

NMC - Foundations of Statistical Modelling

Lorenzo Baiardi

19 Aprile 2023

Indice

1	Introduzione	4
2	Visualizzazione del Dataset	4
2.1	Variabili	4
2.2	Tabella delle Frequenze	6
3	Regressioni Logistiche Semplici	10
3.1	Age	10
3.2	Sex	13
3.3	BMI	15
3.4	Fitness	17
3.5	PA	21
3.6	Smoke	21
3.7	Alchol	25
3.8	Commento	25
4	Regressioni Logistiche Multiple	26
4.1	Modello Completo	26
4.2	Modello Significativo	27
4.3	Commento	29
5	Interazioni fra le variabili	30
5.1	Smoke e Alchol	30
5.2	Smoke e BMI	31
5.3	Alchol e BMI	32
5.4	Sex e Smoke	33
5.5	Sex e Age	34
5.6	PA e Age	35
5.7	PA e Fitness	36
5.8	Modello con interazioni	37
5.9	Commento	38
6	Selezione dei Modelli	39
6.1	Backward	39
6.1.1	AIC	39
6.1.2	BIC	40
6.2	Forward	41
6.2.1	AIC	41
6.2.2	BIC	42
6.3	Both	43
6.3.1	AIC	43
6.3.2	BIC	44
6.4	Commento	44

7	Grafi non orientati	45
7.1	Backward	45
7.1.1	AIC	45
7.1.2	BIC	46
7.2	Forward	47
7.2.1	AIC	47
7.2.2	BIC	48
7.3	Commento	49
8	Reti Bayesiane	50
8.1	Ordinamento delle Variabili	51
9	Considerazioni sul Modello	54
9.1	Fitness e PA	54
9.2	BMI	57
9.3	Alchol	61
9.4	Smoke	63
9.5	Sex:Male e Sex:Female	64
10	Conclusioni	67

1 Introduzione

In questo elaborato andremo a studiare l'effetto delle attività e delle condizioni di salute di un individuo per la prevenzione di problemi cardiovascolari. Andremo a visualizzare e considerare modelli specifici, differenze che sono presenti tra le diverse categorie 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")
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 25.6 22.9 22.9 22 24.4 ...
## $ 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

Analizziamo le variabili che sono presenti nel Dataset.

- 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. $BMI \geq 30$

- FITNESS: stato di salute dell'individuo.
 1. Much Worse
 2. Little Worse
 3. Just as good
 4. A bit better
 5. Much better
- PA: Attività Fisica.
 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 alcune variabili di tipo categoriale in variabili di tipo ordinale per 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
#Smoke: 1-NO, 2-FORMER, 3-CURRENT
#BMI: 0-<30, 1->=30

c.fit = c('Much Worse', 'Little Worse', 'Just as good',
          'A bit better', 'Much better')
c.alc = c('Never', 'Low', 'Medium', 'High')
c.smoke = c('NO', 'Former', 'Current')

#BMI dicotomizzata
bmi = nmc$bmi
nmc$bmi = as.numeric(nmc$bmi>=30)
```

```

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

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 tabella delle frequenze.

```

#Tabella delle Frequenze del Dataset
ftable(sex+bmi+pa ~ cvd+smoke+alc+fitness, nmc.bn)

##              sex      0              1
##              bmi      0      1      0      1
##              pa      0      1      0      1      0      1      0      1
## cvd smoke alc fitness
## 0   1   1   1
##              26   11   19   10   10   3   1   0
##              203  36  42   10  63  21  10  1
##              974  77 100   8  244  30  12  1
##              657  19  41   0  336  18   5  1
##              237   1   9   0  180   4   2  0
##              79   26  37  13  29   7   9  6
##              600 129 133  18 183  52  23 13
##              3073 254 231  16 755  87  46  4
##              2467  47  78   3  991  34  19  1
##              842   6  20   0  603  12   3  1
##              24   9  14   4  19  10   7  3
##              202  42  38   9 120  47  20  5
##              1254 105  76  11 671  94  36  8
##              1281  29  32   2 1003  33  24  0
##              424   3   2   0  526   6   5  0

```

##		4	1		2	0	0	0	3	2	0	0
##			2		1	2	2	0	8	4	4	0
##			3		30	5	1	0	41	5	4	0
##			4		43	0	1	0	49	5	3	0
##			5		12	0	0	0	42	0	1	0
##	2	1	1		2	4	5	3	2	2	0	1
##			2		16	5	10	2	5	3	0	1
##			3		79	14	17	1	31	1	6	0
##			4		61	0	8	0	27	4	3	0
##			5		34	0	0	0	12	0	0	0
##		2	1		34	17	16	10	9	7	8	4
##			2		180	40	66	12	37	16	12	2
##			3		982	67	122	8	243	37	26	5
##			4		777	23	28	0	302	13	14	0
##			5		282	1	3	1	122	0	4	1
##		3	1		10	5	9	7	8	5	6	3
##			2		128	26	25	8	82	32	27	10
##			3		830	80	56	5	505	53	45	9
##			4		802	14	22	2	668	23	30	2
##			5		276	2	3	0	290	2	4	0
##		4	1		3	0	0	0	2	1	0	0
##			2		4	0	0	0	2	2	0	0
##			3		38	2	3	0	41	6	5	1
##			4		28	2	1	0	54	2	5	0
##			5		12	0	0	0	21	0	0	0
##	3	1	1		4	1	1	0	2	1	0	1
##			2		11	6	6	0	2	2	2	0
##			3		30	1	3	0	5	1	1	0
##			4		6	1	0	0	3	0	0	0
##			5		5	0	0	0	4	0	0	0
##		2	1		25	8	12	3	6	2	4	2
##			2		163	43	25	9	25	4	2	1
##			3		438	36	21	1	84	9	5	1
##			4		188	4	8	1	48	1	1	0
##			5		52	0	2	0	18	0	0	0
##		3	1		9	8	6	2	10	6	2	1
##			2		72	20	16	3	46	15	1	2
##			3		279	30	14	3	139	24	11	0
##			4		198	8	5	0	115	4	3	0
##			5		48	0	2	0	28	0	0	0
##		4	1		0	0	0	1	0	2	0	0
##			2		4	1	0	0	5	0	1	0
##			3		11	3	1	0	13	0	1	0
##			4		9	1	1	0	4	0	1	0
##			5		7	0	0	0	5	1	0	0

##	1	1	1	1	4	2	2	0	0	0	0	1
##				2	6	2	7	0	5	1	0	0
##				3	50	6	11	1	28	0	3	0
##				4	47	0	3	0	50	3	1	0
##				5	18	0	0	0	14	0	0	0
##			2	1	2	2	1	0	0	1	0	0
##				2	24	3	6	2	9	3	3	1
##				3	96	4	15	2	50	5	2	0
##				4	82	2	2	0	68	2	0	0
##				5	34	0	1	0	25	0	0	0
##			3	1	0	0	0	0	2	0	0	0
##				2	10	0	3	0	4	1	3	0
##				3	34	4	6	0	44	7	4	1
##				4	45	0	4	0	90	2	5	0
##				5	17	1	2	0	51	0	1	0
##			4	1	1	0	0	0	0	0	0	0
##				2	0	0	0	0	1	1	0	0
##				3	5	0	1	0	4	0	1	0
##				4	5	0	0	0	4	1	1	0
##				5	2	0	0	0	5	0	0	0
##	2		1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
##				2	0	0	0	0	2	1	0	1
##				3	4	0	0	0	11	0	0	0
##				4	2	0	0	0	5	1	0	0
##				5	1	0	0	0	3	0	0	0
##			2	1	1	1	1	2	0	1	0	0
##				2	5	1	4	0	2	0	0	1
##				3	23	3	2	0	36	3	1	0
##				4	22	1	5	0	46	1	2	0
##				5	8	0	0	0	18	0	0	0
##			3	1	1	2	0	1	1	0	0	2
##				2	4	0	2	0	12	2	3	4
##				3	16	1	1	1	58	4	2	2
##				4	27	1	0	0	72	1	4	0
##				5	5	0	0	0	18	0	2	0
##			4	1	0	0	0	0	0	0	0	0
##				2	0	0	0	0	1	0	0	0
##				3	1	0	0	0	4	1	1	1
##				4	0	0	0	0	6	0	0	0
##				5	2	0	0	0	3	0	0	0
##	3		1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
##				2	0	0	0	0	1	0	0	0
##				3	1	0	0	0	3	1	0	0
##				4	0	0	0	0	0	0	0	0
##				5	0	0	0	0	0	0	0	0

##	2	1		1	0	0	0	0	1	0	0
##		2		3	1	0	0	1	2	0	0
##		3		11	1	0	0	10	1	0	0
##		4		5	0	0	0	4	0	0	0
##		5		3	0	0	0	0	1	0	0
##	3	1		2	0	0	0	0	0	0	0
##		2		2	1	0	0	3	0	1	0
##		3		8	2	0	0	17	0	0	0
##		4		2	0	0	0	14	0	0	0
##		5		1	0	0	0	4	0	0	0
##	4	1		0	0	0	1	0	0	0	0
##		2		0	0	0	0	0	0	0	0
##		3		1	0	0	0	4	0	0	0
##		4		0	0	0	0	3	0	0	0
##		5		1	0	0	0	1	0	0	0

3 Regressioni Logistiche Semplici

Dato che stiamo analizzando un problema che presenta come variabile di risposta una variabile 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

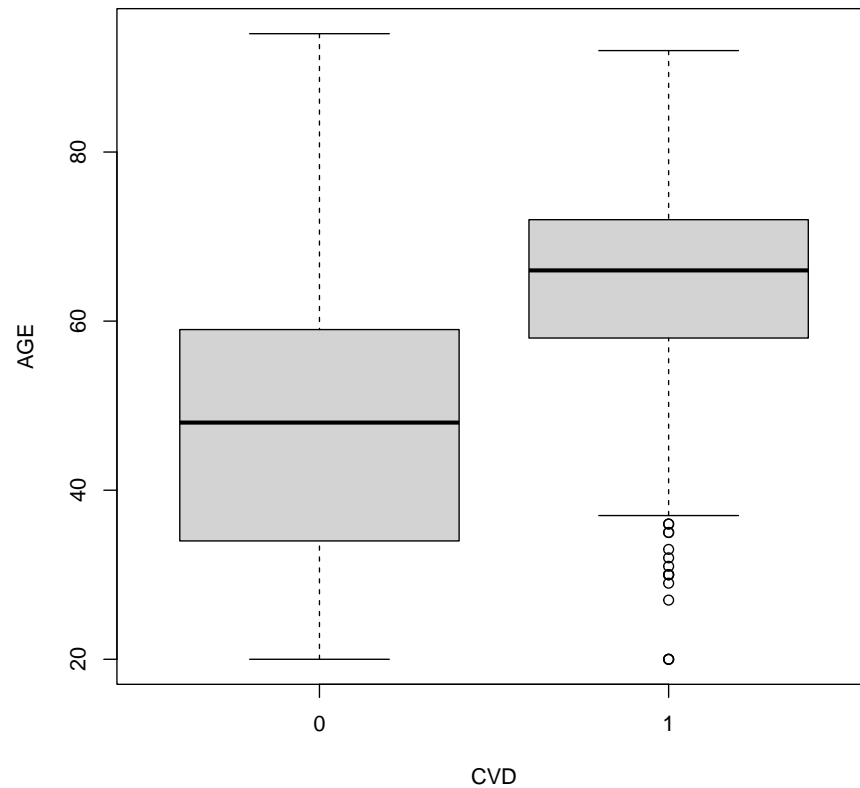
```
#Age
fit.age <- glm(cvd~age, family=binomial, data=nmc)
summary(fit.age)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ age, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## 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: $AGE \sim 0.092$.
- 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.

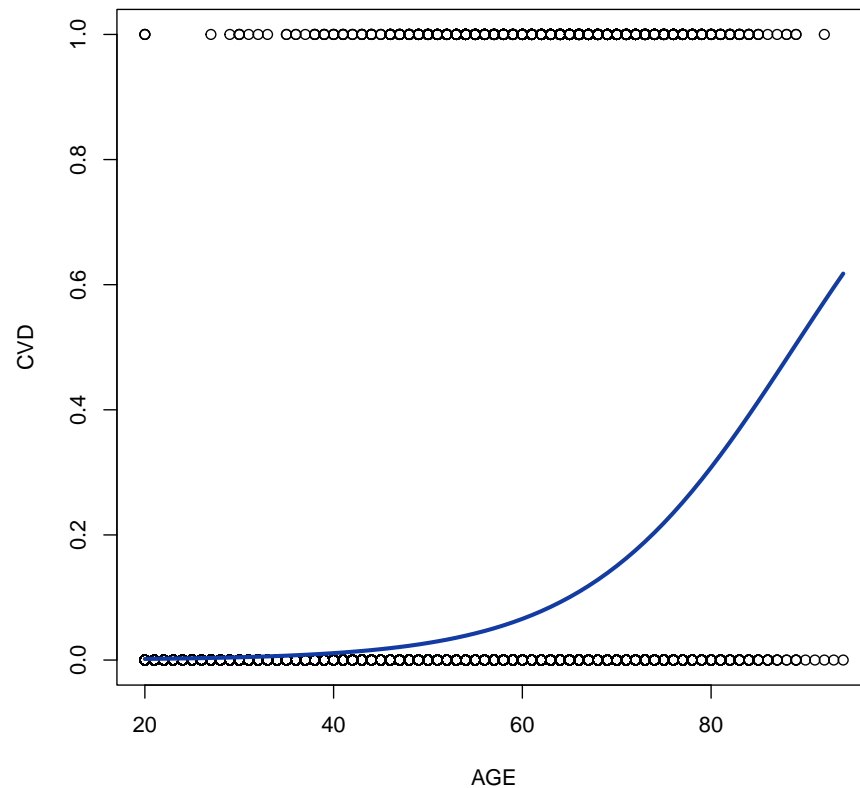
```
#Boxplot  
boxplot(age~cvd, xlab="CVD", ylab="AGE", data=nmc)
```



- 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: $CVD \sim AGE$.

```
#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)],lwd=3,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 visualizzato 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(cvd~sex, family=binomial, data=nmc)
summary(fit.sex)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## 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: $\text{SEX:MALE} \sim 0.910$.
- 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
male = (nmc$sex=="Male")
fit.sex.male <- glm(cvd[male]~age[male], family=binomial, data=nmc)
pstima.sex.male <- fit.sex.male$fitted.values

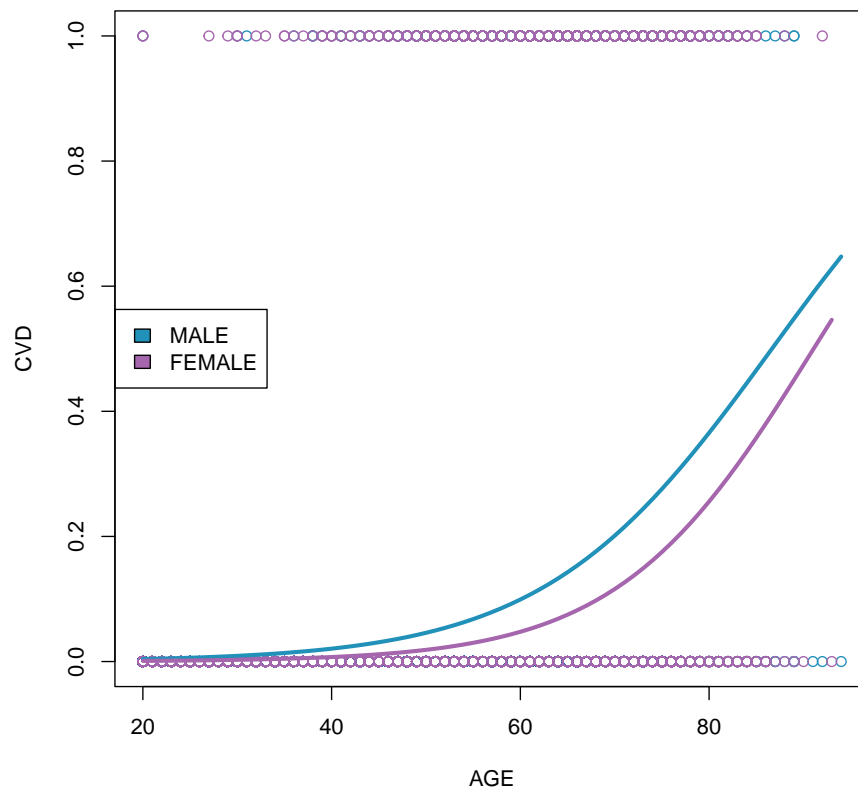
#Modello per Femmina
```

```

female = (nmc$sex=="Female")
fit.sex.female <- glm(cvd[female]~age[female], family=binomial, data=nmc)
pstim.sex.female <- fit.sex.female$fitted.values

#Plot
plot(nmc$age[male],nmc$cvd[male],xlab="AGE",ylab="CVD",col=azure)
points(nmc$age[female], nmc$cvd[female],col=pink)
lines(nmc$age[male],pstim.sex.male,lwd=3,col=azure)
lines(nmc$age[female],pstim.sex.female,lwd=3,col=pink)
legend(x="left",legend=c("MALE","FEMALE"),fill=c(azure,pink))

```



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(cvd~bmi, family=binomial, data=nmc)
summary(fit.bmi)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ bmi, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## 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 \sim 0.249.
- La variabile BMI risulta significativa secondo il *p-value*.

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

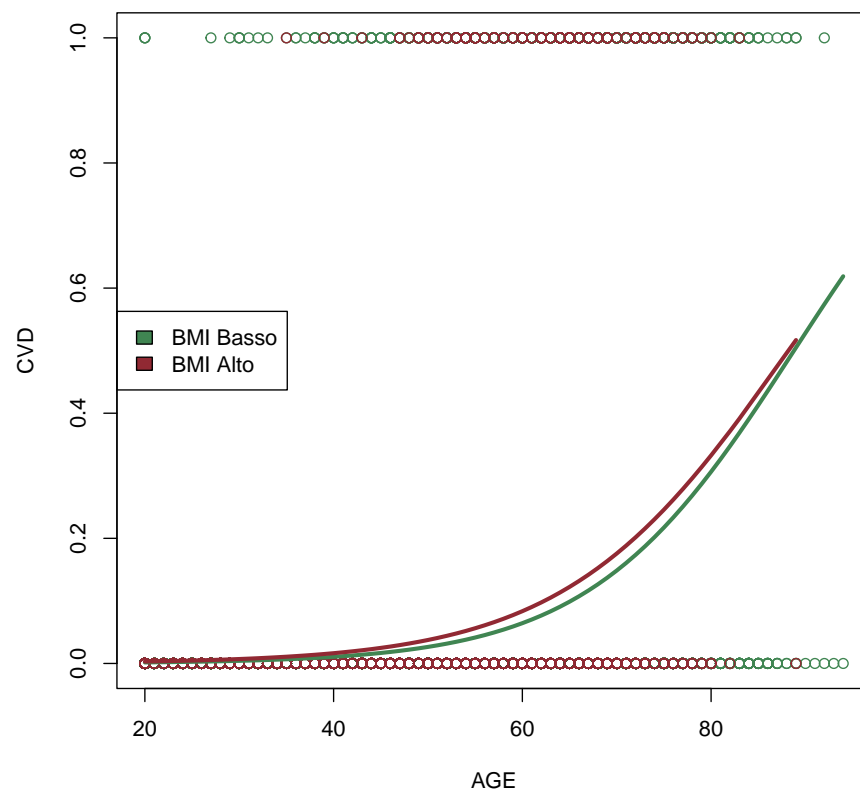
```
#BMI 0
bmi0 = (nmc$bmi==0)
fit.bmi.0 <- glm(cvd[bmi0]~age[bmi0], family=binomial, data=nmc)
pstim.bmi.0 <- fit.bmi.0$fitted.values

#BMI 1
bmi1 = (nmc$bmi==1)
fit.bmi.1 <- glm(cvd[bmi1]~age[bmi1], family=binomial, data=nmc)
pstim.bmi.1 <- fit.bmi.1$fitted.values
```

```

#Plot
plot(nmc$age[bmi0],nmc$cvd[bmi0],xlab="AGE",ylab="CVD",col=green)
points(nmc$age[bmi1],nmc$cvd[bmi1],col=red)
lines(nmc$age[bmi0],pstim.bmi.0,lwd=3,col=green)
lines(nmc$age[bmi1],pstim.bmi.1,lwd=3,col=red)
legend(x="left",legend=c("BMI Basso","BMI Alto"),fill=c(green,red))

```



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: Catoriale
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:JUSTASGOOD e FITNESS:LITTLEWORSE risultano significative.

Visualizziamo il comportamento della variabile FITNESS all'aumentare dell'età.

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

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

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

#Fitness:Abitbetter
f.bb = (fitness=="A bit better")
```

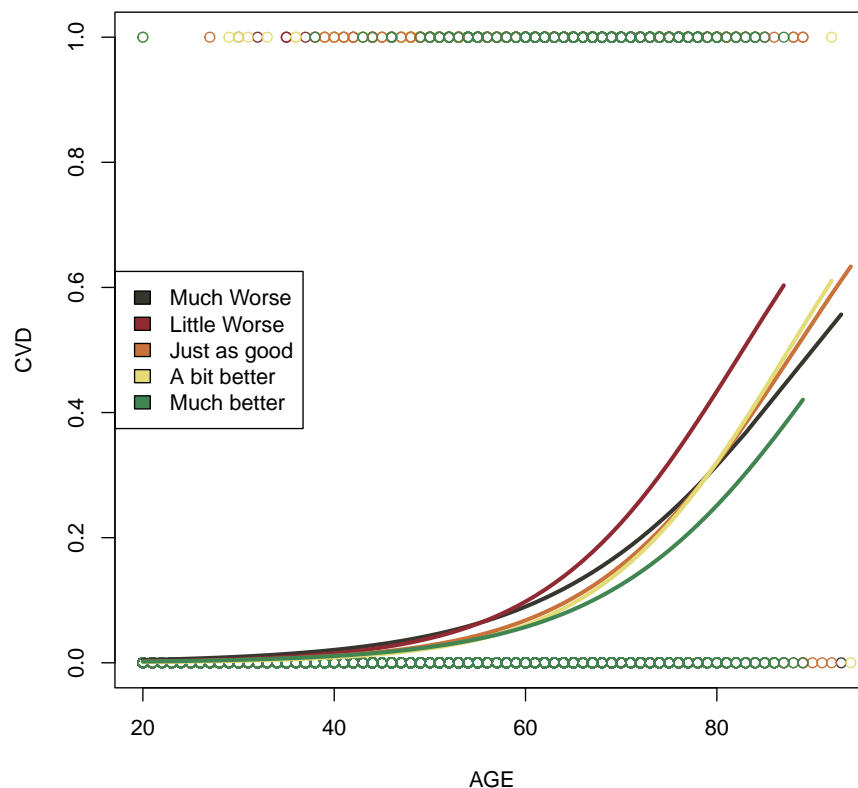
```

fit.fitness.bb <- glm(cvd[f.bb]~age[f.bb],family=binomial,data=nmc)
pstima.fitness.bb <- fit.fitness.bb$fitted.values

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

#Plot
plot(nmc$age[f.mw],nmc$cvd[f.mw],xlab="AGE",ylab="CVD",col=black)
points(nmc$age[f.lw],nmc$cvd[f.lw],col=red)
points(nmc$age[f.jg],nmc$cvd[f.jg],col=yellow)
points(nmc$age[f.bb],nmc$cvd[f.bb],col=orange)
points(nmc$age[f.mb],nmc$cvd[f.mb],col=green)
lines(nmc$age[f.mw],pstima.fitness.mw,lwd=3,col=black)
lines(nmc$age[f.lw],pstima.fitness.lw,lwd=3,col=red)
lines(nmc$age[f.jg],pstima.fitness.jg,lwd=3,col=orange)
lines(nmc$age[f.bb],pstima.fitness.bb,lwd=3,col=yellow)
lines(nmc$age[f.mb],pstima.fitness.mb,lwd=3,col=green)
legend(x="left",legend=c("Much Worse", "Little Worse", "Just as good",
  "A bit better", "Much better"),
  fill=c(black,red,orange,yellow,green))

```



Attraverso il grafico notiamo che la categoria `FITNESS:MUCHBETTER` è quella meno soggetta rispetto a tutte le altre. Viceversa la categoria `FITNESS:LITTLEWORSE` ha più probabilità di incorrere in un problema cardiovascolare. Chi è della categoria `FITNESS:MUCHWORSE` ha meno probabilità rispetto alla categoria `FITNESS:LITTLEWORSE` evidenziando come un problema cardiovascolare non è associato per forza a una pessima condizione di salute. Dobbiamo comunque considerare che la variabile `FITNESS` sia una variabile soggettiva a discrezione dell'individuo e per questo può l'idea di benessere può variare da persona a persona. In conclusione, per il solo modello di regressione logistica semplice, consideriamo la variabile `FITNESS` come significativa.

3.5 PA

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

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ pa, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## 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(cvd~smoke, family=binomial, data=nmc)
summary(fit.smoke)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ smoke, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## smokeFormer  0.24571    0.10465   2.348   0.0189 *
## 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*.

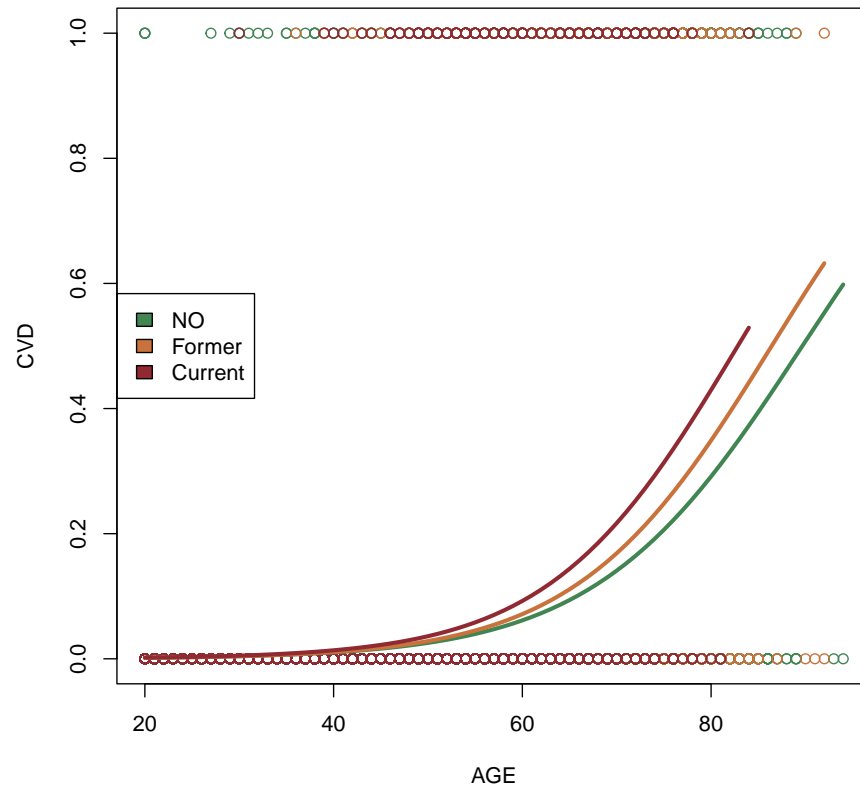
Analizziamo se ci siano delle differenze tra le varie categorie di fumatori con l'avanzare dell'età.

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

#Smoke:Former
s.f = (nmc$smoke=="Former")
fit.smoke.f <- glm(cvd[s.f]~age[s.f], family=binomial, data=nmc)
pstim.smoke.f <- fit.smoke.f$fitted.values

#Smoke:Current
s.c = (nmc$smoke=="Current")
fit.smoke.c <- glm(cvd[s.c]~age[s.c], family=binomial, data=nmc)
pstim.smoke.c <- fit.smoke.c$fitted.values

#Plot
plot(nmc$age[s.no],nmc$cvd[s.no],xlab="AGE",ylab="CVD",col=green)
points(nmc$age[s.f],nmc$cvd[s.f],col=orange)
points(nmc$age[s.c],nmc$cvd[s.c],col=red)
lines(nmc$age[s.no],pstim.smoke.no,lwd=3,col=green)
lines(nmc$age[s.f],pstim.smoke.f,lwd=3,col=orange)
lines(nmc$age[s.c],pstim.smoke.c,lwd=3,col=red)
legend(x="left", legend=c("NO", "Former", "Current"),
      fill=c(green,orange,red))
```



Possiamo notare come 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.

3.7 Alchol

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

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ alc, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## 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.
- Un 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.

4.1 Modello Completo

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

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + pa + smoke +
##     alc, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale      0.799132   0.054689  14.612 < 2e-16 ***
## age          0.092680   0.002446  37.896 < 2e-16 ***
## bmi          0.235120   0.096986   2.424 0.015339 *
## fitness     -0.181741   0.031070  -5.849 4.93e-09 ***
## pa           0.035563   0.108422   0.328 0.742909
## smokeFormer -0.332158   0.111102  -2.990 0.002793 **
## smokeNO     -0.374001   0.106486  -3.512 0.000444 ***
## 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: $\text{CVD} \sim \text{SEX} + \text{AGE} + \text{BMI} + \text{FITNESS} + \text{PA} + \text{SMOKE} + \text{ALCHOL}$

- 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 differiscono 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: $\text{SEX:MALE} \sim 0.799$.
- 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: $\text{FITNESS} \sim -0.182$.

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, Alcohol
fit.npa <- glm(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+alc, data=nmc,
               family=binomial)
summary(fit.npa)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + alc,
##      family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale      0.799887    0.054643  14.638 < 2e-16 ***
## age          0.092640    0.002442  37.930 < 2e-16 ***
## bmi          0.235857    0.096958   2.433 0.014992 *
## fitness     -0.183877    0.030378  -6.053 1.42e-09 ***
## smokeFormer -0.332592    0.111097  -2.994 0.002756 **
## smokeNO     -0.374525    0.106476  -3.517 0.000436 ***
## 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 variabili 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke,data=nmc,family=binomial)
summary(fit)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke, family = binomial,
##      data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale      0.786417    0.053959  14.574 < 2e-16 ***
## age          0.092988    0.002437  38.159 < 2e-16 ***
## bmi          0.240200    0.096914   2.478 0.013194 *
```

```
## fitness      -0.186214    0.030344   -6.137 8.42e-10 ***
## smokeFormer -0.331879    0.111118   -2.987 0.002820 **
## 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: $\text{CVD} \sim \text{SEX} + \text{AGE} + \text{BMI} + \text{FITNES} + \text{SMOKE}$

- 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.

4.3 Commento

- Il modello risulta essere:
 Modello: $\text{CVD} \sim \text{SEX} + \text{AGE} + \text{BMI} + \text{FITNESS} + \text{SMOKE}$
- Come visto nelle regressioni logistiche semplici, le variabili SEX:MALE, AGE e BMI continuano ad influenzare positivamente la comparsa di problemi cardiovascolari.
- Al contrario, le variabili significative FITNESS, SMOKE:FORMER e SMOKE:NO riducono la possibilità di avere un CVD.
- Di conseguenza la categoria SMOKE:CURRENT ha una probabilità maggiore nell'insorgenza di CVD.

5 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.

5.1 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+smoke*alc,
                      family=binomial, data=nmc)
summary(fit.smokealchol)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + smoke *
##      alc, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale         0.800386    0.054612   14.656 < 2e-16 ***
## age            0.092757    0.002449   37.869 < 2e-16 ***
## bmi            0.233538    0.097010    2.407  0.0161 *
## fitness       -0.183944    0.030378   -6.055 1.4e-09 ***
## smokeFormer    0.239303    0.425957    0.562  0.5743
## smokeN0       -0.120962    0.395698   -0.306  0.7598
## alc           0.062892    0.142152    0.442  0.6582
## smokeFormer:alc -0.223037    0.158794   -1.405  0.1602
## smokeN0: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.

5.2 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+smoke*bmi,
                    family=binomial, data=nmc)
summary(fit.smokebmi)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + smoke *
##      bmi, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale         0.789657   0.054027  14.616 < 2e-16 ***
## age            0.092953   0.002438  38.128 < 2e-16 ***
## bmi           -1.495180   0.726032  -2.059 0.039457 *
## fitness       -0.186487   0.030356  -6.143 8.08e-10 ***
## smokeFormer   -0.400699   0.113377  -3.534 0.000409 ***
## smokeNO       -0.438392   0.107190  -4.090 4.32e-05 ***
## bmi:smokeFormer 1.667155   0.744567   2.239 0.025150 *
## bmi: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, influenzando negativamente nella comparsa di CVD.

5.3 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+alc*bmi,
                     family=binomial, data=nmc)
summary(fit.alcholbmi)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + alc *
##      bmi, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale       0.798024   0.054655  14.601  < 2e-16 ***
## age          0.092645   0.002442  37.932  < 2e-16 ***
## bmi          -0.031850   0.282019  -0.113  0.910080
## fitness      -0.184203   0.030379  -6.063  1.33e-09 ***
## smokeFormer -0.332279   0.111100  -2.991  0.002782 **
## smokeNO     -0.374629   0.106482  -3.518  0.000434 ***
## alc          -0.067192   0.037109  -1.811  0.070191 .
## bmi: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.

5.4 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+sex*smoke,
                    family=binomial, data=nmc)
summary(fit.sexsmoke)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + sex *
##      smoke, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale        1.213811   0.200893   6.042 1.52e-09 ***
## age           0.092548   0.002447  37.822  < 2e-16 ***
## bmi           0.237345   0.096938   2.448  0.0143 *
## fitness       -0.182865   0.030381  -6.019 1.75e-09 ***
## smokeFormer   -0.168152   0.173095  -0.971  0.3313
## smokeNO       -0.086983   0.158493  -0.549  0.5831
## sexMale:smokeFormer -0.332887  0.226013  -1.473  0.1408
## sexMale: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.

5.5 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+sex*age,
                 family=binomial, data=nmc)
summary(fit.sexage)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + sex *
##      age, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale      1.686372   0.306886   5.495 3.90e-08 ***
## age          0.100329   0.003529  28.427 < 2e-16 ***
## bmi          0.233344   0.096960   2.407 0.016102 *
## fitness     -0.185576   0.030249  -6.135 8.52e-10 ***
## smokeFormer -0.328928   0.111095  -2.961 0.003069 **
## smokeNO     -0.364822   0.105629  -3.454 0.000553 ***
## sexMale: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.

5.6 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+pa*age,
                    family=binomial, data=nmc)
summary(fit.sexsmoke)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + pa *
##      age, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale      0.785270   0.054030  14.534 < 2e-16 ***
## age          0.093182   0.002543  36.636 < 2e-16 ***
## bmi          0.239306   0.096938   2.469 0.013563 *
## fitness     -0.183966   0.031043  -5.926 3.1e-09 ***
## smokeFormer -0.331027   0.111137  -2.979 0.002896 **
## smokeNO     -0.351321   0.105525  -3.329 0.000871 ***
## pa          0.150329   0.532956   0.282 0.777893
## age: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.

5.7 PA e Fitness

Analizziamo 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+pa*fitness,
                    family=binomial, data=nmc)
summary(fit.sexsmoke)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + pa *
##      fitness, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale       0.78531    0.05400   14.543 < 2e-16 ***
## age           0.09301    0.00244   38.121 < 2e-16 ***
## bmi           0.23582    0.09706    2.430 0.015113 *
## fitness      -0.17257    0.03220   -5.358 8.4e-08 ***
## smokeFormer  -0.33083    0.11115   -2.976 0.002917 **
## smokeNO      -0.34965    0.10557   -3.312 0.000926 ***
## pa            0.44155    0.31777    1.390 0.164666
## fitness: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.

5.8 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(cvd~sex+age+bmi+fitness+smoke+sex*age+smoke*bmi,
              family=binomial, data=nmc)
summary(fit.int)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + sex *
##      age + smoke * bmi, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale         1.684991   0.307149   5.486 4.11e-08 ***
## age             0.100260   0.003532  28.386   < 2e-16 ***
## bmi            -1.494470   0.726361  -2.057 0.039641 *
## fitness        -0.185813   0.030262  -6.140 8.24e-10 ***
## smokeFormer    -0.396574   0.113345  -3.499 0.000467 ***
## smokeNO        -0.450336   0.107284  -4.198 2.70e-05 ***
## sexMale:age    -0.014114   0.004764  -2.963 0.003050 **
## bmi:smokeFormer 1.656064   0.744884   2.223 0.026199 *
## bmi: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
```

5.9 Commento

Nonostante il modello con le due interazioni SMOKE*BMI e SEX*AGE risulti significativo, possiamo vedere 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 (SMOKE*BMI) risultando non veritiero. 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 perché non fornisce alcun contributo decisivo per il nostro problema, andando contro anche alle analisi che fino a qui abbiamo valutato.

6 Selezione dei Modelli

Utilizziamo adesso i metodi Backward, Forward e Both basati sui criteri di penalizzazione AIC e BIC per un'ulteriore 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.

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

6.1 Backward

6.1.1 AIC

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

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

summary(backward.AIC)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + bmi + fitness + smoke + alc,
##      family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale      0.799887   0.054643  14.638  < 2e-16 ***
## age          0.092640   0.002442  37.930  < 2e-16 ***
## bmi          0.235857   0.096958   2.433  0.014992 *
## fitness     -0.183877   0.030378  -6.053  1.42e-09 ***
## smokeFormer -0.332592   0.111097  -2.994  0.002756 **
## smokeNO     -0.374525   0.106476  -3.517  0.000436 ***
## 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
```

6.1.2 BIC

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

## cvd ~ sex + age + fitness

summary(backward.BIC)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ sex + age + fitness, family = binomial, data = nmc)
##
## 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 ***
## sexMale      0.783860   0.053038   14.78 < 2e-16 ***
## age          0.091980   0.002398   38.35 < 2e-16 ***
## 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
```


6.2 Forward

6.2.1 AIC

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

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

summary(forward.AIC)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ age + sex + fitness + smoke + bmi + alc,
##      family = "binomial", data = nmc)
##
## 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 ***
## age          0.092640   0.002442  37.930 < 2e-16 ***
## sexMale      0.799887   0.054643  14.638 < 2e-16 ***
## fitness     -0.183877   0.030378  -6.053 1.42e-09 ***
## smokeFormer -0.332592   0.111097  -2.994 0.002756 **
## smokeNO     -0.374525   0.106476  -3.517 0.000436 ***
## bmi          0.235857   0.096958   2.433 0.014992 *
## 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
```

6.2.2 BIC

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

## cvd ~ age + sex + fitness

summary(forward.BIC)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ age + sex + fitness, family = "binomial",
##      data = nmc)
##
## 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 ***
## age          0.091980   0.002398   38.35 < 2e-16 ***
## sexMale      0.783860   0.053038   14.78 < 2e-16 ***
## 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
```

6.3 Both

6.3.1 AIC

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

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

summary(both.AIC)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ age + sex + fitness + smoke + bmi + alc,
##      family = "binomial", data = nmc)
##
## 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 ***
## age          0.092640   0.002442  37.930 < 2e-16 ***
## sexMale      0.799887   0.054643  14.638 < 2e-16 ***
## fitness     -0.183877   0.030378  -6.053 1.42e-09 ***
## smokeFormer -0.332592   0.111097  -2.994 0.002756 **
## smokeNO     -0.374525   0.106476  -3.517 0.000436 ***
## bmi          0.235857   0.096958   2.433 0.014992 *
## 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
```

6.3.2 BIC

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

## cvd ~ age + sex + fitness

summary(both.BIC)

##
## Call:
## glm(formula = cvd ~ age + sex + fitness, family = "binomial",
##      data = nmc)
##
## 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 ***
## age          0.091980   0.002398   38.35 < 2e-16 ***
## sexMale      0.783860   0.053038   14.78 < 2e-16 ***
## 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
```

6.4 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:
 $CVD \sim AGE + SEX + FITNESS$

7 Grafi non orientati

Analizziamo adesso lo spazio dei modelli da un punto di vista grafico attraverso la visualizzazione di grafi associati al Dataset. Utilizzeremo anche qui procedure di Backward e Forward con metodi di penalizzazione AIC e BIC.

```
#Formula modello saturo e indipendente
sat <- dmod(~.^., data=nmc)
ind <- dmod(~.^1, data=nmc)
```

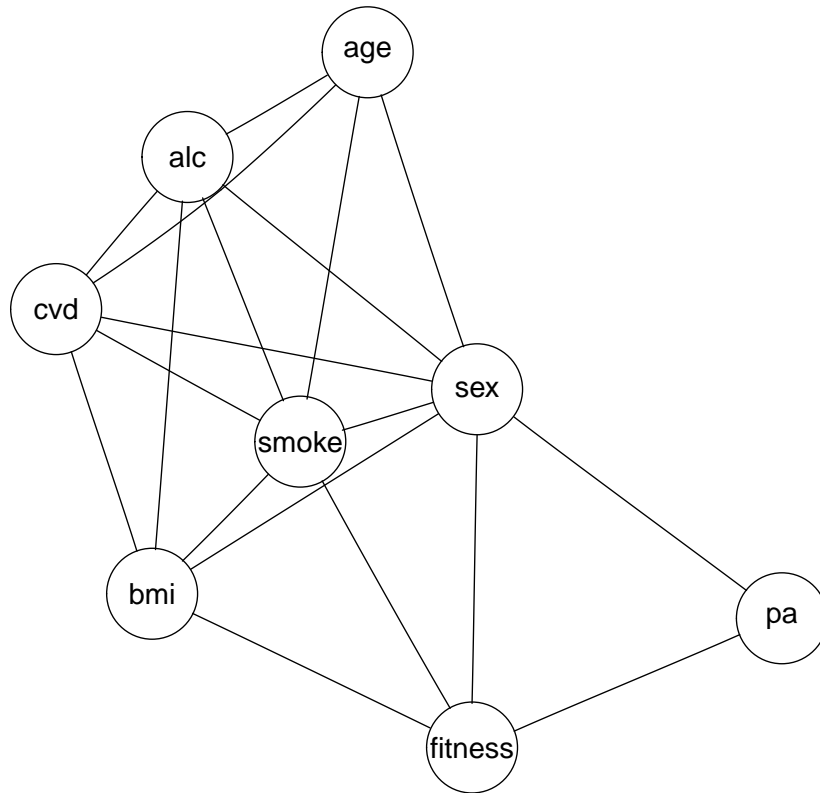
7.1 Backward

7.1.1 AIC

```
#Backward:AIC
m.aic.backward <- stepwise(sat, direction="backward")
m.aic.backward

## Model: A dModel with 8 variables
## -2logL      :      548496.14 mdim : 3705 aic :      555906.14
## ideviance   :      19336.00 idf  : 3618 bic :      587080.46
## deviance    :      16793.15 df   : 68294

plot(as(m.aic.backward, "graphNEL"), "fdp")
```



In questo primo grafo, la variabile di risposta CVD risulta essere direttamente connessa con le variabili BMI, SMOKE, AGE, ALC e SEX mentre risulta indipendente dalle variabili FITNESS e PA condizionatamente alle altre.

7.1.2 BIC

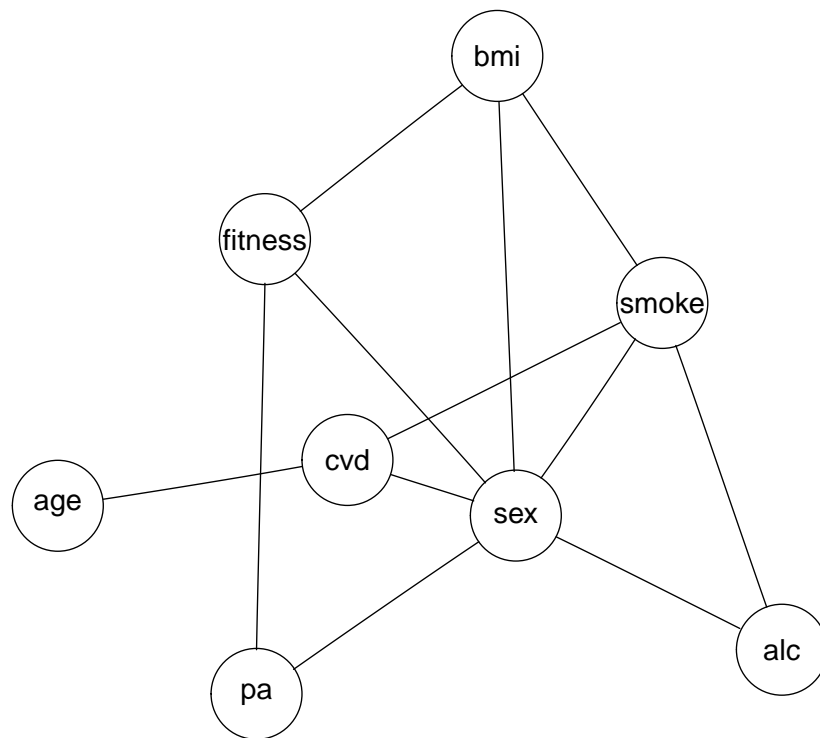
```

#Backward:BIC
m.bic.backward <- stepwise(sat, k=log(length(nmc$cvd)),
  direction="backward")
m.bic.backward

## Model: A dModel with 8 variables
## -2logL      :      557579.16 mdim :   209 aic :      557997.16
## ideviance   :      10252.97 idf  :   122 bic :      559755.72
## deviance    :      25876.18 df   :   71790

```

```
plot(as(m.bic.backward, "graphNEL"), "fdp")
```



Con il criterio BIC invece la variabile CVD rimane direttamente connessa con le variabili SMOKE, SEX e AGE e non direttamente connessa con le altre.

7.2 Forward

7.2.1 AIC

```

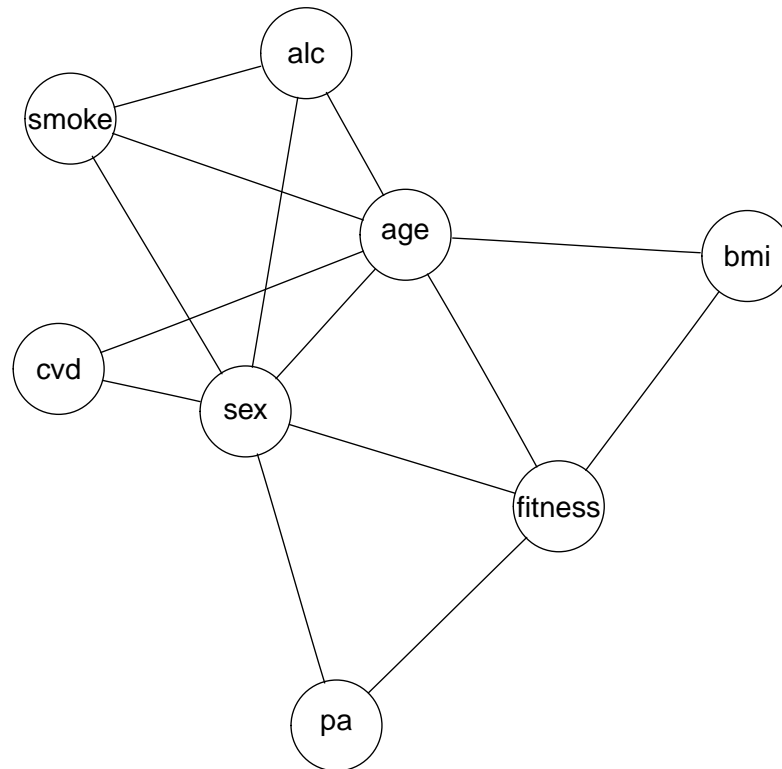
#AIC Forward
m.aic.forward <- stepwise(ind, direction="forward")
m.aic.forward

## Model: A dModel with 8 variables
##  -2logL      :      547503.08 mdim : 2934 aic :      553371.08

```

```
## ideviance :      20329.06 idf : 2847 bic :      578058.12
## deviance :      15800.09 df : 69065

plot(as(m.aic.forward, "graphNEL"), "fdp")
```



Nella procedura Forward con criterio di selezione AIC, la variabile CVD è connessa con le sole variabili SEX e AGE.

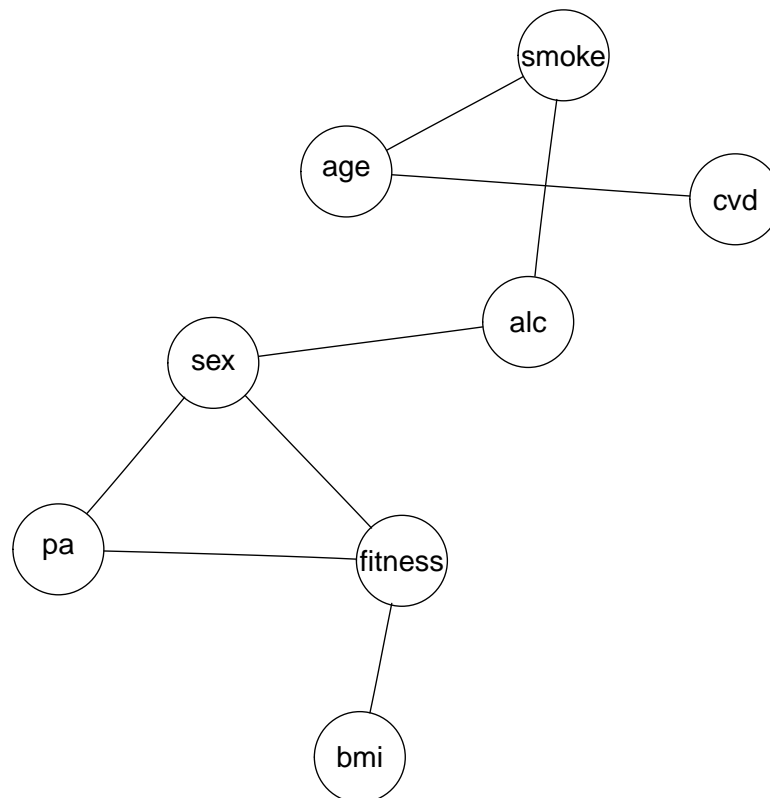
7.2.2 BIC

```
#BIC Forward
m.bic.forward <- stepwise(ind, k=log(length(nmc$cvd)),
                          direction="forward")
m.bic.forward
## Model: A dModel with 8 variables
```



```
## -2logL      :      55553.98 mdim : 335 aic :      556223.98
## ideviance   :      12278.15 idf  : 248 bic :      559042.71
## deviance    :      23851.00 df   : 71664

plot(as(m.bic.forward, "graphNEL"), "fdp")
```



Con il criterio di selezione BIC, la variabile CVD è direttamente connessa solo con la variabile AGE.

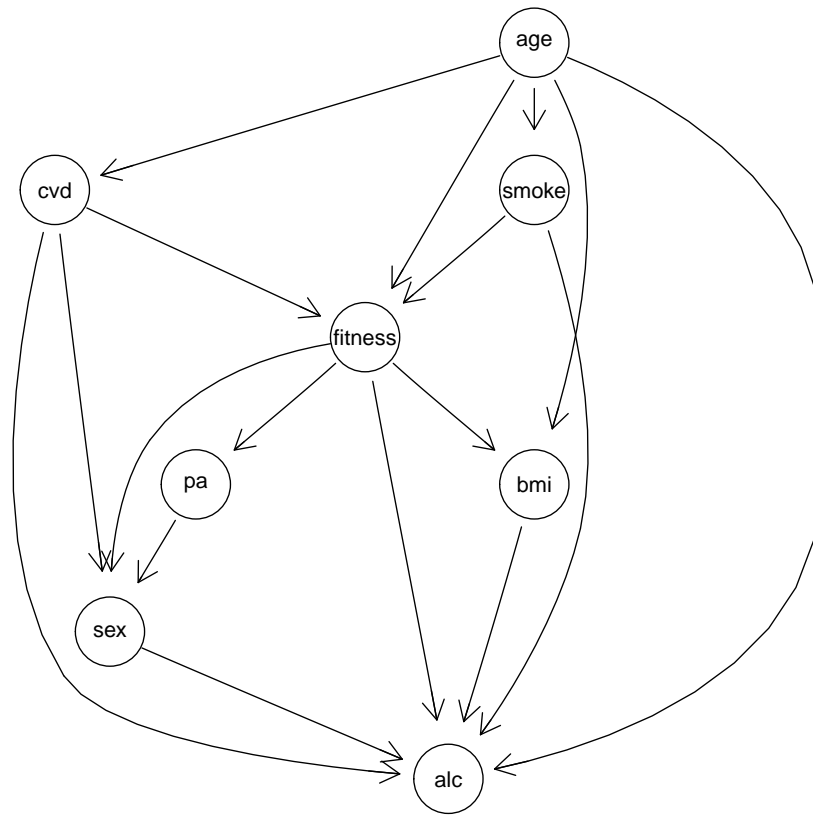
7.3 Commento

- In tutte le procedure, la variabile di risposta CVD risulta sempre direttamente connessa con la variabile AGE e in modo molto forte con la variabile SEX.
- In tutte le procedure, le variabili PA e FITNESS risultano non direttamente connesse e alla variabile CVD.

8 Reti Bayesiane

Visualizziamo una prima rete bayesiana risultante dalla funzione `hc`.

```
#Rete Bayesiana  
bn <- hc(nmc.bn)  
plot(as(amat(bn), "graphNEL"))
```



La rete mostra degli archi non realistici, per esempio abbiamo che le variabili FITNESS e PA (Attività Fisica) influenzano in qualche modo la determinazione del SEX dell'individuo. Per risolvere questo problema dobbiamo generare una gerarchia tra le variabili, tramite un loro ordinamento, in modo tale da non avere incoerenze tra i vari archi. Nonostante ciò, è importante osservare come all'interno di questa rete è presente comunque una relazione tra le variabili FITNESS, SMOKE e ALCHOL.

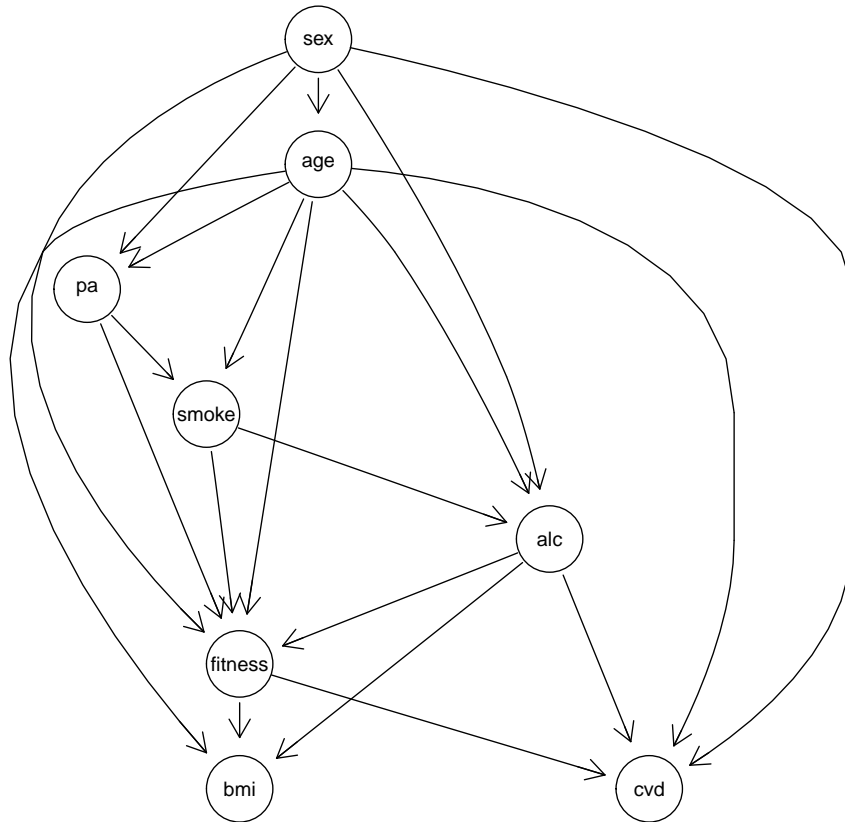
8.1 Ordinamento delle Variabili

L'ordinamento che andrò ad utilizzare sarà:

1. Variabili di background: SEX, AGE
2. Attività che influenzano il CVD: ALCHOL, SMOKE, PA
3. Condizione fisica del paziente: BMI, FITNESS
4. Variabile di risposta: CVD

```
#Ordinamento delle variabili  
#1-SEX, 1-AGE, 3-BMI, 4-CVD, 3-FITNESS, 2-PA, 2-SMOKE, 2-ALC  
#Generazione matrice di adiacenza  
block<-c(1, 1, 3, 4, 3, 2, 2, 2)  
blnmc.bn <- matrix(0, nrow=8, ncol=8)  
rownames(blnmc.bn) <- colnames(blnmc.bn) <- names(nmc.bn)  
for (b in 2:4) blnmc.bn[block==b, block<b] <- 1  
blackL <- data.frame(get.edgelist(as(blnmc.bn, "igraph")))  
names(blackL) <- c("from", "to")
```

```
#Rete Bayesiana gerarchica  
bn.o <- hc(nmc.bn, blacklist=blackL)  
plot(as(amat(bn.o), "graphNEL"))
```



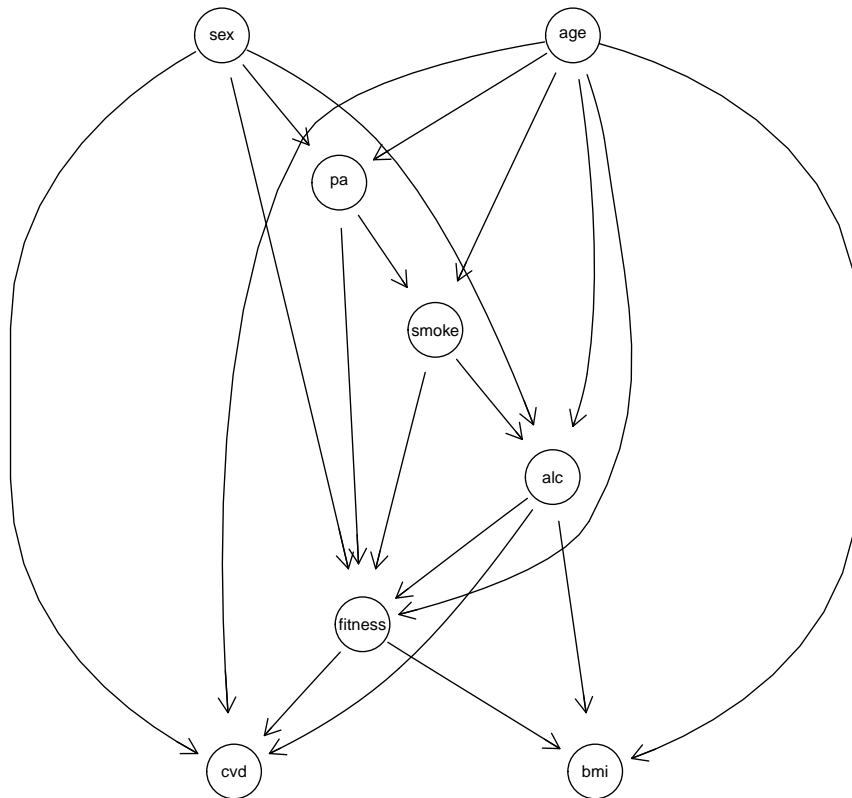
Anche in questo caso la rete con gerarchia mostra un'incongruenza, cioè la relazione diretta della variabile SEX sulla variabile AGE, come se il sesso dell'individuo possa essere influenzato dalla sua età. Per questo motivo, rimuoviamo quest'arco e rieseguiamo la funzione hc.

```

#Rimozione arco tra SEX e AGE
block<-c(1, 1, 3, 4, 3, 2, 2, 2)
blnmc.bn <- matrix(0, nrow=8, ncol=8)
rownames(blnmc.bn) <- colnames(blnmc.bn) <- names(nmc.bn)
for (b in 2:4) blnmc.bn[block==b, block<b] <- 1
#Vincolo tra Sex e Age
blnmc.bn[1,2] = 1
blnmc.bn[2,1] = 1
blackL <- data.frame(get.edgelist(as(blnmc.bn, "igraph")))
names(blackL) <- c("from", "to")

```

```
#Bayesian Network
m.bn <- hc(nmc.bn, blacklist=blackL)
plot(as(amat(m.bn), "graphNEL"))
```



In questa ultima rete notiamo come è ancora presente le relazioni dirette delle variabili AGE, SEX, FITNESS e ALCHOL sulla variabile di risposta CVD. Viceversa la CVD sembra non dipendere direttamente dalle variabili SMOKE, PA e BMI, ma per esempio la FITNESS è direttamente connessa con le variabili PA, SMOKE e ALCHOL.

9 Considerazioni sul Modello

Date le reti e le analisi fatte precedentemente, effettuiamo adesso qualche considerazione su un possibile modello per la valutazione delle cause nella comparsa di una malattia cardiovascolare.

9.1 Fitness e PA

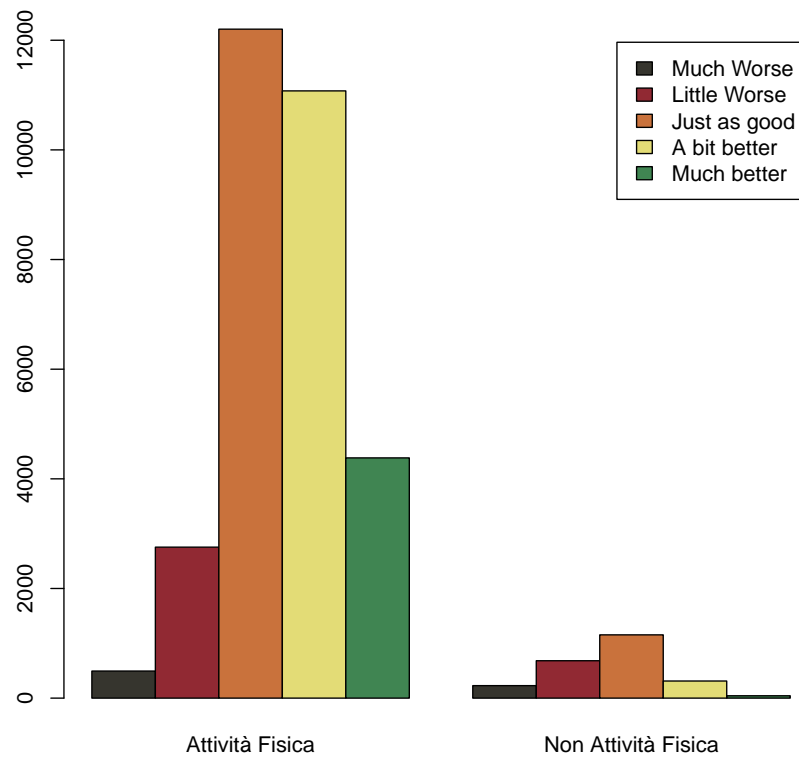
Abbiamo visto nelle precedenti reti come le variabili FITNESS e PA fossero direttamente connessa tra di loro. Effettuiamo una regressione lineare per valutare l'effetto di PA sulla variabile FITNESS.

```
#Regressione Lineare tra Fitness e PA
fit.fitness <- lm(fitness~pa, data=nmc)
summary(fit.fitness)

##
## Call:
## lm(formula = fitness ~ pa, data = nmc)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5208 -0.5208  0.3059  0.4792  2.3059
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  3.520836   0.005101  690.22  <2e-16 ***
## pa          -0.826748   0.018934  -43.66  <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.8968 on 33325 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.05412, Adjusted R-squared:  0.05409
## F-statistic: 1907 on 1 and 33325 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Come è possibile vedere dalla semplice regressione lineare, l'attività fisica influisce positivamente nello stato di salute dell'individuo. Visualizziamo tramite un Barplot come le due variabili si dividono all'interno del Dataset osservato.

```
#Barplot Fitness e PA
barplot(table(nmc$fitness, nmc$pa),
        names.arg=c("Attività Fisica", "Non Attività Fisica"),
        legend.text=c("Much Worse", "Little Worse", "Just as good",
                      "A bit better", "Much better"),
        col=c(black, red, orange, yellow, green), beside=TRUE)
```



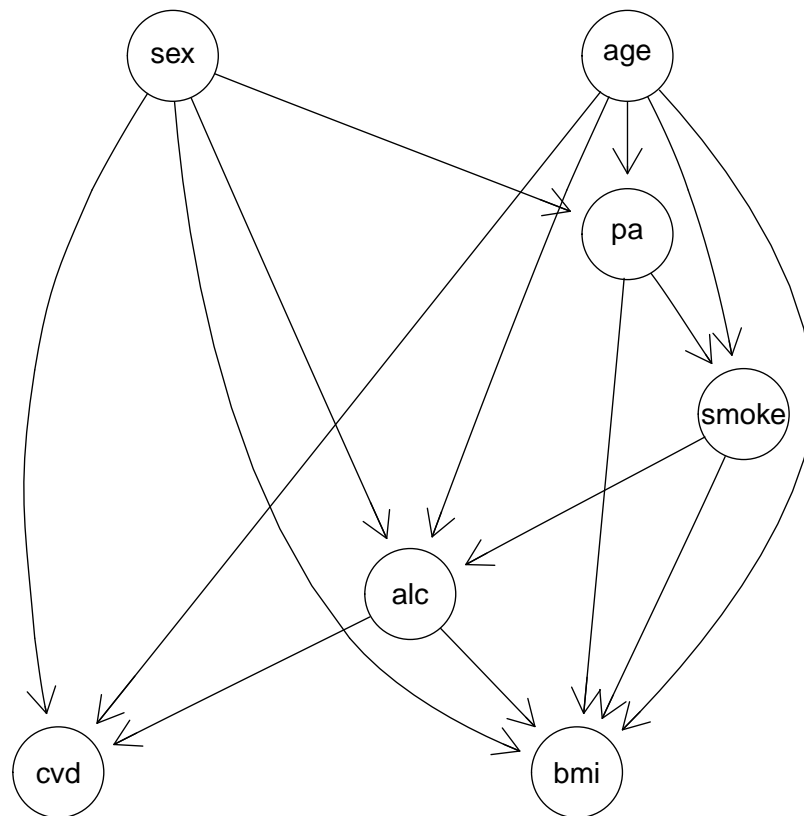
Possiamo vedere nel Barplot come, all'interno del campione osservato, ci sia un aumento delle persone che hanno una miglior condizione di salute facendo attività fisica rispetto a chi non la pratica. Come detto precedentemente, dato che la variabile FITNESS è una variabile a carattere soggettivo dell'individuo e che questa è influenzata dalla variabile PA, verifichiamo come si potrebbe comportare quest ultima variabile all'interno di una rete bayesiana senza la presenza della variabile FITNESS, tenendo comunque conto della gerarchia e dei vincoli delle variabili fatto precedentemente.

```
#Rete Bayesiana senza Fitness
#Rimozione variabile Fitness
nmc.bn = subset(nmc.bn, select=-c(fitness))
#1-SEX, 1-AGE, 3-BMI, 4-CVD, 2-PA, 2-SMOKE, 2-ALC
block<-c(1, 1, 3, 4, 2, 2, 2)
blnmc.bn <- matrix(0, nrow=7, ncol=7)
rownames(blnmc.bn) <- colnames(blnmc.bn) <- names(nmc.bn)
```

```

for (b in 2:4) blnmc.bn[block==b, block<b] <- 1
#Vincolo tra Sex e Age
blnmc.bn[1,2] = 1
blnmc.bn[2,1] = 1
blackL <- data.frame(get.edgelist(as(blnmc.bn, "igraph")))
names(blackL) <- c("from", "to")
m.bn <- hc(nmc.bn, blacklist=blackL)
plot(as(amat(m.bn), "graphNEL"))

```



In questa rete la variabile di risposta CVD è ancora direttamente connessa con le variabili SEX, AGE e ALCHOL. La variabile PA, invece, influenza la la variabile SMOKE. La variabile BMI è anche influenzata dalle variabili PA, ALCHOL, SMOKE, AGE e SEX.

9.2 BMI

Analizziamo ora, tramite una regressione logistica, l'influenza che hanno le variabili SEX, AGE, PA, ALC e SMOKE con la variabile BMI.

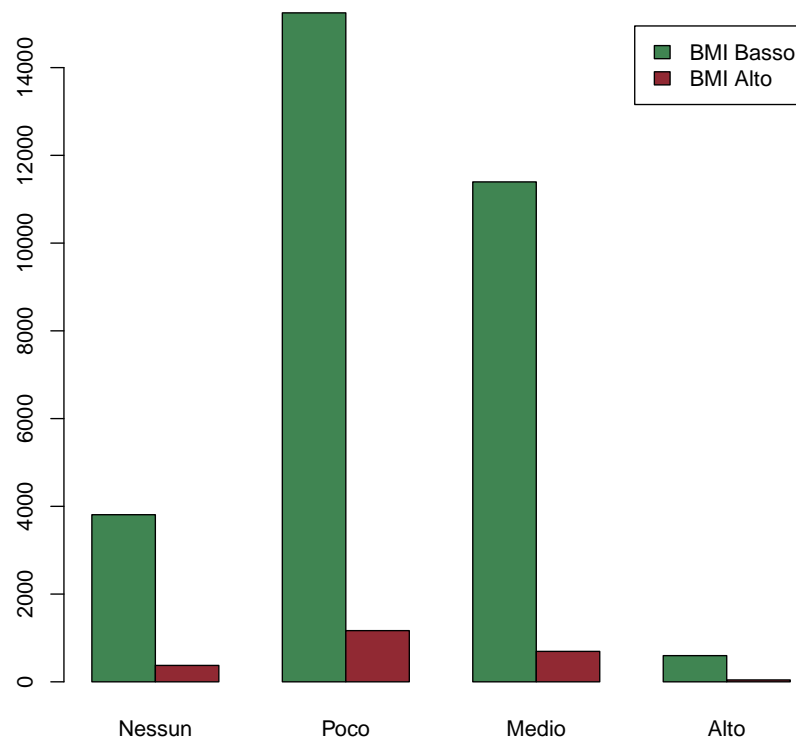
```
#RLM per BMI
fit.bmi <- glm(bmi~sex+age+pa+smoke.ord+alc, family=binomial, data=nmc)
summary(fit.bmi)

##
## Call:
## glm(formula = bmi ~ sex + age + pa + smoke.ord + alc, family = binomial,
##      data = nmc)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.8170  -0.4024  -0.3567  -0.3181   2.7488
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -2.926869   0.104871 -27.909 < 2e-16 ***
## sexMale      -0.324341   0.049706  -6.525 6.79e-11 ***
## age          0.011322   0.001377   8.220 < 2e-16 ***
## pa           0.758050   0.066422  11.413 < 2e-16 ***
## smoke.ord    0.213703   0.033352   6.407 1.48e-10 ***
## alc          -0.235959   0.032115  -7.347 2.02e-13 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 16621  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 16319  on 33321  degrees of freedom
## AIC: 16331
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

- Le variabili SEX, AGE, PA, ALC e SMOKE risultano tutte significative.
- Essere maschio influenza positivamente il BMI rispetto alla donna.
- L'età fa aumentare l'indice di BMI.
- Fare attività fisica riduce il BMI.
- Fumare fa aumentare l'indice BMI.
- Il consumo di alcohol sembra diminuire l'indice BMI.

Contrariamente a quello che ci si potesse aspettare, sembrerebbe che un maggior consumo di alchol possa diminuire l'indice di massa corporea, visualizziamo quindi, tramite Barplot, come si distribuiscono le persone in base all'indice di BMI e al consumo di alchol all'interno del Dataset.

```
#Barplot per BMI e Alchol  
barplot(table(nmc$bmi, nmc$alc),  
        names.arg=c("Nessun", "Poco", "Medio", "Alto"),  
        legend.text=c("BMI Basso", "BMI Alto"),  
        col=c("#408552", "#912933"), beside=TRUE)
```



Possiamo vedere come ci sia una prevalenza di persone con basso indice BMI per ogni categoria di consumatori di alchol rispetto alle persone con un alto indice di BMI. Proviamo a togliere la variabile ALCHOL nella regressione logistica di BMI se il modello risulta ancora significativo.

```

#RLM per BMI senza Alchol
fit.bmi.nalc <- glm(bmi~sex+age+pa+smoke.ord, family=binomial, data=nmc)
summary(fit.bmi.nalc)

##
## Call:
## glm(formula = bmi ~ sex + age + pa + smoke.ord, family = binomial,
##      data = nmc)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.6986  -0.4001  -0.3627  -0.3209   2.5988
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -3.341359   0.089561 -37.308 < 2e-16 ***
## sexMale     -0.379425   0.049150  -7.720 1.17e-14 ***
## age          0.010972   0.001392   7.880 3.28e-15 ***
## pa           0.765789   0.066320  11.547 < 2e-16 ***
## smoke.ord    0.159274   0.032623   4.882 1.05e-06 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 16621  on 33326  degrees of freedom
## Residual deviance: 16373  on 33322  degrees of freedom
## AIC: 16383
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5

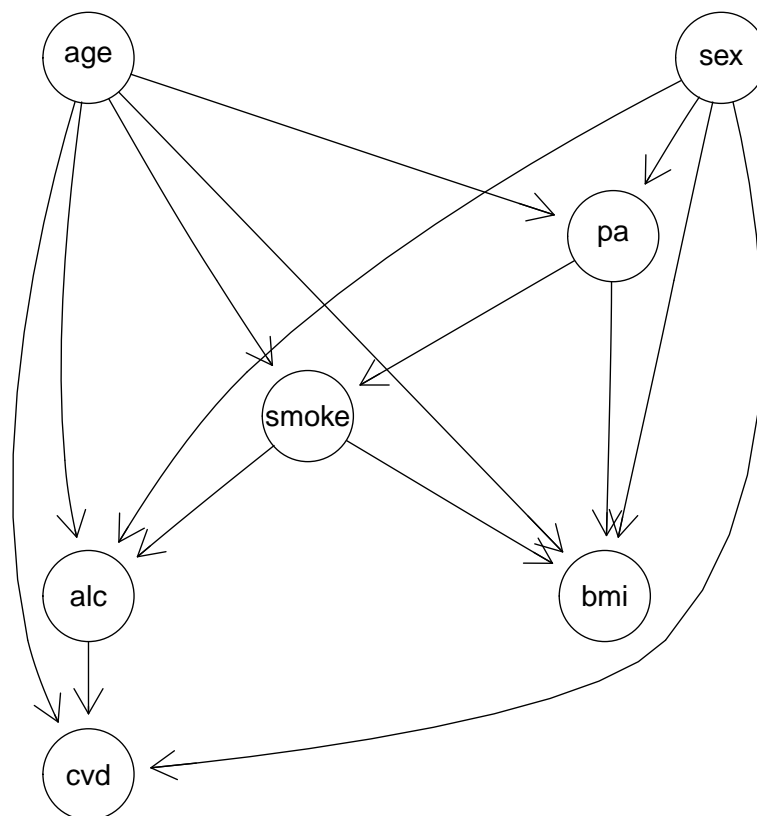
```

Anche senza la presenza della variabile ALCHOL, questo modello per BMI risulta significativo non modificando di molto il comportamento delle altre variabili. Per questo motivo, rimuoviamo l'arco che va dalla variabile ALCHOL a BMI.

```

#Rete Bayesiana senza arco da Alchol a BMI
m.bn.bmicvd <- DAG(cvd~sex:age:alc, alc~sex:age:smoke, smoke~pa:age,
                  pa~sex:age, bmi~sex:pa:age:smoke)
plot(as(m.bn.bmicvd, "graphNEL"))

```

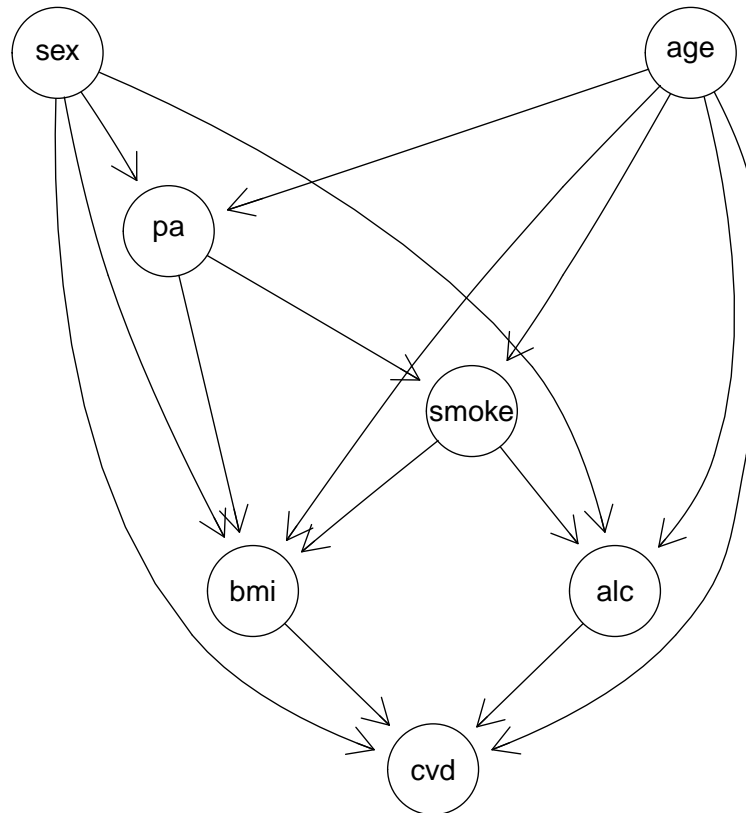


Nell'analisi delle regressioni logistiche abbiamo notato anche come un aumento dell'indice di massa corporea sia direttamente connessa all'insorgenza di malattie cardiovascolari, per questo motivo andremo ad aggiungere nella rete un arco che va dalla variabile BMI alla variabile di risposta CVD.

```

#Rete Bayesiana con arco da BMI a CVD
m.bn.bmicvd <- DAG(cvd~sex:age:alc:bmi,alc~sex:age:smoke,smoke~pa:age,
                  pa~sex:age, bmi~sex:pa:age:smoke)
plot(as(m.bn.bmicvd, "graphNEL"))

```



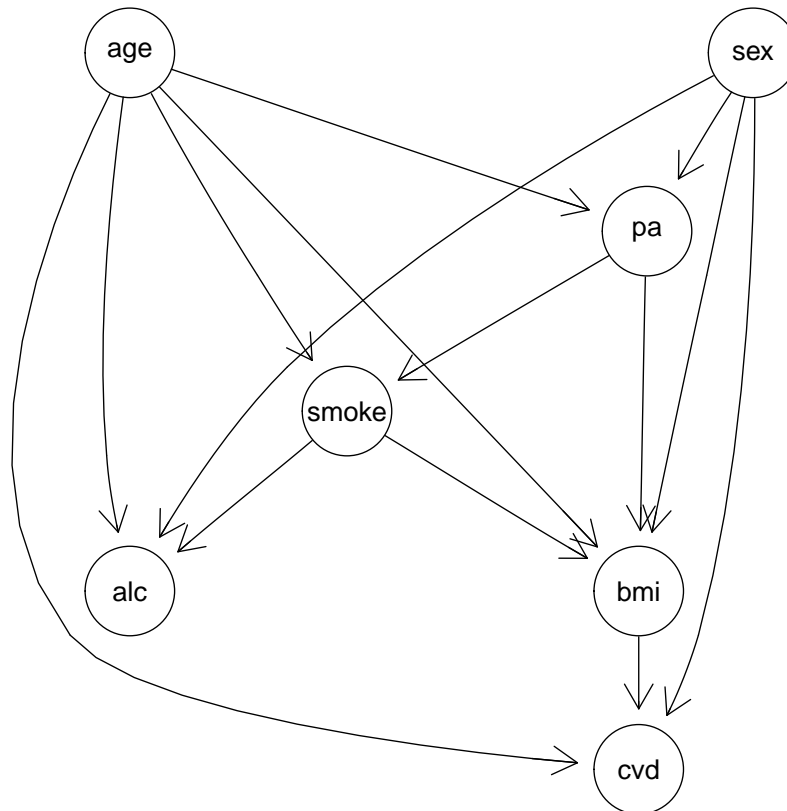
9.3 Alcohol

Sempre durante l'analisi delle regressioni logistiche e durante la visualizzazione dei grafi non orientati, abbiamo visto come la variabile ALCHOL non influenzi direttamente la variabile di risposta CVD. Per questo motivo andremo a rimuovere l'arco da ALCHOL a CVD dato che è presente all'interno della rete.

```

#Rete Bayesiana senza arco da Alcohol a CVD
m.bn.bmicvd <- DAG(cvd~sex:age:bmi, alc~sex:age:smoke, smoke~pa:age,
                  pa~sex:age, bmi~sex:pa:age:smoke)
plot(as(m.bn.bmicvd, "graphNEL"))

```



Valutiamo ora le dipendenze di Alchol tramite la regressione lineare.

```

#RLM per Alchol
fit.alc <- lm(alc~sex+age+smoke.ord, data=nmc)
summary(fit.alc)

##
## Call:
## lm(formula = alc ~ sex + age + smoke.ord, data = nmc)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.89216 -0.34663 -0.08867  0.62980  1.98374
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)

```

```
## (Intercept) 1.728132 0.014122 122.37 <2e-16 ***
## sexMale     0.236272 0.007822 30.21 <2e-16 ***
## age        0.003017 0.000226 13.35 <2e-16 ***
## smoke.ord   0.227791 0.005795 39.31 <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.6726 on 33323 degrees of freedom
## Multiple R-squared: 0.07519, Adjusted R-squared: 0.07511
## F-statistic: 903.1 on 3 and 33323 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Dal modello per ALCHOL vediamo che:

- Gli uomini fanno più consumo di alchol rispetto alle donne.
- Con l'aumentare dell'età si aumenta anche il consumo di alcoli.
- Chi fuma tende a fare un consumo maggiore di alcolici.

9.4 Smoke

Andiamo ora a valutare le dipendenze che ha la variabile SMOKE tramite la regressione lineare.

```
#RLM per Smoke
fit.smoke <- lm(smoke.ord~age+pa, data=nmc)
summary(fit.smoke)

##
## Call:
## lm(formula = smoke.ord ~ age + pa, data = nmc)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.5415 -0.4235 -0.4034  0.5765  1.6059
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 1.3785578  0.0108812 126.691 < 2e-16 ***
## age         0.0007751  0.0002133   3.633 0.00028 ***
## pa          0.0908136  0.0134240   6.765 1.36e-11 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.6353 on 33324 degrees of freedom
## Multiple R-squared: 0.001711, Adjusted R-squared: 0.001652
## F-statistic: 28.57 on 2 and 33324 DF, p-value: 4.026e-13
```

Dal modello per SMOKE vediamo che:

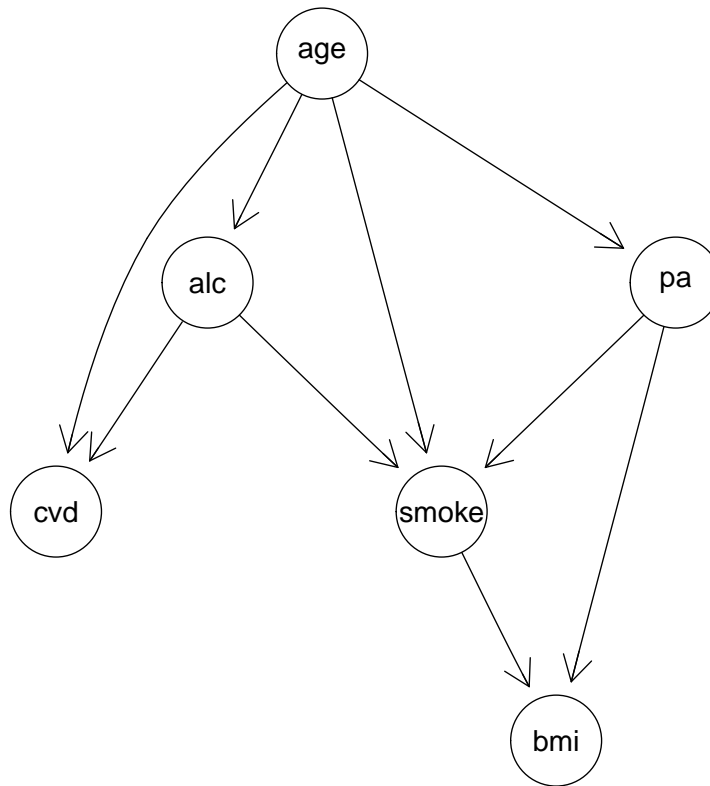
- Con l'aumentare dell'età si tende a fumare di più.
- Chi non fa attività fisica tende a fumare di più.

9.5 Sex:Male e Sex:Female

Durante le precedenti analisi, abbiamo notato come ci sia una probabilità maggiore del sesso maschile rispetto a quello femminile della comparsa di CVD. Valutiamo se ci sono differenze nelle due reti bayesiane, una per il genere maschile e l'altra per quella femminile.

```
#Dataset: sotto-problema Sex
male <- (nmc.bn$sex==1)
female <- (nmc.bn$sex==0)
nmc.bn.male <- nmc.bn[male, c(2:7)]
nmc.bn.female <- nmc.bn[female, c(2:7)]

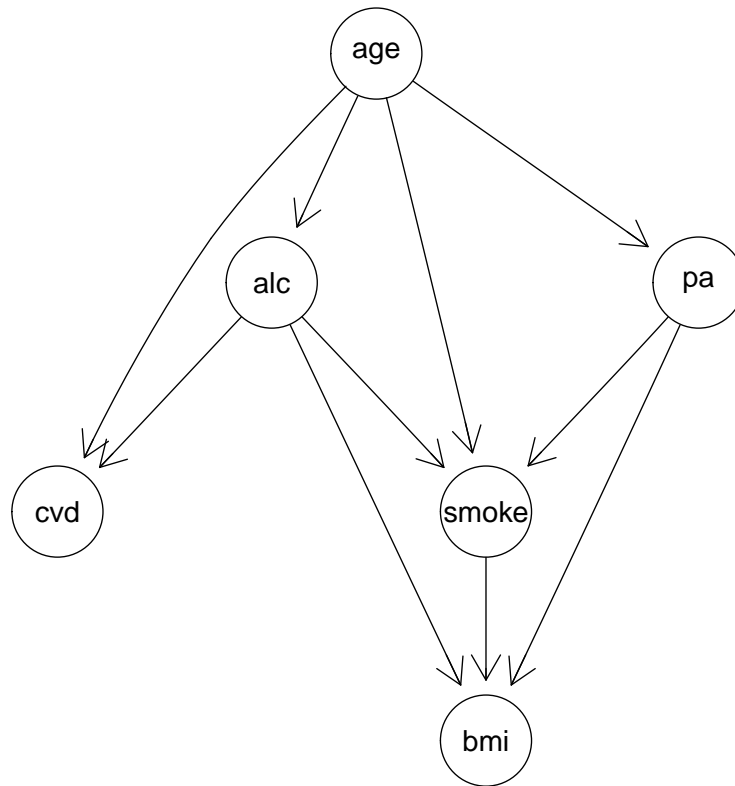
#Rete Bayesiana per Male
#1-AGE, 3-BMI, 4-CVD, 2-PA, 2-SMOKE, 2-ALC
block<-c(1, 3, 4, 2, 2, 2)
blnmc.bn <- matrix(0, nrow=6, ncol=6)
rownames(blnmc.bn) <- colnames(blnmc.bn) <- names(nmc.bn.male)
for (b in 2:4) blnmc.bn[block==b, block<b] <- 1
blnmc.bn[1,2] = 1
blnmc.bn[2,1] = 1
blackL <- data.frame(get.edgelist(as(blnmc.bn, "igraph")))
names(blackL) <- c("from", "to")
m.bn.male <- hc(nmc.bn.male, blacklist=blackL)
plot(as(amat(m.bn.male), "graphNEL"))
```

```

#Rete Bayesiana per Female
#1-AGE, 3-BMI, 4-CVD, 2-PA, 2-SMOKE, 2-ALC
block<-c(1, 3, 4, 2, 2, 2)
blnmc.bn <- matrix(0, nrow=6, ncol=6)
rownames(blnmc.bn) <- colnames(blnmc.bn) <- names(nmc.bn.female)
for (b in 2:4) blnmc.bn[block==b, block<b] <- 1
blnmc.bn[1,2] = 1
blnmc.bn[2,1] = 1
blackL <- data.frame(get.edgelist(as(blnmc.bn, "igraph")))
names(blackL) <- c("from", "to")
m.bn.female <- hc(nmc.bn.female, blacklist=blackL)
plot(as(amat(m.bn.female), "graphNEL"))

```



Le reti non presentano particolari differenze tranne nella rete del genere maschile dove è presente l'arco che va da ALCHOL a BMI. Se non consideriamo quest arco per quello che abbiamo detto precedentemente (con l'aggiunta anche della diretta connessione che la BMI ha su la CVD) le due reti risultano identiche.

10 Conclusioni

In conclusione, il modello scelto che più si adatta meglio alla comprensione e alle cause di un problema cardiovascolare è:

Modello: $CVD \sim SEX + AGE + BMI$

Infatti i fattori che aumentano la probabilità di CVD sono:

- Essere maschio.
- L'aumento dell'età.
- Avere un alto indice di massa corporea.

Il fatto età però risulta particolarmente rilevante superata la soglia dei 40 anni, mostrando come la malattia si manifesti soprattutto nella fascia più anziana della popolazione. L'uso della sigaretta può far aumentare l'indice di massa corporea che è un fattore scatenante della CVD. Per quanto visto, per ridurre l'indice di massa corporea, è consigliabile fare attività.