

# Regresión Poisson

Luis Ángel Guzmán Iribe - A01741757

2023-10-10

## R Markdown

This is an R Markdown document. Markdown is a simple formatting syntax for authoring HTML, PDF, and MS Word documents. For more details on using R Markdown see <http://rmarkdown.rstudio.com>.

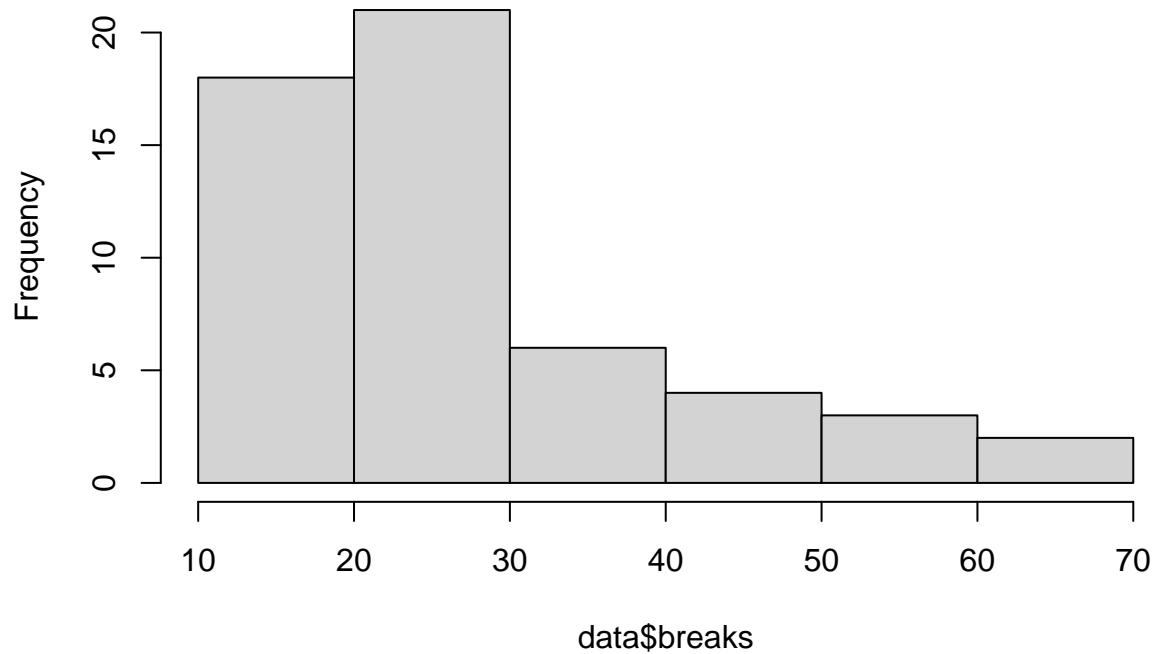
When you click the **Knit** button a document will be generated that includes both content as well as the output of any embedded R code chunks within the document. You can embed an R code chunk like this:

```
data<-warpbreaks  
head(data,10)
```

```
##      breaks wool tension  
## 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
```

```
hist(data$breaks)
```

## Histogram of data\$breaks



```
cat('Media:', mean(data$breaks), '\n')
```

```
## Media: 28.14815
```

```
cat('Varianza:', var(data$breaks), '\n')
```

```
## Varianza: 174.2041
```

```
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|)
## (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
```

En este caso, podemos apreciar que todos los coeficientes (woolB, tensionM y tensionH) son estadísticamente significativos, con valores p varios ordenes de magnitud por debajo de lo deseable. La desviación residual es más de 4 veces mayor que los grados de libertad del modelo, por lo que podemos afirmar que el modelo no presenta una desviación excesiva. La desviación nula por otro lado, muestra un valor elevado, lo que sugiere que el modelo no se ajusta a la gran media del modelo.

```
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
```

El modelo de cuasi Poisson muestra resultados muy similares al modelo original, lo que podría sugerir que ambos son aptos, o que el modelo de Poisson es más apropiado que cuasi Poisson. Podemos apreciar que en el parametro 'Dispersion parameter for quasipoisson family' el numero sube de 1 a 4.26, esto sugeriría una sobredispersión en el modelo de cuasi Poisson.