

A01749489

Jorge Javier Sosa Briseño

October 13, 2023

Poisson

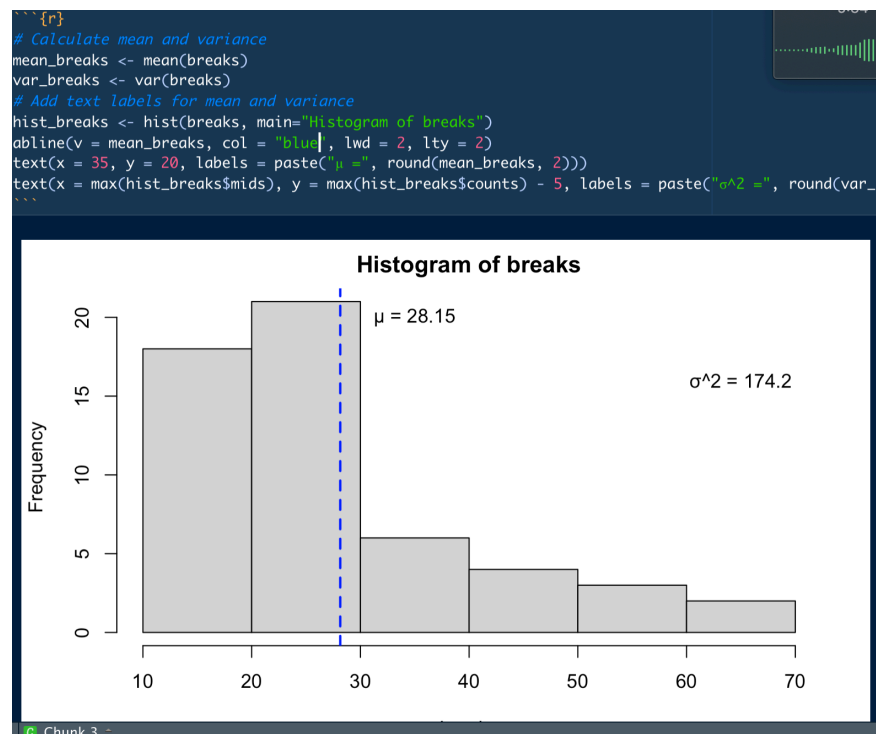
```
{r}
data<-warpbreaks
column_names <- colnames(warpbreaks)
print(column_names)
[1] "breaks" "wool" "tension"

{r}
breaks = data$breaks
wool = data$wool
tension = data$tension
head(data,10)
```

Description: df [10 x 3]

	breaks <dbl>	wool <fctr>	tension <fctr>
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

1-10 of 10 rows



```

{r}
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)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.6871  -1.6503  -0.4269   1.1902   4.2616

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  3.69196    0.04541  81.302  < 2e-16 ***
woolB       -0.20599    0.05157  -3.994  6.49e-05 ***
tensionM    -0.32132    0.06027  -5.332  9.73e-08 ***
tensionH    -0.51849    0.06396  -8.107  5.21e-16 ***
---
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 de regresión de Poisson realizado en este análisis tiene como objetivo predecir la variable "breaks" en función de las variables predictoras "wool" y "tension". Los coeficientes estimados indican que, manteniendo las demás variables constantes, un aumento en la categoría "woolB" disminuye la tasa de eventos de "breaks", mientras que las categorías "tensionM" y "tensionH" también reducen la tasa de eventos. Todos estos efectos son estadísticamente significativos, ya que los valores p son muy bajos. El modelo global se ajusta de manera adecuada a los datos, como se refleja en la devianza residual y el valor de AIC. En resumen, este análisis sugiere que las variables "wool" y "tension" tienen un impacto significativo en la variable de respuesta "breaks", y el modelo es adecuado para explicar las relaciones observadas en los datos.

```

##{r}
poisson.model2<-glm(breaks ~ wool + tension, data = data, family = quasipoisson(link =
summary(poisson.model2)
##

Call:
glm(formula = breaks ~ wool + tension, family = quasipoisson(link = "log"),
    data = data)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.6871  -1.6503  -0.4269   1.1902   4.2616

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

```

Este modelo quasipoisson muestra resultados similares al modelo de Poisson anterior en términos de ajuste y significancia de las variables predictoras, aunque la distribución quasipoisson se utiliza para manejar posibles problemas de sobredispersión en los datos. La variable "woolB" tiene una significancia marginal, mientras que las variables "tensionM" y "tensionH" siguen siendo estadísticamente significativas. La sobredispersión se refleja en el parámetro de dispersión.