NMC - Foundations of Statistical Modelling

Lorenzo Baiardi

13 Aprile 2023

Indice

1 Introduzione

In questo elaborato andremo a studiare l'effeto delle attività personali di un individuo per la prevenzione di problemi cardiovascolari. Andremo a ipotizzare modelli specifici, differenze che si possono verificare tra le diverse categorie di persone e quanto queste categorie possono influire sulla presenza o meno di un problema cardiovascolare.

2 Visualizzazione del dataset

Per lo studio di questo fenomeno utilizzeremo il dataset fornito: *Sjolander et al.(2009)*

Il dataset fornisce un campione di numerosità: n = 33327 osservazioni.

```
load("../nmc.RData")
#bmi dicotomizzata
nmc$bmi = as.numeric(nmc$bmi>=30)
str(nmc)

## 'data.frame': 33327 obs. of  8 variables:
##  $ sex    : chr  "Male" "Female" "Male" "Female" ...
##  $ age    : int  94 93 92 92 91 90 89 89 89 89 ...
##  $ bmi    : num  0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 ...
##  $ cvd    : int  0 0 0 1 0 0 0 1 0 1 ...
##  $ fitness: chr  "Just as good" "Much Worse" "A bit better" "Just as good" ...
##  $ pa     : int  0 1 1 0 0 0 0 0 0 0 ...
##  $ smoke  : chr  "NO" "NO" "Former" "Former" ...
##  $ alc    : chr  "Medium" "Low" "Never" "Never" ...
```

2.1 Variabili

- CVD: variabile d'interesse.
  0. Nessun problema cardiovascolare
  1. Uno o più problemi cardiovascolari
- Sex: rappresenta il genere dell'individuo.
  - Male
  - Female
- Age: età dell'individuo.
- BMI: Body Mass Index, valore dicotomizzato.
  0. BMI < 30
  1. BMI ≥ 30

- Fitness: statico di salute dell'indiviudo.
    1. Much Worse
    2. Little Worse
    3. Just as good
    4. A bit better
    5. Much better
- PA: Personal Activities.
    0. high-level exerciser
    1. low-level exerciser
- Smoke: tipologia di fumatore.
    - NO
    - Former
    - Current
- Alchol: frequenza nel consumo di alchol dell'individuo.
    1. Never
    2. Low
    3. Medium
    4. High

Per una maggiore comprensione del problema, convertiremo le variabili di tipo categoriale Fitness e Alchol, fornite dal dataset, in variabili di tipo ordinale facilitando la valutazione di quest'ultime durante l'analisi.

Di seguito mostreremo la legenda utilizzata.

```
#LEGENDA:
#Fitness: 1-MUCH WORSE, 2-LITTLE WORSE, 3-JUST AS GOOD,
#         4-A BIT BETTER, 5-MUCH BETTER
#Alchol: 1-NEVER, 2-LOW, 3-MEDIUM, 4-HIGH

c.fit = c('Much Worse', 'Little Worse', 'Just as good',
            'A bit better', 'Much better')
c.alc =  c('Never', 'Low', 'Medium', 'High')

#Variabili ordinali
nmc$fitness = as.numeric(ordered(nmc$fitness, c.fit))
nmc$alc = as.numeric(ordered(nmc$alc, c.alc))

str(nmc)
```

```
## 'data.frame': 33327 obs. of  8 variables:
##  $ sex    : chr  "Male" "Female" "Male" "Female" ...
##  $ age    : int  94 93 92 92 91 90 89 89 89 89 ...
##  $ bmi    : num  0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 ...
##  $ cvd    : int  0 0 0 1 0 0 0 1 0 1 ...
##  $ fitness: num  3 1 4 3 4 4 4 4 4 4 ...
##  $ pa     : int  0 1 1 0 0 0 0 0 0 0 ...
##  $ smoke  : chr  "NO" "NO" "Former" "Former" ...
##  $ alc    : num  3 2 1 1 3 2 1 3 3 1 ...
```

2.2 Tabella delle Frequenze

Visualizziamo la frequenza delle varie categorie all'interno del dataset.

```
#Tabella
ftable(sex+bmi+pa ~ smoke+alc+fitness, nmc)
```

```
##                     sex Female                Male
##                     bmi      0         1        0         1
##                     pa       0    1    0    1    0    1    0    1
## smoke   alc fitness
## Current 1   1               4    1    1    0    2    1    0    1
##             2              11    6    6    0    3    2    2    0
##             3              31    1    3    0    8    2    1    0
##             4               6    1    0    0    3    0    0    0
##             5               5    0    0    0    4    0    0    0
##         2   1              26    8   12    3    6    3    4    2
##             2             166   44   25    9   26    6    2    1
##             3             449   37   21    1   94   10    5    1
##             4             193    4    8    1   52    1    1    0
##             5              55    0    2    0   18    1    0    0
##         3   1              11    8    6    2   10    6    2    1
##             2              74   21   16    3   49   15    2    2
##             3             287   32   14    3  156   24   11    0
##             4             200    8    5    0  129    4    3    0
##             5              49    0    2    0   32    0    0    0
##         4   1               0    0    0    2    0    2    0    0
##             2               4    1    0    0    5    0    1    0
##             3              12    3    1    0   17    0    1    0
##             4               9    1    1    0    7    0    1    0
##             5               8    0    0    0    6    1    0    0
## Former  1   1               2    4    6    3    2    2    0    1
##             2              16    5   10    2    7    4    0    2
##             3              83   14   17    1   42    1    6    0
##             4              63    0    8    0   32    5    3    0
```

```
##              5                35    0    0    0   15    0    0    0
##          2   1                35   18   17   12    9    8    8    4
##              2               185   41   70   12   39   16   12    3
##              3              1005   70  124    8  279   40   27    5
##              4               799   24   33    0  348   14   16    0
##              5               290    1    3    1  140    0    4    1
##          3   1                11    7    9    8    9    5    6    5
##              2               132   26   27    8   94   34   30   14
##              3               846   81   57    6  563   57   47   11
##              4               829   15   22    2  740   24   34    2
##              5               281    2    3    0  308    2    6    0
##          4   1                 3    0    0    0    2    1    0    0
##              2                 4    0    0    0    3    2    0    0
##              3                39    2    3    0   45    7    6    2
##              4                28    2    1    0   60    2    5    0
##              5                14    0    0    0   24    0    0    0
## NO       1   1                30   13   21   10   10    3    1    1
##              2               209   38   49   10   68   22   10    1
##              3              1024   83  111    9  272   30   15    1
##              4               704   19   44    0  386   21    6    1
##              5               255    1    9    0  194    4    2    0
##          2   1                81   28   38   13   29    8    9    6
##              2               624  132  139   20  192   55   26   14
##              3              3169  258  246   18  805   92   48    4
##              4              2549   49   80    3 1059   36   19    1
##              5               876    6   21    0  628   12    3    1
##          3   1                24    9   14    4   21   10    7    3
##              2               212   42   41    9  124   48   23    5
##              3              1288  109   82   11  715  101   40    9
##              4              1326   29   36    2 1093   35   29    0
##              5               441    4    4    0  577    6    6    0
##          4   1                 3    0    0    0    3    2    0    0
##              2                 1    2    2    0    9    5    4    0
##              3                35    5    2    0   45    5    5    0
##              4                48    0    1    0   53    6    4    0
##              5                14    0    0    0   47    0    1    0
```

3 Regressioni Logistiche Semplici

Dato che stiamo analizzando un problema che presenta come variabile di risposta una varibile binaria (CVD), utilizzeremo la regressione logistica, implementata in R tramite la funzione glm().

Per prima cosa analizzeremo le regressioni logistiche semplici delle singole variabili presenti nel dataset, visualizzandone il loro comportamento verso la nostra variabile di risposta.

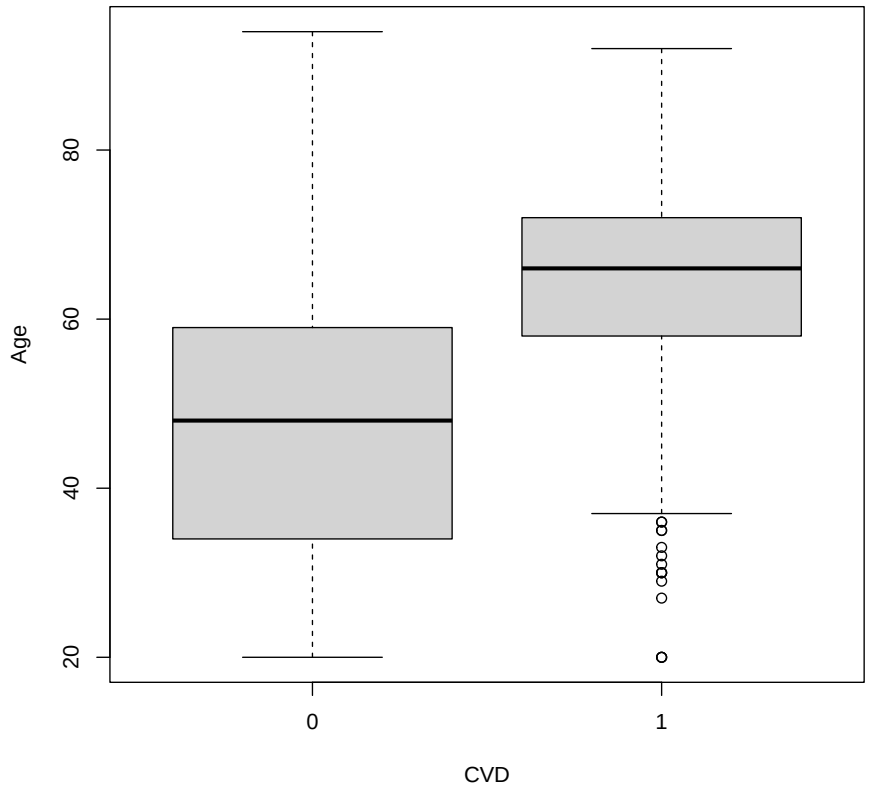
3.1 Age

```
#Age
fit.age <- glm(nmc$cvd ~ nmc$age, family=binomial)
summary(fit.age)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$age, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.3868  -0.3530  -0.2052  -0.0986   3.5606
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -8.179700   0.151662  -53.93   <2e-16 ***
## nmc$age      0.092122   0.002345   39.28   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 11150  on 33325  degrees of freedom
## AIC: 11154
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

- L'età influenza positivamente l'insorgenza di un problema cardiovascolare, con valore stimato: Age ~ 0.092.
- La variabile Age è molto significativa secondo il *p-value*.

Stampiamo ora il boxplot per valutare l'età delle persone che presentano o meno un problema cardiovascolare.

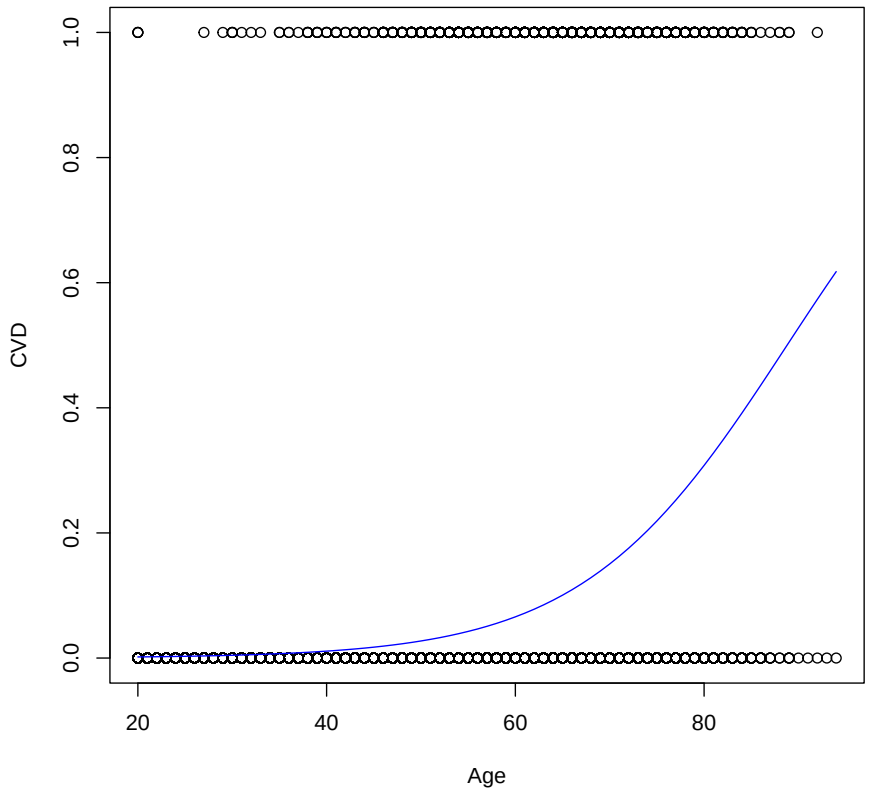
```r
#Boxplot
boxplot(nmc$age~nmc$cvd, xlab="CVD", ylab="Age")
```



- Il boxplot ci mostra come la media delle persone che hanno problemi cardiovascolari, all'interno del dataset, è quella della fascia tra i 60 e 80 anni.
- La media delle persone che non hanno un problema cardiovascolare è quella tra i 40 e 60 anni.
- I problemi cardiovascolari sono più frequenti nella fascia anziana della popolazione.

Eseguiamo il plot del modello con la sola variabile Age.
Modello: CVD $\sim$ Age.

```r
#Plot
pstima.age <- fit.age$fitted.values
plot(nmc$age, nmc$cvd, xlab="Age", ylab="CVD")
lines(sort(nmc$age), pstima.age[order(nmc$age)], col="blue")
```



Il modello e il grafico suggeriscono come, all'aumentare dell'età, ci sia un aumento esponenziale nelle probabilità nell'incorrere in un problema cardiovascolare. In particolare possiamo notare, come visulizzato anche dal boxplot, che superata la soglia dei 40 anni si ha un notevole aumento nella probabilità di CVD, confermando quindi come questo problema sia legato principalmente ad un fattore di età.

3.2 Sex

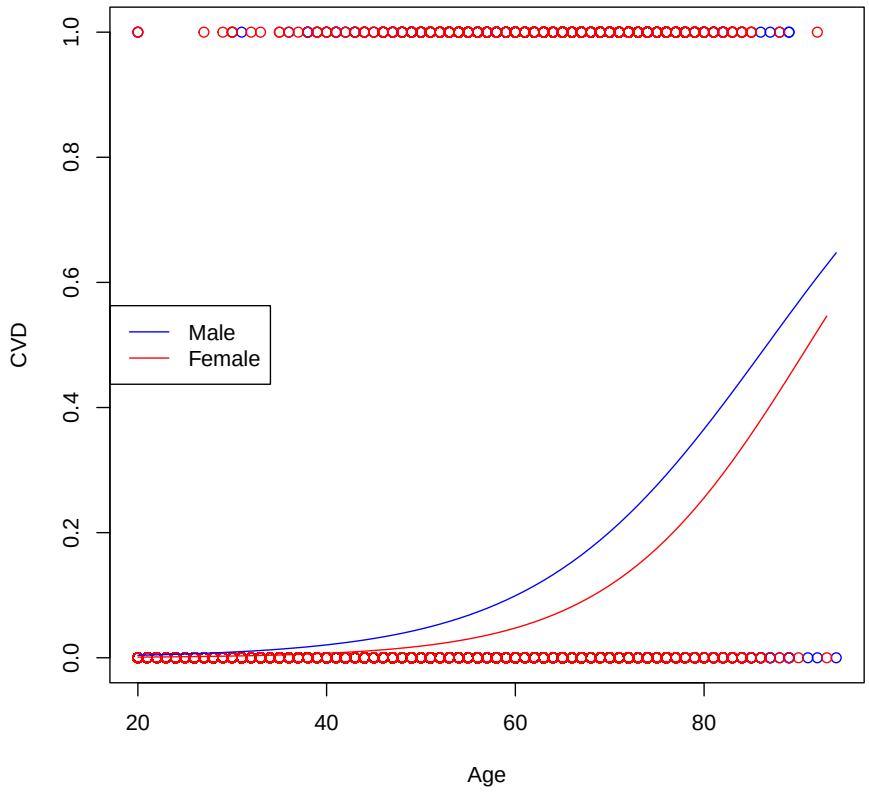
```
#Regressioni logistiche semplici
#Sex
fit.sex <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex, family=binomial)
summary(fit.sex)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.4152  -0.4152  -0.2668  -0.2668   2.5898
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -3.31797    0.03654  -90.80   <2e-16 ***
## nmc$sexMale  0.91004    0.05021   18.12   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13073  on 33325  degrees of freedom
## AIC: 13077
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

- Nella regressione logistica semplice, il sesso Maschile sembra aumentare notevolmente la possibilità di incorrere in un CVD rispetto al sesso Femminile, con valore stimato: SexMale ~ 0.910.
- La variabile Sex risulta molto significativa secondo il *p-value*, superando quindi il 5% di significatività.

Valutiamo quanto il sesso possa influire nella presenza o meno di CVD.

```
#Modello per Maschio
fit.sex.male <- glm(nmc$cvd[nmc$sex=="Male"] ~
                      nmc$age[nmc$sex=="Male"],
                      family=binomial)
pstima.sex.male <- fit.sex.male$fitted.values
#Modello per Femmina
```

```r
fit.sex.female <- glm(nmc$cvd[nmc$sex=="Female"] ~
                        nmc$age[nmc$sex=="Female"],
                        family=binomial)
pstima.sex.female <- fit.sex.female$fitted.values
#Plot
plot(nmc$age[nmc$sex=="Male"], nmc$cvd[nmc$sex=="Male"],
     xlab="Age", ylab="CVD", col="blue")
points(nmc$age[nmc$sex=="Female"], nmc$cvd[nmc$sex=="Female"],
       col="red")
lines(nmc$age[nmc$sex=="Male"], pstima.sex.male, col="blue")
lines(nmc$age[nmc$sex=="Female"], pstima.sex.female, col="red")
legend(x="left", legend=c("Male", "Female"), lty=c(1, 1),
       col=c("blue","red"), lwd=1)
```



Il grafico ci conferma come il sesso maschile sia più a rischio di problemi cardiovascolari rispetto al sesso femminile.

3.3 BMI

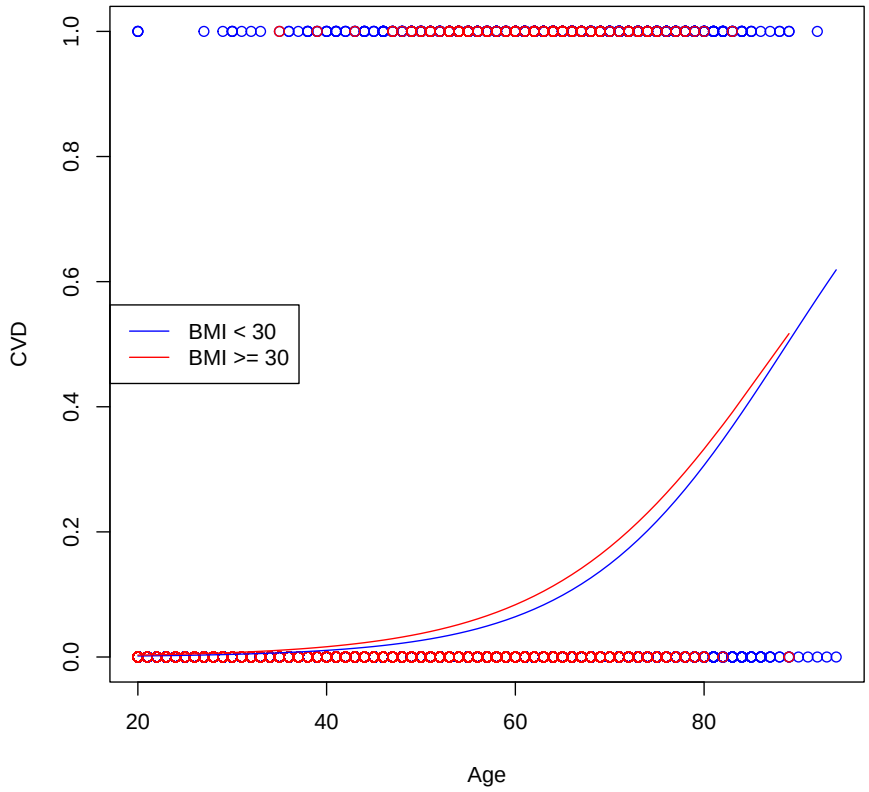
```
#BMI
fit.bmi <- glm(nmc$cvd ~ nmc$bmi, family=binomial)
summary(fit.bmi)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$bmi, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.3614  -0.3201  -0.3201  -0.3201   2.4481
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error  z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -2.94542    0.02605 -113.070  < 2e-16 ***
## nmc$bmi      0.24948    0.08995    2.773  0.00555 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13393  on 33325  degrees of freedom
## AIC: 13397
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

- La variabile BMI risulta positiva nell'insorgenza di un CVD con valore stimato: BMI ~ 0.249.
- La variabile BMI risulta significativa secondo il *p-value*.

Visualizziamo come il BMI possa influenzare nell'avanzamento dell'età.

```
#BMI 0
fit.bmi.0 <- glm(nmc$cvd[nmc$bmi==0] ~ nmc$age[nmc$bmi==0],
                 family=binomial)
pstima.bmi.0 <- fit.bmi.0$fitted.values

#BMI 1
fit.bmi.1 <- glm(nmc$cvd[nmc$bmi==1] ~ nmc$age[nmc$bmi==1],
                 family=binomial)
pstima.bmi.1 <- fit.bmi.1$fitted.values
```

```r
#Plot
plot(nmc$age[nmc$bmi==0], nmc$cvd[nmc$bmi==0],
     xlab="Age", ylab="CVD", col="blue")
points(nmc$age[nmc$bmi==1], nmc$cvd[nmc$bmi==1], col="red")
lines(nmc$age[nmc$bmi==0], pstima.bmi.0, col="blue")
lines(nmc$age[nmc$bmi==1], pstima.bmi.1, col="red")
legend(x="left", legend=c("BMI < 30", "BMI >= 30"), lty=c(1, 1),
       col=c("blue","red"), lwd=1)
```



Le due curve sono molto simili tra di loro, con un leggero aumento per coloro che hanno un indice di massa corporea maggiore di 30.

3.4 Fitness

```
#Fitness
fit.fitness <- glm(nmc$cvd ~ nmc$fitness, family=binomial)
summary(fit.fitness)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$fitness, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.3438  -0.3299  -0.3166  -0.3166   2.5218
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -3.22195    0.09918 -32.487   <2e-16 ***
## nmc$fitness  0.08459    0.02723   3.106   0.0019 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13390  on 33325  degrees of freedom
## AIC: 13394
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

Contrariamente a quello che ci si potesse aspettare, per il solo modello di regressione logistica semplice, la variabile ordinale Fitness risulta, anche se di poco, positiva e significativa per l'insorgenza di un problema cardiovascolare.

Verifichiamo quindi se ci siano delle differenze nel modello di regressione logistica semplice con la variabile categoriale di Fitness.

```
#Fitness: Categoriale
fit.fitness.cat <- glm(nmc$cvd ~ fitness, family=binomial)
summary(fit.fitness.cat)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ fitness, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.3404  -0.3404  -0.3083  -0.3083   2.4894
```

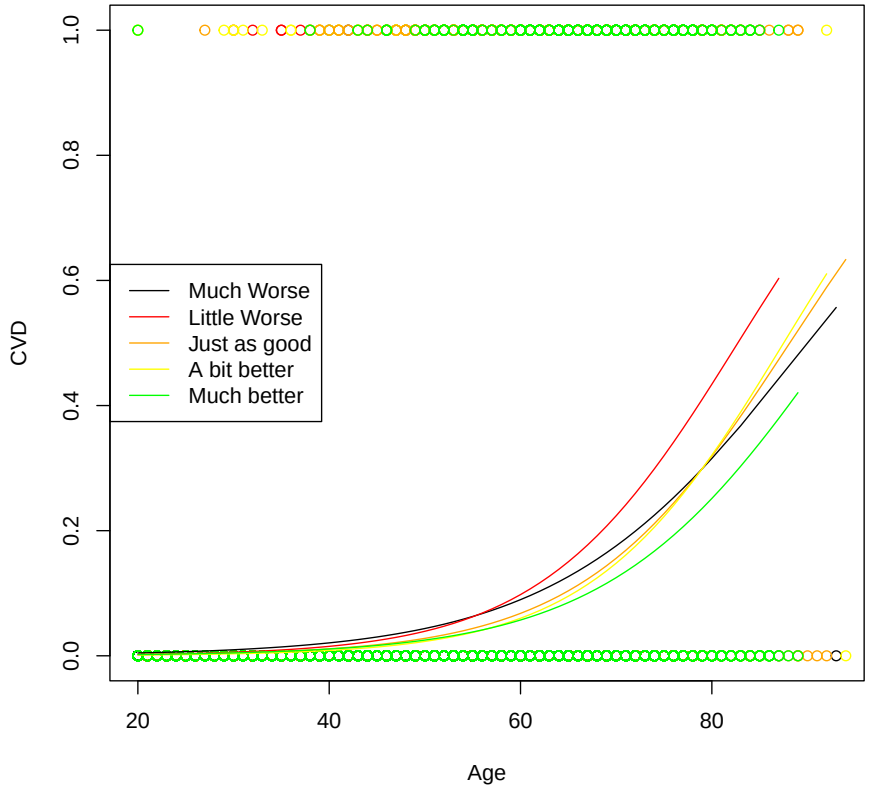
```
##
## Coefficients:
##                      Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)          -2.81935    0.04066 -69.344  < 2e-16 ***
## fitnessJust as good -0.20312    0.05783  -3.512 0.000444 ***
## fitnessLittle Worse -0.23313    0.09169  -2.542 0.011009 *
## fitnessMuch better  -0.03049    0.07762  -0.393 0.694406
## fitnessMuch Worse   -0.09915    0.17360  -0.571 0.567914
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13384  on 33322  degrees of freedom
## AIC: 13394
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

- Con la variabile categoriale di Fitness notiamo come ci sia una diminuzione nell'insorgenza di CVD per tutte le categorie.
- Solamente le categorie Fitness:Just as good e Fitness:Little Worse risultano significative.

Visulizziamo il comportamento della variabile Fitness all'aumentare dell'età.

```
#Fitness Much Worse
fit.fitness.muchworse <- glm(nmc$cvd[fitness=="Much Worse"] ~
                               nmc$age[fitness=="Much Worse"],
                               family=binomial)
pstima.fitness.muchworse <- fit.fitness.muchworse$fitted.values

#Fitness LittleWorse
fit.fitness.littleworse <- glm(nmc$cvd[fitness=="Little Worse"] ~
                                 nmc$age[fitness=="Little Worse"],
                                 family=binomial)
pstima.fitness.littleworse <- fit.fitness.littleworse$fitted.values

#Fitness Just as good
fit.fitness.justasgood<- glm(nmc$cvd[fitness=="Just as good"] ~
                               nmc$age[fitness=="Just as good"],
                               family=binomial)
pstima.fitness.justasgood <- fit.fitness.justasgood$fitted.values
```

```r
#Fitness A bit better
fit.fitness.abitbetter <- glm(nmc$cvd[fitness=="A bit better"] ~
                              nmc$age[fitness=="A bit better"],
                              family=binomial)
pstima.fitness.abitbetter <- fit.fitness.abitbetter$fitted.values

#Fitness Much better
fit.fitness.muchbetter <- glm(nmc$cvd[fitness=="Much better"] ~
                              nmc$age[fitness=="Much better"],
                              family=binomial)
pstima.fitness.muchbetter <- fit.fitness.muchbetter$fitted.values

#Plot
plot(nmc$age[fitness=="Much Worse"],nmc$cvd[fitness=="Much Worse"],
     xlab="Age", ylab="CVD", col="black")
points(nmc$age[fitness=="Little Worse"], nmc$cvd[fitness=="Little Worse"],
       col="red")
points(nmc$age[fitness=="Just as good"], nmc$cvd[fitness=="Just as good"],
       col="yellow")
points(nmc$age[fitness=="A bit better"], nmc$cvd[fitness=="A bit better"],
       col="orange")
points(nmc$age[fitness=="Much better"],nmc$cvd[fitness=="Much better"],
       col="green")
lines(nmc$age[fitness=="Much Worse"], pstima.fitness.muchworse,
      col="black")
lines(nmc$age[fitness=="Little Worse"], pstima.fitness.littleworse,
      col="red")
lines(nmc$age[fitness=="Just as good"], pstima.fitness.justasgood,
      col="orange")
lines(nmc$age[fitness=="A bit better"], pstima.fitness.abitbetter,
      col="yellow")
lines(nmc$age[fitness=="Much better"], pstima.fitness.muchbetter,
      col="green")
legend(x="left",
       legend=c("Much Worse", "Little Worse", "Just as good",
                "A bit better", "Much better"),
       lty=c(1, 1, 1, 1, 1),
       col=c("black","red", "orange", "yellow", "green"), lwd=1)
```



Attraverso il grafico notiamo che la categoria Fitness:Much better è quella meno soggetta rispetto a tutte le altre. Viceversa la categoria Fitness:Little Worse ha più probabilità di incorrere in un problema cardiovascolare.

Chi è della categoria Fitness:Much Worse ha meno probabilità rispetto alla categoria Fitness:Little Worse evidenziando come un problema cardiovascolare non è associato perforza a una pessima condizione di salute.

In conclusione, per il solo modello di regressione logistica semplice, consideriamo la variabile ordinale Fitness come significativa.

Nei successivi capitoli considereremo unicamente la variabile ordinale Fitness.

3.5 PA

```
#PA
fit.pa <- glm(nmc$cvd ~ nmc$pa, family=binomial)
summary(fit.pa)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$pa, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.3242  -0.3242  -0.3242  -0.3242   2.4754
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error  z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -2.91978    0.02581 -113.126   <2e-16 ***
## nmc$pa      -0.09610    0.09974   -0.963    0.335
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13399  on 33325  degrees of freedom
## AIC: 13403
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

Secondo la valutazione del *p-value* la variabile PA, nonostante influisca negativamente per la CVD, non supera il 5% di significatività, risultando non significativa.

3.6 Smoke

```
#Smoke
fit.smoke <- glm(nmc$cvd ~ nmc$smoke, family=binomial)
summary(fit.smoke)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$smoke, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
```

```
## -0.3402  -0.3186  -0.3186  -0.3186   2.4946
##
## Coefficients:
##                 Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -3.06590    0.09377 -32.696   <2e-16 ***
## nmc$smokeFormer  0.24571    0.10465   2.348   0.0189 *
## nmc$smokeNO      0.11061    0.09880   1.119   0.2629
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13392  on 33324  degrees of freedom
## AIC: 13398
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

- Le categorie Smoke:Former e Smoke:NO sembrano influire positivamente sull'insorgenza di CVD.
- Risulta significativa solo la categoria Smoke:Former con valore stimato: Smoke:Former ~ 0.246.

Verifichiamo ora il modello di regressione logistica semplice nel caso della variabile ordinale Smoke.

```
#Smoke: Ordinale
fit.smoke.ord <- glm(nmc$cvd ~ smoke.ord, family=binomial)
summary(fit.smoke.ord)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ smoke.ord, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.3281  -0.3249  -0.3218  -0.3218   2.4441
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -2.95522    0.06099 -48.454   <2e-16 ***
## smoke.ord    0.02015    0.03893   0.518    0.605
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

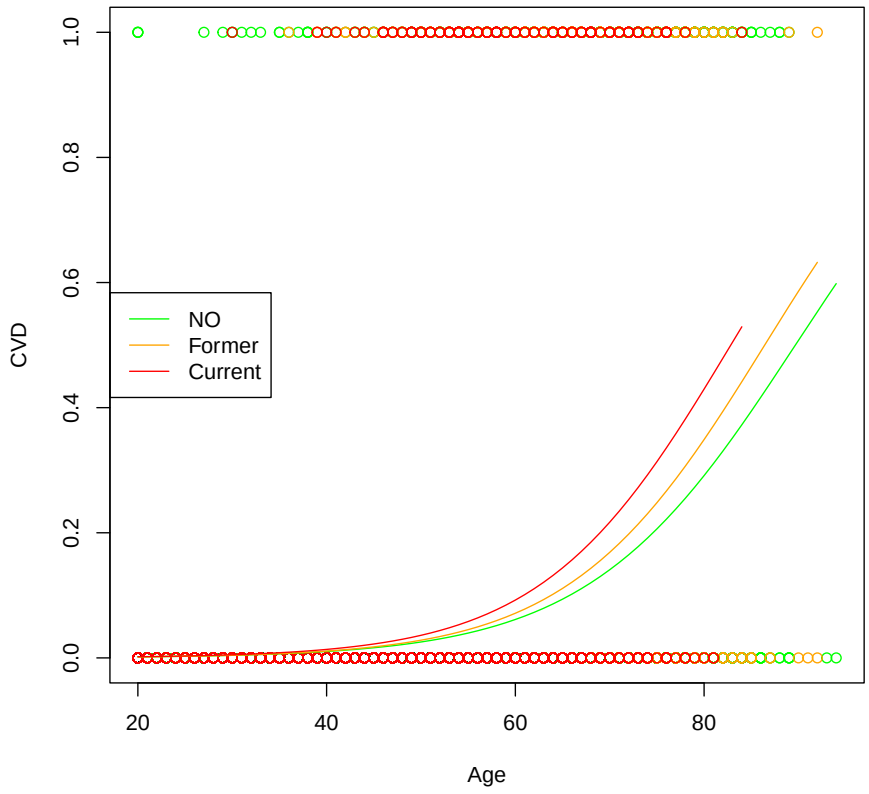
```
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13400  on 33325  degrees of freedom
## AIC: 13404
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

- La variabile ordinale Smoke risulta positiva nell'insorgenza di CVD.
- Nonostante ciò la variabile Smoke ordinale risulta non significativa secondo il *p-value*.

Analizziamo se ci siano delle differenze tra le varie categorie di fumatori con l'avanzare dell'età.

```
#Smoke NO
fit.smoke.no <- glm(nmc$cvd[nmc$smoke=="NO"] ~
                      nmc$age[nmc$smoke=="NO"],
                      family=binomial)
pstima.smoke.no <- fit.smoke.no$fitted.values

#Smoke Former
fit.smoke.former <- glm(nmc$cvd[nmc$smoke=="Former"] ~
                          nmc$age[nmc$smoke=="Former"],
                          family=binomial)
pstima.smoke.former <- fit.smoke.former$fitted.values

#Smoke Current
fit.smoke.current <- glm(nmc$cvd[nmc$smoke=="Current"] ~
                           nmc$age[nmc$smoke=="Current"],
                           family=binomial)
pstima.smoke.current <- fit.smoke.current$fitted.values

#Plot
plot(nmc$age[nmc$smoke=="NO"], nmc$cvd[nmc$smoke=="NO"],
     xlab="Age", ylab="CVD", col="green")
points(nmc$age[nmc$smoke=="Former"], nmc$cvd[nmc$smoke=="Former"],
       col="orange")
points(nmc$age[nmc$smoke=="Current"], nmc$cvd[nmc$smoke=="Current"],
       col="red")
lines(nmc$age[nmc$smoke=="NO"], pstima.smoke.no,
      col="green")
lines(nmc$age[nmc$smoke=="Former"], pstima.smoke.former,
```

```
      col="orange")
lines(nmc$age[nmc$smoke=="Current"], pstima.smoke.current,
      col="red")
legend(x="left",
       legend=c("NO", "Former", "Current"),
       lty=c(1, 1, 1),
       col=c("green","orange", "red"), lwd=1)
```



Possiamo notare come un un fumatore, rispetto alle altre categorie, abbia una maggiore probabilità di incorrere nella malattia con il passare del tempo.

Viceversa, il non fumatore ha meno probabilità rispetto alle altre categorie di incorrere nella malattia.

Nei successivi capitoli considereremo unicamente la variabile categoriale di Smoke.

3.7 Alchol

```
#Alchol
fit.alc <- glm(nmc$cvd ~ nmc$alc, family=binomial)
summary(fit.alc)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$alc, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.3241  -0.3235  -0.3230  -0.3230   2.4425
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -2.934597   0.084928  -34.55   <2e-16 ***
## nmc$alc      0.003563   0.035652    0.10     0.92
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 13400  on 33325  degrees of freedom
## AIC: 13404
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

La variabile Alchol, secondo la valutazione del *p-value*, non supera il 5% di significatività, risultando non significativa.

3.8 Commento

Nei soli modelli con regressione logistica semplice abbiamo che:

- Le variabili che risultano essere significative secondo la valutazione del *p-value* sono: Sex, Age, BMI e Fitness.
- Sempre secondo la valutazione del *p-value*, le variabili che invece risultano non significative sono: PA, Smoke e Alchol.
- Le variabili Sex:Male, Age e BMI aumentano il rischio di CVD.
- La variabile Fitness evidenzia il fatto che chi sta bene è meno soggetto alla problematica.
- Il fumatore è più soggetto alla malattia rispetto alle altre categorie.

4 Regressioni Logistiche Multiple

Consideriamo ora la regressione logistica multipla includendo tutte le variabili che sono presenti all'interno del dataset, verificando quali di esse sono più o meno significative per la visualizzazione di un primo modello unico.

4.1 Modello Completo

```
#Regressioni logistiche multiple
#Modello Completo
#Variabili: Sex, Age, BMI, Fitness, PA, Smoke, Alchol
fit.all <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+nmc$fitness+
                         nmc$pa+nmc$smoke+nmc$alc,
                         family=binomial)
summary(fit.all)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$pa + nmc$smoke + nmc$alc, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5967  -0.3394  -0.1937  -0.0950   3.6484
##
## Coefficients:
##                   Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.475667   0.213543 -35.008  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale      0.799132   0.054689  14.612  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.092680   0.002446  37.896  < 2e-16 ***
## nmc$bmi          0.235120   0.096986   2.424 0.015339 *
## nmc$fitness     -0.181741   0.031070  -5.849 4.93e-09 ***
## nmc$pa           0.035563   0.108422   0.328 0.742909
## nmc$smokeFormer -0.332158   0.111102  -2.990 0.002793 **
## nmc$smokeNO     -0.374001   0.106486  -3.512 0.000444 ***
## nmc$alc         -0.056404   0.035625  -1.583 0.113368
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10883  on 33318  degrees of freedom
## AIC: 10901
##
```

```
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Per il modello che include tutte le variabili:
Modello: CVD $\sim$ Sex + Age + BMI + Fitness + PA + Smoke + Alchol

- Risultano essere significative, secondo il *p-value*, le variabili: Sex, Age, BMI, Fitness e Smoke.
- Risultano essere non significative, non superando il 5% di significatività del *p-value*, le variabili: PA e Alchol.
- I parametri stimati nella regressione logistica multipla differescono da quelli presenti nelle regressioni logistiche semplici precedentemente analizzate.
- Gli errori standard non differiscono molto da quelli presenti nei modelli con regressione logistica semplice.
- La variabile Sex mostra ancora come il sesso Maschile influisca positivamente nella presenza di CVD con valore stimato: Sex:Male $\sim$ 0.788.
- Anche le variabili BMI e Smoke mostrano un aumento nelle possibilità di insorgenza di un CVD.
- La variabile Fitness aumenta di significatività, rispetto al modello di regressione logistica semplice, riducendo la probabilità di CVD con valore stimato: Fitness $\sim$ -0.184.

4.2 Modello Significativo

Dato che nel modello completo sono presenti variabili non significative, le andremo ad eliminare gradualmente dalla formula del modello fino ad ottenere un modello con solo variabili significative.

Iniziamo eliminando la variabile non significativa PA.

```
#Modello senza PA
#Variabili: Sex, Age, BMI, Fitness, Smoke, Alchol
fit.npa <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+nmc$fitness+
                         nmc$smoke+nmc$alc,
                         family=binomial)
summary(fit.npa)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$alc, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
```

```
## -1.5978  -0.3371  -0.1941  -0.0950   3.6471
##
## Coefficients:
##                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.462934   0.209921 -35.551  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale      0.799887   0.054643  14.638  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.092640   0.002442  37.930  < 2e-16 ***
## nmc$bmi          0.235857   0.096958   2.433 0.014992 *
## nmc$fitness     -0.183877   0.030378  -6.053 1.42e-09 ***
## nmc$smokeFormer -0.332592   0.111097  -2.994 0.002756 **
## nmc$smokeNO     -0.374525   0.106476  -3.517 0.000436 ***
## nmc$alc         -0.056553   0.035625  -1.587 0.112413
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10883  on 33319  degrees of freedom
## AIC: 10899
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Tutte le varibili che erano significative nel modello completo risultano ancora significative.

Eliminiamo la variabile Alchol, che risulta ancora non significativa, all'interno della formula.

```
#Modello significativo
#Variabili: Sex, Age, BMI, Fitness, Smoke
fit <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+nmc$fitness+
                     nmc$smoke, family=binomial)
summary(fit)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6215  -0.3381  -0.1935  -0.0943   3.6515
##
## Coefficients:
##                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.614728   0.187445 -40.624  < 2e-16 ***
```

```
## nmc$sexMale      0.786417   0.053959  14.574  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.092988   0.002437  38.159  < 2e-16 ***
## nmc$bmi          0.240200   0.096914   2.478 0.013194 *
## nmc$fitness     -0.186214   0.030344  -6.137 8.42e-10 ***
## nmc$smokeFormer -0.331879   0.111118  -2.987 0.002820 **
## nmc$smokeNO     -0.351977   0.105515  -3.336 0.000851 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10886  on 33320  degrees of freedom
## AIC: 10900
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

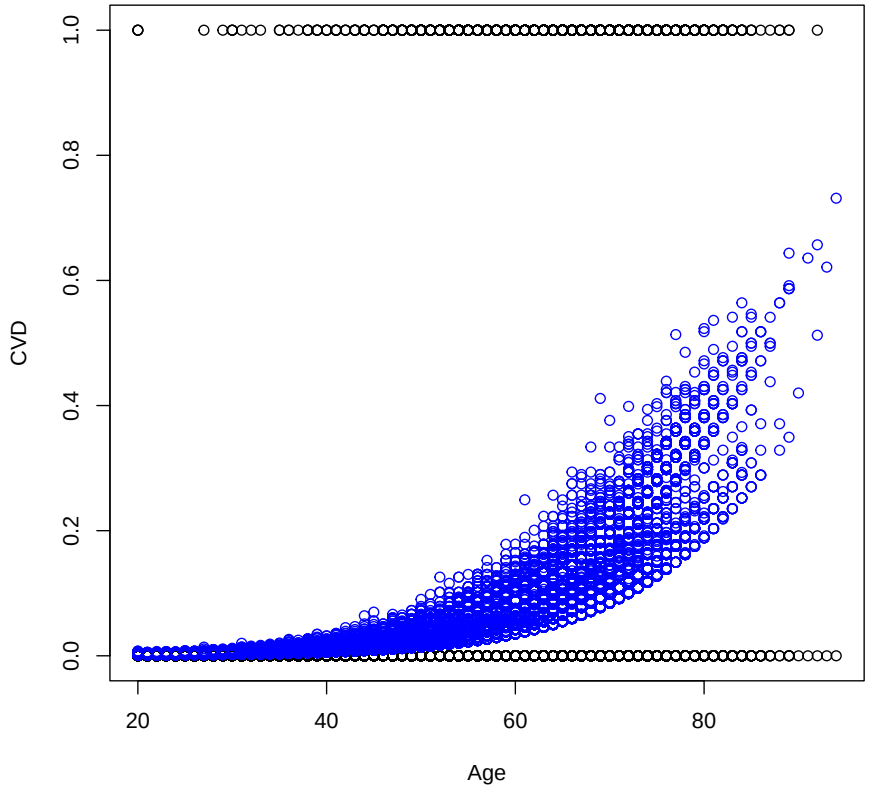
Il modello risultate è:
Modello: CVD $\sim$ Sex + Age + BMI + Fitness + Smoke

- Le variabili risultato essere tutte significative secondo il *p-value*.
- I parametri stimati e gli errori standard non differiscono molto dal modello completo.

Il modello con solo variabili significative sembra mostrare un buon adattamento.

Visualizziamo il grafico dell'andamento del modello stimato.

```
pstima <- fit$fitted.values

#Plot
plot(nmc$age, nmc$cvd, xlab="Age", ylab="CVD")
points(sort(nmc$age), pstima[order(nmc$age)], col="blue")
```



4.3 Commento

- Il modello risulta essere:
  Modello: CVD$\sim$ Sex + Age + BMI + Fitness + Smoke
- Come visto nelle regressioni logistiche semplici, le variabili sexMale, Age e BMI continuano ad influenzare positivamente la comparsa di problemi cardiovascolari.
- Al contrario, le variabili significative Fitness e Smoke (per la categoria "Former" e la categoria "NO") riducono la possibilità di avere un CVD.
- Di conseguenza la categoria Smoke:Current ha una probabilità maggiore nell'insorgenza di CVD.

4.4 Dati di esempio

Effettuiamo una valutazione della probabilità su degli individui casuali in base ai modelli precedentemente analizzati.

Visualizziamo i coefficienti del modello completo e quello significativo.

```
#Coefficienti Modello Completo
coef(fit.all)
```

```
##     (Intercept)     nmc$sexMale         nmc$age         nmc$bmi     nmc$fitness
##     -7.47566727      0.79913169      0.09267966      0.23512007     -0.18174054
##          nmc$pa nmc$smokeFormer     nmc$smokeNO         nmc$alc
##      0.03556271     -0.33215760     -0.37400050     -0.05640352
```

```
#Coefficienti Modello Significativo
coef(fit)
```

```
##     (Intercept)     nmc$sexMale         nmc$age         nmc$bmi     nmc$fitness
##     -7.61472806      0.78641659      0.09298766      0.24020007     -0.18621360
## nmc$smokeFormer     nmc$smokeNO
##     -0.33187854     -0.35197684
```

Verifichiamo la probabilità di avere un CVD per un Uomo (Sex 1) di 45 anni fumatore, con BMI pari a 32 (BMI dicotomizzato a 1), che non fa consumo di alchol (Alchol 1), in ottima salute (Fitness 5) e PA=1.

```
#Stima per il Modello Completo
#Dato
#Intercetta: 1, Sex: 1, Age: 45, BMI: 1, Fitness: 5,
#PA: 1, Smoke:Former: 0, Smoke:NO: 0, Alchol: 1
man45.all <- c(1, 1, 45, 1, 5, 1, 0, 0, 1)
stima.man45.all <- exp(coef(fit.all)%*%man45.all)/
                       (1+exp(coef(fit.all)%*%man45.all))
stima.man45.all
```

```
##            [,1]
## [1,] 0.03915164
```

```
#Stima per il Modello Significativo
#Dato
#Intercetta: 1, Sex: 1, Age: 45, BMI: 1, Fitness: 5,
#Smoke:Former: 0, Smoke:NO: 0
man45 <- c(1, 1, 45, 1, 5, 0, 0)
stima.man45 <- exp(coef(fit)%*%man45)/(1+exp(coef(fit)%*%man45))
stima.man45
```

```
##             [,1]
## [1,] 0.03439862
```

Risulta che:

- per il Modello Completo: $\hat{\pi} = 0.0391$
- per il Modello Significativo: $\hat{\pi} = 0.0343$

Verifichiamo adesso la probabilità di avere un CVD per una Donna (Sex 0) di 60 anni ex fumatrice, con BMI pari a 35 (BMI dicotomizzato 1), che beve alchol nella media (Alchol 4), in buona salute (Fitness 4), e PA = 1.

```
#Stima per il Modello Completo
#Dato
#Intercetta: 1, Sex: 0, Age: 60, BMI: 1, Fitness: 4,
#PA: 1, Smoke:Former: 1, Smoke:NO: 0, Alchol: 4
woman60.all <- c(1, 0, 60, 1, 4, 1, 1, 0, 4)
stima.woman60.all <- exp(coef(fit.all)%*%woman60.all)/
                       (1+exp(coef(fit.all)%*%woman60.all))
stima.woman60.all

##             [,1]
## [1,] 0.05074142
```

```
#Stima per il Modello Significativo
#Intercetta: 1, Sex: 0, Age: 60, BMI: 1, Fitness: 4,
#Smoke:Former: 1, Smoke:NO: 0
woman60 <- c(1, 0, 60, 1, 4, 1, 0)
stima.woman60 <- exp(coef(fit)%*%woman60)/(1+exp(coef(fit)%*%woman60))
stima.woman60

##             [,1]
## [1,] 0.05355512
```

Risulta che:

- Modello Completo: $\hat{\pi} = 0.0507$
- Modello Significativo: $\hat{\pi} = 0.0535$

In conclusione possiamo vedere come la probabilità del modello completo e del modello con solo variabili significative si mostrino particolarmente simili.

5 Considerazioni sul Modello

In questo capitolo confronteremo il comportamento del modello su una specifica categoria di invididui.

5.1 Maschio e Femmina

Nei precedenti capitoli, durante l'analisi delle singole variabili e dei vari modelli, abbiamo notato come ci siano stati sempre diverse probabilità tra il sesso maschile e il sesso femmile.

Valutiamo ancora all'interno di un grafico se questa nostra ipotesi si verifica in un modello più complesso di quello marginale.

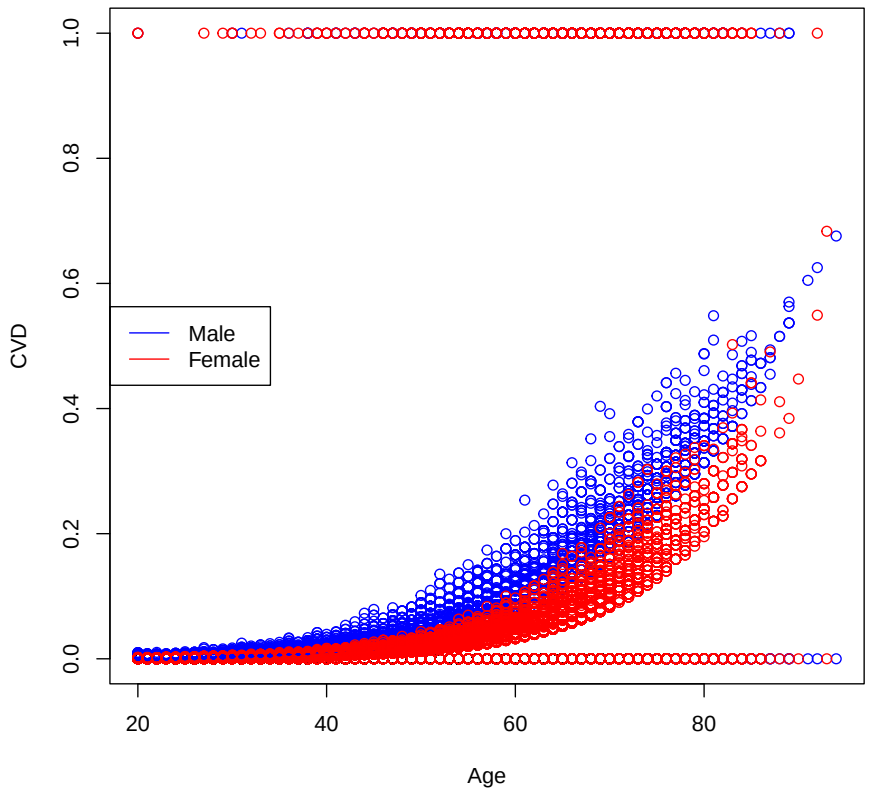
```
#Modello Sesso Maschile
#Sex: Male
fit.male <- glm(nmc$cvd[nmc$sex=="Male"] ~
                  nmc$age[nmc$sex=="Male"]+
                  nmc$bmi[nmc$sex=="Male"]+
                  nmc$fitness[nmc$sex=="Male"]+
                  nmc$smoke[nmc$sex=="Male"],
                  family=binomial)
summary(fit.male)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd[nmc$sex == "Male"] ~ nmc$age[nmc$sex ==
##     "Male"] + nmc$bmi[nmc$sex == "Male"] + nmc$fitness[nmc$sex ==
##     "Male"] + nmc$smoke[nmc$sex == "Male"], family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5009  -0.4634  -0.2744  -0.1136   3.4503
##
## Coefficients:
##                                      Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)                         -6.310134   0.257771 -24.480  < 2e-16 ***
## nmc$age[nmc$sex == "Male"]           0.086098   0.003316  25.968  < 2e-16 ***
## nmc$bmi[nmc$sex == "Male"]           0.135192   0.157317   0.859 0.390142
## nmc$fitness[nmc$sex == "Male"]      -0.156521   0.042188  -3.710 0.000207 ***
## nmc$smoke[nmc$sex == "Male"]Former -0.472766   0.146244  -3.233 0.001226 **
## nmc$smoke[nmc$sex == "Male"]NO     -0.579023   0.142624  -4.060 4.91e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
```

```
##     Null deviance: 6344.1  on 11129  degrees of freedom
## Residual deviance: 5297.3  on 11124  degrees of freedom
## AIC: 5309.3
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 6

pstima.male <- fit.male$fitted.values
```

```
#Modello Sesso Femminile
#Sex: Female
fit.female <- glm(nmc$cvd[nmc$sex=="Female"] ~
                    nmc$age[nmc$sex=="Female"]+
                    nmc$bmi[nmc$sex=="Female"]+
                    nmc$fitness[nmc$sex=="Female"]+
                    nmc$smoke[nmc$sex=="Female"],
                    family=binomial)
summary(fit.female)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd[nmc$sex == "Female"] ~ nmc$age[nmc$sex ==
##     "Female"] + nmc$bmi[nmc$sex == "Female"] + nmc$fitness[nmc$sex ==
##     "Female"] + nmc$smoke[nmc$sex == "Female"], family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5166  -0.2829  -0.1632  -0.0847   3.7175
##
## Coefficients:
##                                      Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)                         -8.132620   0.277110 -29.348  < 2e-16 ***
## nmc$age[nmc$sex == "Female"]         0.099409   0.003598  27.630  < 2e-16 ***
## nmc$bmi[nmc$sex == "Female"]         0.284497   0.123459   2.304   0.0212 *
## nmc$fitness[nmc$sex == "Female"]    -0.210839   0.043547  -4.842 1.29e-06 ***
## nmc$smoke[nmc$sex == "Female"]Former -0.182839   0.174076  -1.050   0.2936
## nmc$smoke[nmc$sex == "Female"]NO     -0.132124   0.160494  -0.823   0.4104
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 6729.3  on 22196  degrees of freedom
## Residual deviance: 5573.1  on 22191  degrees of freedom
## AIC: 5585.1
##
```

```
## Number of Fisher Scoring iterations: 7

pstima.female <- fit.female$fitted.values
```

```
#Plot
plot(nmc$age[nmc$sex=="Male"], nmc$cvd[nmc$sex=="Male"],
     xlab="Age", ylab="CVD", col="blue")
points(nmc$age[nmc$sex=="Female"], nmc$cvd[nmc$sex=="Female"],
       col="red")
points(sort(nmc$age[nmc$sex=="Male"]),
      pstima.male[order(nmc$age[nmc$sex=="Male"])],
      col="blue")
points(sort(nmc$age[nmc$sex=="Female"]),
      pstima.female[order(nmc$age[nmc$sex=="Female"])],
      col="red")
legend(x="left", legend=c("Male", "Female"), lty=c(1, 1),
       col=c("blue","red"), lwd=1)
```



Statisticamente il sesso maschile rimane il soggetto che ha più rischi di CVD rispetto al genere femminile, anche nel modello più complesso.

5.2 Attività Fisica

Dato che la variabile PA nelle valutazione dei modelli è sempre stata scartata, verifichiamo se all'interno del nostro modello possono esserci delle differenze tra le due categorie di PA per il calcolo del CVD.

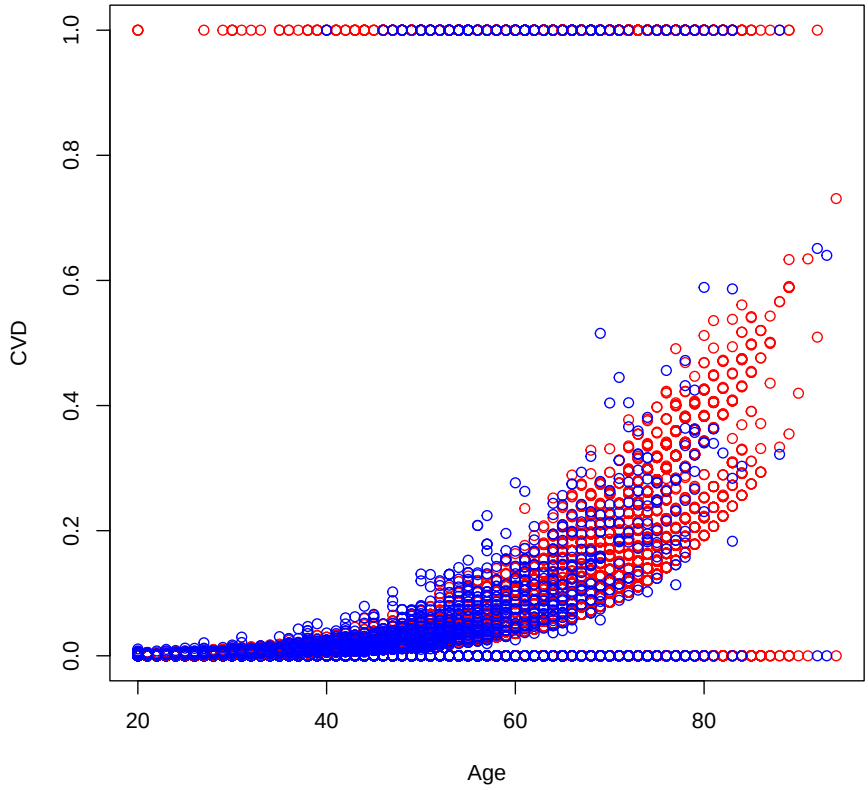
```
#Modello PA 0
fit.pa.0 <- glm(nmc$cvd[nmc$pa==0] ~ nmc$sex[nmc$pa==0] +
                  nmc$age[nmc$pa==0] + nmc$bmi[nmc$pa==0] +
                  nmc$fitness[nmc$pa==0] + nmc$smoke[nmc$pa==0],
                family=binomial)
summary(fit.pa.0)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd[nmc$pa == 0] ~ nmc$sex[nmc$pa == 0] + nmc$age[nmc$pa ==
##     0] + nmc$bmi[nmc$pa == 0] + nmc$fitness[nmc$pa == 0] + nmc$smoke[nmc$pa ==
##     0], family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6202  -0.3396  -0.1936  -0.0931   3.6511
##
## Coefficients:
##                                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)                   -7.644393   0.199721 -38.275  < 2e-16 ***
## nmc$sex[nmc$pa == 0]Male       0.782201   0.055911  13.990  < 2e-16 ***
## nmc$age[nmc$pa == 0]           0.092985   0.002545  36.533  < 2e-16 ***
## nmc$bmi[nmc$pa == 0]           0.187919   0.104915   1.791  0.07327 .
## nmc$fitness[nmc$pa == 0]      -0.175433   0.032345  -5.424 5.84e-08 ***
## nmc$smoke[nmc$pa == 0]Former -0.346614   0.116950  -2.964  0.00304 **
## nmc$smoke[nmc$pa == 0]NO     -0.353123   0.111011  -3.181  0.00147 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 12486  on 30907  degrees of freedom
## Residual deviance: 10141  on 30901  degrees of freedom
## AIC: 10155
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7

pstima.pa.0 <- fit.pa.0$fitted.values
```

```
#Modello PA 1
fit.pa.1 <- glm(nmc$cvd[nmc$pa==1] ~ nmc$sex[nmc$pa==1] +
                  nmc$age[nmc$pa==1] + nmc$bmi[nmc$pa==1] +
                  nmc$fitness[nmc$pa==1] + nmc$smoke[nmc$pa==1],
                family=binomial)
summary(fit.pa.1)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd[nmc$pa == 1] ~ nmc$sex[nmc$pa == 1] + nmc$age[nmc$pa ==
##     1] + nmc$bmi[nmc$pa == 1] + nmc$fitness[nmc$pa == 1] + nmc$smoke[nmc$pa ==
##     1], family = binomial)
##
```

```
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.4512  -0.3135  -0.1902  -0.1060   2.9592
##
## Coefficients:
##                                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)                   -7.463732   0.614386 -12.148  < 2e-16 ***
## nmc$sex[nmc$pa == 1]Male       0.833173   0.210572   3.957  7.6e-05 ***
## nmc$age[nmc$pa == 1]           0.093239   0.008655  10.773  < 2e-16 ***
## nmc$bmi[nmc$pa == 1]           0.543559   0.264374   2.056   0.0398 *
## nmc$fitness[nmc$pa == 1]      -0.284719   0.111611  -2.551   0.0107 *
## nmc$smoke[nmc$pa == 1]Former -0.184548   0.359510  -0.513   0.6077
## nmc$smoke[nmc$pa == 1]NO     -0.347033   0.343785  -1.009   0.3128
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 913.04  on 2418  degrees of freedom
## Residual deviance: 740.78  on 2412  degrees of freedom
## AIC: 754.78
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7

pstima.pa.1 <- fit.pa.1$fitted.values
```

```
#Plot
plot(nmc$age[nmc$pa==0], nmc$cvd[nmc$pa==0], xlab="Age", ylab="CVD", col="red")
points(nmc$age[nmc$pa==1], nmc$cvd[nmc$pa==1], col="blue")
points(nmc$age[nmc$pa==0], pstima.pa.0, col="red")
points(nmc$age[nmc$pa==1], pstima.pa.1, col="blue")
```



Il grafico non sembra mostrare differenze tra le due categorie di PA.

6 Interazioni fra le variabili

Valutiamo se all'interno del modello ci sia la possibilità di interazioni fra le variabili.

Consideriamo i casi nei quali le variabili come Smoke, Alchol, PA o Sex possano interagire con le altre variabili, limitandoci unicamente nelle interazioni del secondo ordine.

6.1 Smoke e Alchol

Analizziamo il caso nel quale il consumo di alchol, combinato con l'uso di sigaretta, possa o meno aumentare le probabilità di CVD.

```
#Modello con interazione: Smoke e Alchol
fit.smokealchol <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                         nmc$fitness+nmc$smoke+
                         nmc$smoke*nmc$alc,
                         family=binomial)
summary(fit.smokealchol)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$smoke * nmc$alc, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6094  -0.3392  -0.1936  -0.0952   3.6495
##
## Coefficients:
##                            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)              -7.777741   0.409428 -18.997  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale               0.800386   0.054612  14.656  < 2e-16 ***
## nmc$age                   0.092757   0.002449  37.869  < 2e-16 ***
## nmc$bmi                   0.233538   0.097010   2.407   0.0161 *
## nmc$fitness              -0.183944   0.030378  -6.055  1.4e-09 ***
## nmc$smokeFormer           0.239303   0.425957   0.562   0.5743
## nmc$smokeNO              -0.120962   0.395698  -0.306   0.7598
## nmc$alc                   0.062892   0.142152   0.442   0.6582
## nmc$smokeFormer:nmc$alc -0.223037   0.158794  -1.405   0.1602
## nmc$smokeNO:nmc$alc     -0.094178   0.148217  -0.635   0.5252
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
```

```
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10880  on 33317  degrees of freedom
## AIC: 10900
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

I dati sembrano non mostrare l'interazione fra Smoke e Alchol.

6.2 Smoke e BMI

Vediamo se l'uso di sigaretta per una persona con un alto indice di massa corporea possa aumentarne le probabilità.

```
#Modello con interazione: Smoke e BMI
fit.smokebmi <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                        nmc$fitness+nmc$smoke+
                        nmc$smoke*nmc$bmi,
                        family=binomial)
summary(fit.smokebmi)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$smoke * nmc$bmi, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6167  -0.3389  -0.1923  -0.0938   3.6547
##
## Coefficients:
##                           Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)             -7.538233   0.187909 -40.116  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale              0.789657   0.054027  14.616  < 2e-16 ***
## nmc$age                  0.092953   0.002438  38.128  < 2e-16 ***
## nmc$bmi                 -1.495180   0.726032  -2.059 0.039457 *
## nmc$fitness             -0.186487   0.030356  -6.143 8.08e-10 ***
## nmc$smokeFormer         -0.400699   0.113377  -3.534 0.000409 ***
## nmc$smokeNO             -0.438392   0.107190  -4.090 4.32e-05 ***
## nmc$bmi:nmc$smokeFormer  1.667155   0.744567   2.239 0.025150 *
## nmc$bmi:nmc$smokeNO      1.874406   0.734922   2.550 0.010757 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
```

```
## Residual deviance: 10874  on 33318  degrees of freedom
## AIC: 10892
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

A differenza di Smoke e Alchol, l'interazione tra Smoke e BMI mostra un'interazione significativa, variando il valore stimato e diminuendo la significatività della variabile BMI. In questo caso la variabile BMI assume valore stimato negativo, influendo negativamente nella comparsa di CVD.

6.3 Alchol e BMI

Come per il caso di Smoke, verifichiamo se il consumo di alchol associato ad un maggior indice di massa corporea influisca nella probabilità di CVD.

```
#Modello con interazione: Alchol e BMI
fit.alcholbmi <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                       nmc$fitness+nmc$smoke+
                       nmc$alc*nmc$bmi,
                       family=binomial)
summary(fit.alcholbmi)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$alc * nmc$bmi, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5941  -0.3386  -0.1936  -0.0950   3.6460
##
## Coefficients:
##                   Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.436723   0.211379 -35.182  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale      0.798024   0.054655  14.601  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.092645   0.002442  37.932  < 2e-16 ***
## nmc$bmi         -0.031850   0.282019  -0.113 0.910080
## nmc$fitness     -0.184203   0.030379  -6.063 1.33e-09 ***
## nmc$smokeFormer -0.332279   0.111100  -2.991 0.002782 **
## nmc$smokeNO     -0.374629   0.106482  -3.518 0.000434 ***
## nmc$alc         -0.067192   0.037109  -1.811 0.070191 .
## nmc$bmi:nmc$alc  0.120560   0.118070   1.021 0.307213
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
```

```
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10882  on 33318  degrees of freedom
## AIC: 10900
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

A differenza di Smoke*BMI, l'interazione tra Alchol e BMI non è supportata.

6.4 Sex e Smoke

Verifichiamo se l'utilizzo di sigaretta sia peggiorativo in uno dei due sessi.

```
#Modello con interazione: Sex e Smoke
fit.sexsmoke <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                    nmc$fitness+nmc$smoke+
                    nmc$sex*nmc$smoke,
                    family=binomial)
summary(fit.sexsmoke)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$sex * nmc$smoke, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5936  -0.3413  -0.1902  -0.0948   3.6359
##
## Coefficients:
##                                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)                  -7.823919   0.218529 -35.803  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale                   1.213811   0.200893   6.042 1.52e-09 ***
## nmc$age                       0.092548   0.002447  37.822  < 2e-16 ***
## nmc$bmi                       0.237345   0.096938   2.448   0.0143 *
## nmc$fitness                  -0.182865   0.030381  -6.019 1.75e-09 ***
## nmc$smokeFormer              -0.168152   0.173095  -0.971   0.3313
## nmc$smokeNO                  -0.086983   0.158493  -0.549   0.5831
## nmc$sexMale:nmc$smokeFormer -0.332887   0.226013  -1.473   0.1408
## nmc$sexMale:nmc$smokeNO     -0.513869   0.211536  -2.429   0.0151 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
```

```
## Residual deviance: 10879  on 33318  degrees of freedom
## AIC: 10897
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

L'interazione fra le variabili Sex e Smoke risulta non significativa.

6.5 Sex e Age

Analizziamo ora il caso nel quale l'aumento dell'età possa influenzare in maniera differente tra i due sessi.

```
#Modello con interazione: Sex e Age
fit.sexage <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                    nmc$fitness+nmc$smoke+
                    nmc$sex*nmc$age,
                    family=binomial)
summary(fit.sexage)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$sex * nmc$age, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5257  -0.3426  -0.1892  -0.0925   3.7386
##
## Coefficients:
##                       Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)         -8.072593   0.247550 -32.610  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale          1.686372   0.306886   5.495 3.90e-08 ***
## nmc$age              0.100329   0.003529  28.427  < 2e-16 ***
## nmc$bmi              0.233344   0.096960   2.407 0.016102 *
## nmc$fitness         -0.185576   0.030249  -6.135 8.52e-10 ***
## nmc$smokeFormer     -0.328928   0.111095  -2.961 0.003069 **
## nmc$smokeNO         -0.364822   0.105629  -3.454 0.000553 ***
## nmc$sexMale:nmc$age -0.014186   0.004760  -2.980 0.002879 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10877  on 33319  degrees of freedom
## AIC: 10893
```

```
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Contrariamente a quello che ci si poteva aspettare, esiste un interazione significativa tra la variabile Sex e Age. Per il sesso maschile con l'aumentare dell'età ha, anche se piccola, una riduzione nella probabilità di CVD.

Analizzeremo successivamente se questa interazione può risultare utile ai fini del nostro problema.

6.6 PA e Age

Verifichiamo se l'attività fisica di un individuo è influenzata in base alla sua età.

```
#Modello con interazione PA e Age
fit.sexsmoke <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                    nmc$fitness+nmc$smoke+
                    nmc$pa*nmc$age,
                    family=binomial)
summary(fit.sexsmoke)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$pa * nmc$age, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6223  -0.3380  -0.1931  -0.0944   3.6547
##
## Coefficients:
##                   Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.637524   0.196623 -38.844  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale      0.785270   0.054030  14.534  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.093182   0.002543  36.636  < 2e-16 ***
## nmc$bmi          0.239306   0.096938   2.469 0.013563 *
## nmc$fitness     -0.183966   0.031043  -5.926  3.1e-09 ***
## nmc$smokeFormer -0.331027   0.111137  -2.979 0.002896 **
## nmc$smokeNO     -0.351321   0.105525  -3.329 0.000871 ***
## nmc$pa           0.150329   0.532956   0.282 0.777893
## nmc$age:nmc$pa  -0.001873   0.008691  -0.216 0.829356
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
```

```
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10886  on 33318  degrees of freedom
## AIC: 10904
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Non è verificata l'interazione fra le variabili PA e Age.

6.7 PA e Fitness

Analliziamo il caso nel quale l'attività fisica e lo stato di salute di un individuo possano aumentare le probabilità di CVD.

```
#Modello con interazione PA e Fitness
fit.sexsmoke <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                    nmc$fitness+nmc$smoke+
                    nmc$pa*nmc$fitness,
                    family=binomial)
summary(fit.sexsmoke)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$pa * nmc$fitness, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6172  -0.3387  -0.1939  -0.0944   3.6542
##
## Coefficients:
##                     Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)        -7.66807    0.19391 -39.545  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale         0.78531    0.05400  14.543  < 2e-16 ***
## nmc$age             0.09301    0.00244  38.121  < 2e-16 ***
## nmc$bmi             0.23582    0.09706   2.430 0.015113 *
## nmc$fitness        -0.17257    0.03220  -5.358  8.4e-08 ***
## nmc$smokeFormer    -0.33083    0.11115  -2.976 0.002917 **
## nmc$smokeNO        -0.34965    0.10557  -3.312 0.000926 ***
## nmc$pa              0.44155    0.31777   1.390 0.164666
## nmc$fitness:nmc$pa -0.14624    0.10964  -1.334 0.182252
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
```

```
## Residual deviance: 10884  on 33318  degrees of freedom
## AIC: 10902
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Il modello mostra come non ci sia interazione fra le variabili PA e Fitness.

6.8 Modello con interazioni

Analizziamo ora il modello con solo variabili significative aggiungendo le interazioni che precedentemente abbiamo valutato come significative.

Il modello da valutare sarà quindi:
Modello: CVD $\sim$ Sex + Age + BMI + Fitness + Smoke + Sex*Age + Smoke*BMI.

```
#Modello con interazione: Sex*Age + Smoke*BMI
fit.int <- glm(nmc$cvd ~ nmc$sex+nmc$age+nmc$bmi+
                 nmc$fitness+nmc$smoke+
                 nmc$sex*nmc$age+
                 nmc$smoke*nmc$bmi,
                 family=binomial)
summary(fit.int)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$sex * nmc$age + nmc$smoke * nmc$bmi, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5214  -0.3437  -0.1885  -0.0913   3.7412
##
## Coefficients:
##                           Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)             -7.994945   0.248199 -32.212  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale              1.684991   0.307149   5.486 4.11e-08 ***
## nmc$age                  0.100260   0.003532  28.386  < 2e-16 ***
## nmc$bmi                 -1.494470   0.726361  -2.057 0.039641 *
## nmc$fitness             -0.185813   0.030262  -6.140 8.24e-10 ***
## nmc$smokeFormer         -0.396574   0.113345  -3.499 0.000467 ***
## nmc$smokeNO             -0.450336   0.107284  -4.198 2.70e-05 ***
## nmc$sexMale:nmc$age     -0.014114   0.004764  -2.963 0.003050 **
## nmc$bmi:nmc$smokeFormer  1.656064   0.744884   2.223 0.026199 *
## nmc$bmi:nmc$smokeNO      1.867843   0.735274   2.540 0.011075 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10866  on 33317  degrees of freedom
## AIC: 10886
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

6.9 Commento

Nonostante il modello con le due interazioni Smoke*BMI e Sex*Age risulti significativo, vediamo come questo si comporti in maniera differente dalle valutazioni che abbiamo analizzato precedentemente.

Il modello con interazioni mostra una minor probabilità per un individuo che fuma e con alto indice di massa corporea, o come un individuo di sesso maschile abbia una minima riduzione di probabilità con l'aumentare dell' età.

Inoltre il significato della variabile BMI varia rispetto al modello con solo variabili significative e al modello con la sola regressione logistica semplice, diminuendone anche la significatività.

Decido quindi di non considerare questo modello perchè, oltre ad aumentarne il grado, non fornisce un contributo decisivo per il nostro problema, andando contro anche alle analisi che fino a qui abbiamo valutato.

7 Selezione del Modello

Utilizziamo adesso i metodi Backward, Forward e Both basati sui criteri di penalizzazione AIC e BIC per la selezione del modello.

Per eseguire le varie procedure, prenderemo in considerazione la formula base con solo l'intercetta e il modello che comprende tutte le variabili fornite dal dataset, senza interazioni.

```
#Iniziliazziamo la formula base con intercetta
fit.0 <- glm(nmc$cvd ~ 1, family= "binomial")
```

7.1 Backward

Verifichiamo le formule della procedura Backward con AIC e BIC.

7.1.1 AIC

```
#Backward: AIC
backward.AIC <- step(fit.all, direction="backward", k=2)

## Start:  AIC=10901.21
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness + nmc$pa +
##     nmc$smoke + nmc$alc
##
##               Df Deviance   AIC
## - nmc$pa       1    10883 10899
## <none>              10883 10901
## - nmc$alc      1    10886 10902
## - nmc$bmi      1    10889 10905
## - nmc$smoke    2    10895 10909
## - nmc$fitness  1    10917 10933
## - nmc$sex      1    11097 11113
## - nmc$age      1    13043 13059
##
## Step:  AIC=10899.32
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness + nmc$smoke +
##     nmc$alc
##
##               Df Deviance   AIC
## <none>              10883 10899
## - nmc$alc      1    10886 10900
## - nmc$bmi      1    10889 10903
## - nmc$smoke    2    10895 10907
## - nmc$fitness  1    10920 10934
```

```
## - nmc$sex      1    11098 11112
## - nmc$age      1    13045 13059

formula(backward.AIC)

## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness + nmc$smoke +
##     nmc$alc

summary(backward.AIC)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness +
##     nmc$smoke + nmc$alc, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5978  -0.3371  -0.1941  -0.0950   3.6471
##
## Coefficients:
##                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.462934   0.209921 -35.551  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale      0.799887   0.054643  14.638  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.092640   0.002442  37.930  < 2e-16 ***
## nmc$bmi          0.235857   0.096958   2.433 0.014992 *
## nmc$fitness     -0.183877   0.030378  -6.053 1.42e-09 ***
## nmc$smokeFormer -0.332592   0.111097  -2.994 0.002756 **
## nmc$smokeNO     -0.374525   0.106476  -3.517 0.000436 ***
## nmc$alc         -0.056553   0.035625  -1.587 0.112413
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10883  on 33319  degrees of freedom
## AIC: 10899
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

7.1.2 BIC

```
#Backward: BIC
backward.BIC <- step(fit.all, direction="backward",
```

```
                    k=log(length(nmc$cvd)))
## Start:  AIC=10976.94
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness + nmc$pa +
##     nmc$smoke + nmc$alc
##
##                Df Deviance   AIC
## - nmc$pa        1    10883 10967
## - nmc$smoke     2    10895 10968
## - nmc$alc       1    10886 10969
## - nmc$bmi       1    10889 10972
## <none>               10883 10977
## - nmc$fitness   1    10917 11001
## - nmc$sex       1    11097 11180
## - nmc$age       1    13043 13127
##
## Step:  AIC=10966.63
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness + nmc$smoke +
##     nmc$alc
##
##                Df Deviance   AIC
## - nmc$smoke     2    10895 10957
## - nmc$alc       1    10886 10959
## - nmc$bmi       1    10889 10962
## <none>               10883 10967
## - nmc$fitness   1    10920 10993
## - nmc$sex       1    11098 11170
## - nmc$age       1    13045 13118
##
## Step:  AIC=10957.36
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness + nmc$alc
##
##                Df Deviance   AIC
## - nmc$alc       1    10896 10948
## - nmc$bmi       1    10900 10952
## <none>               10895 10957
## - nmc$fitness   1    10936 10988
## - nmc$sex       1    11114 11167
## - nmc$age       1    13050 13102
##
## Step:  AIC=10948.37
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$bmi + nmc$fitness
##
##                Df Deviance   AIC
## - nmc$bmi       1    10902 10943
## <none>               10896 10948
```

```
## - nmc$fitness  1    10938 10979
## - nmc$sex      1    11117 11159
## - nmc$age      1    13059 13100
##
## Step:  AIC=10943.43
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$fitness
##
##               Df Deviance   AIC
## <none>              10902 10943
## - nmc$fitness  1    10952 10983
## - nmc$sex      1    11120 11151
## - nmc$age      1    13073 13104
```

```
formula(backward.BIC)
```

```
## nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$fitness
```

```
summary(backward.BIC)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$sex + nmc$age + nmc$fitness, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6340  -0.3381  -0.1940  -0.0966   3.6228
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -7.771416   0.170954  -45.46  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale  0.783860   0.053038   14.78  < 2e-16 ***
## nmc$age      0.091980   0.002398   38.35  < 2e-16 ***
## nmc$fitness -0.209655   0.029570   -7.09 1.34e-12 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10902  on 33323  degrees of freedom
## AIC: 10910
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

7.2 Forward

Verifichiamo adesso le formule della procedura Forward con AIC e BIC.

7.2.1 AIC

```
#Forward: AIC
forward.AIC <- step(fit.0, scope=formula(fit.all),
                    direction="forward", k=2, trace=FALSE)
formula(forward.AIC)

## nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness + nmc$smoke + nmc$bmi +
##     nmc$alc

summary(forward.AIC)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness + nmc$smoke +
##     nmc$bmi + nmc$alc, family = "binomial")
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5978  -0.3371  -0.1941  -0.0950   3.6471
##
## Coefficients:
##                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.462934   0.209921 -35.551  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.092640   0.002442  37.930  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale      0.799887   0.054643  14.638  < 2e-16 ***
## nmc$fitness     -0.183877   0.030378  -6.053 1.42e-09 ***
## nmc$smokeFormer -0.332592   0.111097  -2.994 0.002756 **
## nmc$smokeNO     -0.374525   0.106476  -3.517 0.000436 ***
## nmc$bmi          0.235857   0.096958   2.433 0.014992 *
## nmc$alc         -0.056553   0.035625  -1.587 0.112413
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10883  on 33319  degrees of freedom
## AIC: 10899
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

7.2.2 BIC

```
#Forward: BIC
forward.BIC <- step(fit.0, scope=formula(fit.all),
                    direction="forward",
                    k=log(length(nmc$cvd)),
                    trace=FALSE)
formula(forward.BIC)

## nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness

summary(forward.BIC)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness, family = "binomial")
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6340  -0.3381  -0.1940  -0.0966   3.6228
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -7.771416   0.170954  -45.46  < 2e-16 ***
## nmc$age      0.091980   0.002398   38.35  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale  0.783860   0.053038   14.78  < 2e-16 ***
## nmc$fitness -0.209655   0.029570   -7.09 1.34e-12 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10902  on 33323  degrees of freedom
## AIC: 10910
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

7.3 Both

Infine vediamo le formule della procedura Both con AIC e BIC.

7.3.1 AIC

```r
#Both: AIC
both.AIC <- step(fit.0, scope=formula(fit.all),
                 direction="both",
                 k=2, trace=FALSE)
formula(both.AIC)

## nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness + nmc$smoke + nmc$bmi +
##     nmc$alc

summary(both.AIC)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness + nmc$smoke +
##     nmc$bmi + nmc$alc, family = "binomial")
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5978  -0.3371  -0.1941  -0.0950   3.6471
##
## Coefficients:
##                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)     -7.462934   0.209921 -35.551  < 2e-16 ***
## nmc$age          0.092640   0.002442  37.930  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale      0.799887   0.054643  14.638  < 2e-16 ***
## nmc$fitness     -0.183877   0.030378  -6.053 1.42e-09 ***
## nmc$smokeFormer -0.332592   0.111097  -2.994 0.002756 **
## nmc$smokeNO     -0.374525   0.106476  -3.517 0.000436 ***
## nmc$bmi          0.235857   0.096958   2.433 0.014992 *
## nmc$alc         -0.056553   0.035625  -1.587 0.112413
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10883  on 33319  degrees of freedom
## AIC: 10899
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

7.3.2 BIC

```r
#Bot: BIC
both.BIC <- step(fit.0, scope=formula(fit.all),
                 direction="both",
                 k=log(length(nmc$cvd)),
                 trace=FALSE)
formula(both.BIC)

## nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness

summary(both.BIC)

##
## Call:
## glm(formula = nmc$cvd ~ nmc$age + nmc$sex + nmc$fitness, family = "binomial")
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6340  -0.3381  -0.1940  -0.0966   3.6228
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -7.771416   0.170954  -45.46  < 2e-16 ***
## nmc$age      0.091980   0.002398   38.35  < 2e-16 ***
## nmc$sexMale  0.783860   0.053038   14.78  < 2e-16 ***
## nmc$fitness -0.209655   0.029570   -7.09 1.34e-12 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 13400  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 10902  on 33323  degrees of freedom
## AIC: 10910
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

7.4 Commento

Le formule ottenute dalle tre procedure sono:

- Le procedure FORWARD, BACKWARD e BOTH AIC:
  CVD $\sim$ Age + Sex + Fitness + Smoke + BMI + Alchol
- Le procedure FORWARD, BACKWARD e BOTH BIC:
  CVD $\sim$ Age + Sex + Fitness

In questo caso, basandomi sulle procedure AIC e BIC, seleziono il risultato dalla procedura AIC ed elimino, secondo il *p-value*, la variabile non significativa Alchol, ottenendo un modello che si pone in mezzo alle procedure AIC e BIC.

Il modello risultate da questa analisi risulta essere quello analizzato nel capitolo delle regressioni logistiche multiple.

Modello: CVD $\sim$ Sex + Age + Fitness + Smoke + BMI.

8 Test sul Modello

Verifichiamo adesso come il modello tende a calcolare la probabilità per un campione di individui.

8.1 Age

Calcoliamo la probabilità di un ragazzo di 26 anni e di Uomo di 42 anni, entrambi fumatori (Smoke:Current), con BMI pari a 25(BMI 0) che stanno male (Fitness 2).

```
#Dato ragazzo
#Intercetta: 1, SexMale: 1, Age: 26, BMI: 0, Fitness: 2,
#Smoke:Former: 0, Smoke:NO: 0
t.age.boy <- c(1, 1, 26, 0, 2, 0, 0)

#Dato Uomo
#Intercetta: 1, SexMale: 1, Age: 42, BMI: 0, Fitness: 2,
#Smoke:Former: 0, Smoke:NO: 0
t.age.man <- c(1, 1, 42, 0, 2, 0, 0)
```

```
#Stima per il ragazzo
stima.age.boy <- exp(coef(fit)%*%t.age.boy)/
                   (1+exp(coef(fit)%*%t.age.boy))
stima.age.boy

##              [,1]
## [1,] 0.008300869

#Stima per l'uomo
stima.age.man <- exp(coef(fit)%*%t.age.man)/
                       (1+exp(coef(fit)%*%t.age.man))
stima.age.man

##             [,1]
## [1,] 0.03573426
```

- Probabilità per il ragazzo: $\hat{\pi} = 0.008$
- Probabilità per l'uomo: $\hat{\pi} = 0.036$

8.2 Sex

Calcoliamo la probabilità di una Donna e di un Uomo di 55 anni, ex-fumatori (Smoke:Former 1), con BMI pari a 32(BMI 1) che godono di ottima salute(Fitness 5).

```r
#Dato Uomo
#Intercetta: 1, sexMale: 1, Age: 55, BMI: 1, Fitness: 5,
#Smoke:Former: 1, Smoke:NO: 0
t.sex.man <- c(1, 1, 55, 1, 5, 1, 0)

#Dato Donna
#Intercetta: 1, sexMale: 0, Age: 55, BMI: 1, Fitness: 5,
#Smoke:Former: 1, Smoke:NO: 0
t.sex.woman <- c(1, 0, 55, 1, 5, 1, 0)
```

```r
#Stima per l'uomo
stima.sex.man <- exp(coef(fit)%*%t.sex.man)/
                  (1+exp(coef(fit)%*%t.sex.man))
stima.sex.man

##           [,1]
## [1,] 0.0608401

#Stima per la donna
stima.sex.woman <- exp(coef(fit)%*%t.sex.woman)/
                       (1+exp(coef(fit)%*%t.sex.woman))
stima.sex.woman

##            [,1]
## [1,] 0.02866058
```

- Probabilità per l'uomo: $\hat{\pi} = 0.061$
- Probabilità per la donna: $\hat{\pi} = 0.029$

8.3 Smoke

Calcoliamo la probabilità di una Donna di 36 anni, fumatrice, ex-fumatrice e non fumatrice, con BMI pari a 25(BMI 0) che è in buona salute (Fitness 4).

```r
#Dato SmokeCurrent
#Intercetta: 1, Sex:0, Age: 36, BMI: 0, Fitness: 4,
#Smoke:Former: 0, Smoke:NO: 0
t.smoke.current <- c(1, 0, 36, 0, 4, 0, 0)

#Dato SmokeCurrent
#Intercetta: 1, Sex:0, Age: 36, BMI: 0, Fitness: 4,
#Smoke:Former: 1, Smoke:NO: 0
t.smoke.former <- c(1, 0, 36, 0, 4, 1, 0)
```

```r
#Dato SmokeNO
#Intercetta: 1, Sex:0, Age: 36, BMI: 0, Fitness: 4,
#Smoke:Former: 0, Smoke:NO: 1
t.smoke.no <- c(1, 0, 36, 0, 4, 0, 1)
```

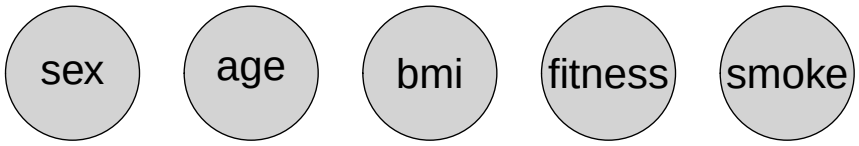
```r
#Stima SmokeCurrent
stima.smoke.current <- exp(coef(fit)%*%t.smoke.current)/
                           (1+exp(coef(fit)%*%t.smoke.current))
stima.smoke.current

##              [,1]
## [1,] 0.006613369

#Stima SmokeFormer
stima.smoke.former <- exp(coef(fit)%*%t.smoke.former)/
                           (1+exp(coef(fit)%*%t.smoke.former))
stima.smoke.former

##              [,1]
## [1,] 0.004754465

#Stima SmokeNO
stima.smoke.no <- exp(coef(fit)%*%t.smoke.no)/
                      (1+exp(coef(fit)%*%t.smoke.no))
stima.smoke.no

##              [,1]
## [1,] 0.004660303
```

- Probabilità per Fumatrice: $\hat{\pi} = 0.007$
- Probabilità per EX-Fumatrice: $\hat{\pi} = 0.005$
- Probabilità per Non Fumatrice: $\hat{\pi} = 0.005$

9 Visualizzazione del modello

Visualizziamo il grafo associato al modello scelto, che risulterà essere quello completamente indipendete.

```
#Modello scelto
m.fit <- dmod(~sex+age+bmi+fitness+smoke, data=nmc)
m.fit

## Model: A dModel with 5 variables
##  -2logL    :      466894.73 mdim :   82 aic :    467058.73
##  ideviance :           0.00 idf  :    0 bic :    467748.69
##  deviance  :       11626.84 df   : 4417

plot(m.fit)
```



10 Modelli Grafi

10.1 Tabella Frequenze

```
#Tabella
ftable(sex+bmi+pa ~ smoke+alc+fitness, nmc)
```

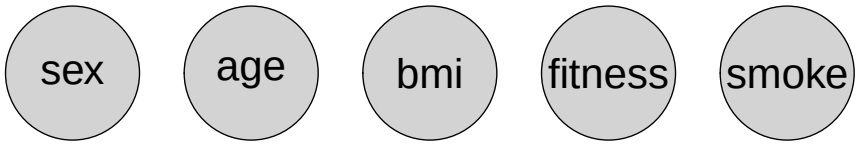
```
##                     sex Female                Male
##                     bmi      0         1        0         1
##                     pa       0    1    0    1    0    1    0    1
## smoke   alc fitness
## Current 1   1               4    1    1    0    2    1    0    1
##             2              11    6    6    0    3    2    2    0
##             3              31    1    3    0    8    2    1    0
##             4               6    1    0    0    3    0    0    0
##             5               5    0    0    0    4    0    0    0
##         2   1              26    8   12    3    6    3    4    2
##             2             166   44   25    9   26    6    2    1
##             3             449   37   21    1   94   10    5    1
##             4             193    4    8    1   52    1    1    0
##             5              55    0    2    0   18    1    0    0
##         3   1              11    8    6    2   10    6    2    1
##             2              74   21   16    3   49   15    2    2
##             3             287   32   14    3  156   24   11    0
##             4             200    8    5    0  129    4    3    0
##             5              49    0    2    0   32    0    0    0
##         4   1               0    0    0    2    0    2    0    0
##             2               4    1    0    0    5    0    1    0
##             3              12    3    1    0   17    0    1    0
##             4               9    1    1    0    7    0    1    0
##             5               8    0    0    0    6    1    0    0
## Former  1   1               2    4    6    3    2    2    0    1
##             2              16    5   10    2    7    4    0    2
##             3              83   14   17    1   42    1    6    0
##             4              63    0    8    0   32    5    3    0
##             5              35    0    0    0   15    0    0    0
##         2   1              35   18   17   12    9    8    8    4
##             2             185   41   70   12   39   16   12    3
##             3            1005   70  124    8  279   40   27    5
##             4             799   24   33    0  348   14   16    0
##             5             290    1    3    1  140    0    4    1
##         3   1              11    7    9    8    9    5    6    5
##             2             132   26   27    8   94   34   30   14
##             3             846   81   57    6  563   57   47   11
##             4             829   15   22    2  740   24   34    2
```

```
##              5              281    2    3    0  308    2    6    0
##         4    1                3    0    0    0    2    1    0    0
##              2                4    0    0    0    3    2    0    0
##              3               39    2    3    0   45    7    6    2
##              4               28    2    1    0   60    2    5    0
##              5               14    0    0    0   24    0    0    0
## NO      1    1               30   13   21   10   10    3    1    1
##              2              209   38   49   10   68   22   10    1
##              3             1024   83  111    9  272   30   15    1
##              4              704   19   44    0  386   21    6    1
##              5              255    1    9    0  194    4    2    0
##         2    1               81   28   38   13   29    8    9    6
##              2              624  132  139   20  192   55   26   14
##              3             3169  258  246   18  805   92   48    4
##              4             2549   49   80    3 1059   36   19    1
##              5              876    6   21    0  628   12    3    1
##         3    1               24    9   14    4   21   10    7    3
##              2              212   42   41    9  124   48   23    5
##              3             1288  109   82   11  715  101   40    9
##              4             1326   29   36    2 1093   35   29    0
##              5              441    4    4    0  577    6    6    0
##         4    1                3    0    0    0    3    2    0    0
##              2                1    2    2    0    9    5    4    0
##              3               35    5    2    0   45    5    5    0
##              4               48    0    1    0   53    6    4    0
##              5               14    0    0    0   47    0    1    0
```

```
#Dataset per grafi
nmc.nocvd <- nmc[c(1:3, 5:8)]
nmc.cvd0 <- nmc[(nmc$cvd==0),c(1:3, 5:8)]
nmc.cvd1 <- nmc[(nmc$cvd==1),c(1:3, 5:8)]
```

10.2 Grafi

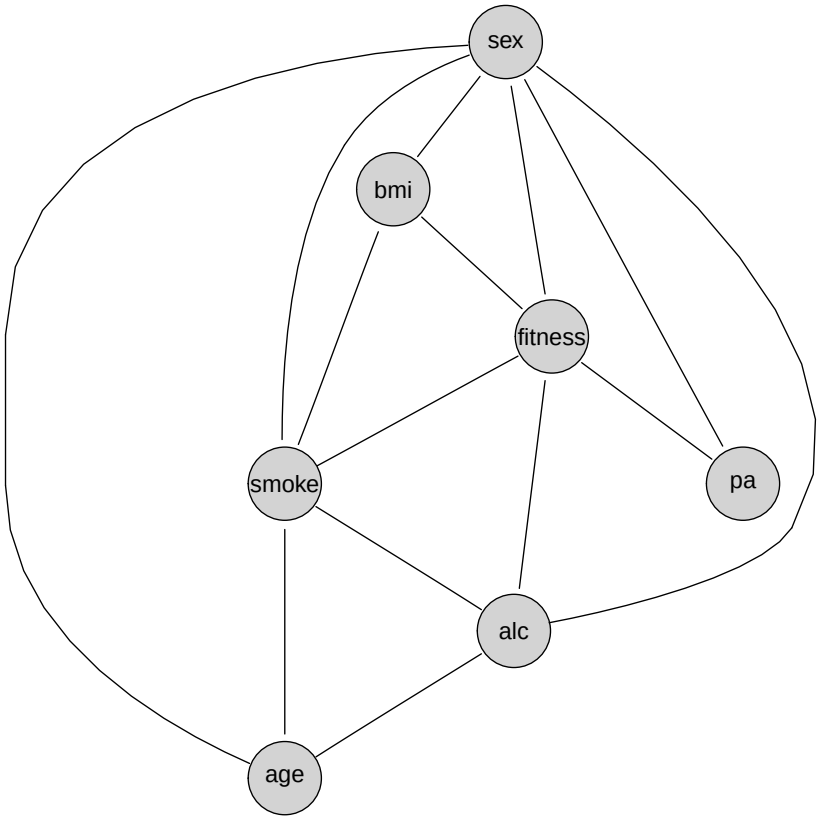
```
#Modello scelto
m.fit <- dmod(~sex+age+bmi+fitness+smoke, data=nmc, fit=TRUE)
m.fit

## Model: A dModel with 5 variables
##  -2logL    :      466894.73 mdim :   82 aic :    467058.73
##  ideviance :           0.00 idf  :    0 bic :    467748.69
##  deviance  :       11626.84 df   : 4417

plot(m.fit)
```



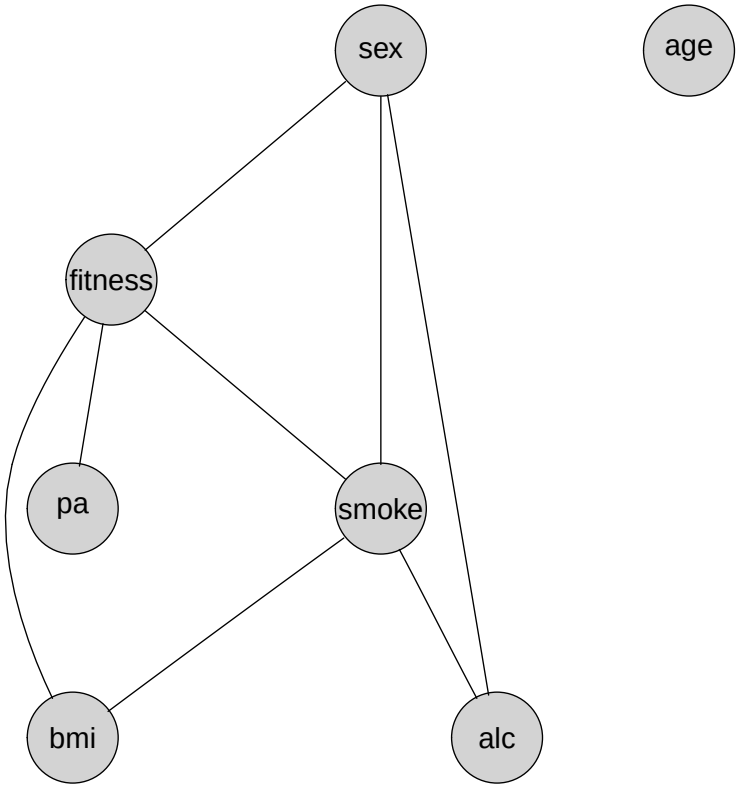

```
#Formula modello saturo
sat.nmc.cvd0 <- dmod(~.^., data=nmc.cvd0)
sat.nmc.cvd1 <- dmod(~.^., data=nmc.cvd1)
```

```
#Formula modello indipendenza completa
ind.nmc.cvd0 <- dmod(~.^1, data=nmc.cvd0)
ind.nmc.cvd1 <- dmod(~.^1, data=nmc.cvd1)
```

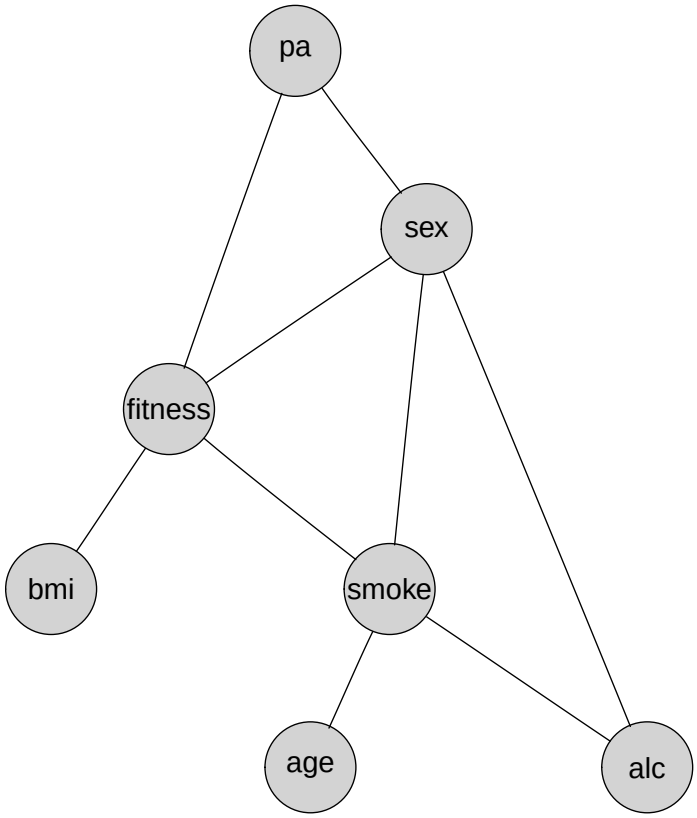
```
#AIC
m.sat.cvd0 <- stepwise(sat.nmc.cvd0)
plot(m.sat.cvd0)
```



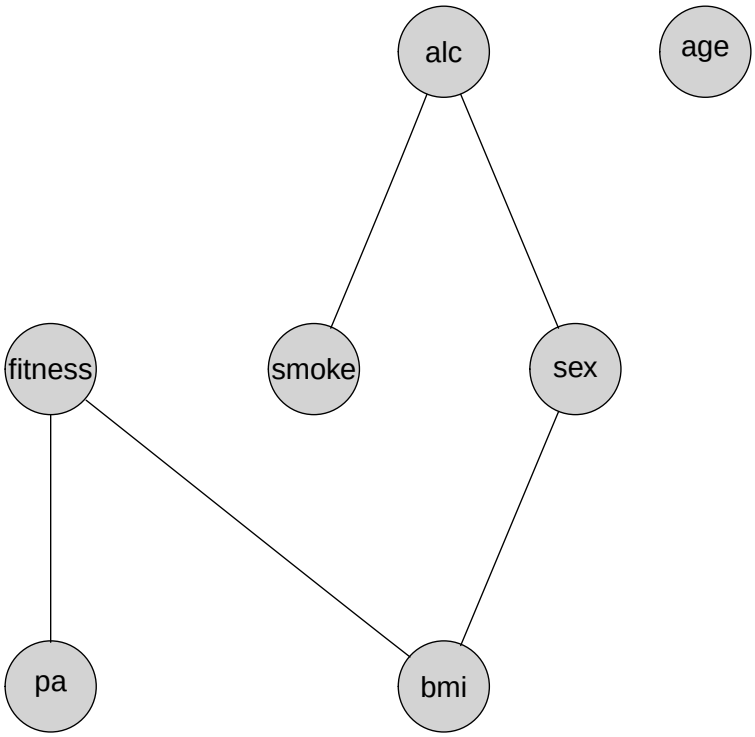

```
#AIC
m.sat.cvd1 <- stepwise(sat.nmc.cvd1)
plot(m.sat.cvd1)
```




```
#BIC
m.ind.cvd0 <- stepwise(ind.nmc.cvd0, k=log(length(nmc$cvd)),
                       direction="forward")
plot(m.ind.cvd0)
```




```
#BIC
m.ind.cvd1 <- stepwise(ind.nmc.cvd1, k=log(length(nmc$cvd)),
                       direction="forward")
plot(m.ind.cvd1)
```



11 Conclusioni

In conclusione, il modello scelto che più si adatta meglio al problema per il calcolo della probabilità di un problema cardiovascolare è:
Modello: CVD $\sim$ Sex + Age + BMI + Fitness + Smoke.

All'interno del modello sono presenti unicamente variabili significative e indipendenti.

I fattori che aumentano la probabilità di CVD sono:

- L'aumento dell'età, con maggior evidenza superati i 40 anni.
- Essere maschio.
- Essere un fumatore.
- Avere un alto indice di massa corporea.

I fattori che non influenzano la CVD sono:

- Il consumo di alchol.
- La tipologia di attività fisica.

E' stato scelto questo modello a differenza di altri modelli (come il modello con interazioni) perchè rappresenta al meglio lo studio svolto sulle varie categorie e contemporaneamente risulta essere un modello abbastanza semplice e significativo.