4-regresion-poisson

October 10, 2023

1 4. Regresión Poisson

Francisco Mestizo Hernández A01731549

1.1 Inicio del problema

Cargamos los datos del dataset

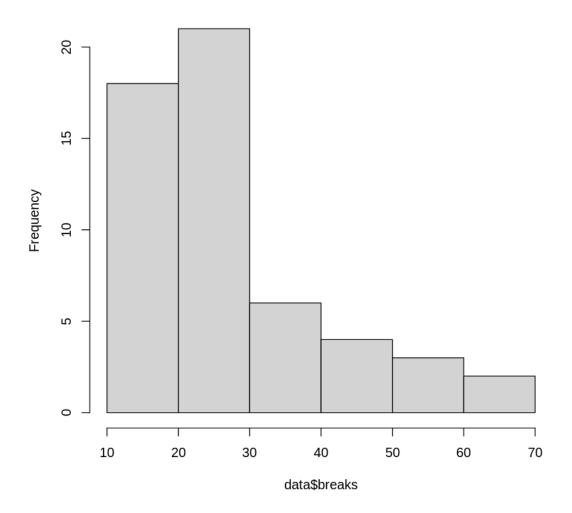
[1]: data<-warpbreaks
head(data,10)</pre>

		breaks	wool	tension
		<dbl></dbl>	<fct $>$	<fct $>$
A data.frame: 10×3	1	26	A	L
	2	30	A	L
	3	54	A	L
	4	25	A	L
	5	70	A	L
	6	52	A	L
	7	51	A	L
	8	26	A	L
	9	67	A	L
	10	18	A	M

Obtenemos el histograma para las rupturas

[2]: hist(data\$breaks)

Histogram of data\$breaks



1.2 Calculo de media y varianza

Obtenemos la media y la varianza de los breaks

```
[9]: cat("Media:", mean(data$breaks), '\n')
cat("Varianza:", var(data$breaks))
```

Media: 28.14815 Varianza: 174.2041

1.3 Regresión Poisson

Comenzamos probando con el modelo poisson normal.

```
[6]: poisson.model<-glm(breaks ~ wool + tension, data, family = poisson(link = __

¬"log"))
     summary(poisson.model)
    Call:
    glm(formula = breaks ~ wool + tension, family = poisson(link = "log"),
        data = data)
    Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
                            0.04541 81.302 < 2e-16 ***
    (Intercept) 3.69196
                             0.05157 -3.994 6.49e-05 ***
    woolB
                -0.20599
    tensionM
                -0.32132
                            0.06027 -5.332 9.73e-08 ***
                -0.51849
                            0.06396 -8.107 5.21e-16 ***
    tensionH
    Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
    (Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
        Null deviance: 297.37 on 53 degrees of freedom
    Residual deviance: 210.39 on 50 degrees of freedom
    AIC: 493.06
    Number of Fisher Scoring iterations: 4
    El modelo tiene una desviacion residual muy alta, lo que quiere decir que tenemos demasiada
    variación en los residuos. De hecho, desde que vemos que la varianza y la media son muy diferentes,
    tenemos que recurrir directamente al modelo quasipoisson.
[7]: poisson.model2<-glm(breaks ~ wool + tension, data = data, family =__

¬quasipoisson(link = "log"))
     summary(poisson.model2)
    Call:
    glm(formula = breaks ~ wool + tension, family = quasipoisson(link = "log"),
        data = data)
    Coefficients:
                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
    (Intercept) 3.69196
                            0.09374 39.384 < 2e-16 ***
    woolB
                -0.20599
                            0.10646 -1.935 0.058673 .
    tensionM
                -0.32132
                             0.12441 - 2.583 0.012775 *
    tensionH
                -0.51849
                            0.13203 -3.927 0.000264 ***
    Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' 1
```

(Dispersion parameter for quasipoisson family taken to be 4.261537)

```
Null deviance: 297.37 on 53 degrees of freedom Residual deviance: 210.39 on 50 degrees of freedom
```

AIC: NA

Number of Fisher Scoring iterations: 4

Number of Fisher Scoring iterations: 4

Este modelo es el que tuvimos que usar desde el inicio, pero el tipo de lana parece no ser muy significativo. Podemos probar con el modelo sin la variable del tipo de lana.

```
[10]: poisson.model2<-glm(breaks ~ tension, data = data, family = quasipoisson(link = ___

¬"log"))
      summary(poisson.model2)
     Call:
     glm(formula = breaks ~ tension, family = quasipoisson(link = "log"),
         data = data)
     Coefficients:
                 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
     (Intercept) 3.59426
                             0.08382 42.881 < 2e-16 ***
     tensionM
                 -0.32132
                             0.12928 -2.485 0.016260 *
     tensionH
                 -0.51849
                             0.13721 -3.779 0.000414 ***
     Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' 1
     (Dispersion parameter for quasipoisson family taken to be 4.601927)
         Null deviance: 297.37
                                on 53
                                       degrees of freedom
     Residual deviance: 226.43 on 51
                                       degrees of freedom
     AIC: NA
```

Podemos concluir con que el modelo es bueno, porque después de eliminar la el tipo de lana, las betas casi no cambian, por lo que el modelo es consistente. Además, tenemos una desviación nula alta, que indica que el modelo es muchisimo mejor que un modelo sin parámetros. Aún asi, lo unico malo sería que tenemos una desviación residual alta, porque quiere decir que hay mucha variación en los residuos. Por lo tanto, este último modelo sería el mejor.