desde biología de cáncer (Errington et al. 2014) y química (Baker 2017) hasta economía (Christensen and Miguel 2016) y ciencias sociales (Camerer et al. 2018).

La crisis de reproducibilidad que emergió después de 2010 fue realmente predicha por John Ioannidis, un médico de Stanford quien escribió un artículo en 2005 titulado “Why most published research findings are false”(Ioannidis 2005). En este artículo, Ioannidis argumentó que el uso de la prueba estadística de hipótesis nula en el contexto de la ciencia moderna necesariamente llevaría a altos niveles de resultados falsos.

17.3.1 Valor predictivo positivo y significatividad estadística

El análisis de Ioannidis se enfocó en un concepto conocido como el *valor predictivo positivo* (*positive predictive value*, PPV), que es definido como la proporción de resultados positivos (que generalmente se traducen como “hallazgos estadísticamente significativos”) que son verdaderos:

$$PPV = \frac{p(\text{true positive result})}{p(\text{true positive result}) + p(\text{false positive result})}$$

Asumiendo que conocemos la probabilidad de que nuestra hipótesis sea verdadera ($p(h|sTrue)$), entonces la probabilidad de un resultado positivo verdadero es simplemente $p(h|sTrue)$ multiplicado por el poder estadístico del estudio:

$$p(\text{true positive result}) = p(hIsTrue) * (1 - \beta)$$

donde β es la tasa de falsos negativos. La probabilidad de un resultado falso positivo está determinada por $p(hIsTrue)$ y la tasa de falsos positivos α :

$$p(\text{false positive result}) = (1 - p(hIsTrue)) * \alpha$$

PPV entonces se define como:

$$PPV = \frac{p(hIsTrue) * (1 - \beta)}{p(hIsTrue) * (1 - \beta) + (1 - p(hIsTrue)) * \alpha}$$

Primero veamos un ejemplo donde la probabilidad de que nuestra hipótesis sea verdadera es alta, digamos 0.8 - aunque nota que en general no podemos saber realmente esta probabilidad. Digamos que realizamos un estudio con los valores estándar de $\alpha = 0.05$ y $\beta = 0.2$. Podemos calcular el PPV como:

$$PPV = \frac{0.8 * (1 - 0.2)}{0.8 * (1 - 0.2) + (1 - 0.8) * 0.05} = 0.98$$

Esto significa que si encontramos un resultado positivo en un estudio donde la hipótesis es probable que sea verdadera y el poder es alto, entonces la probabilidad de acertar es alto. Nota, sin embargo, que un campo de investigación donde las hipótesis tienen tan alta probabilidad de ser verdaderas no es probablemente un campo de estudio muy interesante; ¡la investigación es más importante cuando nos dice algo inesperado!

Hagamos este mismo análisis para un campo donde $p(hIsTrue) = 0.1$ - esto es, la mayoría de las hipótesis siendo probadas son falsas. En este caso, PPV es:

$$PPV = \frac{0.1 * (1 - 0.2)}{0.1 * (1 - 0.2) + (1 - 0.1) * 0.05} = 0.307$$

Esto significa que en un campo donde la mayoría de las hipótesis son probablemente erróneas (esto es, un campo científico interesante donde los investigadores están probando hipótesis arriesgadas), ¡incluso cuando encontramos un resultado positivo es más probable estar equivocados que en lo correcto!

De hecho, este es sólo otro ejemplo del efecto de tasa base que discutimos en el contexto de la prueba de hipótesis – cuando un resultado es improbable, entonces es casi seguro que la mayoría de los resultados positivos serán falsos positivos.

Podemos simular esto mostrando cómo el PPV se relaciona con el poder estadístico, como una función de la probabilidad previa (*prior probability*) de que la hipótesis sea cierta/verdadera (ve la Figura 17.1).

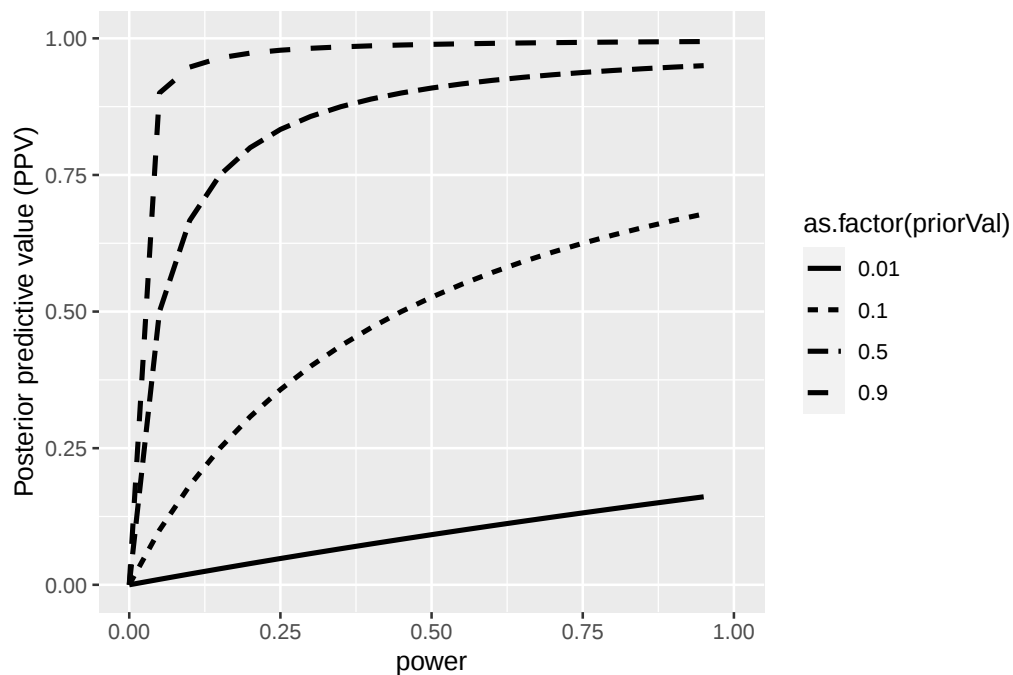


Figure 17.1: Una simulación del valor predictivo posterior como una función del poder estadístico (graficado en el eje X) y la probabilidad previa de que la hipótesis sea cierta (graficada como líneas separadas).

Desafortunadamente, el poder estadístico se mantiene bajo en muchas áreas de la ciencia (Smaldino and McElreath 2016), sugiriendo que muchos hallazgos científicos reportados son falsos.

Un ejemplo entretenido de esto se vio en un artículo de Jonathan Schoenfeld y John Ioannidis, titulado “Is everything we eat associated with cancer? A

systematic cookbook review”(Schoenfeld and Ioannidis 2013). Ellos examinaron un gran número de artículos que habían evaluado la relación entre diferentes comidas y el riesgo de desarrollar cáncer, y encontraron que 80% de los ingredientes habían sido asociados con un incremento o un decremento del riesgo de desarrollar cáncer. En la mayoría de los casos, la evidencia estadística era débil, y cuando los resultados eran combinados entre estudios, el resultado era nulo.

17.3.2 La maldición del ganador

Otro tipo de error puede ocurrir cuando el poder estadístico es bajo: Nuestras estimaciones del tamaño del efecto estarán infladas. A este fenómeno frecuentemente se le conoce como la “maldición del ganador” (“*winner’s curse*”), que viene de la economía, donde se refiere al hecho de que en ciertos tipos de subastas (donde el valor es el mismo para todos, como un jarrón con monedas, y donde las ofertas son privadas), está garantizado que el ganador pagará más de lo que vale lo subastado. En ciencia, la maldición del ganador se refiere al hecho de que el tamaño del efecto estimado de un resultado significativo (i.e. un ganador) es casi siempre una sobreestimación del verdadero tamaño del efecto.

Podemos simular esto para poder ver cómo es que el tamaño del efecto estimado para resultados significativos está relacionado con el tamaño del efecto verdadero subyacente. Generemos datos para los cuales haya un tamaño de efecto verdadero de $d = 0.2$, y estimemos el tamaño del efecto para aquellos resultados donde haya un efecto significativo detectado. La figura izquierda de la Figura 17.2 muestra que cuando el poder es bajo, el tamaño de efecto estimado para resultados significativos puede estar altamente inflado comparado con el verdadero tamaño de efecto.

Podemos revisar una sola simulación para poder ver por qué sucede esto. En el panel derecho de la Figura 17.2, puedes ver un histograma de los tamaños de efecto estimados para 1000 muestras, separados según si la prueba estadística resultó estadísticamente significativa. Debería ser claro a partir de esta figura que si estimamos un tamaño de efecto sólo basándonos en resultados significativos, entonces nuestra estimación estará inflada; sólo cuando la mayoría de los resultados sean significativos (i.e. el poder es alto y el efecto es relativamente grande) será que nuestra estimación se acercará al tamaño

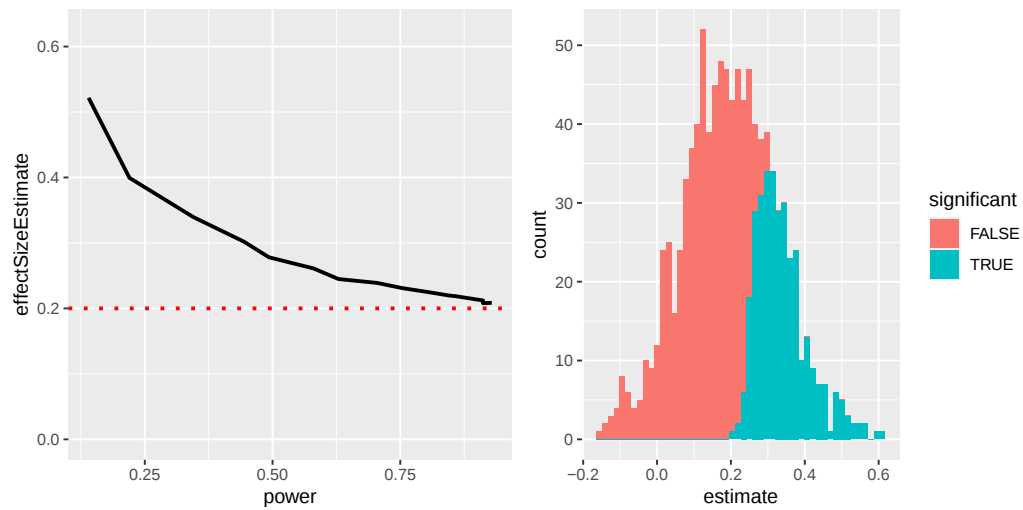


Figure 17.2: Izquierda: Una simulación de la maldición del ganador como función del poder estadístico (eje x). La línea sólida muestra el tamaño de efecto estimado, y la línea punteada muestra el tamaño de efecto real. Derecha: Un histograma mostrando los tamaños de efecto para un conjunto de muestras de una base de datos, con resultados significativos en azul y los no significativos en rojo.

de efecto real.

17.4 Prácticas cuestionables de investigación

Un libro popular titulado “The Compleat Academic: A Career Guide,” publicado por la American Psychological Association (Darley, Zanna, and Roediger 2004), busca proveer a los aspirantes a investigadores con una guía sobre cómo construir una carrera. En un capítulo escrito por un reconocido psicólogo social, Daryl Bem, titulado “Writing the Empirical Journal Article,” Bem provee de sugerencias sobre cómo escribir un artículo de investigación. Desafortunadamente, las prácticas que él sugiere son profundamente problemáticas, y se han convertido en lo que conocemos como *prácticas cuestionables de investigación* (*questionable research practices*, QRPs).

¿Cuál artículo deberías escribir? Existen dos posibles artículos que puedes escribir: (1) el artículo que planeaste escribir cuando diseñaste tu estudio, o (2) el artículo que hace más sentido ahora que has visto tus resultados. Raramente son los mismos, y la respuesta correcta es el (2).

Lo que Bem sugiere aquí es conocido como *HARKing* (del inglés *Hypothesizing After the Results are Known*) (Kerr 1998). Esto podría parecer inocuo, pero es problemático porque permite que el investigador re-encuadre una conclusión post-hoc (que deberíamos tomar con un grano de sal) como si hubiera sido una predicción a priori (en las cuales tendríamos mayor confianza). En esencia, permite al investigador reescribir su teoría basada en los hechos, en lugar de usar su teoría para hacer predicciones y luego probarlas – parecido a mover la portería en dirección de donde fue la pelota. Por lo tanto se hace muy difícil corregir ideas incorrectas, pues la portería siempre podría moverse para que se acomode a los datos. Bem continúa:

Analizar datos Examínalos desde todos los ángulos. Analiza los sexos de manera separada. Elabora nuevos índices compuestos. Si un dato sugiere una nueva hipótesis, trata de encontrar evidencia adicional en algún otro lado entre los datos. Si ves trazos débiles de patrones interesantes, trata de reorganizar los datos para que

tengan un relieve más marcado. Si hay participantes que no te gusten, o ensayos, observadores, o entrevistadores que te hayan dado resultados anómalos, descártalos (temporalmente). Lánzate a una expedición de pesca para algo - cualquier cosa - interesante. No, esto no es inmoral.

Lo que Bem sugiere es conocido como *p-hacking*, que se refiere a intentar muchos diferentes análisis hasta que uno encuentre uno con un resultado significativo. Bem está en lo correcto de que si uno reporta todos los análisis realizados en los datos entonces esta estrategia no sería “inmoral.” Sin embargo, es raro ver un artículo discutir todos los análisis que fueron realizados en los datos; en su lugar, los artículos frecuentemente sólo presentan los análisis que *funcionaron* - lo que usualmente significa que encontraron un resultado estadísticamente significativo. Hay muchas maneras en que uno podría hacer p-hacking:

- Analizar los datos después de cada participante, y detener la recolección de datos una vez que alcanzaste $p < .05$.
- Analizar muchas variables diferentes, pero sólo reportar aquellas con $p < .05$.
- Recolectar muchas condiciones experimentales diferentes, pero sólo reportar aquellas con $p < .05$.
- Excluir participantes para obtener $p < .05$.
- Transformar los datos para obtener $p < .05$.

Un artículo muy conocido escrito por [Simmons, Nelson, and Simonsohn \(2011\)](#) mostró que el uso de este tipo de estrategias de p-hacking puede incrementar en gran medida la tasa real de falsos positivos, resultando en un mayor número de resultados positivos falsos.

17.4.1 ¿ESP o QRP?

En 2011, el mismo Daryl Bem publicó un artículo ([Bem 2011](#)) que afirmó haber encontrado evidencia científica de percepción extrasensorial (*extrasensory perception*, ESP). El artículo afirma:

Este artículo reporta 9 experimentos, involucrando más de 1,000 participantes, que prueban la influencia retroactiva al “invertir en el tiempo” efectos psicológicos bien estudiados de manera que las respuestas individuales fueron obtenidas antes de que ocurrieran los eventos putativamente causales. ... El tamaño de efecto promedio (d) en el rendimiento ψ en todos los 9 experimentos fue de 0.22, y todos excepto uno de los experimentos obtuvieron resultados estadísticamente significativos.

Conforme los investigadores comenzaron a analizar el artículo de Bem, se fue volviendo claro que él había aplicado todas las prácticas cuestionables de investigación (QRPs) que él mismo había recomendado en el capítulo mencionado arriba. Como mencionó Tal Yarkoni en [un blog que examinó el artículo de Bem](#):

- Los tamaños de muestra variaron entre los estudios.
- Diferentes estudios parecen haberse agrupado o separado en partes.
- Los estudios permiten muchas diferentes hipótesis, y no queda claro cuáles fueron planeadas por adelantado.
- Bem usó pruebas de una sola cola incluso cuando no queda claro que hubiera una predicción direccional (así que el α es realmente de 0.1).
- La mayoría de los valores p están muy cerca de 0.05.
- No queda claro cuántos otros estudios se realizaron pero no fueron reportados.

17.5 Hacer investigación reproducible

En los años que han pasado desde que surgió la crisis de reproducibilidad, ha habido un movimiento robusto para desarrollar herramientas que ayuden a proteger la reproducibilidad de la investigación científica.

17.5.1 Pre-registro

Una de las ideas que ha ganado mayor apoyo es el *pre-registro*, en el cual uno envía una descripción detallada de un estudio (incluyendo todos los análisis

de datos) a un repositorio confiable (como el del [Open Science Framework](#) o [AsPredicted.org](#)). Al especificar los propios planes en detalle antes de analizar los datos, el pre-registro provee mayor confianza de que los análisis no sufrieron de p-hacking o de otras prácticas cuestionables de investigación.

Los efectos del pre-registro en los ensayos clínicos en medicina han sido impactantes. En el 2000, el National Heart, Lung, and Blood Institute (NHLBI) comenzó requiriendo que todos los ensayos clínicos fueran pre-registrados usando el sistema en [ClinicalTrials.gov](#). Esto provee de un experimento natural para observar los efectos del pre-registro de estudios. Cuando [Kaplan and Irvin \(2015\)](#) examinaron resultados de ensayos clínicos a lo largo del tiempo, encontraron que el número de resultados positivos en los ensayos clínicos se redujo grandemente después del año 2000 comparado con estudios de años previos. Aunque hay muchas posibles causas, parece probable que, previo al requisito de pre-registrar, los investigadores podían cambiar sus métodos o hipótesis para poder obtener un resultado positivo, lo que se volvió más difícil de hacer después de que fuera requerido el pre-registro.

17.5.2 Prácticas reproducibles

El artículo de [Simmons, Nelson, and Simonsohn \(2011\)](#) presentó un conjunto de prácticas sugeridas para hacer la investigación más reproducible, todas ellas deberían convertirse en un estándar para los investigadores:

- Los autores deben decidir la regla con la cual se dará por terminada la recolección de datos antes de comenzar a recolectar datos y reportar esta regla en su artículo.
- Los autores deben recolectar por lo menos 20 observaciones por celda o en su lugar proveer de una justificación convincente del costo de la recolección de datos.
- Los autores deben enlistar todas las variables recolectadas en un estudio.
- Los autores deben reportar todas las condiciones experimentales, incluyendo las manipulaciones que hayan fallado.
- Si se eliminaron observaciones, los autores deben también reportar cómo son los resultados estadísticos si las observaciones se incluyeran.

- Si un análisis incluye una covariable, los autores deben reportar los resultados estadísticos del análisis sin la covariable.

17.5.3 Replicación

Uno de los sellos distintivos de la ciencia es la idea de *replicación* (*replication*) – esto es, otros investigadores deben ser capaces de realizar el mismo estudio y obtener el mismo resultado. Desafortunadamente, como vimos en el resultado del Replication Project discutido previamente, muchos hallazgos no han sido replicables. La mejor manera de asegurar la replicabilidad de nuestra investigación es primero replicarla por nuestra cuenta; para algunos estudios esto simplemente no será posible, pero siempre que sea posible uno debería asegurarse de que nuestros hallazgos se sostengan al estudiar una nueva muestra. Esa nueva muestra debería tener suficiente poder estadístico para encontrar el tamaño de efecto de interés; en muchos casos, esto requerirá una muestra más grande que la del estudio original.

Es importante tener en mente un par de cosas con respecto a la replicación. Primero, el hecho de que si un intento de replicación falla no necesariamente significa que el hallazgo original era falso; recuerda que un poder de nivel estándar de 80%, aún hay una probabilidad de uno de cinco de que el resultado sea no significativo, incluso si existe un efecto verdadero. Por esta razón, generalmente queremos ver múltiples replications de cualquier hallazgo importante antes de decidir si creemos o no en él. Desafortunadamente, muchas áreas de estudio, incluyendo la psicología, han fallado en seguir este consejo en el pasado, llevando a que haya hallazgos de “libro de texto” que probablemente sean falsos. Con respecto a los estudios de ESP de Daryl Bem, un intento de replicación grande involucrando 7 estudios falló en replicar sus hallazgos (Galak et al. 2012).

Segundo, recuerda que el valor p no nos provee de una medida de la probabilidad de que un hallazgo se replique. Como discutimos previamente, el valor p es un enunciado acerca de la probabilidad de nuestros datos bajo una hipótesis nula específica; no nos dice nada acerca de la probabilidad de que un hallazgo sea realmente verdadero (como aprendimos en el capítulo sobre análisis Bayesiano). Para poder conocer la probabilidad de replicación necesitamos conocer la probabilidad de que el hallazgo sea verdadero, y esto generalmente no lo sabemos.

17.6 Hacer análisis de datos reproducibles

Hasta el momento nos hemos enfocado en la habilidad de replicar los hallazgos de otros investigadores en nuevos experimentos, pero otro aspecto importante de la reproducibilidad es el ser capaces de reproducir el análisis de alguien en sus propios datos, a lo que llamamos *reproducibilidad computacional* (*computational reproducibility*). Esto requiere que lxs investigadores compartan tanto sus datos como su código de análisis, para que otrxs investigadores puedan tratar de reproducir los resultados así como potencialmente probar diferentes métodos de análisis sobre los mismos datos. Hay un movimiento creciente en psicología hacia compartir código y datos abiertamente (*open sharing*); por ejemplo, la revista *Psychological Science* ahora provee de insignias a los artículos que comparten materiales, datos, y código de la investigación, así como también para los pre-registros.

La habilidad para reproducir análisis es una razón por la que promovemos fuertemente el uso de análisis en código (como al usar R) en lugar de usar software gráfico, de “apuntar-y-dar-click.” También es una razón por la que promovemos el uso de software libre y de fuente abierta (*open-source*, como R) en oposición a software comercial, que requeriría que los demás compraran el software para poder reproducir cualquier análisis.

Existen muchas maneras de compartir tanto el código como los datos. Una manera común de compartir código es a través de sitios web que apoyen *control de versiones* en software, como lo hace [Github](#). Pequeñas bases de datos también se pueden compartir a través de este mismo tipo de sitios; bases de datos más grandes pueden ser compartidas a través de portales para compartir datos como [Zenodo](#), o a través de portales especializados para tipos específicos de datos (como [OpenNeuro](#) para datos de neuroimagen).

17.7 Conclusión: Hacer mejor ciencia

Es responsabilidad de cada científico el mejorar sus prácticas de investigación para poder incrementar la reproducibilidad de su investigación. Es esencial recordar que la meta de la investigación no es encontrar un resultado significativo; sino hacerse y responderse preguntas acerca de la naturaleza en la manera más honesta posible. La mayoría de nuestras hipótesis estarán equiv-

ocadas, y debemos estar cómodos con eso, para que cuando encontremos una que esté en lo correcto, estemos aún más seguros de su verdad.

17.8 Objetivos de aprendizaje

- Describir el concepto de p-hacking y sus efectos en la práctica científica.
- Describir el concepto de valor predictivo positivo y su relación con poder estadístico.
- Describir el concepto de pre-registro y cómo puede ayudar a proteger en contra de las prácticas cuestionables de investigación.

17.9 Lecturas sugeridas

- [Rigor Mortis: How Sloppy Science Creates Worthless Cures, Crushes Hope, and Wastes Billions](#), por Richard Harris
- [Improving your statistical inferences](#) - un curso en línea sobre cómo realizar mejores análisis estadísticos, incluyendo muchos de los puntos que tocamos en este capítulo.

Chapter 18

Referencias

- Baker, Monya. 2017. “Reproducibility: Check Your Chemistry.” *Nature* 548 (7668): 485–88. <https://doi.org/10.1038/548485a>.
- Bem, Daryl J. 2011. “Feeling the Future: Experimental Evidence for Anomalous Retroactive Influences on Cognition and Affect.” *J Pers Soc Psychol* 100 (3): 407–25. <https://doi.org/10.1037/a0021524>.
- Breiman, Leo. 2001. “Statistical Modeling: The Two Cultures (with Comments and a Rejoinder by the Author).” *Statist. Sci.* 16 (3): 199–231. <https://doi.org/10.1214/ss/1009213726>.
- Camerer, Colin F., Anna Dreber, Felix Holzmeister, Teck-Hua Ho, Jürgen Huber, Magnus Johannesson, Michael Kirchler, et al. 2018. “Evaluating the Replicability of Social Science Experiments in Nature and Science Between 2010 and 2015.” *Nature Human Behaviour* 2: 637–44.
- Christensen, Garret S, and Edward Miguel. 2016. “Transparency, Reproducibility, and the Credibility of Economics Research.” Working Paper 22989. Working Paper Series. National Bureau of Economic Research. <https://doi.org/10.3386/w22989>.
- Copas, J. B. 1983. “Regression, Prediction and Shrinkage (with Discussion).” *Journal of the Royal Statistical Society, Series B: Methodological* 45: 311–54.
- Darley, John M, Mark P Zanna, and Henry L Roediger. 2004. *The Compleat Academic: A Career Guide*. 2nd ed. Washington, DC: American Psycho-

- logical Association. <http://www.loc.gov/catdir/toc/fy037/2003041830.html>.
- Dehghan, Mahshid, Andrew Mente, Xiaohe Zhang, Sumathi Swaminathan, Wei Li, Viswanathan Mohan, Romaina Iqbal, et al. 2017. "Associations of Fats and Carbohydrate Intake with Cardiovascular Disease and Mortality in 18 Countries from Five Continents (PURE): A Prospective Cohort Study." *Lancet* 390 (10107): 2050–62. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(17\)32252-3](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(17)32252-3).
- Efron, Bradley. 1998. "R. A. Fisher in the 21st Century (Invited Paper Presented at the 1996 R. A. Fisher Lecture)." *Statist. Sci.* 13 (2): 95–122. <https://doi.org/10.1214/ss/1028905930>.
- Errington, Timothy M, Elizabeth Iorns, William Gunn, Fraser Elisabeth Tan, Joelle Lomax, and Brian A Nosek. 2014. "An Open Investigation of the Reproducibility of Cancer Biology Research." *Elife* 3 (December). <https://doi.org/10.7554/eLife.04333>.
- Fisher, R. A. 1925. *Statistical Methods for Research Workers*. Edinburgh Oliver & Boyd.
- Fisher, Ronald Aylmer. 1956. *Statistical Methods and Scientific Inference*. New York: Hafner Pub. Co.
- Galak, Jeff, Robyn A LeBoeuf, Leif D Nelson, and Joseph P Simmons. 2012. "Correcting the Past: Failures to Replicate Psi." *J Pers Soc Psychol* 103 (6): 933–48. <https://doi.org/10.1037/a0029709>.
- Gardner, Christopher D, Alexandre Kiazand, Sofiya Alhassan, Soowon Kim, Randall S Stafford, Raymond R Balise, Helena C Kraemer, and Abby C King. 2007. "Comparison of the Atkins, Zone, Ornish, and LEARN Diets for Change in Weight and Related Risk Factors Among Overweight Premenopausal Women: The a TO z Weight Loss Study: A Randomized Trial." *JAMA* 297 (9): 969–77. <https://doi.org/10.1001/jama.297.9.969>.
- Ioannidis, John P A. 2005. "Why Most Published Research Findings Are False." *PLoS Med* 2 (8): e124. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0020124>.
- Kaplan, Robert M, and Veronica L Irvin. 2015. "Likelihood of Null Effects of Large NHLBI Clinical Trials Has Increased over Time." *PLoS One* 10 (8): e0132382. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0132382>.

- Kerr, N L. 1998. “HARKing: Hypothesizing After the Results Are Known.” *Pers Soc Psychol Rev* 2 (3): 196–217. https://doi.org/10.1207/s15327957pspr0203_4.
- Neyman, J. 1937. “Outline of a Theory of Statistical Estimation Based on the Classical Theory of Probability.” *Philosophical Transactions of the Royal Society of London A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* 236 (767): 333–80. <https://doi.org/10.1098/rsta.1937.0005>.
- Neyman, J., and K. Pearson. 1933. “On the Problem of the Most Efficient Tests of Statistical Hypotheses.” *Philosophical Transactions of the Royal Society of London A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* 231 (694-706): 289–337. <https://doi.org/10.1098/rsta.1933.0009>.
- Open Science Collaboration. 2015. “PSYCHOLOGY. Estimating the Reproducibility of Psychological Science.” *Science* 349 (6251): aac4716. <https://doi.org/10.1126/science.aac4716>.
- Pesch, Beate, Benjamin Kendzia, Per Gustavsson, Karl-Heinz Jöckel, Georg Johnen, Hermann Pohlabein, Ann Olsson, et al. 2012. “Cigarette Smoking and Lung Cancer—Relative Risk Estimates for the Major Histological Types from a Pooled Analysis of Case-Control Studies.” *Int J Cancer* 131 (5): 1210–19. <https://doi.org/10.1002/ijc.27339>.
- Schenker, Nathaniel, and Jane F. Gentleman. 2001. “On Judging the Significance of Differences by Examining the Overlap Between Confidence Intervals.” *The American Statistician* 55 (3): 182–86. <http://www.jstor.org/stable/2685796>.
- Schoenfeld, Jonathan D, and John P A Ioannidis. 2013. “Is Everything We Eat Associated with Cancer? A Systematic Cookbook Review.” *Am J Clin Nutr* 97 (1): 127–34. <https://doi.org/10.3945/ajcn.112.047142>.
- Simmons, Joseph P, Leif D Nelson, and Uri Simonsohn. 2011. “False-Positive Psychology: Undisclosed Flexibility in Data Collection and Analysis Allows Presenting Anything as Significant.” *Psychol Sci* 22 (11): 1359–66. <https://doi.org/10.1177/0956797611417632>.
- Smaldino, Paul E, and Richard McElreath. 2016. “The Natural Selection of Bad Science.” *R Soc Open Sci* 3 (9): 160384. <https://doi.org/10.1098/rsos.160384>.
- Stigler, Stephen M. 2016. *The Seven Pillars of Statistical Wisdom*. Harvard

University Press.

Sullivan, Gail M, and Richard Feinn. 2012. “Using Effect Size-or Why the p Value Is Not Enough.” *J Grad Med Educ* 4 (3): 279–82. <https://doi.org/10.4300/JGME-D-12-00156.1>.

Teicholz, Nina. 2014. *The Big Fat Surprise*. Simon & Schuster.

Wakefield, A J. 1999. “MMR Vaccination and Autism.” *Lancet* 354 (9182): 949–50. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(05\)75696-8](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(05)75696-8).

Wansink, Brian, David R Just, and Collin R Payne. 2012. “Can Branding Improve School Lunches?” *Arch Pediatr Adolesc Med* 166 (10): 1–2. <https://doi.org/10.1001/archpediatrics.2012.999>.