## Estimación e Inferencia por MQV

La log–quasi–verosimilitud puede ser utilizada de la misma forma que la log–verosimilitud.

La estimación por MQV consiste en resolver el sistema

$$\frac{\partial L^*(\boldsymbol{\mu}, \mathbf{y})}{\partial \boldsymbol{\beta}} = \mathbf{D}' V^{-1}(\boldsymbol{\mu})(\mathbf{Y} - \boldsymbol{\mu}) = 0$$

Notemos que en esta instancia no es necesario conocer ni $L^*(\boldsymbol{\mu}, \mathbf{y})$ ni $\sigma^2$.

Si aplicamos Fisher–scoring, si $\boldsymbol{\beta}_0$ es un valor inicial el del paso siguiente lo obtenemos:

$$\boldsymbol{\beta}_1 = \boldsymbol{\beta}_0 + \left[\widehat{\mathbf{D}}_0' \widehat{V}_0^{-1} \widehat{\mathbf{D}}_0\right]^{-1} \widehat{\mathbf{D}}_0' \widehat{V}_0^{-1} (\mathbf{Y} - \widehat{\boldsymbol{\mu}}_0)$$

Si llamamos $\widetilde{\boldsymbol{\beta}}$ al estimador resultante del proceso iterativo, McCullagh (1983) probó que asintóticamente

$$\widetilde{\boldsymbol{\beta}} \overset{(a)}{\sim} N_p(\boldsymbol{\beta}, \sigma^2 \left(\mathbf{D}' V^{-1}(\boldsymbol{\mu}) \mathbf{D}\right)^{-1})$$

y que la deviance para el modelo de quasi–verosimilitud

$$D(\mathbf{y}, \widetilde{\boldsymbol{\mu}}) = 2\ [L^*(\mathbf{y}, \mathbf{y}) - L^*(\widetilde{\boldsymbol{\mu}}, \mathbf{y})] \overset{(a)}{\sim} \sigma^2 \chi^2_{n-p}$$

Cuando $\sigma^2$ no es conocido propone estimarlo como

$$\widetilde{\sigma}^2 = \frac{1}{n-p} \sum_{i=1}^{n} (Y_i - \widetilde{\mu_i})^2 / V_i(\widetilde{\mu_i}) = \chi^2/n - p$$

donde $\chi^2$ es el estadístico generalizado de Pearson.

## Volviendo al caso Binomial

En el modelo binomial, sobredispersión significa que

$$V(Y_i) = \sigma^2\ \mu_i(1-\mu_i)/n_i\,,$$

con $\sigma^2 > 1$.

Si especificamos esta función de varianza, el método de quasi–likelihood da lugar al mismo estimador que máxima verosimilitud usando el algoritmo de

Fisher–scoring, sin embargo la matriz de covarianza si cambiará a $\sigma^2(\mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{X})^{-1}$.

Los tests para modelos anidados pueden basarse en $G^2/\sigma^2$ comparando con una distribución $\chi^2$ con tantos grados de libertad como la diferencia entre la cantidad de parámetros de ambos modelos.

**Estimación de $\sigma^2$**

Como vimos

$$\widetilde{\sigma}^2 = \chi^2/n - p$$

que es el estadístico de Pearson común que usamos para evaluar la bondad del ajuste.

Si el modelo es válido, éste es un estimador consistente de $\sigma^2$, mientras que el equivalente basado en $G^2/n - p$ no lo es. Cuando hay importantes covariables omitidas, $\chi^2$ puede crecer mucho y por lo tanto, $\sigma^2$ podría ser sobreestimado. Por ello, algunos autores recomiendan estimar a $\sigma^2$ bajo un **modelo maximal** que incluya todas las covariables que nos interesan, pero que no sea el saturado.

## ¿Qué pasa si los datos son no agrupados ($n_i = 1$)?

McCullagh y Nelder (1989) dicen que en este caso no es posible la sobredispersión, en tanto el único modelo que sostiene como valores posibles 0 o 1 es el Bernoulli.

Por lo tanto, cuando las observaciones no están agrupadas asumimos que $\sigma^2 = 1$.

Schafer (2000) recomienda que antes de hacer el procedimento de selección de variables, se ajuste un modelo maximal y se calcule $X^2/n - p$. Si este valor es cercano a 1 (1.05, 1.10), entonces ajustar por sobredispersión no tendrá demasiado impacto en los tests y podemos tomar $\sigma^2 = 1$. En cambio, si $X^2/n - p$ es considerablemente mayor a 1, entonces seguramente convendrá ajustar por sobredispersión, a menos que las observaciones sean no agrupadas ($n_i = 1$). El punto de corte no es claro, Halekoh y Højsgaard (2007) sugieren preocuparse cuando el valor excede 2.

## Ejemplo

McCullagh y Nelder (1989) presentan los resultados de un experimento con tres bloques en que interesa relacionar la proporción de zanahorias dañadas por un insecticida y el logaritmo de la dosis recibida (8 dosis distintas).

| | Bloque | | |
|---|---|---|---|
| log(dosis) | 1 | 2 | 3 |
| 1.52 | 10/35 | 17/38 | 10/34 |
| 1.64 | 16/42 | 10/40 | 10/38 |
| 1.76 | 8/50 | 8/33 | 5/36 |
| 1.88 | 6/42 | 8/39 | 3/35 |
| 2.00 | 9/35 | 5/47 | 2/49 |
| 2.12 | 9/42 | 17/42 | 1/40 |
| 2.24 | 1/32 | 6/35 | 3/22 |
| 2.36 | 2/28 | 4/35 | 2/31 |

Cuadro 6: Proporción de zanahorias dañadas

Si proponemos un modelo aditivo sencillo de bloque + log(dosis) nos queda:

```
attach(carrot)
sf<- cbind(y,ny)
mat1<- c(1,0,0,0,1,0)
dim(mat1)<- c(3,2)
mat1
     [,1] [,2]
[1,]    1    0
[2,]    0    1
[3,]    0    0

sal.ini<-glm(sf~C(bloque,mat1)+dosis,family=binomial,x=T)
summary(sal.ini)
Coefficients:
                     Value Std. Error   t value
     (Intercept)  1.4859774  0.6549929  2.268693
C(bloque, mat1)1  0.5341296  0.2315660  2.306598
C(bloque, mat1)2  0.8349701  0.2258107  3.697655
           dosis -1.8160247  0.3431103 -5.292831

(Dispersion Parameter for Binomial family taken to be 1 )

    Null Deviance: 82.86444 on 23 degrees of freedom
Residual Deviance: 39.8044 on 20 degrees of freedom
```

$$P(X^2_{20} > 39.8044) = 0.005287607$$

## Si ajustamos con quasi–verosimilitud el modelo bloque + log(dosis) queda:

```
sal.quasi<-glm(formula = sf~ C(fbloque,mat1)+dosis,family = quasi(link = logit,
variance = "mu(1-mu)"), data = carrots, na.action = na.exclude,
control = list(epsilon = 0.0001, maxit = 50, trace = F))
Deviance Residuals:
                Min                  1Q              Median                  3Q                 Max
 -1.919979374228144 -1.021535944114662 -0.3239372066298342 1.060182840478863 3.432377384210175

Coefficients:
                             Value         Std. Error            t value
      (Intercept)  1.4802190917903660 0.9390873185627804  1.576231584146783
C(fbloque, mat1)1  0.5423815792609435 0.3316511148307153  1.635398028249630
C(fbloque, mat1)2  0.8432621874959400 0.3234003284647346  2.607487108931289
            dosis -1.8173779876929670 0.4919685839291054 -3.694093580485330

(Dispersion Parameter for Quasi-likelihood family taken to be 2.052915304094748 )

    Null Deviance: 83.34425516168993 on 23 degrees of freedom
Residual Deviance: 39.97574975150014 on 20 degrees of freedom

resid.pearson<-residuals.glm(sal.quasi,type="pearson")
> sum(resid.pearson*resid.pearson)/20
[1] 2.052915304094748
```

$P(X^2_{20} > 39.97574975150014/2.052915304094748) = 0.491319827$

De todos modos hay residuos grandes, intentemos un ajuste con un modelo maximal:

```
mat2<- rep(rep(0,7),8)
dim(mat2)<- c(8,7)
mat2[1,1]<- 1
mat2[2,2]<- 1
mat2[3,3]<- 1
mat2[4,4]<- 1
mat2[5,5]<- 1
mat2[6,6]<- 1
mat2[7,7]<- 1
```

```
mat2
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7]
[1,]    1    0    0    0    0    0    0
[2,]    0    1    0    0    0    0    0
[3,]    0    0    1    0    0    0    0
[4,]    0    0    0    1    0    0    0
[5,]    0    0    0    0    1    0    0
[6,]    0    0    0    0    0    1    0
[7,]    0    0    0    0    0    0    1
[8,]    0    0    0    0    0    0    0
```

```
sal<-glm(sf~ C(fbloque,mat1)+C(fdosis,mat2),family=binomial,x=T)
summary.glm(sal)

Coefficients:
                      Value Std. Error    t value
     (Intercept) -2.9028802  0.4060609 -7.1488796
C(bloque, mat1)1  0.5487605  0.2341507  2.3436216
C(bloque, mat1)2  0.8435511  0.2281013  3.6981423
C(fdosis, mat2)1  1.7664710  0.4247983  4.1583756
C(fdosis, mat2)2  1.5579991  0.4227610  3.6852955
C(fdosis, mat2)3  0.8635407  0.4440486  1.9446985
C(fdosis, mat2)4  0.6318727  0.4560345  1.3855810
C(fdosis, mat2)5  0.4318233  0.4582406  0.9423506
C(fdosis, mat2)6  1.1185155  0.4315037  2.5921341
C(fdosis, mat2)7  0.2670066  0.5015928  0.5323173

(Dispersion Parameter for Binomial family taken to be 1 )

    Null Deviance: 82.86444 on 23 degrees of freedom
Residual Deviance: 27.13288 on 14 degrees of freedom
```

$P(X^2_{14} > 27.13288) = 0.0185$

```
resid.pearson<-residuals.glm(sal,type="pearson")
> sum(resid.pearson*resid.pearson)/14
[1] 1.82712
```

## Lo ajustamos con quasi–verosimilitud:

```
Call: glm(formula = sf ~ C(fbloque, mat1) + C(fdosis, mat2),
family = quasi(link = logit, variance = "mu(1-mu)"), data =
carrot, na.action = na.exclude, control = list(
epsilon = 0.0001, maxit = 50, trace = F))

Coefficients:
                      Value Std. Error    t value
     (Intercept) -2.9028802  0.5488766 -5.2887665
C(bloque, mat1)1  0.5487605  0.3165038  1.7338196
C(bloque, mat1)2  0.8435511  0.3083269  2.7358988
C(fdosis, mat2)1  1.7664710  0.5742042  3.0763810
C(fdosis, mat2)2  1.5579991  0.5714503  2.7263947
C(fdosis, mat2)3  0.8635407  0.6002250  1.4386948
C(fdosis, mat2)4  0.6318727  0.6164264  1.0250578
C(fdosis, mat2)5  0.4318233  0.6194084  0.6971543
C(fdosis, mat2)6  1.1185155  0.5832679  1.9176700
C(fdosis, mat2)7  0.2670066  0.6780082  0.3938103
```

(Dispersion Parameter for Quasi-likelihood family taken to be 1.82712 )

```
    Null Deviance: 82.86444 on 23 degrees of freedom

Residual Deviance: 27.13288 on 14 degrees of freedom
```

Ahora ajustamos el modelo inicial usando esta estimación de $\sigma^2$:

```
sal.fin<-glm(sf~C(fbloque,mat1)+dosis,family=binomial,x=T)
> summary(sal.fin,dispersion=1.82712)

Call: glm(formula = sf ~ C(bloque, mat1) + dosis, family = binomial, x = T)
Coefficients:
                     Value Std. Error   t value
     (Intercept)  1.4859774  0.8853604  1.678387
C(bloque, mat1)1  0.5341296  0.3130101  1.706430
C(bloque, mat1)2  0.8349701  0.3052306  2.735538
           dosis -1.8160247  0.4637856 -3.915656

(Dispersion Parameter for Binomial family taken to be 1.82712 )

    Null Deviance: 82.86444 on 23 degrees of freedom

Residual Deviance: 39.8044 on 20 degrees of freedom
```

$$\frac{39.8044}{1.82712} \quad \rightarrow P(X^2_{20} > 21.7853) = 0.3522$$

## Algunas observaciones sobre diagnóstico

*Chequeo de la función link*

Una manera sencilla de chequear si la función link es adecuada es graficando la *variable de trabajo* $z$ contra el predictor lineal $\eta$. Recordemos que

$$\mathbf{z} = \eta + \frac{\partial \eta}{\partial \mu}(Y - \mu)\,.$$

El gráfico debería parecerse a una recta y una curvatura sugeriría que la función link no es la adecuada. Sin embargo, en el caso de datos binarios este plot no es adecuado.

*Leverage*

En regresión ordinaria, los elementos diagonales $h_{ii}$ de la matriz de proyección

$$\mathbf{H} = \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'$$

son llamados *leverage*. Los puntos con alto leverage son considerados como potencialmente influyentes y dado que $\sum h_{ii} = p$, se suele considerar como puntos de corte $2p/N$ o $3p/N$.

En GLM, cuando calculamos el estimador de máxima verosimilitud el rol de $\mathbf{X}$ lo cumple $\mathbf{W}^{1/2}\mathbf{X}$, como el estimador de mínimos cuadrados ponderados en un modelo lineal y por lo tanto, obtendremos los leverage a partir de la matriz

$$\mathbf{H} = \mathbf{W}^{1/2}\mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{W}^{1/2}$$

Observemos que una observación con un $\mathbf{x}$ lejano del centroide de puede no tener alta influencia si su peso es pequeño. El gráfico de residuos versus leverage podría ayudar a detectar algunos datos atípicos en algunas situaciones.

## Más sobre Bondad de ajuste

Hemos visto que la distribución de los estadísticos de Pearson $X^2$ y de la deviance $D$ bajo el supuesto de que el modelo es cierto se aproxima por una distribución $\chi^2_{m-p}$, donde $m$ es la mayor cantidad de parámetros que pueden ser especificados bajo el modelo saturado. El problema es que si $m \approx n$, como la distribución es obtenida cuando $n$ tiende a $\infty$, tenemos que el número de parámetros crece a la misma velocidad que el número de observaciones y la aproximación en este caso no es buena.

Algunos autores sugieren utilizar la aproximación cuando $n_j$ son suficientemente grandes como para que $n_j\widehat{\Pi}_j \geq 5$ y $n_j(1-\widehat{\Pi}_j) \geq 5$ para la mayoría de las celdas. Por ejemplo, podríamos tener hasta un 20 % de estos valores menores a 5, pero ninguno menor que 1.

McCullagh y Nelder (1989) examinan el valor esperado de la distribución de ambos estadísticos y muestran que la esperanza es menor que $m-p$, tal como debería ser si la distribución fuera $\chi^2_{m-p}$. Estos autores dan un factor de corrección cuando $n_j\widehat{\Pi}_j$ y $n_j(1-\widehat{\Pi}_j)$ exceden 1 para cada $j$. Sin embargo, hay cierta controversia ya que Hosmer y Lemeshow (1989) dicen que en su experiencia, aunque limitada, este factor de corrección achica demasiado el valor esperado cuando $m \approx n$ y por lo tanto, interpretan que si $m \approx n$ el uso de $m-p$ da un estimador razonable del valor esperado de $X^2$ y de $D$, cuando el modelo es correcto.

## Test de Hosmer y Lemeshow

Una forma de evitar estas dificultades con la distribución de $X^2$ y $D$ cuando $m \approx n$, es agrupando los datos de alguna forma. La estrategia que proponen

Hosmer y Lemeshow (1980) y (1982) es agrupar basándose en las probabilidades estimadas.

Supongamos, por simplicidad, que $m = n$. En este caso podemos pensar en que tenemos un vector de $n$ probabilidades estimadas, ordenadas de menor a mayor. Ellos proponen dos estrategias:

- colapsar la tabla basándose en los percentiles de las probabilidades estimadas
- colapsar la tabla basándose en valores fijos de las probabilidades estimadas.

Con el primer método, si, por ejemplo, usamos $g = 10$ grupos, en el primer grupo tendríamos los individuos con las $\frac{n}{10}$ probabilidades estimadas más pequeñas.

Con el segundo método, si $g = 10$, los grupos resultarían de usar como puntos de corte: $\frac{1}{10}, \frac{2}{10}, \ldots, \frac{9}{10}$.

El test resultante se basará en un estadístico de Pearson aplicado en cada grupo, donde la probabilidad estimada en cada grupo se computa como el promedio de las probabilidades estimadas y el número de datos observados en cada grupo es la suma de los $y$'s correspondientes.

$$
\begin{aligned}
\widehat{C} &= \sum_{k=1}^{g} \frac{(o_k - n'_k \overline{\Pi}_k)^2}{n'_k \overline{\Pi}_k (1 - \overline{\Pi}_k)} \\
n'_k &= \text{número total de sujetos en el grupo } k \\
o_k &= \sum_{j=1}^{c_k} y_j \\
\overline{\Pi}_k &= \sum_{j=1}^{c_k} \frac{m_j \, \widehat{\Pi}_j}{n'_k}
\end{aligned}
$$

donde $c_k$ es el número de puntos de diseño distintos en el $k$–ésimo grupo y $m_j$ es el número de observaciones con dicho diseño.

Hosmer y Lemeshow (1980) muestran, mediante un estudio de simulación, que si $m = n$ y el modelo logístico estimado es el modelo correcto, $\widehat{C}$ es bien aproximado por una distribución $\chi^2_{g-2}$. También sugieren que la aproximación es válida cuando $m \approx n$.

En un trabajo posterior Hosmer, Lemeshow y Klar (1988) muestran que el método basado en los percentiles de las probabilidades estimadas se ajusta mejor a una $\chi^2_{g-2}$.

**Ejemplo**

Volvamos al ejemplo de *Bajo Peso en Recién Nacidos*.

En el último ajuste que haremos siguiendo la práctica obtendremos la tabla que sigue:

| Variable | Coef. Estimado | SE | Coef/SE |
|---|---|---|---|
| AGE | -0.084 | 0.046 | -1.84 |
| RACE(1) | 1.086 | 0.519 | 2.09 |
| RACE(2) | 0.760 | 0.460 | 1.63 |
| SMOKE | 1.153 | 0.458 | 2.52 |
| HT | 1.359 | 0.662 | 2.05 |
| UI | 0.728 | 0.480 | 1.52 |
| LWD | -1.730 | 1.868 | -0.93 |
| PTD | 1.232 | 0.471 | 2.61 |
| AGE x LWD | 0.147 | 0.083 | 1.78 |
| SMOKE x LWD | -1.407 | 0.819 | -1.72 |
| Intercept | -0.512 | 1.088 | -0.47 |

A partir de estas estimaciones se pueden calcular las probabilidades estimadas y los correspondientes percentiles

Si aplicamos el método propuesto usando los percentiles de las probabilidades estimadas obtenemos $\widehat{C}$ =5.23 que al ser comparada con una $\chi^2_8$ tiene un percentil 0.73, lo que indica que el modelo ajusta bien. Si inspeccionamos la tabla comprobamos que hay un solo valor esperado menor a 1 y cinco toman valores inferiores a 5. Si nos preocuparan estos valores se podrían combinar columnas

| | | Decil de Riesgo | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Peso | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | Total |
| Bajo | Obs. | 0 | 1 | 4 | 2 | 6 | 6 | 6 | 10 | 9 | 15 | 59 |
| | Esp. | 0.9 | 1.6 | 2.3 | 3.7 | 5.0 | 5.6 | 6.8 | 8.6 | 10.5 | 14.1 | 59 |
| Normal | Obs. | 18 | 19 | 14 | 18 | 14 | 12 | 12 | 9 | 10 | 4 | 130 |
| | Esp. | 17.2 | 18.4 | 15.8 | 16.4 | 15.0 | 12.4 | 11.2 | 10.4 | 8.5 | 4.9 | 130 |
| | Total | 18 | 20 | 18 | 20 | 20 | 18 | 18 | 19 | 19 | 19 | 189 |

adyacentes para incrementar los valores esperados en las casillas y de esta forma estar más tranquilos con respecto a la aproximación.

## Regresión de Poisson

La regresión de Poisson es una de las aplicaciones más importantes de GLM.

En este caso estamos interesados en datos de tipo de conteo que no están dados en forma de proporciones. Ejemplos típicos de datos de Poisson o que provienen de un proceso tipo Poisson en los que el límite superior de ocurrencias es infinito se encuentran en la práctica. Por ejemplo, el número de partículas radioactivas emitidas en un intervalo de tiempo o en estudios de comportamiento el número de incidentes en intervalos de longitud especificada.

Aún en los estudios más cuidados puede haber apartamientos al modelo Poisson. Por ejemplo, un contador Geiger tiene un *dead–time* después de la llegada de una partícula, éste es un lapso durante el cual no puede detectar más partículas. Luego cuando la tasa de emisión de partículas es alta, el efecto de *dead–time* lleva a apartamientos notables del modelo de Poisson para el número de ocurrencias registradas. Así también, por ejemplo, si estamos realizando un estudio de la conducta de un chimpancé y contamos el número de ocurrencias de cierto evento es factible que éstas se registren en grupos.

El modelo Poisson asume que

$$E(Y_i) = Var(Y_i) = \mu_i$$

y como ya hemos mencionado es un supuesto que puede ser restrictivo, pues con frecuencia los datos reales exhiben una variación mayor que la que permite este modelo.

Asumiremos que

$$Y_i \sim P(\mu_i), \quad i = 1, \ldots, n$$

y como siempre deseamos relacionar las medias $\mu_i$ con covariables $\mathbf{x}_i$.

Recordemos que si $Y \sim P(\mu)$

$$\begin{aligned} P(Y = y) &= e^{-\mu} \frac{\mu^y}{y!} \\ &= \exp\left(y \log \mu - \mu - \log y!\right) \end{aligned}$$

por lo tanto

$$\begin{aligned} \theta &= \log \mu \\ b(\theta) &= e^{\theta} \\ \phi &= 1 \\ a(\phi) &= 1 \\ c(y, \phi) &= -\log y! \end{aligned}$$

Luego, el link natural es $\eta = \log \mu$, que asegura que el valor predicho de $\mu_i$ será no negativo. Cuando se utiliza en el modelo Poisson este link suele llamárselo *modelo loglineal*, sin embargo esta denominación, como veremos, se utiliza en el contexto de tablas de contingencia.

## Ajuste del modelo

Cuando se usa el link log Newton–Raphson y Fisher–scoring coinciden. Mediante el algoritmo iterativo calculamos:

$$\widehat{\boldsymbol{\beta}} = (\mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{z}$$

donde

$$\mathbf{W} = diag\left(V_i^{-1}\left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2\right)$$

y la variable de trabajo

$$\mathbf{z} = \boldsymbol{\eta} + \left(\frac{\partial \eta}{\partial \mu}\right)(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})$$

Qué queda en el caso en que $\eta = \log \mu$?

Como $\dfrac{\partial \eta}{\partial \mu} = \dfrac{1}{\mu}$, resulta

$$\begin{aligned} \mathbf{W} &= diag(\mu_i) \\ z_i &= \eta_i + \frac{y_i - \mu_i}{\mu_i}\,. \end{aligned}$$

## Después de la estimación

Salvo constantes, tenemos que el logaritmo de la función de verosimilitud es

$$\sum_{i=1}^{n} (y_i \log \mu_i - \mu_i)$$

Si usamos el link log, entonces $\log \mu_i = \mathbf{x}_i' \boldsymbol{\beta}$ y la **deviance** queda

$$D = 2 \sum_{i=1}^{n} \left( y_i \log \frac{y_i}{\mu_i} - (y_i - \mu_i) \right)$$

Notemos que si el modelo tiene intercept,

$$\log \mu_i = \beta_1 + \sum_{i=2}^{p} x_{ij} \beta_j, i = 1, \ldots, n$$

$$\frac{\partial \ell}{\partial \beta_1} = \sum_{i=1}^{n} (Y_i - \mu_i) \, .$$

Si consideramos los valores predichos con el estimador de máxima verosimilitud, $\widehat{\mu}_i$

$$\sum_{i=1}^{n} \widehat{\mu}_i = \sum_{i=1}^{n} Y_i$$

y por lo tanto la deviance se simplifica a :

$$D = 2 \sum_{i=1}^{n} y_i \log \frac{y_i}{\mu_i} .$$

Podemos definir los residuos deviance como:

$$r_i^d = sg(y_i - \widehat{\mu}_i)\{2(y_i \log(y_i/\widehat{\mu}_i) - y_i + \widehat{\mu}_i)\}^{1/2}$$

y los residuos de Pearson como:

$$r_i^p = \frac{y - \widehat{\mu}_i}{\sqrt{\widehat{\mu}_i}}$$

## Offset

En el caso de la regresión Poisson es frecuente que aparezca una covariable en el predictor lineal cuyo coeficiente no es estimado pues se asume como 1: esta variable es conocida como **offset**.

Supongamos que tenemos $Y_1, Y_2, \ldots, Y_n$ variables independientes que corresponden al número de eventos observados entre $n_i$ expuestos (*exposure*)para la el $i-$ésimo valor de la covariable. Por ejemplo, $Y_i$ es el número de reclamos de seguro de autos de una determinada marca y año. El valor esperado de $Y_i$ puede escribirse como

$$\mu_i = E(Y_i) = n_i \lambda_i \,,$$

es decir que depende del número de autos segurados y la tasa media de reclamos. Podríamos creer que es $\lambda_i$, y no $\mu_i$, quien depende de variables tales como años del auto y lugar donde se usa. Bajo un modelo con link log tenemos que

$$\log \mu_i = \log\, n_i + \mathbf{x}_i' \boldsymbol{\beta} = o_i + \mathbf{x}_i' \boldsymbol{\beta} \,,$$

donde $o_i$ recibe el nombre de offset.

Por ejemplo, si $Y_i$ es el número de muertes por cancer en el año 2001 en una determinada población, parece razonable ajustar por el tamaño de la población.

**Función de Varianza**

Este modelo asume que

$$E(Y_i) = Var(Y_i) = \mu_i$$

sin embargo es posible que un conjunto de datos tengan una dispersión mayor.

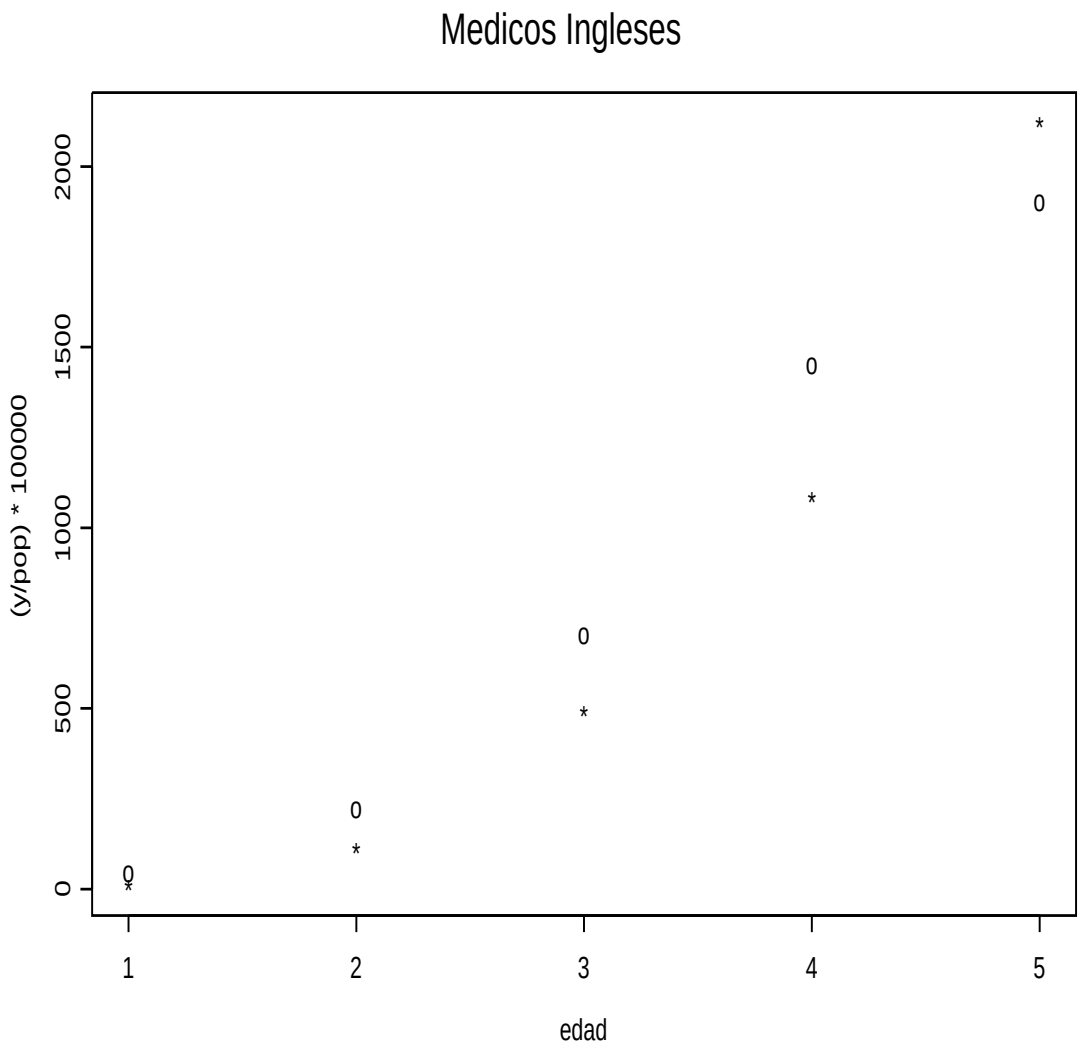
Cuando los datos exhiben sobredispersión, se puede tomar uno de los siguientes caminos:

1. Suponer que $Var(Y_i) = \sigma^2 \mu_i$ y estimar $\sigma^2$ usando un modelo de quasi–verosimilitud, como en el caso binonial.
2. Sumergir a la variable de respuesta en una familia de distribuciones que contemple una dispersión mayor: *Binomial Negativa*

## Ejemplo: Médicos Ingleses: fumadores y muerte coronaria (Annette Dobson (1990))

| edad | smoke | y | pop |
|---|---|---|---|
| 1 | 1 | 32 | 52407 |
| 2 | 1 | 104 | 43248 |
| 3 | 1 | 206 | 28612 |
| 4 | 1 | 186 | 12663 |
| 5 | 1 | 102 | 5317 |
| 1 | 0 | 2 | 18790 |
| 2 | 0 | 12 | 10673 |
| 3 | 0 | 28 | 5710 |
| 4 | 0 | 28 | 2585 |
| 5 | 0 | 31 | 1462 |

```
plot(edad,(y/pop)*100000,type="n")
text(edad,(y/pop)*100000, c("*","o")[factor(smoke)])
logpop<-log(pop)
edad2<- edad*edad
smkage<- edad*smoke
```


Medicos Ingleses
(y/pop) * 100000
0
500
1000
1500
2000
1
2
3
4
5
edad

```
dmat<- cbind(smoke,edad,edad2,smkage,rep(1,10))

summary.glm(sal)

Call: glm.fit(x = dmat, y = y, offset = logpop, family = poisson)

Coefficients:
             Value Std. Error    t value
 smoke   1.4409718 0.37216161   3.871898
  edad   2.3764783 0.20793739  11.428817
 edad2  -0.1976765 0.02736679  -7.223228
smkage  -0.3075481 0.09703401  -3.169487
       -10.7917624 0.45003224 -23.979976

(Dispersion Parameter for Poisson family taken to be 1 )

    Null Deviance: on 9 degrees of freedom

Residual Deviance: 1.63537 on 5 degrees of freedom
```

| Término | Edad | $Edad^2$ | Smoke | Smkage |
|---|---|---|---|---|
| Coef. | 2.376 | -0.198 | 1.441 | -0.308 |
| S.E. | 0.208 | 0.027 | 0.372 | 0.097 |
| Rate ratio | 10.762 | 0.820 | 4.225 | 0.735 |
| IC 95 % | (7.2 ,16.2) | (0.78,0.87) | (2.04,8.76) | (0.61,0.89) |

**Binomial Negativa** Recordemos que tal como probamos si

$$\begin{aligned} Y|\lambda &\sim P(\lambda) \\ \lambda &\sim \Gamma(\alpha, \beta) \end{aligned}$$

donde

$$f(\lambda) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)\ \beta^{\alpha}}\, \lambda^{\alpha-1} e^{-\lambda/\beta} I_{[0,\infty)}(\lambda)\,,$$

entonces

$$Y\ :\ P(Y=y) = \frac{\Gamma(\alpha+y)}{\Gamma(\alpha)\ y!} \left(\frac{\beta}{1+\beta}\right)^{y} \left(\frac{1}{1+\beta}\right)^{\alpha}$$

La media y la varianza de $Y$ son:

$$E(Y) = E(E(Y|\lambda)) = E(\lambda) = \alpha\,\beta$$

$$\begin{aligned} Var(Y) &= E(Var(Y|\lambda)) + Var(E(Y|\lambda)) \\ &= Var(\lambda) + E(\lambda) = \alpha\,\beta + \alpha\,\beta^2 \end{aligned}$$

La distribución **BN** suele parametrizarse en términos de $\mu = \alpha\beta$ y $\kappa = 1/\alpha$ como

$$P(Y = y) = \frac{\Gamma(\kappa^{-1} + y)}{\Gamma(\kappa^{-1})\; y!} \left(\frac{\kappa\mu}{1 + \kappa\mu}\right)^y \left(\frac{1}{1 + \kappa\mu}\right)^{1/\kappa} .$$

En este caso, diremos que $Y \sim BN(\mu, \kappa)$. Con esta parametrización resulta

$$\begin{aligned} E(Y) &= \mu \\ Var(Y) &= \mu + \kappa\mu^2 , \end{aligned}$$

por lo tanto, en una BN la varianza es mayor que la media. Esto nos sugiere que si sospechamos que hay subdispersión deberíamos elegir el camino de quasi–verosimilitud, pues la BN no puede tratar este problema.

## ¿Cómo ajustamos una distribución BN?

Salvo constantes el log–likelihood resulta

$$\ell = \log \Gamma(\kappa^{-1} + y) - \log y! + y \log \left( \frac{\kappa\mu}{1 + \kappa\mu} \right) + \kappa^{-1} \log \left( \frac{1}{1 + \kappa\mu} \right)$$

Como ya vimos para $\kappa$ fijo, esta distribución pertenece a una familia exponencial a un parámetro con

$$\theta = \log \left( \frac{\kappa\mu}{1 + \kappa\mu} \right) .$$

Si $\kappa$ es conocido, se puede computar el estimador de $\boldsymbol{\beta}$ mediante el procedimiento iterativo que hemos visto. Sin embargo, el problema es que en general $\kappa$ es desconocido y por lo tanto se debe estimar es forma simultánea ambos parámetros.

S–plus no considera la familia BN entre las alternativas de su procedimiento **glm**.

Una posibilidad es maximizar el likelihood aplicando el método de Newton–

Raphson en forma conjunta para $\kappa$ y $\boldsymbol{\beta}$.

Otra posibilidad es definir una grilla de valores para $\kappa$ y maximizar el likelihood respecto de $\boldsymbol{\beta}$. Se puede graficar el máximo de la función de verosimilitud para identificar donde se alcanza el estimador de máxima verosimilitud de $\kappa$. Se podría comenzar con una grilla más o menos gruesa y luego refinarla en la zona más adecuada.

En el segundo método, para cada $\kappa$ usaríamos el método de Fisher–scoring como hasta ahora:

$$\widehat{\boldsymbol{\beta}} = (\mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{W}\mathbf{z}$$

donde

$$\mathbf{W} = diag\left(V_i^{-1}\left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2\right) = diag(w_1, \ldots, w_n)$$

y la variable de trabajo

$$z_i = \eta_i + \left(\frac{\partial \eta_i}{\partial \mu_i}\right)(y_i - \mu_i)$$

Eventualmente si tuvieramos un offset quedaría:

$$z_i = \eta_i - o_i + \left(\frac{\partial \eta_i}{\partial \mu_i}\right)(y_i - \mu_i)$$

Por la expresión de la varianza que obtuvimos resulta $V_i = \mu_i + \kappa\mu_i^2$ y si usamos el link log, como en el caso Poisson, resulta

$$\begin{aligned} z_i &= \eta_i + \frac{y_i - \mu_i}{\mu_i} \\ w_i &= \frac{\mu_i^2}{\mu_i + \kappa\mu_i^2} \end{aligned}$$

Observemos que la diferencia con la regresión Poisson está en los pesos $w_i$ y no en la variable de trabajo. En este método de la grilla, la matriz de covarianza de $\boldsymbol{\beta}$ se estimaría mediante la fórmula habitual $(\mathbf{X'WX})^{-1}$ usando $\widehat{\kappa}$ en lugar de $\kappa$. Vale la pena notar que en este caso no estamos considerando la variabilidad de la estimación de $\kappa$