

## Más sobre Bondad de ajuste

Algunos autores sugieren utilizar la aproximación cuando  $n_i$  son suficientemente grandes como para que  $n_i \hat{\pi}_i \geq 5$  y  $n_i(1 - \hat{\pi}_i) \geq 5$  para la mayoría de las celdas.

Existe cierta tolerancia a este criterio, por ejemplo, podríamos tener hasta un 20 % de estos valores menores a 5, pero ninguno menor que 1.

Si la variable explicativa es continua, es muy probable que esta condición no se verifique, de manera que cada valor de la variable explicativa crea una nueva celda.

## Ejemplo: Bajo Peso

```
> birth<- read.table("birthwt.txt",header=T)
> attach(birth)
> salida<- glm(low~lwt, family=binomial)
> summary(salida)
```

Call:

```
glm(formula = low ~ lwt, family = binomial)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.0951	-0.9022	-0.8018	1.3609	1.9821

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	0.99831	0.78529	1.271	0.2036
lwt	-0.01406	0.00617	-2.279	0.0227 *

---

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 234.67 on 188 degrees of freedom  
Residual deviance: 228.69 on 187 degrees of freedom  
AIC: 232.69

## Ejemplo: Bajo Peso

```
> 1-pchisq(salida$deviance,salida$df.residual)
```

```
[1] 0.02030358
```

```
> residuos.p<-resid(salida,"pearson")
```

```
> X2<- sum(residuos.p*residuos.p)
```

```
> X2
```

```
[1] 189.6517
```

```
> 1-pchisq(X2,salida$df.residual)
```

```
[1] 0.4321464
```

# Test de Hosmer y Lemeshow

Una forma de evitar estas dificultades con la distribución de  $X^2$  y  $D$ , es agrupando los datos de alguna forma.

La estrategia que proponen Hosmer y Lemeshow (1980) y (1982) es agrupar basándose en las probabilidades estimadas.

Supongamos, por simplicidad, que  $n_i = 1$ . En este caso podemos pensar en que tenemos un vector de  $n$  probabilidades estimadas, ordenadas de menor a mayor. Ellos proponen dos estrategias:

- colapsar la tabla basándose en los percentiles de las probabilidades estimadas
- colapsar la tabla basándose en valores fijos de las probabilidades estimadas.

# Test de Hosmer y Lemeshow

Con el primer método, si, por ejemplo, usamos  $g = 10$  grupos, en el primer grupo tendríamos los individuos con el 10 % de probabilidades estimadas más pequeñas.

Con el segundo método, si  $g = 10$ , los grupos resultarían de usar como puntos de corte:  $\frac{1}{10}, \frac{2}{10}, \dots, \frac{9}{10}$ .

## Test de Hosmer y Lemeshow

El test resultante se basa en un estadístico de Pearson aplicado en cada grupo, donde la probabilidad estimada en cada grupo se computa como el promedio de las probabilidades estimadas y el número de datos observados en cada grupo es la suma de los  $y$ 's correspondientes.

$$\hat{C} = \sum_{k=1}^g \frac{(o_k - n'_k \bar{\pi}_k)^2}{n'_k \bar{\pi}_k (1 - \bar{\pi}_k)}$$

$n'_k$  = número total de sujetos en el grupo  $k$

$$o_k = \sum_{i=1}^{c_k} y_i$$

$$\bar{\pi}_k = \sum_{i=1}^{c_k} \frac{m_i \hat{\pi}_i}{n'_k}$$

donde  $c_k$  es el número de puntos de diseño distintos en el  $k$ -ésimo grupo y  $m_i$  es el número de observaciones con dicho diseño.

# Test de Hosmer y Lemeshow

Hosmer y Lemeshow (1980) muestran mediante un estudio de simulación el estadístico es bien aproximado por una distribución  $\chi_{g-2}^2$ .

En un trabajo posterior Hosmer, Lemeshow y Klar (1988) muestran que el método basado en los percentiles de las probabilidades estimadas se ajusta mejor a una  $\chi_{g-2}^2$  especialmente si hay muchas probabilidades estimadas pequeñas (inferiores a 0.20).

## Ejemplo: Bajo Peso

```
> library(ResourceSelection)
> hoslem.test(low, salida$fitted.values, g=10)
```

Hosmer and Lemeshow goodness of fit (GOF) test

```
data: low, salida$fitted.values
X-squared = 8.518, df = 8, p-value = 0.3846
```