A4-Regresión Poisson

Rodolfo Sandoval A01720253

2023-10-12

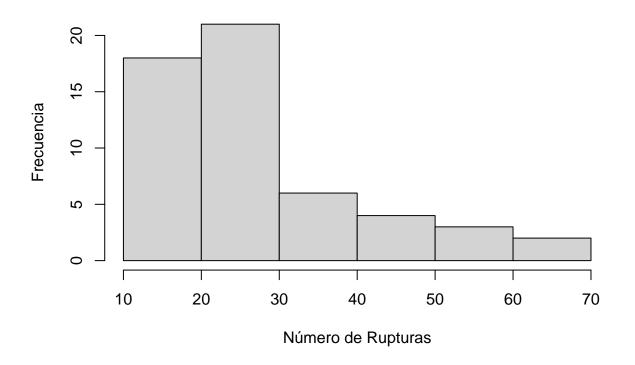
R Markdown

```
data<-warpbreaks
head(data,10)</pre>
```

```
##
      breaks wool tension
## 1
          26
                Α
                        L
## 2
          30
                        L
## 3
          54
                Α
                        L
          25
## 4
                        L
## 5
          70
                Α
                        L
## 6
          52
                        L
## 7
          51
               Α
                        L
## 8
          26
                        L
## 9
          67
                        L
                Α
## 10
          18
                        М
```

hist(data\$breaks, main = "Histograma de Rupturas", xlab = "Número de Rupturas", ylab = "Frecuencia")

Histograma de Rupturas



```
# Calcular la media y la varianza
media <- mean(data$breaks)</pre>
varianza <- var(data$breaks)</pre>
cat("Media:", media, "\n")
## Media: 28.14815
cat("Varianza:", varianza, "\n")
## Varianza: 174.2041
poisson.model<-glm(breaks ~ wool + tension, data, family = poisson(link = "log"))</pre>
summary(poisson.model)
##
## glm(formula = breaks ~ wool + tension, family = poisson(link = "log"),
       data = data)
##
##
## Deviance Residuals:
##
       Min
                       Median
                  1Q
                                     ЗQ
                                             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 ***
              -0.20599
                          0.05157 -3.994 6.49e-05 ***
## woolB
## 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 '**' 0.05 '.' 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
# Valores p
summary(poisson.model)$coefficients[, "Pr(>|z|)"]
## (Intercept)
                      woolB
                                tensionM
                                             tensionH
## 0.000000e+00 6.489775e-05 9.728642e-08 5.209021e-16
# Desviacion residual
residual_deviance <- poisson.model$deviance</pre>
# Grados de libertad
df_residual <- poisson.model$df.residual</pre>
# Ajustar un modelo cuasi Poisson
quasipoisson_model <- glm(breaks ~ wool + tension, data, family = quasipoisson(link = "log"))
summary(quasipoisson_model)
##
## 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
# Comparar los coeficientes
coef(poisson.model)
   (Intercept)
                     woolB
                               tensionM
                                           tensionH
##
     3.6919631
                -0.2059884
                            -0.3213204
                                         -0.5184885
coef(quasipoisson_model)
```

tensionH

-0.5184885

-0.2059884 Interpretacion y conclusiones de ambos modelos

woolB

tensionM

-0.3213204

(Intercept)

3.6919631

##

Con el modelo de Cuasi Poisson, obtenemos que la media del numero de rupturas es de 28.14815 y la varianza del numero de rupturas es de 174.2041. Esto nos indica la dispersion de los datos. Estos resultados tambien indican que la varianza es significativamente mayor y sugiere sobredispersion. Tambien se puede concluir que todos los valores P son significativos para ambos modelos, es decir que todos los coeficientes tienen un alto impacto ya que los valores P son bajos. Con de acuerdo a los modelos, se puede interpretar que el modelo Poisson asume que la varianza de los errores es igual a la media. El modelo de Poisson proporciona la desviacion Residual. El cual evalua el ajuste del modelo. En este caso, la desviacion residual fue menor que la desviacion nula e interpreta un buen ajuste de modelo. El modelo de Cuasi Poisson permite que la varianza sea mayor a la media. Estos fueron los resultados que se plasmaron anteriormente donde se establecia que la media del numero de rupturas es de 28.14815 y la varianza del numero de rupturas es de 174.2041. Donde se indica la sobredispresion. Finalmente, podemos concluir que el modelo cuasi Poisson se utiliza cuando se sospecha que la varianza real es mayor que la media, lo que se conoce como sobredispersion. Este modelo permite estimar una varianza mayor que 1 y se adapta mejor a datos con este tipo de variabilidad. Y el modelo Poisson asume equidispersion, donde la varianza es igual a la media, y es apropiado cuando esta suposicion se cumple. Ambos modelos tienen desviaciones residuales que son mayores que los grados de libertad, lo que sugiere que no hay una dispersion excesiva. Con esto podemos concluir que ambos modelos son adecuados para los datos analizados.