

```

#Dados de contagem com deslocamento no preditor
linear
contagens <- c(13, 14, 17, 22, 9, 14, 6, 14, 4, 4, 3,
5, 3, 2, 1, 3,
                2, 1, 3, 2, 2)
dil <- rep(c(0.3162, 0.1778, 0.1, 0.0562, 0.0316),
times = c(4, 4, 4, 4, 5))
dilf <- factor(rep(c("d1", "d2", "d3", "d4", "d5"),
times = c(4, 4, 4, 4, 5)))

```

```

#Ajuste do modelo de Poisson
m1 <- glm(contagens ~ dilf + offset(log(dil)), family
= poisson)
s1 = summary(m1)
#Estimativa da Desviancia
estdesv = m1$deviance /m1$df.residual
estdesv

```

```

#Ajuste do Modelo sem os interceptos
m2 <- glm(contagens ~ offset(log(dil)), family =
poisson)

```

```

#modelo mais complexo -> modelo mais simples
anova(m1, m2, test ="Chi")

```

```

#modelo mais simples -> modelo mais complexo
anova(m2, m1, test ="Chi")

```

```

#Ajuste do Modelo Quase Poisson
m1q <- glm(contagens ~ dilf + offset(log(dil)),
family = quasipoisson)
s1q = summary(m1q)
names(s1q)
names(m1q)

```

```

#Desviancia do modelo Quase Poisson

```

```

m1q$deviance
#Desviância do Modelo Poisson
m1$deviance

# Estimativa da Desviância do Modelo Quase Poisson
estdesvq = m1q$deviance /m1q$df.residual
estdesvq

# Para o modelo Quase Verossimilhança
s1q$aic
s1q$dispersion

#Estimativa de phi
phiq = sum((m1q$y - m1q$fitted.values)^2 / m1q
$fitted.values) / m1q$df.residual
phiq

s1$coefficients[ ,2]
s1q$coefficients[ ,2]

#Erro Padrão da Q.V.
s1$coefficients[ ,2] * sqrt(s1q$dispersion)

# Ajuste de um Modelo Quase Verossimilhança utilizando
somente a função quasi
m2q = glm(contagens ~ dilf + offset(log(dil)), family
=
      quasi(link = log, var = "mu"))
summary(m2q)

```