

## Act 4 regresion poisson

Ana Lucía Cárdenas Pérez A01284090

2023-10-10

```
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

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
```

Intercept: Nos dice el valor de logaritmo natural de la media de las rupturas, en este caso, un valor de 3.69196.

woolB: Nos dice que se espera que haya una reducción en el logaritmo natural, en este caso, un valor de -0.20599.

tensionM: Nos dice que en tension se espera que haya una disminución en el logaritmo natural, en este caso, un valor de 0.32132, por lo que el valor en los resultados se representa de manera negativa.

tensionH: Nos dice que la disminución esperada es de 0.51849, por lo que en los resultados aparece de forma negativa.

En este caso la Residual Deviance es mayor a los degrees of freedom, por lo que no hay una dispersión excesiva, por lo que no hay problemas en el modelo actual.

El null deviance con un valor de 297.37 quiere decir lo bien que una variable se predice.

AIC: es la medida de calidad del modelo, en este caso, entre más bajo el valor, mejor ajustado está el modelo. El valor obtenido de AIC fue de 493.06, por lo que es un ajuste razonable, pero no es el mejor.

```
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
```

Se volvió a correr el modelo solo que con quasipoisson, en este caso los valores de Std. Error, t value, y Pr(>|t|) cambiaron, pero los valores de null y residual deviance se

quedaron iguales, y ahora el valor de AIC, fue de NA. Con el valor que se obtuvo en AIC, no podemos saber si este modelo tiene o no un buen ajuste.