

# Phân tích ảnh hưởng của các chỉ số sức khỏe đến tiến triển bệnh đái tháo đường \*

Thái Minh Triết<sup>1</sup>, Chu Hà Thảo Ngân<sup>2</sup>, Võ Tuấn Anh<sup>3</sup>, and Đỗ Trọng Hợp<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Trường Đại học Công nghệ thông tin, Đại học quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh

<sup>2</sup> Khoa Khoa học và Kỹ thuật Thông tin

{<sup>1</sup>19522397, <sup>2</sup>19521882, <sup>3</sup>19521226}@gm.uit.edu.vn

<sup>4</sup>hopdt@uit.edu.vn

Nhóm 9

**Tóm tắt nội dung** Bệnh đái tháo đường theo giới y khoa là một trong những mối đe dọa sức khoẻ toàn cầu đối với cộng đồng có tỉ lệ người mắc ngày càng tăng đều theo từng năm với nhiều nguyên nhân ảnh hưởng, trong đó nguyên nhân chính là rối loạn chức năng chuyển hóa insulin. Nhằm tìm hiểu được các yếu tố bên trong cơ thể có tác động như thế nào đến sự rối loạn này, nhóm chúng tôi đã tìm hiểu các chỉ số y tế mang tính thống kê có liên quan bằng bộ dữ liệu có sẵn và tiến hành phân tích, xử lý và đánh giá để có được những kết quả phù hợp cho mục đích của bài nghiên cứu. Trong quá trình phân tích có sử dụng phương pháp thống kê phân tích hồi quy để tìm ra sự ảnh hưởng và tương tác lẫn nhau của các yếu tố này. Sau khi thực hiện xây dựng các mô hình hồi quy phù hợp và đánh giá chúng, kết quả thu được trên độ đo đánh giá Adjusted R-Squared là 0.5795 cho mô hình phân tích tốt nhất là mô hình Multiple Linear Regression trên tập dữ liệu kiểm thử chưa qua tiền xử lý.

**Keywords:** Bệnh đái tháo đường · Bệnh tiểu đường · Phân tích hồi quy

## 1 Giới thiệu chung

Đái tháo đường được xem là một căn bệnh phổ biến trong cộng đồng, đặc biệt là Mỹ với xu hướng gia tăng ngày càng cao với con số ước tính lên đến 79 triệu người trưởng thành mắc bệnh và trong đó 50% người mắc đái tháo đường không biết mình có bệnh vì chưa có triệu chứng rõ ràng.

Đái tháo đường là một căn bệnh liên quan đến sự rối loạn chuyển hóa trong hormone tuyến tuy dẫn đến thiếu hụt lượng insulin trong máu. Các tiêu chuẩn để xác định, chẩn đoán bệnh đái tháo đường hiện nay được Hiệp hội Đái tháo đường Mỹ công bố cần dựa vào nhiều chỉ số và quá trình phức tạp. Ví dụ khi kiểm tra chỉ số HbA1c của bệnh nhân cần được thực hiện ở phòng thí nghiệm được chuẩn hóa cao. Tuy nhiên, cũng nhờ đó mà việc chẩn đoán đái tháo đường hay tiền đái tháo đường sẽ phần lớn phụ thuộc vào các chỉ số này từ cơ thể.

\* Hướng dẫn bởi TS. Đỗ Trọng Hợp

Chính vì đó, ta cần phải có được một bộ dữ liệu với các chỉ số y tế liên quan để có thể đánh giá phần nào tình trạng hiện tại của bệnh, giúp tăng hiệu quả cũng như giảm đi chi phí cho quá trình chuẩn đoán.

Trong bài nghiên cứu này, chúng tôi phân tích ảnh hưởng giữa các yếu tố là chỉ số y tế liên quan lên tiến triển bệnh và tương tác giữa các yếu tố này được thu thập từ các bệnh nhân đãi tháo trong bộ dữ liệu sẵn. Sau đó chúng tôi xây dựng các mô hình hồi quy và đánh giá kết quả dự đoán của các mô hình. Từ đó không chỉ hỗ trợ tích cực cho việc chẩn đoán mà còn phân tích được tiến triển của bệnh qua các chỉ số trên.

Cấu trúc bài báo cáo được trình bày như sau: Ở mục 2, chúng tôi trình bày thông tin chi tiết của bộ dữ liệu được sử dụng trong bài nghiên cứu. Ở mục 3, chúng tôi tiếp cận bộ dữ liệu và thực hiện tiền xử lý dữ liệu. Sau khi bộ dữ liệu đã được xử lý, chúng tôi sẽ phân tích ảnh hưởng và tương tác yếu tố trong bộ dữ liệu và chúng sẽ được đưa vào phân tích bằng các mô hình hồi quy khác nhau, quá trình này sẽ được trình bày ở mục 4. Mục 5 sẽ trình bày kết quả đánh giá các mô hình, từ đó có được mô hình tốt nhất trên bộ dữ liệu. Và cuối cùng ở mục 6 là kết luận và hướng phát triển.

## 2 Tổng quan bộ dữ liệu

### 2.1 Giới thiệu chung về bộ dữ liệu

Bộ dữ liệu được xây dựng bao gồm thuộc tính cơ bản của 442 bệnh nhân bệnh tiểu đường và kết quả là một giá trị đáng giá quá trình tiến triển của bệnh nhân sau 1 năm ghi nhận. Dưới đây là ví dụ các điểm dữ liệu được trích ra từ bộ dữ liệu và codebook của bộ dữ liệu.

**Bảng 1.** Ví dụ về các điểm dữ liệu

AGE	SEX	BMI	BF	S1	S2	S3	S4	S5	S6	Y
59	2	32.1	101	157	93.2	38	4	4.8598	87	151
48	1	21.6	87	183	103.2	70	3	3.8918	69	75
72	2	30.5	93	156	93.6	41	4	4.6728	85	141
24	1	25.3	84	198	131.4	40	5	4.8903	89	206
50	1	23	101	192	125.4	52	4	4.2905	80	135

**Bảng 2.** Codebook của bộ dữ liệu

Thông tin	Nội dung
Tên bộ dữ liệu	Diabetes dataset
Nguồn thu nhập	<a href="https://www4.stat.ncsu.edu/~boos/var.select/diabetes.html">https://www4.stat.ncsu.edu/~boos/var.select/diabetes.html</a>
Số điểm dữ liệu	442
Số thuộc tính	11
Thông tin thuộc tính	<p><b>AGE:</b> độ tuổi của bệnh nhân</p> <p><b>SEX:</b> giới tính của bệnh nhân</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Giá trị 1 tương ứng với giới tính là Nam</li> <li>- Giá trị 2 tương ứng với giới tính là Nữ</li> </ul> <p><b>BMI:</b> Body Mass Index (chỉ số khối cơ thể)</p> <p><b>BP:</b> average blood pressure (giá trị huyết áp trung bình)</p> <p><b>S1:</b> tổng lượng cholesterol trong huyết thanh (tc - total serum cholesterol)</p> <p><b>S2:</b> giá trị lipoprotein tỷ trọng thấp (ldl - low-density lipoproteins)</p> <p><b>S3:</b> giá trị lipoprotein tỷ trọng cao (hdl - high-density lipoproteins)</p> <p><b>S4:</b> tỉ lệ giữa cholesterol toàn phần so với lượng HDL (tch - total cholesterol / HDL)</p> <p><b>S5:</b> mức triglycerides có trong huyết thanh có thể ghi nhận (ltg - possibly log of serum triglycerides level)</p> <p><b>S6:</b> chỉ số mức đường huyết (glu - blood sugar level)</p> <p><b>Y:</b> giá trị định lượng về tiến triển bệnh của bệnh nhân sau 1 năm kể từ thời điểm ghi nhận</p>
Tác giả	Bradley Efron, Trevor Hastie, Iain Johnstone và Robert Tibshirani, Đại học Stanford, Hoa Kỳ

## 2.2 Trực quan bộ dữ liệu

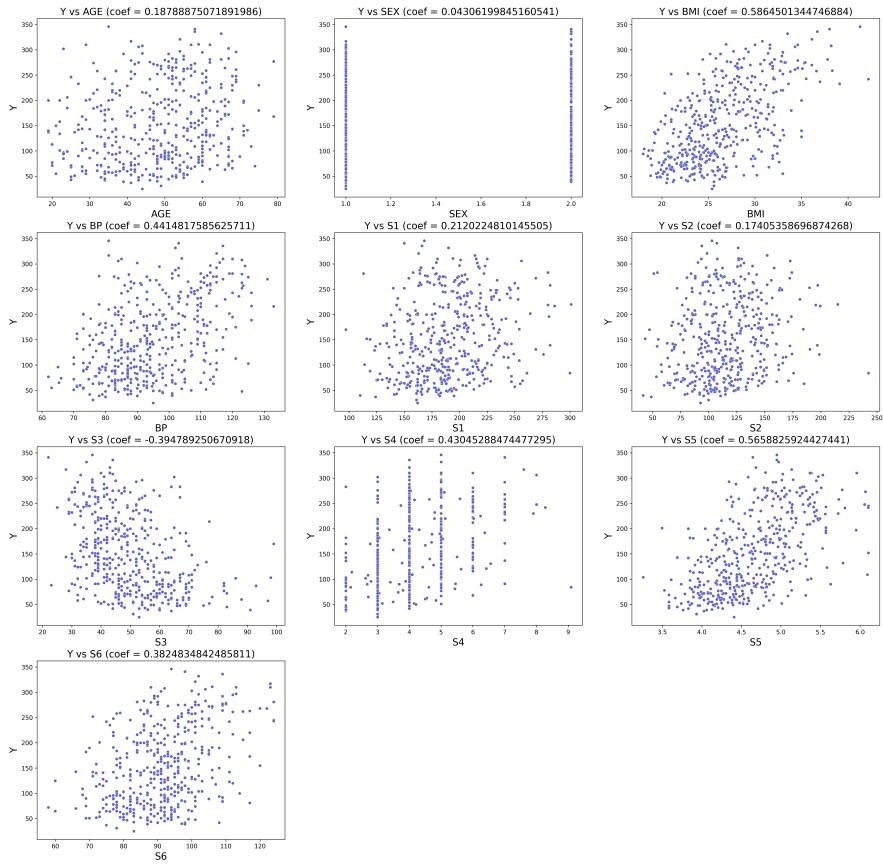
Trước khi tiến hành phân tích các ảnh hưởng, việc trực quan hóa dữ liệu sẽ giúp chúng ta hiểu rõ phân bố của các điểm dữ liệu và mối quan hệ giữa các thuộc tính, hoặc có thể từ đó xem xét một thuộc tính có ý nghĩa thống kê hay không. Trực quan hóa giúp mô tả các dữ liệu thành hình ảnh dễ quan sát, dễ hiểu để truyền đạt rõ ràng những hiểu biết đầy đủ (insights) từ dữ liệu đến người xem, người đọc. Nếu không có sự trình bày trực quan này, người xem có thể khó nắm bắt được ý nghĩa thực sự của những phát hiện.

### Thống kê mô tả các thuộc tính của bộ dữ liệu

	AGE	SEX	BMI	BP	S1	S2	S3	S4	S5	S6	Y
count	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000	442.000000
mean	48.518100	1.468326	26.375792	94.647014	189.140271	115.439140	49.788462	4.070249	4.614111	91.260181	152.133484
std	13.109028	0.499561	4.418122	13.831283	34.608052	30.413081	12.934202	1.290450	0.522391	11.496335	77.093005
min	19.000000	1.000000	18.000000	62.000000	97.000000	41.600000	22.000000	2.000000	3.258100	58.000000	25.000000
25%	38.250000	1.000000	23.200000	84.000000	164.250000	96.050000	40.250000	3.000000	4.276700	83.250000	87.000000
50%	50.000000	1.000000	25.700000	93.000000	186.000000	113.000000	48.000000	4.000000	4.620050	91.000000	140.500000
75%	59.000000	2.000000	29.275000	105.000000	209.750000	134.500000	57.750000	5.000000	4.997200	98.000000	211.500000
max	79.000000	2.000000	42.200000	133.000000	301.000000	242.400000	99.000000	9.090000	6.107000	124.000000	346.000000

Hình 1. Thống kê mô tả bộ dữ liệu

### Biểu đồ phân tán của các thuộc tính so với thuộc tính Y

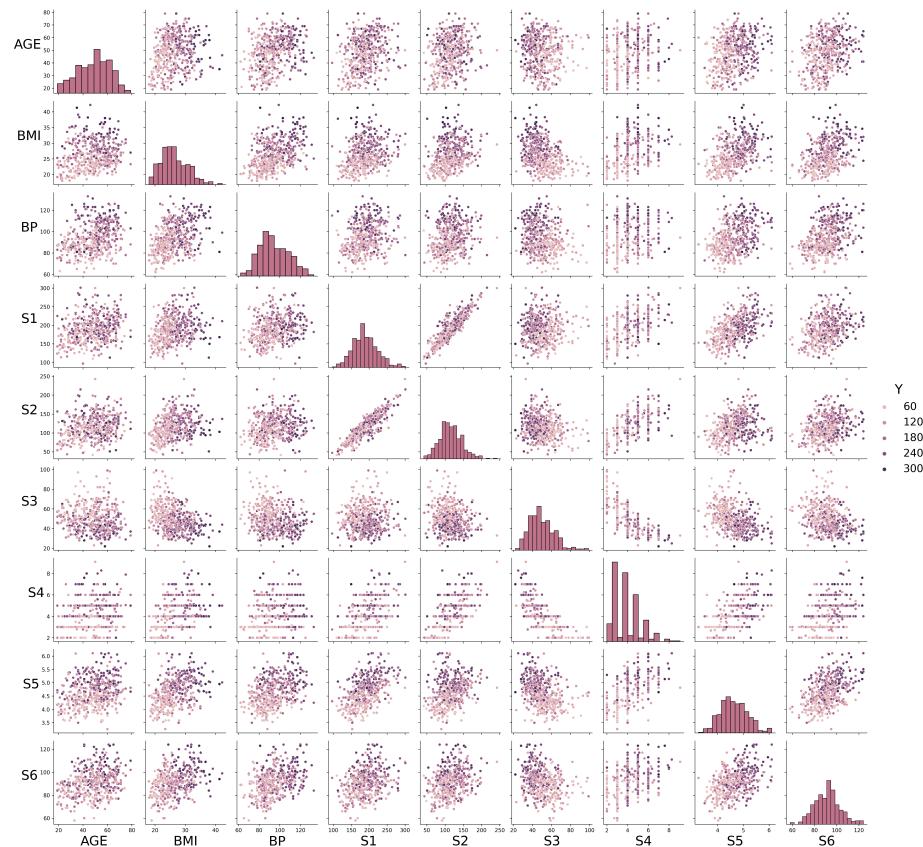


Hình 2. Biểu đồ phân tán của các thuộc tính so với thuộc tính Y

Thông qua biểu đồ phân tán, chúng tôi nhận thấy ở các thuộc tính BMI và S5 phân bố điểm dữ liệu có xu hướng hội tụ về dạng đường thẳng. Các thuộc tính còn lại hầu như phân bố hỗn loạn và ít có quan hệ tuyến tính với thuộc tính Y.

Bên cạnh đó, biểu đồ phân tán cũng cho thấy được các điểm dữ liệu ngoại lệ ở thuộc tính S2 và S4, có thể ảnh hưởng đến hiệu suất của các mô hình hồi quy.

### Biểu đồ phân tán giữa các thuộc tính định lượng



**Hình 3.** Biểu đồ phân tán giữa các thuộc tính định lượng

Qua biểu đồ có thể thấy thuộc tính S1 có quan hệ tuyến tính rõ rệt với S2. Một số thuộc tính khác có quan hệ tuyến tính nhưng không nhiều như S2 và S4, S3 và S4, S6 và S5. Các biểu đồ còn lại đa số các điểm dữ liệu phân bố hỗn loạn không theo một quy luật cụ thể.

Ngoài ra, tương tác giữa các thuộc tính có những ảnh hưởng khác nhau giữa đến tiến triển bệnh. Ví dụ như ở biểu đồ của S5 so với BMI cho thấy những bệnh nhân có chỉ số BMi và S5 thấp thì tiến triển bệnh chậm, khi hai chỉ số này cùng tăng thì bệnh có khả năng thể tiến triển nhanh hơn. Mặt khác, ở biểu đồ của S3 so vớ BP, S3 cao nhưng BP thấp thì bệnh tiến triển nhẹ, S3 thấp nhưng BP cao cho thấy bệnh tiến triển nhanh.

**Biểu đồ hệ số tương quan**



**Hình 4.** Biểu đồ hệ số tương quan

Biểu đồ hệ số tương quan là công cụ giúp chúng ta có cái nhìn trực quan và rõ ràng hơn về sự tương tác của các thuộc tính với nhau thông qua hệ số tương quan của những cặp thuộc tính.

Hệ số tương quan là một thước đo thống kê về độ mạnh yếu của mối quan hệ giữa các chuyển động tương đối của hai biến. Có một số loại hệ số tương quan, nhưng loại phổ biến nhất là hệ số tương quan Pearson (R). Hệ số này chỉ ra độ

mạnh và hướng của quan hệ tuyến tính giữa hai biến và có giá trị từ -1.0 đến 1.0. Trong đó, nếu:

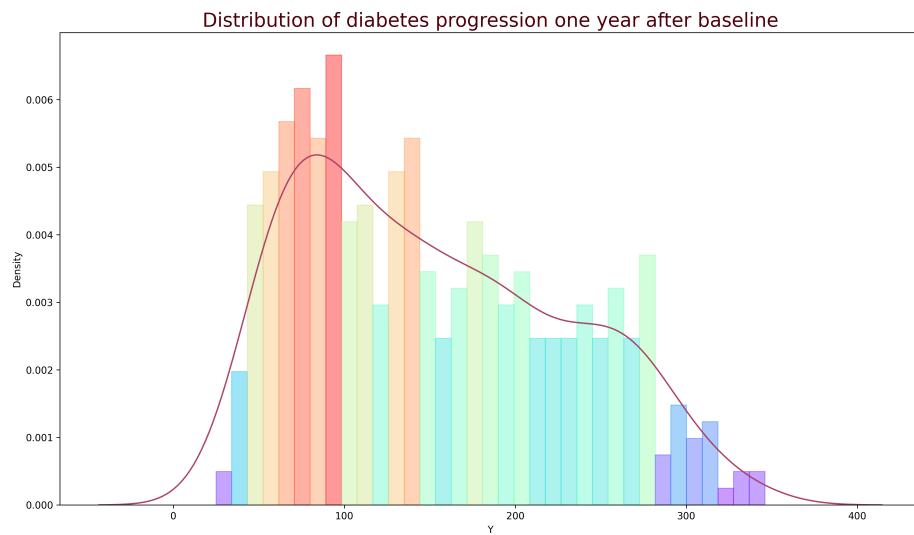
- Hệ số tương quan dương: cho thấy mối quan hệ đồng biến hoặc tương quan dương (đồng biến tuyệt đối khi giá trị bằng 1.0).
- Hệ số tương quan bằng 0: không có quan hệ tuyến tính giữa hai biến.
- Hệ số tương quan âm: các biến có mối quan hệ nghịch biến hoặc tương quan âm (nghịch biến tuyệt đối khi giá trị bằng -1.0).

Qua biểu đồ hệ số tương quan, chúng tôi nhận thấy thuộc tính Y tương quan mạnh với thuộc tính BMI và S5 với hệ số tương quan lần lượt là 0.59 và 0.57.

Hai thuộc tính tương quan dương rất mạnh với nhau là thuộc tính S1 và S2 với hệ số tương quan là 0.9, một số thuộc tính cũng có độ tương quan cao như S2 và S4 (coef = 0.66), S4 và S5 (coef = 0.62),...

Thuộc tính S3 có quan hệ nghịch biến (tương quan âm) với các thuộc tính còn lại, trong đó tương quan âm mạnh nhất là với thuộc tính S4 với hệ số tương quan là -0.74. Điều này có thể ảnh hưởng không tốt đến các mô hình hồi quy, đặc biệt là mô hình hồi quy đa biến.

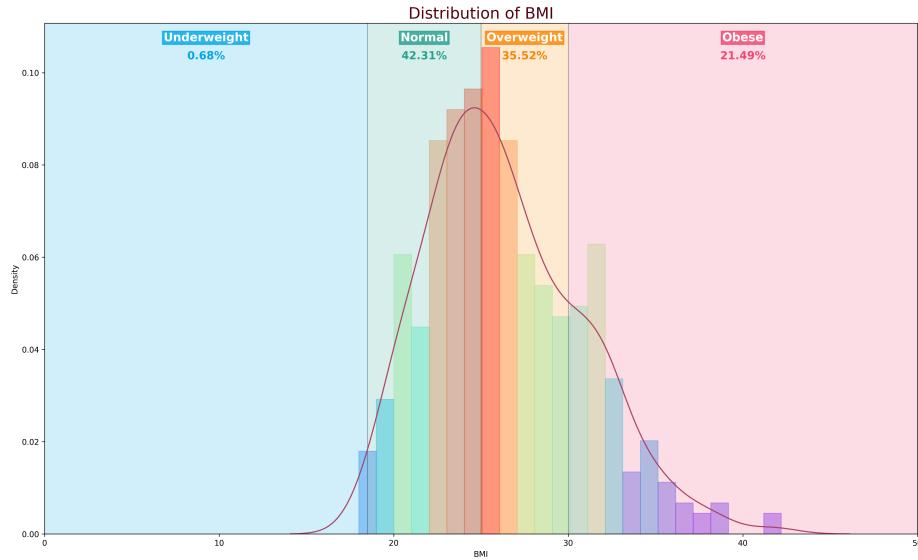
### Phân phối giá trị của thuộc tính Y



**Hình 5.** Biểu đồ phân phối giá trị thuộc tính Y

Phân bố chỉ số tiến triển của các bệnh nhân có sự biến động nhưng không lớn, tiến triển bệnh tập trung nhiều từ chỉ số 100 trở lại. Hình dạng của biểu đồ bị lệch về bên trái cho thấy nhiều bệnh nhân đang ở giai đoạn đầu của bệnh đái tháo đường.

### Phân phối giá trị của thuộc tính BMI



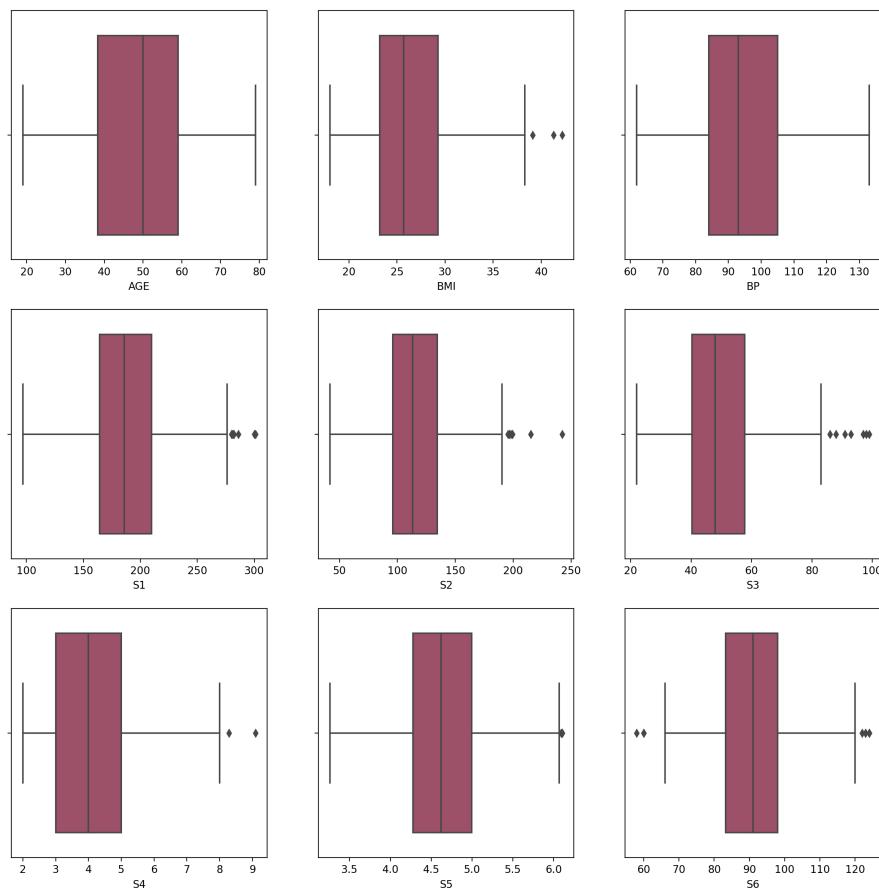
**Hình 6.** Biểu đồ phân phối giá trị thuộc tính BMI

Dựa vào biểu đồ phân phối chỉ số BMI, đa số các bệnh nhân có chỉ số khối cơ thể ở mức bình thường và thừa cân. Phân bố các điểm dữ liệu xấp xỉ về dạng phân phối chuẩn.

Chỉ có khoảng 0.68% bệnh nhân được phân vào mức gầy và thiếu cân nhưng có tới 21,49% bệnh nhân được xác định là béo phì. Đây là tình trạng rất phổ biến tại các quốc gia phát triển, trong trường hợp này là nước Mỹ, nơi các bệnh nhân được lấy mẫu.

### 3 Tiềm xử lý dữ liệu

#### 3.1 Xử lý ngoại lệ



**Hình 7.** Biểu đồ hộp của các thuộc tính định lượng

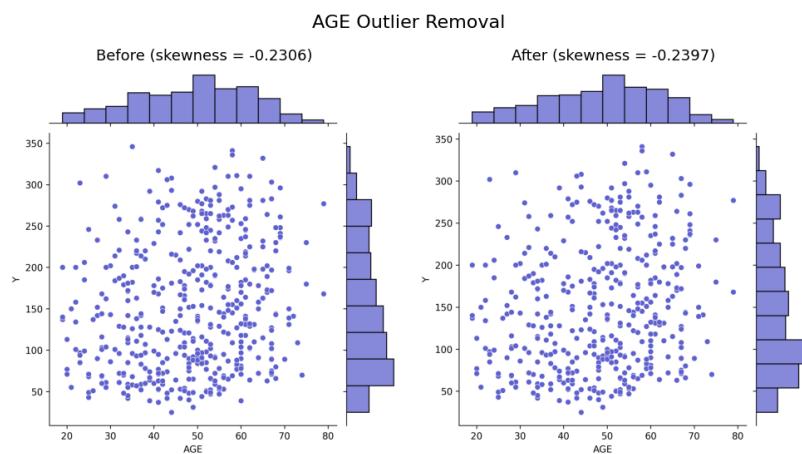
Trong quá trình xử lý dữ liệu ngoại lệ (outlier), biểu đồ hộp là một công cụ quan trọng giúp chúng ta thấy rõ được các outlier cần được xử lý. Đặc điểm của biểu đồ hộp là thể hiện được các đại lượng quan trọng của một thuộc tính, bao gồm giá trị nhỏ nhất (min), giá trị lớn nhất (max), tứ phân vị (quartile), khoảng biến thiên tứ phân vị (Interquartile Range) một cách trực quan, dễ hiểu. Từ đó, nó cho thấy những điểm dữ liệu bất thường nằm xa phạm vi các giá trị trên.

Dựa vào biểu đồ hộp của các thuộc tính định lượng có thể dễ nhận thấy ở các thuộc tính BMI, S1, S2, S3, S4, S5 và S6 xuất hiện những điểm dữ liệu bất

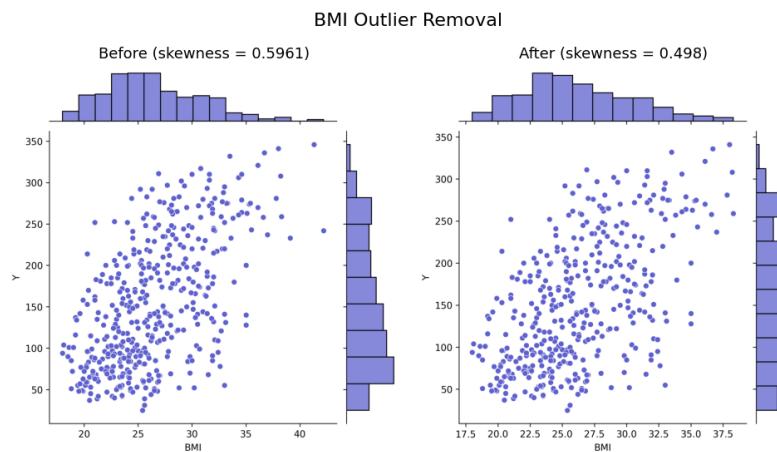
thường. Để loại bỏ chúng, chúng tôi dựa vào công thức rút ra từ biểu đồ hộp và tiến hành như sau:

- Đối với outlier bên trái biểu đồ hộp: Loại bỏ các điểm dữ liệu nhỏ hơn  $Q1 - 1.5 * IQR$
- Đối với outlier bên phải biểu đồ hộp: Loại bỏ các điểm dữ liệu lớn hơn  $Q3 + 1.5 * IQR$

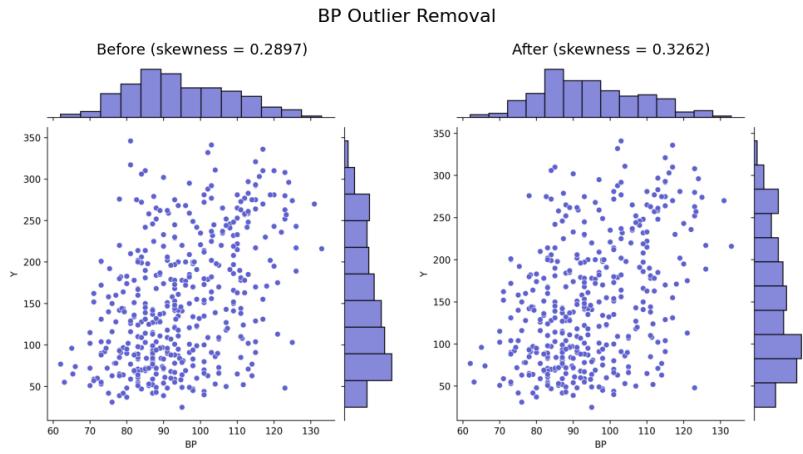
Trong đó: Q1 là tứ phân vị thứ 25, Q3 là tứ phân vị thứ 75, IQR là hiệu của Q3 và Q1. Sau đây là so sánh biểu đồ phân tán của các thuộc tính trước và sau khi loại bỏ ngoại lệ.



**Hình 8.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính AGE so với Y trước và sau khi tiền xử lý



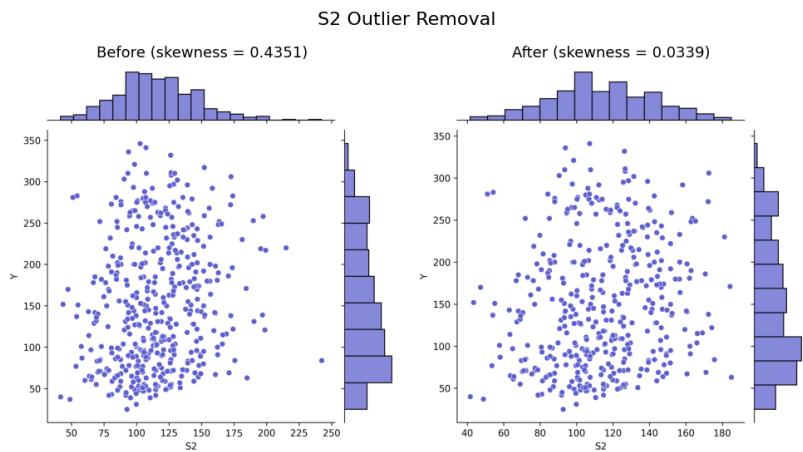
**Hình 9.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính BMI so với Y trước và sau khi tiền xử lý



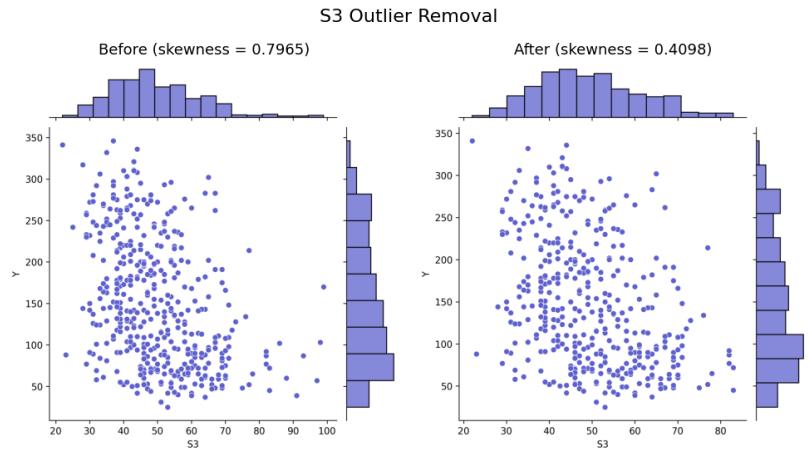
**Hình 10.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính BP so với Y trước và sau khi tiền xử lý



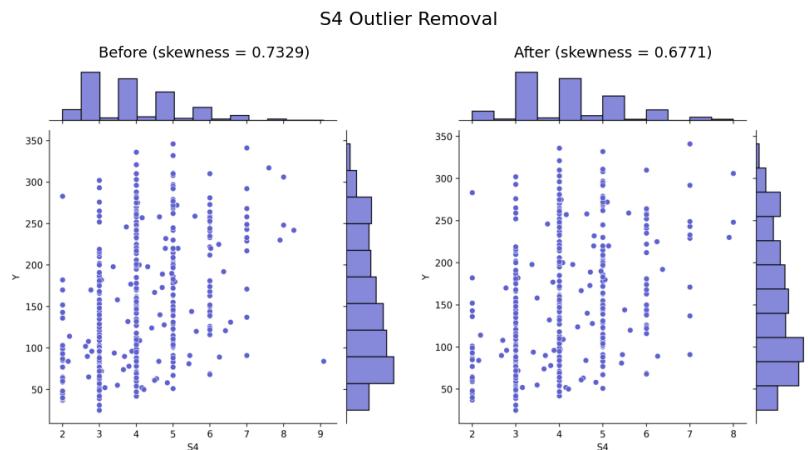
**Hình 11.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính S1 so với Y trước và sau khi tiền xử lý



**Hình 12.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính S2 so với Y trước và sau khi tiền xử lý



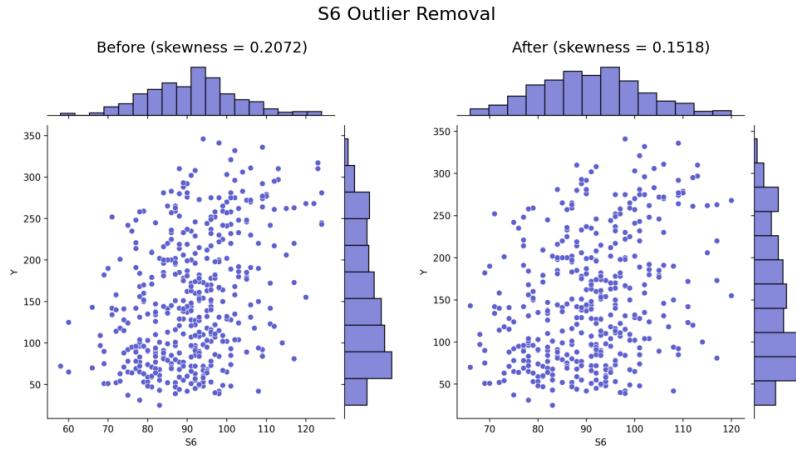
**Hình 13.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính S3 so với Y trước và sau khi tiền xử lý



**Hình 14.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính S4 so với Y trước và sau khi tiền xử lý



**Hình 15.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính S5 so với Y trước và sau khi tiền xử lý



**Hình 16.** Biểu đồ phân tán của thuộc tính S6 so với Y trước và sau khi tiền xử lý

### 3.2 Phân chia tập train và test

Ở mỗi bộ dữ liệu trước và sau khi tiền xử lý, chúng tôi tiến hành chia dữ liệu thành hai tập train và test để phục vụ việc phân tích hồi quy và so sánh kết quả mô hình. Việc chia train test giúp các mô hình tránh overfitting và giúp đánh giá hiệu suất mô hình hiệu quả hơn. Sử dụng hàm `createDataPartition` có sẵn trong R, các tập train và test được chia theo tỉ lệ 8:2. Sau đây là kích thước của các tập dữ liệu.

**Bảng 3.** Kích thước của các tập dữ liệu sau khi chia train test

Bộ dữ liệu	Kích thước tập train	Kích thước tập test
Trước khi tiền xử lý	355	87
Sau khi tiền xử lý	327	80

## 4 Phân tích hồi quy

### 4.1 Tổng quan về Phân tích Hồi quy (Regression Analysis)

Phân tích hồi quy là một phương pháp thống kê mạnh mẽ cho phép xem xét mối tương quan giữa các biến số trong việc đo lường. Có nhiều loại phân tích hồi quy khác nhau nhưng chúng tựu chung đều tập trung vào việc đánh giá sự ảnh hưởng của các biến số độc lập lên một biến phụ thuộc.

Dây cũng là một phương pháp đáng tin cậy để xác định xem liệu biến số nào có ảnh hưởng đến bài toán đo lường (topic of interest). Quá trình thực hiện hồi quy cho phép xác định được yếu tố nào đáng quan tâm nhất và những yếu tố nào có thể bỏ qua, hay sự ảnh hưởng, tương tác lẫn nhau của các yếu tố.

Để hiểu một cách đầy đủ về phương pháp phân tích hồi quy, trước hết cần phải nắm vững một vài thuật ngữ sau:

- **Biến phụ thuộc:** yếu tố chính cần được ước lượng, hiểu rõ và dự đoán
- **Biến độc lập:** những yếu tố được giả thiết rằng có ảnh hưởng đến biến phụ thuộc

## 4.2 Phân tích ảnh hưởng của các yếu tố và tương tác giữa các yếu tố

Sau đây chúng tôi lần lượt phân tích những ảnh hưởng và tương tác giữa các yếu tố đến thuộc tính Y trên tập huấn luyện trước và sau khi xử lý, sử dụng bảng phân tích phương sai hai chiều (Two Way ANOVA). Để thuận tiện, chúng tôi xin viết tắt *train* để chỉ tập huấn luyện trước khi tiền xử lý, *train\_p* để chỉ tập huấn luyện sau khi tiền xử lý.

**Phân tích ảnh hưởng của các yếu tố khi không có tương tác :**

**Dữ liệu trước khi tiền xử lý:**

```
av <- aov(Y~. , data=train )
summary(av)
```

---

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AGE	1	85855	85855	28.653	1.58e-07	***
SEX	1	252	252	0.084	0.772	
BMI	1	591812	591812	197.514	< 2e-16	***
BP	1	104605	104605	34.911	8.30e-09	***
S1	1	5132	5132	1.713	0.191	
S2	1	4662	4662	1.556	0.213	
S3	1	173465	173465	57.893	2.68e-13	***
S4	1	1210	1210	0.404	0.526	
S5	1	50637	50637	16.900	4.93e-05	***
S6	1	4458	4458	1.488	0.223	
Residuals	344	1030730	2996			
<hr/>						
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1						

---

**Dữ liệu sau khi tiền xử lý:**

```
av <- aov(Y~. , data=train_p)
summary(av)
```

---

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AGE	1	70622	70622	24.021	1.53e-06	***
SEX	1	2	2	0.001	0.98169	
BMI	1	464953	464953	158.147	< 2e-16	***
BP	1	91331	91331	31.065	5.35e-08	***
S1	1	1124	1124	0.382	0.53685	
S2	1	746	746	0.254	0.61481	
S3	1	223592	223592	76.052	< 2e-16	***
S4	1	358	358	0.122	0.72744	
S5	1	20759	20759	7.061	0.00828	**
S6	1	661	661	0.225	0.63580	
Residuals	316	929043		2940		
<hr/>						
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1						

---

**Nhận xét:** Qua bảng ANOVA, hai thuộc tính SEX và S4 đều cho giá trị p\_value lớn hơn các thuộc tính còn lại, lần lượt là 0.772 và 0.525 ở tập train, 0.98169 và 0.72744 ở tập train\_p. Các giá trị này đều lớn hơn mức ý nghĩa alpha 0.05, cho thấy khi không xảy ra tương tác thì 2 thuộc tính này không ảnh hưởng đến tiến triển bệnh tiểu đường (Y). Ngoài ra còn những yếu tố khác không ảnh hưởng tiến triển bệnh như S1, S2 và S6.

#### Phân tích ảnh hưởng của các yếu tố khi có tương tác với SEX :

**Dữ liệu trước khi tiền xử lý:**

```
av <- aov(Y~(AGE+BMI+BP+S1+S2+S3+S5+S6)*SEX, data=train )
summary(av)
```

---

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AGE	1	85855	85855	29.032	1.34e-07	***
BMI	1	591789	591789	200.115	< 2e-16	***
BP	1	98099	98099	33.172	1.90e-08	***
S1	1	5402	5402	1.827	0.177416	
S2	1	7923	7923	2.679	0.102591	
S3	1	147757	147757	49.965	9.06e-12	***
S5	1	47191	47191	15.958	7.96e-05	***
S6	1	3657	3657	1.237	0.266911	
SEX	1	33132	33132	11.204	0.000909	***
AGE:SEX	1	16983	16983	5.743	0.017101	*

---

BMI:SEX	1	9617	9617	3.252	0.072228	.
BP:SEX	1	1313	1313	0.444	0.505624	
S1:SEX	1	106	106	0.036	0.850020	
S2:SEX	1	6128	6128	2.072	0.150940	
S3:SEX	1	74	74	0.025	0.874516	
S5:SEX	1	776	776	0.262	0.608866	
S6:SEX	1	425	425	0.144	0.704953	
Residuals	337	996590	2957			
<hr/>						
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1						

### Dữ liệu sau khi tiền xử lý:

```
av <- aov(Y~(AGE+BMI+BP+S1+S2+S3+S5+S6)*SEX, data=train_p)
summary(av)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AGE	1	70622	70622	24.333	1.33e-06	***
BMI	1	464743	464743	160.132	< 2e-16	***
BP	1	86284	86284	29.730	1.02e-07	***
S1	1	1359	1359	0.468	0.494335	
S2	1	2053	2053	0.707	0.401000	
S3	1	192796	192796	66.430	9.13e-15	***
S5	1	22091	22091	7.612	0.006145	**
S6	1	369	369	0.127	0.721790	
SEX	1	32870	32870	11.326	0.000861	***
AGE:SEX	1	18617	18617	6.415	0.011813	*
BMI:SEX	1	6800	6800	2.343	0.126872	
BP:SEX	1	519	519	0.179	0.672724	
S1:SEX	1	614	614	0.212	0.645764	
S2:SEX	1	1687	1687	0.581	0.446379	
S3:SEX	1	2718	2718	0.936	0.333951	
S5:SEX	1	157	157	0.054	0.816196	
S6:SEX	1	2096	2096	0.722	0.396099	
Residuals	309	896796	2902			
<hr/>						
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1						

**Nhận xét:** Khi xét trường hợp xảy ra tương tác giữa SEX với các yếu tố còn lại, thuộc tính SEX lúc này có giá trị p\_value = 0.000909 trên tập train và p\_value = 0.000861 trên tập train\_p, đều nhỏ hơn 0.05 cho thấy ảnh hưởng đến tiền triển bệnh. Ngoài ra, tương tác AGE:SEX cũng cho thấy ảnh hưởng tới tiền triển bệnh với p\_value ở train và train\_p đều nhỏ hơn 0.05.

**Phân tích ảnh hưởng của các yếu tố khi có tương tác với S4 :****Dữ liệu trước khi tiền xử lý:**

```
av <- aov(Y~(AGE+BMI+BP+S1+S2+S3+S5+S6)*S4 ,data=train)
summary(av)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AGE	1	85855	85855	27.968	2.22e-07	***
BMI	1	591789	591789	192.779	< 2e-16	***
BP	1	98099	98099	31.956	3.36e-08	***
S1	1	5402	5402	1.760	0.185547	
S2	1	7923	7923	2.581	0.109082	
S3	1	147757	147757	48.133	2.05e-11	***
S5	1	47191	47191	15.373	0.000107	***
S6	1	3657	3657	1.191	0.275845	
S4	1	599	599	0.195	0.659068	
AGE:S4	1	5122	5122	1.669	0.197321	
BMI:S4	1	10028	10028	3.267	0.071591	.
BP:S4	1	169	169	0.055	0.814705	
S1:S4	1	1218	1218	0.397	0.529180	
S2:S4	1	386	386	0.126	0.723111	
S3:S4	1	182	182	0.059	0.807668	
S5:S4	1	3702	3702	1.206	0.272916	
S6:S4	1	9221	9221	3.004	0.083984	.
Residuals	337	1034516	3070			
<hr/>						
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1						

**Dữ liệu sau khi tiền xử lý:**

```
av <- aov(Y~(AGE+BMI+BP+S1+S2+S3+S5+S6)*S4 ,data=train_p)
summary(av)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AGE	1	70622	70622	23.338	2.14e-06	***
BMI	1	464743	464743	153.583	< 2e-16	***
BP	1	86284	86284	28.514	1.81e-07	***
S1	1	1359	1359	0.449	0.50329	
S2	1	2053	2053	0.678	0.41079	
S3	1	192796	192796	63.713	2.85e-14	***
S5	1	22091	22091	7.301	0.00727	**
S6	1	369	369	0.122	0.72731	
S4	1	345	345	0.114	0.73595	

AGE:S4	1	6128	6128	2.025	0.15574
BMI:S4	1	5028	5028	1.662	0.19836
BP:S4	1	268	268	0.088	0.76637
S1:S4	1	14	14	0.005	0.94559
S2:S4	1	10	10	0.003	0.95391
S3:S4	1	1404	1404	0.464	0.49630
S5:S4	1	4644	4644	1.535	0.21635
S6:S4	1	9999	9999	3.304	0.07007 .
Residuals	309	935035	3026		
<hr/>					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

**Nhận xét:** Bảng ANOVA cho thấy khi có tương tác giữa S4 với các yếu tố còn lại, thì S4 và các tương tác với nó đều không ảnh hưởng đến tiến triển bệnh với mức ý nghĩa 0.05.

#### Phân tích ảnh hưởng của các yếu tố khi xảy ra tương tác :

##### Dữ liệu trước khi tiền xử lý:

```
av <- aov(Y~AGE*BMI*BP*S1*S2*S3*S5*S6+AGE*SEX, data=train)
summary(av)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
AGE	1	85855	85855	28.663	5.59e-07 ***
BMI	1	591789	591789	197.571	< 2e-16 ***
BP	1	98099	98099	32.751	1.12e-07 ***
S1	1	5402	5402	1.804	0.182355
S2	1	7923	7923	2.645	0.107038
S3	1	147757	147757	49.329	2.77e-10 ***
S5	1	47191	47191	15.755	0.000137 ***
S6	1	3657	3657	1.221	0.271858
SEX	1	33132	33132	11.061	0.001238 **
AGE:BMI	1	9377	9377	3.131	0.079915 .
AGE:BP	1	11912	11912	3.977	0.048883 *
BMI:BP	1	21859	21859	7.298	0.008123 **
AGE:S1	1	2	2	0.001	0.979064
BMI:S1	1	10422	10422	3.479	0.065098 .
BP:S1	1	208	208	0.069	0.792619
AGE:S2	1	8377	8377	2.797	0.097623 .
BMI:S2	1	523	523	0.175	0.676877
BP:S2	1	85	85	0.028	0.866446
S1:S2	1	469	469	0.157	0.693186
AGE:S3	1	1185	1185	0.396	0.530743

BMI:S3	1	54	54	0.018	0.893198
BP:S3	1	2814	2814	0.939	0.334808
S1:S3	1	1916	1916	0.640	0.425734
S2:S3	1	3100	3100	1.035	0.311488
AGE:S5	1	7201	7201	2.404	0.124219
BMI:S5	1	2705	2705	0.903	0.344256
BP:S5	1	1357	1357	0.453	0.502542
S1:S5	1	1	1	0.000	0.984883
S2:S5	1	3635	3635	1.214	0.273279
S3:S5	1	1596	1596	0.533	0.467191
AGE:S6	1	3816	3816	1.274	0.261765
BMI:S6	1	890	890	0.297	0.586833
BP:S6	1	1259	1259	0.420	0.518276
S1:S6	1	895	895	0.299	0.585949
S2:S6	1	337	337	0.112	0.738034
S3:S6	1	5373	5373	1.794	0.183538
S5:S6	1	704	704	0.235	0.628842
AGE:SEX	1	18271	18271	6.100	0.015230 *
AGE:BMI:BP	1	5803	5803	1.937	0.167085
AGE:BMI:S1	1	968	968	0.323	0.570925
AGE:BP:S1	1	583	583	0.195	0.660098
BMI:BP:S1	1	1299	1299	0.434	0.511745
AGE:BMI:S2	1	1138	1138	0.380	0.538982
AGE:BP:S2	1	7179	7179	2.397	0.124789
BMI:BP:S2	1	1414	1414	0.472	0.493618
AGE:S1:S2	1	813	813	0.271	0.603555
BMI:S1:S2	1	4960	4960	1.656	0.201177
BP:S1:S2	1	124	124	0.041	0.839153
AGE:BMI:S3	1	375	375	0.125	0.724075
AGE:BP:S3	1	1591	1591	0.531	0.467810
BMI:BP:S3	1	112	112	0.037	0.847059
AGE:S1:S3	1	4336	4336	1.448	0.231792
BMI:S1:S3	1	3601	3601	1.202	0.275545
BP:S1:S3	1	3811	3811	1.272	0.262034
AGE:S2:S3	1	343	343	0.114	0.735880
BMI:S2:S3	1	1290	1290	0.431	0.513204
BP:S2:S3	1	122	122	0.041	0.840332
S1:S2:S3	1	2427	2427	0.810	0.370271
AGE:BMI:S5	1	3688	3688	1.231	0.269844
AGE:BP:S5	1	11160	11160	3.726	0.056441 .
BMI:BP:S5	1	1309	1309	0.437	0.510087
AGE:S1:S5	1	7515	7515	2.509	0.116400
BMI:S1:S5	1	23173	23173	7.737	0.006480 **
BP:S1:S5	1	3932	3932	1.313	0.254694
AGE:S2:S5	1	416	416	0.139	0.710188

BMI:S2:S5	1	11092	11092	3.703	0.057179	.
BP:S2:S5	1	92	92	0.031	0.861310	
S1:S2:S5	1	9	9	0.003	0.957614	
AGE:S3:S5	1	13	13	0.004	0.948480	
BMI:S3:S5	1	3067	3067	1.024	0.314091	
BP:S3:S5	1	7129	7129	2.380	0.126074	
S1:S3:S5	1	1311	1311	0.438	0.509794	
S2:S3:S5	1	91	91	0.030	0.861746	
AGE:BP:S6	1	20	20	0.007	0.934821	
AGE:BP:S6	1	758	758	0.253	0.615936	
BMI:BP:S6	1	1	1	0.000	0.988486	
AGE:S1:S6	1	7772	7772	2.595	0.110397	
BMI:S1:S6	1	128	128	0.043	0.836704	
BP:S1:S6	1	2193	2193	0.732	0.394283	
AGE:S2:S6	1	217	217	0.073	0.788285	
BMI:S2:S6	1	0	0	0.000	0.998612	
BP:S2:S6	1	207	207	0.069	0.793402	
S1:S2:S6	1	1446	1446	0.483	0.488765	
AGE:S3:S6	1	246	246	0.082	0.775180	
BMI:S3:S6	1	6598	6598	2.203	0.140947	
BP:S3:S6	1	9932	9932	3.316	0.071631	.
S1:S3:S6	1	547	547	0.183	0.670023	
S2:S3:S6	1	3286	3286	1.097	0.297486	
AGE:S5:S6	1	5080	5080	1.696	0.195853	
BMI:S5:S6	1	327	327	0.109	0.741668	
BP:S5:S6	1	224	224	0.075	0.785122	
S1:S5:S6	1	1429	1429	0.477	0.491414	
S2:S5:S6	1	5046	5046	1.685	0.197343	
S3:S5:S6	1	25	25	0.008	0.927733	
AGE:BMI:BP:S1	1	174	174	0.058	0.810231	
AGE:BMI:BP:S2	1	4509	4509	1.506	0.222736	
AGE:BMI:S1:S2	1	56	56	0.019	0.891595	
AGE:BP:S1:S2	1	452	452	0.151	0.698440	
BMI:BP:S1:S2	1	202	202	0.067	0.795564	
AGE:BMI:BP:S3	1	694	694	0.232	0.631409	
AGE:BMI:S1:S3	1	3934	3934	1.313	0.254560	
AGE:BP:S1:S3	1	459	459	0.153	0.696184	
BMI:BP:S1:S3	1	3389	3389	1.131	0.290048	
AGE:BMI:S2:S3	1	473	473	0.158	0.691930	
AGE:BP:S2:S3	1	8922	8922	2.979	0.087493	.
BMI:BP:S2:S3	1	299	299	0.100	0.752688	
AGE:S1:S2:S3	1	4464	4464	1.490	0.225069	
BMI:S1:S2:S3	1	8022	8022	2.678	0.104910	
BP:S1:S2:S3	1	1029	1029	0.344	0.559078	
AGE:BMI:BP:S5	1	210	210	0.070	0.791508	

AGE:BP:S1:S5	1	2977	2977	0.994	0.321222
BMI:BP:S1:S5	1	3643	3643	1.216	0.272745
AGE:BMIS2:S5	1	96	96	0.032	0.858016
AGE:BP:S2:S5	1	4189	4189	1.399	0.239789
BMI:BP:S2:S5	1	1560	1560	0.521	0.472130
AGE:S1:S2:S5	1	3633	3633	1.213	0.273459
BMI:S1:S2:S5	1	3148	3148	1.051	0.307754
BP:S1:S2:S5	1	424	424	0.141	0.707683
AGE:BMIS3:S5	1	268	268	0.089	0.765510
AGE:BP:S3:S5	1	645	645	0.215	0.643662
BMI:BP:S3:S5	1	3993	3993	1.333	0.251055
AGE:S1:S3:S5	1	3683	3683	1.230	0.270164
BMI:S1:S3:S5	1	51	51	0.017	0.896038
BP:S1:S3:S5	1	108	108	0.036	0.850044
AGE:S2:S3:S5	1	4179	4179	1.395	0.240363
BMI:S2:S3:S5	1	7586	7586	2.533	0.114705
BP:S2:S3:S5	1	6304	6304	2.105	0.150023
S1:S2:S3:S5	1	12891	12891	4.304	0.040624 *
AGE:BMIBP:S6	1	4623	4623	1.544	0.217032
AGE:BMIS1:S6	1	8599	8599	2.871	0.093337 .
AGE:BP:S1:S6	1	410	410	0.137	0.712268
BMI:BP:S1:S6	1	2995	2995	1.000	0.319810
AGE:BMIS2:S6	1	180	180	0.060	0.806952
AGE:BP:S2:S6	1	34	34	0.011	0.915741
BMI:BP:S2:S6	1	9743	9743	3.253	0.074342 .
AGE:S1:S2:S6	1	3366	3366	1.124	0.291665
BMI:S1:S2:S6	1	1383	1383	0.462	0.498411
BP:S1:S2:S6	1	22	22	0.007	0.931540
AGE:BMIS3:S6	1	201	201	0.067	0.796198
AGE:BP:S3:S6	1	4877	4877	1.628	0.204948
BMI:BP:S3:S6	1	6383	6383	2.131	0.147528
AGE:S1:S3:S6	1	148	148	0.050	0.824281
BMI:BMIS3:S6	1	1352	1352	0.451	0.503319
BP:S1:S3:S6	1	10654	10654	3.557	0.062231 .
AGE:S2:S3:S6	1	8005	8005	2.672	0.105275
BMI:S2:S3:S6	1	3519	3519	1.175	0.281033
BP:S2:S3:S6	1	1496	1496	0.499	0.481444
S1:S2:S3:S6	1	1997	1997	0.667	0.416119
AGE:BMIS5:S6	1	467	467	0.156	0.693922
AGE:BP:S5:S6	1	2167	2167	0.724	0.397036
BMI:BP:S5:S6	1	25	25	0.008	0.927013
AGE:S1:S5:S6	1	12395	12395	4.138	0.044600 *
BMI:S1:S5:S6	1	2869	2869	0.958	0.330102
BP:S1:S5:S6	1	12000	12000	4.006	0.048071 *

AGE:S2:S5:S6	1	13	13	0.004	0.948533
BMI:S2:S5:S6	1	5392	5392	1.800	0.182764
BP:S2:S5:S6	1	1925	1925	0.643	0.424635
S1:S2:S5:S6	1	4975	4975	1.661	0.200494
AGE:S3:S5:S6	1	52	52	0.017	0.895350
BMI:S3:S5:S6	1	657	657	0.219	0.640482
BP:S3:S5:S6	1	1263	1263	0.422	0.517577
S1:S3:S5:S6	1	2787	2787	0.930	0.337095
S2:S3:S5:S6	1	3948	3948	1.318	0.253713
AGE:BP:BP:S1:S2	1	12	12	0.004	0.948950
AGE:BP:BP:S1:S3	1	3183	3183	1.063	0.305121
AGE:BP:BP:S2:S3	1	4269	4269	1.425	0.235386
AGE:BP:S1:S2:S3	1	88	88	0.029	0.864395
AGE:BP:S1:S2:S3	1	10	10	0.003	0.955105
BMI:BP:S1:S2:S3	1	438	438	0.146	0.702982
AGE:BP:BP:S1:S5	1	915	915	0.305	0.581777
AGE:BP:BP:S2:S5	1	2448	2448	0.817	0.368182
AGE:BP:S1:S2:S5	1	32	32	0.011	0.917599
AGE:BP:S1:S2:S5	1	1250	1250	0.417	0.519768
BMI:BP:S1:S2:S5	1	3417	3417	1.141	0.288086
AGE:BP:BP:S3:S5	1	2949	2949	0.985	0.323483
AGE:BP:S1:S3:S5	1	1469	1469	0.490	0.485388
AGE:BP:S1:S3:S5	1	2293	2293	0.766	0.383707
BMI:BP:S1:S3:S5	1	1549	1549	0.517	0.473692
AGE:BP:S2:S3:S5	1	4066	4066	1.358	0.246754
AGE:BP:S2:S3:S5	1	1	1	0.000	0.986737
BMI:BP:S2:S3:S5	1	2910	2910	0.972	0.326703
AGE:S1:S2:S3:S5	1	9545	9545	3.186	0.077312 .
BMI:S1:S2:S3:S5	1	14151	14151	4.724	0.032122 *
BP:S1:S2:S3:S5	1	351	351	0.117	0.732986
AGE:BP:BP:S1:S6	1	8841	8841	2.952	0.088920 .
AGE:BP:BP:S2:S6	1	364	364	0.122	0.728126
AGE:BP:S1:S2:S6	1	2743	2743	0.916	0.340930
AGE:BP:S1:S2:S6	1	6501	6501	2.170	0.143859
BMI:BP:S1:S2:S6	1	60	60	0.020	0.888023
AGE:BP:BP:S3:S6	1	9216	9216	3.077	0.082508 .
AGE:BP:S1:S3:S6	1	134	134	0.045	0.832823
AGE:BP:S1:S3:S6	1	0	0	0.000	0.994720
BMI:BP:S1:S3:S6	1	6837	6837	2.282	0.134035
AGE:BP:S2:S3:S6	1	6121	6121	2.044	0.156002
AGE:BP:S2:S3:S6	1	367	367	0.123	0.727079
BMI:BP:S2:S3:S6	1	2170	2170	0.725	0.396713
AGE:S1:S2:S3:S6	1	4793	4793	1.600	0.208860
BMI:S1:S2:S3:S6	1	2374	2374	0.793	0.375477
BP:S1:S2:S3:S6	1	2223	2223	0.742	0.391102

AGE:BP:S5:S6	1	1971	1971	0.658	0.419194
AGE:BP:S1:S5:S6	1	2908	2908	0.971	0.326882
AGE:BP:S1:S5:S6	1	1285	1285	0.429	0.514077
BMI:BP:S1:S5:S6	1	8467	8467	2.827	0.095862 .
AGE:BP:S2:S5:S6	1	90	90	0.030	0.862521
AGE:BP:S2:S5:S6	1	3310	3310	1.105	0.295715
BMI:BP:S2:S5:S6	1	3289	3289	1.098	0.297272
AGE:S1:S2:S5:S6	1	2275	2275	0.759	0.385606
BMI:S1:S2:S5:S6	1	1116	1116	0.373	0.543011
BP:S1:S2:S5:S6	1	1984	1984	0.662	0.417714
AGE:BP:S3:S5:S6	1	5573	5573	1.860	0.175662
AGE:BP:S3:S5:S6	1	14094	14094	4.705	0.032465 *
BMI:BP:S3:S5:S6	1	471	471	0.157	0.692654
AGE:S1:S3:S5:S6	1	1977	1977	0.660	0.418520
BMI:S1:S3:S5:S6	1	3149	3149	1.051	0.307712
BP:S1:S3:S5:S6	1	216	216	0.072	0.788850
AGE:S2:S3:S5:S6	1	4627	4627	1.545	0.216834
BMI:S2:S3:S5:S6	1	2493	2493	0.832	0.363782
BP:S2:S3:S5:S6	1	125	125	0.042	0.838393
S1:S2:S3:S5:S6	1	75	75	0.025	0.874342
AGE:BP:S1:S2:S3	1	3923	3923	1.310	0.255236
AGE:BP:S1:S2:S5	1	655	655	0.219	0.640987
AGE:BP:S1:S3:S5	1	870	870	0.290	0.591185
AGE:BP:S2:S3:S5	1	3895	3895	1.300	0.256897
AGE:BP:S1:S2:S3:S5	1	3525	3525	1.177	0.280623
AGE:BP:S1:S2:S3:S5	1	6	6	0.002	0.965009
BMI:BP:S1:S2:S3:S5	1	3021	3021	1.008	0.317730
AGE:BP:S1:S2:S6	1	850	850	0.284	0.595373
AGE:BP:S1:S3:S6	1	1430	1430	0.477	0.491196
AGE:BP:S2:S3:S6	1	850	850	0.284	0.595404
AGE:BP:S1:S2:S3:S6	1	151	151	0.050	0.822883
AGE:BP:S1:S2:S3:S6	1	2366	2366	0.790	0.376257
BMI:BP:S1:S2:S3:S6	1	1426	1426	0.476	0.491756
AGE:BP:S1:S5:S6	1	8223	8223	2.745	0.100708
AGE:BP:S2:S5:S6	1	313	313	0.104	0.747254
AGE:BP:S1:S2:S5:S6	1	1794	1794	0.599	0.440781
AGE:BP:S1:S2:S5:S6	1	1286	1286	0.429	0.513875
BMI:BP:S1:S2:S5:S6	1	1020	1020	0.341	0.560784
AGE:BP:S3:S5:S6	1	4	4	0.001	0.970736
AGE:BP:S1:S3:S5:S6	1	1828	1828	0.610	0.436524
AGE:BP:S1:S3:S5:S6	1	125	125	0.042	0.838408
BMI:BP:S1:S3:S5:S6	1	4108	4108	1.372	0.244343
AGE:BP:S2:S3:S5:S6	1	157	157	0.052	0.819297
AGE:BP:S2:S3:S5:S6	1	1029	1029	0.343	0.559195
BMI:BP:S2:S3:S5:S6	1	612	612	0.204	0.652249

AGE:S1:S2:S3:S5:S6	1	844	844	0.282	0.596789
BMI:S1:S2:S3:S5:S6	1	1024	1024	0.342	0.560139
BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	4609	4609	1.539	0.217761
AGE:BP:S1:S2:S3:S5	1	1048	1048	0.350	0.555534
AGE:BP:S1:S2:S3:S6	1	1086	1086	0.362	0.548547
AGE:BP:S1:S2:S5:S6	1	31	31	0.010	0.918828
AGE:BP:S1:S3:S5:S6	1	723	723	0.241	0.624329
AGE:BP:S1:S2:S3:S6	1	1466	1466	0.490	0.485757
AGE:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	7632	7632	2.548	0.113632
BMI:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	3459	3459	1.155	0.285175
Residuals	99	296537	2995		
<hr/>					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

Dữ liệu sau khi tiền xử lý:

```
av <- aov(Y~AGE*BMI*BP*S1*S2*S3*S5*S6+AGE*SEX, data=train_p)
summary(av)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
AGE	1	70622	70622	23.261	7.81e-06 ***
BMI	1	464743	464743	153.076	< 2e-16 ***
BP	1	86284	86284	28.420	1.10e-06 ***
S1	1	1359	1359	0.448	0.50567
S2	1	2053	2053	0.676	0.41368
S3	1	192796	192796	63.503	1.91e-11 ***
S5	1	22091	22091	7.276	0.00872 **
S6	1	369	369	0.121	0.72853
SEX	1	32870	32870	10.827	0.00156 **
AGE:BMI	1	4782	4782	1.575	0.21357
AGE:BP	1	147	147	0.048	0.82652
BMI:BP	1	21990	21990	7.243	0.00887 **
AGE:S1	1	293	293	0.096	0.75700
BMI:S1	1	1316	1316	0.433	0.51244
BP:S1	1	129	129	0.043	0.83726
AGE:S2	1	875	875	0.288	0.59298
BMI:S2	1	5232	5232	1.723	0.19351
BP:S2	1	347	347	0.114	0.73628
S1:S2	1	159	159	0.052	0.81972
AGE:S3	1	92	92	0.030	0.86254
BMI:S3	1	728	728	0.240	0.62597
BP:S3	1	3345	3345	1.102	0.29743
S1:S3	1	25	25	0.008	0.92727
S2:S3	1	226	226	0.075	0.78568

AGE:S5	1	10836	10836	3.569	0.06294	.
BMI:S5	1	4246	4246	1.399	0.24091	
BP:S5	1	2439	2439	0.803	0.37317	
S1:S5	1	2	2	0.001	0.97820	
S2:S5	1	1431	1431	0.471	0.49461	
S3:S5	1	3165	3165	1.043	0.31068	
AGE:S6	1	10106	10106	3.329	0.07229	.
BMI:S6	1	245	245	0.081	0.77732	
BP:S6	1	2123	2123	0.699	0.40582	
S1:S6	1	3629	3629	1.195	0.27798	
S2:S6	1	540	540	0.178	0.67438	
S3:S6	1	980	980	0.323	0.57175	
S5:S6	1	6	6	0.002	0.96502	
AGE:SEX	1	27985	27985	9.218	0.00335	**
AGE:BMI:BP	1	3784	3784	1.246	0.26801	
AGE:BMI:S1	1	1301	1301	0.428	0.51485	
AGE:BP:S1	1	889	889	0.293	0.59019	
BMI:BP:S1	1	88	88	0.029	0.86528	
AGE:BMI:S2	1	2205	2205	0.726	0.39694	
AGE:BP:S2	1	4533	4533	1.493	0.22580	
BMI:BP:S2	1	40	40	0.013	0.90874	
AGE:S1:S2	1	989	989	0.326	0.57005	
BMI:S1:S2	1	283	283	0.093	0.76114	
BP:S1:S2	1	167	167	0.055	0.81545	
AGE:BMI:S3	1	1	1	0.000	0.98235	
AGE:BP:S3	1	5	5	0.002	0.96802	
BMI:BP:S3	1	34	34	0.011	0.91585	
AGE:S1:S3	1	1150	1150	0.379	0.54023	
BMI:S1:S3	1	262	262	0.086	0.76981	
BP:S1:S3	1	5144	5144	1.694	0.19725	
AGE:S2:S3	1	8	8	0.003	0.96014	
BMI:S2:S3	1	116	116	0.038	0.84538	
BP:S2:S3	1	1472	1472	0.485	0.48858	
S1:S2:S3	1	5631	5631	1.855	0.17754	
AGE:BMI:S5	1	2467	2467	0.813	0.37037	
AGE:BP:S5	1	2191	2191	0.722	0.39849	
BMI:BP:S5	1	1838	1838	0.605	0.43913	
AGE:S1:S5	1	277	277	0.091	0.76332	
BMI:S1:S5	1	7448	7448	2.453	0.12174	
BP:S1:S5	1	394	394	0.130	0.71958	
AGE:S2:S5	1	1360	1360	0.448	0.50545	
BMI:S2:S5	1	8731	8731	2.876	0.09430	.
BP:S2:S5	1	1375	1375	0.453	0.50308	
S1:S2:S5	1	3371	3371	1.110	0.29555	
AGE:S3:S5	1	534	534	0.176	0.67631	

BMI:S3:S5	1	6886	6886	2.268	0.13651
BP:S3:S5	1	5528	5528	1.821	0.18150
S1:S3:S5	1	2012	2012	0.663	0.41838
S2:S3:S5	1	7123	7123	2.346	0.13004
AGE:BMIS6	1	328	328	0.108	0.74341
AGE:BP:S6	1	131	131	0.043	0.83624
BMI:BP:S6	1	582	582	0.192	0.66290
AGE:S1:S6	1	3894	3894	1.282	0.26125
BMI:S1:S6	1	680	680	0.224	0.63748
BP:S1:S6	1	1473	1473	0.485	0.48842
AGE:S2:S6	1	324	324	0.107	0.74501
BMI:S2:S6	1	33	33	0.011	0.91735
BP:S2:S6	1	286	286	0.094	0.75986
S1:S2:S6	1	526	526	0.173	0.67844
AGE:S3:S6	1	17	17	0.006	0.94089
BMI:S3:S6	1	15662	15662	5.159	0.02616 *
BP:S3:S6	1	476	476	0.157	0.69340
S1:S3:S6	1	70	70	0.023	0.88011
S2:S3:S6	1	551	551	0.181	0.67146
AGE:S5:S6	1	74	74	0.024	0.87636
BMI:S5:S6	1	452	452	0.149	0.70087
BP:S5:S6	1	645	645	0.213	0.64622
S1:S5:S6	1	2583	2583	0.851	0.35943
S2:S5:S6	1	90	90	0.029	0.86413
S3:S5:S6	1	1490	1490	0.491	0.48585
AGE:BMIBP:S1	1	1733	1733	0.571	0.45250
AGE:BMIBP:S2	1	2922	2922	0.962	0.32993
AGE:BMIS1:S2	1	351	351	0.115	0.73498
AGE:BP:S1:S2	1	1650	1650	0.544	0.46340
BMI:BP:S1:S2	1	364	364	0.120	0.73034
AGE:BMIBP:S3	1	49	49	0.016	0.89894
AGE:BMIS1:S3	1	14307	14307	4.712	0.03329 *
AGE:BP:S1:S3	1	1643	1643	0.541	0.46437
BMI:BP:S1:S3	1	4256	4256	1.402	0.24035
AGE:BMIS2:S3	1	2836	2836	0.934	0.33705
AGE:BP:S2:S3	1	238	238	0.078	0.78024
BMI:BP:S2:S3	1	2183	2183	0.719	0.39935
AGE:S1:S2:S3	1	483	483	0.159	0.69111
BMI:S1:S2:S3	1	2180	2180	0.718	0.39968
BP:S1:S2:S3	1	173	173	0.057	0.81225
AGE:BMIBP:S5	1	900	900	0.296	0.58790
AGE:BMIS1:S5	1	450	450	0.148	0.70140
AGE:BP:S1:S5	1	2425	2425	0.799	0.37450
BMI:BP:S1:S5	1	2912	2912	0.959	0.33074
AGE:BMIS2:S5	1	2675	2675	0.881	0.35112

AGE:BP:S2:S5	1	1168	1168	0.385	0.53700
BMI:BP:S2:S5	1	222	222	0.073	0.78756
AGE:S1:S2:S5	1	116	116	0.038	0.84576
BMI:S1:S2:S5	1	5	5	0.001	0.96923
BP:S1:S2:S5	1	7879	7879	2.595	0.11162
AGE:BMI:S3:S5	1	5180	5180	1.706	0.19571
AGE:BP:S3:S5	1	2504	2504	0.825	0.36689
BMI:BP:S3:S5	1	3453	3453	1.137	0.28982
AGE:S1:S3:S5	1	1548	1548	0.510	0.47756
BMI:S1:S3:S5	1	1447	1447	0.477	0.49219
BP:S1:S3:S5	1	1484	1484	0.489	0.48668
AGE:S2:S3:S5	1	331	331	0.109	0.74236
BMI:S2:S3:S5	1	69	69	0.023	0.88058
BP:S2:S3:S5	1	1962	1962	0.646	0.42417
S1:S2:S3:S5	1	4808	4808	1.584	0.21238
AGE:BMI:BP:S6	1	16	16	0.005	0.94238
AGE:BMI:S1:S6	1	4171	4171	1.374	0.24507
AGE:BP:S1:S6	1	30	30	0.010	0.92057
BMI:BP:S1:S6	1	234	234	0.077	0.78216
AGE:BMI:S2:S6	1	7740	7740	2.550	0.11477
AGE:BP:S2:S6	1	2	2	0.001	0.97775
BMI:BP:S2:S6	1	7763	7763	2.557	0.11426
AGE:S1:S2:S6	1	367	367	0.121	0.72901
BMI:S1:S2:S6	1	726	726	0.239	0.62642
BP:S1:S2:S6	1	193	193	0.064	0.80151
AGE:BMI:S3:S6	1	790	790	0.260	0.61163
AGE:BP:S3:S6	1	2957	2957	0.974	0.32704
BMI:BP:S3:S6	1	1357	1357	0.447	0.50594
AGE:S1:S3:S6	1	942	942	0.310	0.57934
BMI:S1:S3:S6	1	10686	10686	3.520	0.06475 .
BP:S1:S3:S6	1	14426	14426	4.752	0.03259 *
AGE:S2:S3:S6	1	9321	9321	3.070	0.08406 .
BMI:S2:S3:S6	1	666	666	0.219	0.64090
BP:S2:S3:S6	1	67	67	0.022	0.88274
S1:S2:S3:S6	1	9781	9781	3.222	0.07692 .
AGE:BMI:S5:S6	1	7751	7751	2.553	0.11452
AGE:BP:S5:S6	1	810	810	0.267	0.60719
BMI:BP:S5:S6	1	165	165	0.054	0.81654
AGE:S1:S5:S6	1	7214	7214	2.376	0.12764
BMI:S1:S5:S6	1	0	0	0.000	0.99403
BP:S1:S5:S6	1	6580	6580	2.167	0.14539
AGE:S2:S5:S6	1	758	758	0.250	0.61882
BMI:S2:S5:S6	1	15618	15618	5.144	0.02637 *
BP:S2:S5:S6	1	4558	4558	1.501	0.22454
S1:S2:S5:S6	1	512	512	0.169	0.68260

AGE:S3:S5:S6	1	1262	1262	0.416	0.52116
BMI:S3:S5:S6	1	1295	1295	0.427	0.51574
BP:S3:S5:S6	1	29	29	0.009	0.92289
S1:S3:S5:S6	1	15143	15143	4.988	0.02868 *
S2:S3:S5:S6	1	9144	9144	3.012	0.08699 .
AGE:BMI:BP:S1:S2	1	1032	1032	0.340	0.56166
AGE:BMI:BP:S1:S3	1	2229	2229	0.734	0.39436
AGE:BMI:BP:S2:S3	1	410	410	0.135	0.71424
AGE:BMI:S1:S2:S3	1	3810	3810	1.255	0.26640
AGE:BP:S1:S2:S3	1	26	26	0.009	0.92669
BMI:BP:S1:S2:S3	1	1290	1290	0.425	0.51656
AGE:BMI:BP:S1:S5	1	6598	6598	2.173	0.14485
AGE:BMI:BP:S2:S5	1	1304	1304	0.429	0.51443
AGE:BMI:S1:S2:S5	1	1759	1759	0.579	0.44911
AGE:BP:S1:S2:S5	1	416	416	0.137	0.71249
BMI:BP:S1:S2:S5	1	174	174	0.057	0.81173
AGE:BMI:BP:S3:S5	1	2282	2282	0.752	0.38889
AGE:BMI:S1:S3:S5	1	503	503	0.166	0.68508
AGE:BP:S1:S3:S5	1	14	14	0.005	0.94631
BMI:BP:S1:S3:S5	1	4485	4485	1.477	0.22824
AGE:BMI:S2:S3:S5	1	2631	2631	0.866	0.35509
AGE:BP:S2:S3:S5	1	721	721	0.237	0.62762
BMI:BP:S2:S3:S5	1	3519	3519	1.159	0.28530
AGE:S1:S2:S3:S5	1	664	664	0.219	0.64140
BMI:S1:S2:S3:S5	1	6208	6208	2.045	0.15712
BP:S1:S2:S3:S5	1	1953	1953	0.643	0.42516
AGE:BMI:BP:S1:S6	1	8588	8588	2.829	0.09699 .
AGE:BMI:BP:S2:S6	1	116	116	0.038	0.84578
AGE:BMI:S1:S2:S6	1	2042	2042	0.673	0.41489
AGE:BP:S1:S2:S6	1	580	580	0.191	0.66351
BMI:BP:S1:S2:S6	1	959	959	0.316	0.57587
AGE:BMI:BP:S3:S6	1	52	52	0.017	0.89653
AGE:BMI:S1:S3:S6	1	553	553	0.182	0.67070
AGE:BP:S1:S3:S6	1	7192	7192	2.369	0.12821
BMI:BP:S1:S3:S6	1	5564	5564	1.833	0.18009
AGE:BMI:S2:S3:S6	1	933	933	0.307	0.58101
AGE:BP:S2:S3:S6	1	1249	1249	0.411	0.52329
BMI:BP:S2:S3:S6	1	363	363	0.120	0.73035
AGE:S1:S2:S3:S6	1	616	616	0.203	0.65390
BMI:S1:S2:S3:S6	1	5100	5100	1.680	0.19915
BP:S1:S2:S3:S6	1	23514	23514	7.745	0.00690 **
AGE:BMI:BP:S5:S6	1	9093	9093	2.995	0.08787 .
AGE:BMI:S1:S5:S6	1	8536	8536	2.811	0.09799 .
AGE:BP:S1:S5:S6	1	5864	5864	1.931	0.16894
BMI:BP:S1:S5:S6	1	2526	2526	0.832	0.36482

AGE:BP:S2:S5:S6	1	2691	2691	0.886	0.34968
AGE:BP:S2:S5:S6	1	6561	6561	2.161	0.14598
BMI:BP:S2:S5:S6	1	73	73	0.024	0.87729
AGE:S1:S2:S5:S6	1	8866	8866	2.920	0.09184 .
BMI:S1:S2:S5:S6	1	3263	3263	1.075	0.30342
BP:S1:S2:S5:S6	1	1918	1918	0.632	0.42934
AGE:BMI:S3:S5:S6	1	3296	3296	1.086	0.30097
AGE:BP:S3:S5:S6	1	2571	2571	0.847	0.36056
BMI:BP:S3:S5:S6	1	2200	2200	0.725	0.39746
AGE:S1:S3:S5:S6	1	6816	6816	2.245	0.13846
BMI:S1:S3:S5:S6	1	4357	4357	1.435	0.23492
BP:S1:S3:S5:S6	1	4313	4313	1.421	0.23725
AGE:S2:S3:S5:S6	1	1179	1179	0.388	0.53512
BMI:S2:S3:S5:S6	1	4899	4899	1.614	0.20812
BP:S2:S3:S5:S6	1	58	58	0.019	0.89018
S1:S2:S3:S5:S6	1	3042	3042	1.002	0.32023
AGE:BP:BP:S1:S2:S3	1	130	130	0.043	0.83650
AGE:BP:BP:S1:S2:S5	1	1380	1380	0.455	0.50234
AGE:BP:BP:S1:S3:S5	1	2118	2118	0.698	0.40641
AGE:BP:BP:S2:S3:S5	1	808	808	0.266	0.60762
AGE:BP:BP:S1:S2:S3:S5	1	2674	2674	0.881	0.35121
AGE:BP:BP:S1:S2:S3:S5	1	32	32	0.011	0.91863
BMI:BP:BP:S1:S2:S3:S5	1	384	384	0.126	0.72326
AGE:BP:BP:BP:S1:S2:S6	1	1962	1962	0.646	0.42419
AGE:BP:BP:BP:S1:S3:S6	1	2763	2763	0.910	0.34332
AGE:BP:BP:BP:S2:S3:S6	1	146	146	0.048	0.82709
AGE:BP:BP:BP:S1:S2:S3:S6	1	2933	2933	0.966	0.32897
AGE:BP:BP:BP:S1:S2:S3:S6	1	1331	1331	0.438	0.51007
BMI:BP:BP:BP:S1:S2:S3:S6	1	5452	5452	1.796	0.18448
AGE:BP:BP:BP:S1:S5:S6	1	4169	4169	1.373	0.24518
AGE:BP:BP:BP:S2:S5:S6	1	5742	5742	1.891	0.17337
AGE:BP:BP:BP:S1:S2:S5:S6	1	21394	21394	7.047	0.00980 **
AGE:BP:BP:BP:S1:S2:S5:S6	1	9	9	0.003	0.95580
BMI:BP:BP:BP:S1:S2:S5:S6	1	7851	7851	2.586	0.11226
AGE:BP:BP:BP:S3:S5:S6	1	435	435	0.143	0.70631
AGE:BP:BP:BP:S1:S3:S5:S6	1	577	577	0.190	0.66429
AGE:BP:BP:BP:S1:S3:S5:S6	1	664	664	0.219	0.64153
BMI:BP:BP:BP:S1:S3:S5:S6	1	1477	1477	0.486	0.48782
AGE:BP:BP:BP:S2:S3:S5:S6	1	477	477	0.157	0.69310
AGE:BP:BP:BP:S2:S3:S5:S6	1	276	276	0.091	0.76384
BMI:BP:BP:BP:S2:S3:S5:S6	1	930	930	0.306	0.58177
AGE:BP:BP:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	4483	4483	1.476	0.22835
BMI:BP:BP:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	42	42	0.014	0.90643
BP:BP:BP:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	5983	5983	1.971	0.16474
AGE:BP:BP:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	5757	5757	1.896	0.17282

AGE:BM1:BP:S1:S2:S3:S6	1	1170	1170	0.385	0.53681
AGE:BM1:BP:S1:S2:S5:S6	1	747	747	0.246	0.62151
AGE:BM1:BP:S2:S3:S5:S6	1	3722	3722	1.226	0.27191
AGE:BM1:S1:S2:S3:S5:S6	1	2288	2288	0.754	0.38822
AGE:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	5154	5154	1.698	0.19682
BM1:BP:S1:S2:S3:S5:S6	1	21	21	0.007	0.93424
Residuals		71	215558	3036	
<hr/>					
---					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

**Nhận xét:** Ở hai tập train và train\_p đều có 15 yếu tố và tương tác khác nhau ảnh hưởng đến tiến triển bệnh tiểu đường. Có một số yếu không ảnh hưởng đến tiến triển bệnh nhưng lại ảnh hưởng khi tương tác với các yếu tố khác. Ví dụ ở train, thuộc tính S1 không ảnh hưởng đến Y ( $p\_value=0.182355 > 0.05$ ) nhưng khi tương tác với BM1 và S5 thì ảnh hưởng ( $p\_value=0.015230 < 0.05$ ).

#### 4.3 Các độ đo đánh giá mô hình hồi quy

Đánh giá mô hình là một bước quan trọng không thể thiếu trong quá trình xây dựng mô hình máy học. Đánh giá mô hình hỗ trợ trong việc đánh giá hiệu suất của mô hình trên dữ liệu huấn luyện và phát hiện ra những trường hợp gây ảnh hưởng tới mô hình như overfitting (hiện tượng mô hình thể hiện chính xác các điểm dữ liệu huấn luyện) hay under-fitting (hiện tượng mô hình không hoàn toàn có mối liên hệ nào với bộ dữ liệu huấn luyện), từ đó cải thiện chất lượng hiệu suất của mô hình và giúp mô hình đưa ra kết quả khả quan hơn khi xuất hiện bộ dữ liệu mới trong tương lai. Độ đo được sử dụng để đánh giá cho các mô hình máy học hồi quy trong bài báo cáo là Adjusted R-Squared.

##### R-Squared

$$R - Squared = 1 - \frac{SSE}{SST} = 1 - \frac{\sum(Y_{true} - Y_{pred})^2}{\sum(Y_{true} - \bar{Y})^2} \quad (1)$$

Trong đó:

- **SSE** là Sum of Squared estimate of errors (tổng bình phương lỗi giữa biến phụ thuộc trong bộ dữ liệu với biến phụ thuộc được dự đoán từ mô hình).
- **SST** là sum of squares total (tổng bình phương lỗi giữa giá trị biến phụ thuộc trong bộ dữ liệu với tổng bình phương của nó).

Dộ đo đánh giá R-Squared hay còn được còn có tên gọi khác là Coefficient of Determination, có khoảng giá trị từ 0 tới 1, giúp nhận xét mức độ thích hợp

giữa mô hình và các điểm dữ liệu huấn luyện. Kết quả của độ đo R-Squared không đánh giá hiệu suất của mô hình một cách toàn vẹn, giá trị của độ đo thấp không có nghĩa là mô hình có hiệu suất thấp, ngược lại thì kết quả độ đo cao thì không đồng nghĩa rằng mô hình hoạt động tốt. Ngoài ra, độ đo R-Squared còn có nhược điểm khi tăng số lượng thuộc tính độc lập thì giá trị của độ đo cũng tăng theo, dẫn tới tăng độ phức tạp cho mô hình mặc dù những thuộc tính mới không hoàn toàn mang ý nghĩa cho việc cải thiện dự đoán biến phụ thuộc.

### Adjusted R-Squared

$$\text{Adjusted } R - \text{Squared} = 1 - (1 - R^2) \frac{n - 1}{n - p - 1} \quad (2)$$

Trong đó:

- **R<sup>2</sup>**: giá trị của R-Square trên bộ dữ liệu.
- **n**: số lượng điểm dữ liệu trong bộ dữ liệu.
- **p**: số lượng thuộc tính độc lập trong bộ dữ liệu.

Dộ đo đánh giá Adjusted R-Squared đã khắc phục khuyết điểm vốn có của R-Squared, khi tăng số lượng thuộc tính độc lập nếu giá trị của độ đo Adjusted R-Squared giảm nghĩa là thuộc tính đó không có ý nghĩa trong việc nâng cao hiệu suất mô hình tránh trường hợp dư thừa hay tăng độ phức tạp cho mô hình một cách không cần thiết.

### MSE

$$MSE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - \tilde{Y}_i)^2 \quad (3)$$

Trong đó:

- **Y<sub>i</sub>**: giá trị của biến độc lập trong bộ dữ liệu
- **Ŷ<sub>i</sub>**: giá trị của biến độc lập được dự đoán từ mô hình.
- **n**: số lượng điểm dữ liệu trong bộ dữ liệu.

MSE (mean squared error) là độ đánh giá phỏ biến cho các mô hình máy học hồi quy. Thông qua việc tính trung bình cho hàm lỗi squared sum hay chính là trung bình hàm lỗi giữa giá trị thực sự của biến độc lập từ bộ dữ liệu với giá trị của biến độc lập được dự đoán từ mô hình giúp đánh giá hiệu suất của mô hình. Giá trị của MSE càng nhỏ chứng tỏ khả năng dự đoán của mô hình càng chính xác.

**RMSE**

$$RMSE = \sqrt{MSE} \quad (4)$$

Trong đó:

- **MSE:** giá trị của MSE.

RMSE (root mean squared error) là độ đánh giá độ chính xác giữa các mô hình máy học khác nhau khi sử dụng chung cùng một dữ liệu. Giá trị của RMSE không mang giá trị âm và khi đạt được giá trị là 0 nghĩa là mô hình có thể dự đoán chính xác tuyệt đối. Ngoài ra, RMSE còn giúp hỗ trợ phát hiện các điểm dữ liệu bất thường từ đó giúp cải thiện hiệu suất.

#### 4.4 Xây dựng mô hình hồi quy

**Simple Linear Regression** là mô hình hồi quy tuyến tính đơn biến, nghĩa là mô hình chỉ có duy nhất một biến độc lập. Mô hình được biểu diễn qua phương trình:  $y = \beta_0 + \beta_1 x$ , trong đó  $y$  là biến phụ thuộc,  $x$  là biến độc lập và  $\beta_0, \beta_1$  là các tham số mô hình. Đặc trưng của mô hình là một đường thẳng tuyến tính giúp đánh giá mối quan hệ giữa biến độc lập và biến phụ thuộc.

Vì bộ dữ liệu có 10 biến độc lập nên việc chọn thuộc tính dựa vào hệ số tương quan cao nhất giữa biến phụ thuộc Y và các thuộc tính còn lại.

**Bảng 4.** Hệ số tương quan giữa biến phụ thuộc Y và các biến độc lập

Biến độc lập	Hệ số tương quan
AGE	0.19
SEX	0.043
BMI	0.59
BP	0.44
S1	0.21
S2	0.17
S3	-0.39
S4	0.43
S5	0.57
S6	0.38

Thông qua bảng 4, biến độc lập được sử dụng trong mô hình là BMI với hệ số tương quan là 0.59.

### Phân tích hồi quy trên mô hình Simple Linear Regression ở tập train

---

```

Call:
lm(formula = Y ~ BMI, data = train)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-162.809 -43.569   -7.261   48.156 152.338 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) -107.096    20.376  -5.256 2.55e-07 ***
BMI          9.846     0.764   12.887 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 62.89 on 353 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.3199,    Adjusted R-squared:  0.318 
F-statistic: 166.1 on 1 and 353 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

---

Qua kết quả phân tích, mô hình Simple Linear Regression trên tập train có phương trình là:

$$Y = -107.096 + 9.846 * \text{BMI}$$

**R-squared** = 0.3199  
**Adjusted R-squared** = 0.318  
**RMSE** = 62.7097

### Phân tích hồi quy trên mô hình Simple Linear Regression ở tập train\_p

---

```

Call:
lm(formula = Y ~ BMI, data = train_p)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-156.418 -45.526  -7.454  47.302 157.173 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) -100.1405   21.8255 -4.588 6.39e-06 ***
BMI          9.4412    0.8184 11.536 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 62.74 on 325 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.2905,    Adjusted R-squared:  0.2883 
F-statistic: 133.1 on 1 and 325 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

Từ kết quả phân tích, mô hình Simple Linear Regression trên tập train\_p có phương trình là:

$$Y = -100.1405 + 9.4412 * \text{BMI}$$

**R-squared** = 0.2905

**Adjusted R-squared** = 0.2883

**RMSE** = 62.5494

**Multiple Linear Regression** là trường hợp khi mô hình hồi quy tuyến tính tồn tại nhiều hơn một biến độc lập. Khi đó, phương trình biểu diễn cho mô hình là:  $y = \beta_0 + \beta_1 * x_1 + \beta_2 * x_2 + \dots + \beta_n * x_n$  với  $x, y, \beta_0, \beta_1, \dots, \beta_n$  có ý nghĩa tương tự như mô hình Simple Linear Regression.

Dựa vào phân tích ảnh hưởng các yếu tố ở mục 4.2, các thuộc tính có ảnh hưởng sẽ được sử dụng để xây dựng mô hình Multiple Linear Regression là AGE, BMI, BP, S3, S5. Sau đó tiếp tục phân tích hồi quy để loại bỏ hoặc bổ sung thêm các thuộc tính khác sao cho mô hình đạt hiệu suất Adjusted R Squared cao nhất.

---

**Phân tích hồi quy trên mô hình Multiple Linear Regression ở tập train**

---

```

Call:
lm(formula = Y ~ SEX + BMI + BP + S1 + S2 + S5 + S6, data = train)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-152.851 -38.319 -0.824  36.942 149.420 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) -320.7058   29.6318 -10.823 < 2e-16 ***
SEX          -21.9590    6.5182  -3.369  0.00084 ***
BMI          4.9575    0.8188   6.055 3.65e-09 ***
BP           1.0507    0.2497   4.208 3.29e-05 ***
S1          -1.0232    0.2523  -4.055 6.19e-05 ***
S2           0.8703    0.2622   3.319  0.00100 ** 
S5           71.9213   8.7834   8.188 5.12e-15 ***
S6           0.3715    0.2944   1.262  0.20784  
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 54.54 on 347 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4972,    Adjusted R-squared:  0.4871 
F-statistic: 49.03 on 7 and 347 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

Từ kết quả phân tích, mô hình Multiple Linear Regression trên tập train có phương trình là:

$$Y = -320.7058 - 21.9590 * SEX + 4.9575 * BMI + 1.0507 * BP - 1.0232 * S1 + 0.8703 * S2 + 71.9213 * S5 + 0.3715 * S6$$

**R-squared** = 0.4972

**Adjusted R-squared** = 0.4871

**RMSE** = 53.9186

---

Phân tích hồi quy trên mô hình Multiple Linear Regression ở tập train\_p

---

```

Call:
lm(formula = Y ~ SEX + BMI + BP + S1 + S3 + S5, data = train_p)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-149.543 -37.501 -0.557  35.273 141.916 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) -215.9629   44.5227 -4.851 1.93e-06 *** 
SEX          -22.8206    6.8001 -3.356 0.000886 *** 
BMI           4.0890    0.8783  4.655 4.74e-06 *** 
BP            1.3396    0.2709  4.945 1.23e-06 *** 
S1           -0.1542    0.1181 -1.306 0.192529    
S3           -1.1371    0.3262 -3.486 0.000560 *** 
S5            54.1603   8.6748  6.243 1.36e-09 *** 
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 53.93 on 320 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4838,    Adjusted R-squared:  0.4741 
F-statistic: 49.98 on 6 and 320 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

Từ kết quả phân tích, mô hình Multiple Linear Regression trên tập train có phương trình là:

$$Y = -215.9629 - 22.8206 * \text{SEX} + 4.0890 * \text{BMI} + 1.3396 * \text{BP} - 1.542 * \text{S1} - 1.1371 * \text{S3} + 54.1603 * \text{S5}$$

**R-squared** = 0.4838

**Adjusted R-squared** = 0.4741

**RMSE** = 53.3535

**Polynomial Regression** được sử dụng khi mối quan hệ giữa biến độc lập và biến phụ thuộc không thể trực quan trên một đường thẳng tuyến tính. Khi đó phương trình biểu diễn mô hình sẽ có dạng  $y = \beta_0 + \beta_1 * x_1 + \beta_2 * x^2 + \dots + \beta_n * x^n$  với  $x, y, \beta_0, \beta_1, \dots, \beta_n$  có ý nghĩa tương tự như mô hình Simple Linear Regression.

Thông qua phân tích ảnh hưởng các yếu tố và tương tác giữa các yếu tố ở mục 4.2, các tham số được lựa chọn để xây dựng mô hình Polynomial Regression, sau đó thực hiện phân tích hồi quy để chọn ra tham số giúp mô hình đạt hiệu suất tốt nhất.

#### Phân tích hồi quy trên mô hình Polynomial Regression ở tập train

```

Call:
lm(formula = Y ~ AGE + BP + BMI + S3 + SEX + I(AGE^2) + I(S5^2) +
   I(S3^2) + I(AGE * SEX) + I(BMI * BP) + I(S1 * S2 * S3 * S5) +
   I(BMI * S1 * S5) + I(BMI * S2 * S5) + I(AGE * S2 * S3 * S6) +
   I(BMI * S1 * S2 * S3 * S5) + I(AGE * BP * S3 * S5 * S6),
   data = train)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-141.774 -37.239 -4.278  34.056 142.793 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) 5.822e+02  1.603e+02  3.631 0.000326 ***
AGE         -4.194e+00  1.497e+00 -2.802 0.005378 ** 
BP          -3.800e+00  1.333e+00 -2.851 0.004630 ** 
BMI        -9.096e+00  4.660e+00 -1.952 0.051797 .  
S3          -4.029e+00  1.788e+00 -2.254 0.024850 *  
SEX         -7.898e+01  2.348e+01 -3.363 0.000858 *** 
I(AGE^2)    1.928e-02  1.490e-02  1.294 0.196462  
I(S5^2)    6.541e+00  2.762e+00  2.368 0.018431 *  
I(S3^2)    2.170e-02  1.296e-02  1.674 0.095126 .  
I(AGE * SEX) 1.103e+00  4.586e-01  2.405 0.016708 *  
I(BMI * BP)  1.473e-01  4.599e-02  3.203 0.001491 ** 
I(S1 * S2 * S3 * S5) -1.270e-05 9.678e-06 -1.312 0.190352  
I(BMI * S1 * S5) -8.057e-03 3.735e-03 -2.157 0.031720 *  
I(BMI * S2 * S5) 7.455e-03 4.012e-03  1.858 0.064044 .  
I(AGE * S2 * S3 * S6) -1.541e-06 1.210e-06 -1.273 0.203986  
I(BMI * S1 * S2 * S3 * S5) 6.639e-07 3.585e-07  1.852 0.064908 .  
I(AGE * BP * S3 * S5 * S6) 8.688e-07 3.069e-07  2.831 0.004916 ** 
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 52.69 on 338 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.543,      Adjusted R-squared:  0.5213 
F-statistic: 25.1 on 16 and 338 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

Từ kết quả phân tích, mô hình Polynomial Regression trên tập train có phuong trình là:

$$\begin{aligned}
Y = & 582.2 - 4.194 * \text{AGE} - 3.18 * \text{BP} - 9.096 * \text{BMI} - 4.029 * \text{S3} - 78.98 * \text{SEX} + \\
& (1.928e-02) * \text{AGE}^2 + 6.541 * \text{S5}^2 + (2.170e-02) * \text{S3}^2 + 1.103 * \text{AGE} * \text{SEX} + \\
& (1.473e-01) * \text{BMI} * \text{BP} + (-1.270e-05) * \text{S1} * \text{S2} * \text{S3} * \text{S5} + (-8.057e-03) * \\
& \text{BMI} * \text{S1} * \text{S5} + (7.455e-03) * \text{BMI} * \text{S2} * \text{S5} + (-1.541e-06) * \text{AGE} * \text{S2} * \text{S3} * \text{S6} + \\
& (6.639e-07) * \text{BMI} * \text{S1} * \text{S2} * \text{S3} * \text{S5} + (8.688e-07) * \text{AGE} * \text{BP} * \text{S3} * \text{S5} * \text{S6}
\end{aligned}$$

**R-squared** = 0.543  
**Adjusted R-squared** = 0.5213  
**RMSE** = 51.4093

### Phân tích hồi quy trên mô hình Polynomial Regression ở tập train\_p

```
Call:
lm(formula = Y ~ AGE + BMI + S3 + SEX + S5 + I(BP^2) + I(AGE *
SEX) + I(BMI * BP) + I(BP * S1 * S3 * S6) + I(AGE * BMI *
S1 * S3) + I(BMI * S2 * S5 * S6) + I(BP * S1 * S2 * S3 *
S6), data = train_p)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-142.038 -37.410 -0.199  34.083 133.681 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) 2.947e+02  1.329e+02   2.218 0.027300 *  
AGE         -2.731e+00  1.053e+00  -2.594 0.009927 ** 
BMI        -1.548e+01  5.445e+00  -2.842 0.004776 ** 
S3          -2.081e+00  1.026e+00  -2.028 0.043409 *  
SEX         -9.272e+01  2.422e+01  -3.829 0.000155 *** 
S5          4.012e+01  1.002e+01   4.005 7.76e-05 *** 
I(BP^2)     -1.931e-02  8.467e-03  -2.281 0.023212 *  
I(AGE * SEX) 1.431e+00  4.810e-01   2.976 0.003147 ** 
I(BMI * BP)  1.841e-01  5.534e-02   3.326 0.000985 *** 
I(BP * S1 * S3 * S6) 6.006e-07  5.372e-07   1.118 0.264405 
I(AGE * BMI * S1 * S3) 2.929e-06  2.529e-06   1.158 0.247655 
I(BMI * S2 * S5 * S6) 2.103e-05  1.936e-05   1.086 0.278230 
I(BP * S1 * S2 * S3 * S6) -5.426e-09 3.016e-09  -1.799 0.072951 . 
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1 

Residual standard error: 52.78 on 314 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.5149,    Adjusted R-squared:  0.4964 
F-statistic: 27.78 on 12 and 314 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Từ kết quả phân tích, mô hình Multiple Linear Regression trên tập train có phương trình là:

$$Y = 294.7 - 2.731 * \text{AGE} - 15.48 * \text{BMI} - 2.081 * \text{S3} - 92.72 * \text{SEX} + 40.12 * \text{S5} + (-1.931e-02) * \text{BP}^2 + 1.431 * \text{AGE} * \text{SEX} + (1.841e-01) * \text{BM} * \text{BP} +$$

$$(6.006e - 07) * \mathbf{BP} * \mathbf{S1} * \mathbf{S3} * \mathbf{S6} + (2.929e - 06) * \mathbf{AGE} * \mathbf{BMI} * \mathbf{S1} * \mathbf{S3} + \\ (2.103e - 05) * \mathbf{BMI} * \mathbf{S2} * \mathbf{S5} * \mathbf{S6} + (-5.426e - 09) * \mathbf{BP} * \mathbf{S1} * \mathbf{S2} * \mathbf{S3} * \mathbf{S6}$$

**R-squared** = 0.5149

**Adjusted R-squared** = 0.4964

**RMSE** = 51.7186

**Ridge Regression** là phương pháp xác định hệ số của mô hình hồi quy đa biến trong điều kiện biến độc lập có sự tương quan chặt chẽ với nhau. Được xem là dạng chính quy (regularization) của hồi quy tuyến tính. Dùng để giảm số lượng biến độc lập trong mô hình hồi quy, nhằm giảm các vấn đề Overfitting và Underfitting.

$$L_{ridge}(\hat{\beta}) = \sum_{i=1}^n (y_i - x'_i \hat{\beta})^2 + \lambda \sum_{j=1}^m \hat{\beta}_j^2 = \|y - X\hat{\beta}\|^2 + \lambda \|\hat{\beta}\|^2 \quad (5)$$

Việc xây dựng mô hình Ridge Regression được thực hiện bằng cách sử dụng hàm cv.glmnet với tham số alpha = 0, sử dụng độ đo MSE để thực hiện 10-fold cross validation nhằm tìm ra tham số lambda tối ưu. Sau đây là kết quả mô hình thu được.

**Hệ số mô hình Ridge Regression trên tập train:**

```
11 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
  s1
(Intercept) -148.67220469
AGE          0.12349837
SEX          -8.51972205
BMI          3.27742361
BP           0.72694871
S1           0.02000633
S2           -0.03983784
S3           -0.54474454
S4           4.07225690
S5           25.39873274
S6           0.49832477
```

**Giá trị lambda tốt nhất:** 63.87225

**R-squared** = 0.4763

**Adjusted R-squared** = 0.4748

**RMSE** = 56.5607

**Hệ số mô hình Ridge Regression trên tập train\_p:**

```
11 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
  s1
(Intercept) -1.447451e+02
AGE          1.147955e-01
SEX          -9.351097e+00
BMI          3.051928e+00
BP           8.154471e-01
S1           2.035922e-03
S2           -6.766365e-02
S3           -6.811350e-01
S4           4.990239e+00
S5           2.890386e+01
S6           3.586102e-01
```

**Giá trị lambda tốt nhất:** 56.88734

**R-squared** = 0.4684

**Adjusted R-squared** = 0.4667

**RMSE** = 55.5186

**Lasso Regression** là một phương pháp dùng để giảm số lượng biến độc lập trong mô hình hồi quy nhưng sử dụng tổng các giá trị tuyệt đối của hệ số bên trong biểu thức. Vì về bản chất, Lasso Regression không chỉ giảm giá trị của hệ số mà thậm chí có gắng loại bỏ nó. Sự khác biệt của Ridge và Lasso là Ridge sẽ không bao giờ cho giá trị của hệ số bằng 0. Hạn chế chính là không phù hợp cho một số loại dữ liệu.

$$L_{lasso}(\hat{\beta}) = \sum_{i=1}^n (y_i - x'_i \hat{\beta})^2 + \lambda \sum_{j=1}^m |\hat{\beta}_j| \quad (6)$$

Việc xây dựng mô hình Lasso Regression được thực hiện tương tự như mô hình Ridge Regression, điểm khác ở đây là tham số alpha được đặt bằng 1. Sau đây là kết quả mô hình thu được.

**Hệ số mô hình Lasso Regression trên tập train:**

```
11 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
  s1
(Intercept) -198.2166275
AGE          .
SEX          .
BMI          4.7320556
BP           0.5720361
S1           .
S2           .
```

S3	-0.2404157
S4	.
S5	39.4848485
S6	.

**Giá trị lambda tốt nhất:** 8.845581

**R-squared** = 0.4698

**Adjusted R-squared** = 0.4683

**RMSE** = 56.5129

**Hệ số mô hình Lasso Regression trên tập train\_p:**

11 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
s1
(Intercept) -192.5409138
AGE .
SEX .
BMI 3.9613444
BP 0.6776335
S1 .
S2 .
S3 -0.5086763
S4 .
S5 43.0942120
S6 .

**Giá trị lambda tốt nhất:** 7.87825

**R-squared** = 0.4592

**Adjusted R-squared** = 0.4575

**RMSE** = 55.5805

**Elastic Net Regression** là sự kết hợp của cả hai mô hình Ridge Regression và Lasso Regression. Ưu điểm của mô hình này là không dễ dàng loại bỏ hệ số cộng tuyến.

$$L_{enet}(\hat{\beta}) = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - x'_i \hat{\beta})^2}{2n} + \lambda \left( \frac{1-\alpha}{2} \sum_{j=1}^m \hat{\beta}_j^2 + \alpha \sum_{j=1}^m |\hat{\beta}_j| \right) \quad (7)$$

Việc xây dựng mô hình Elastic Net Regression được thực hiện bằng cách xét tập hợp các giá trị alpha và đưa vào hàm cv.glmnet. Qua thực nghiệm, chúng tôi thu được giá trị alpha = 0.05 làm mô hình trên hai tập train và train\_p đạt hiệu suất cao nhất. Sau đây là kết quả xây dựng mô hình.

**Hệ số mô hình Elastic Net Regression trên tập train:**

```
11 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
  s1
(Intercept) -156.9429680
AGE          0.0137974
SEX          -5.9714328
BMI          3.4987943
BP           0.7256636
S1           .
S2           .
S3          -0.4931234
S4           3.0923065
S5          27.6310700
S6          0.4366859
```

**Giá trị lambda tốt nhất:** 48.09499

**R-squared =** 0.4774

**Adjusted R-squared =** 0.4759

**RMSE =** 56.5372

**Hệ số mô hình Elastic Net Regression trên tập train\_p:**

```
11 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
  s1
(Intercept) -156.68332510
AGE          0.00625415
SEX          -8.01131052
BMI          3.28575464
BP           0.84842402
S1           .
S2          -0.01193017
S3          -0.69496170
S4           3.61105763
S5          32.11917544
S6          0.26372880
```

**Giá trị lambda tốt nhất:** 39.03005

**R-squared =** 0.469

**Adjusted R-squared =** 0.4674

**RMSE =** 55.3056

## 5 Đánh giá mô hình hồi quy

### 5.1 Kết quả đánh giá mô hình

Sau đây là bảng kết quả đánh giá tổng hợp của các mô hình hồi quy trên tập huấn luyện và tập kiểm thử.

**Bảng 5.** Kết quả đánh giá hiệu suất của các mô hình hồi quy trên tập huấn luyện

Tên mô hình	Adjusted R-Squared		RMSE	
	Trước tiền xử lý	Sau tiền xử lý	Trước tiền xử lý	Sau tiền xử lý
Simple Linear Regression	0.3180	0.2883	62.7097	62.5494
Multiple Linear Regression	0.4871	0.4741	53.9186	53.3535
Polynomial Regression	<b>0.5213</b>	<b>0.4964</b>	<b>51.4093</b>	<b>51.7186</b>
Ridge Regression	0.4748	0.4667	56.5607	55.5186
Lasso Regression	0.4683	0.4575	56.5129	55.5805
Elastic Net Regression	0.4759	0.4674	56.5372	55.3056

**Nhận xét:**

- Các mô hình trên tập dữ liệu huấn luyện trước khi tiền xử lý có kết quả Adjusted R-Squared tốt hơn so với sau khi tiền xử lý. Còn khi xét độ đo RMSE thì hầu hết mô hình phạm ít lỗi hơn khi sử dụng dữ liệu đã qua xử lý.
- Độ đo Adjusted R-Squared và RMSE tốt nhất trước và sau khi tiền xử lý trên tập huấn luyện đều thuộc về mô hình **Polynomial Regression** với Adjusted R-Squared lần lượt là **0.5213** và **0.4964**, RMSE lần lượt là **51.403** và **51.786**. Điều đó cho thấy mô hình Polynomial Regression có mức độ tương thích tốt hơn so với các mô hình còn lại trên tập huấn luyện.
- Mô hình Simple Linear Regression cho kết quả thấp nhất trên cả hai bộ dữ liệu với Adjusted R-Squared lần lượt là **0.3180** và **0.2883**, RMSE lần lượt là **62.7097** và **62.5494**.

**Bảng 6.** Kết quả đánh giá hiệu suất của các mô hình hồi quy trên tập kiểm thử

Tên mô hình	Adjusted R-Squared		RMSE	
	Trước tiền xử lý	Sau tiền xử lý	Trước tiền xử lý	Sau tiền xử lý
Simple Linear Regression	0.4334	0.5099	61.1129	59.0436
Multiple Linear Regression	<b>0.5795</b>	0.4998	<b>52.5026</b>	56.5038
Polynomial Regression	0.5499	<b>0.5669</b>	53.9409	<b>52.7150</b>
Ridge Regression	0.5354	0.4833	58.0027	59.6312
Lasso Regression	0.5486	0.4792	56.9988	58.5861
Elastic Net Regression	0.5395	0.4863	57.8680	59.2369

**Nhận xét:**

- Đa số mô hình trên tập dữ liệu kiểm thử trước khi tiền xử lý có kết quả tốt hơn so với sau khi tiền xử lý, riêng mô hình Simple Linear Regression

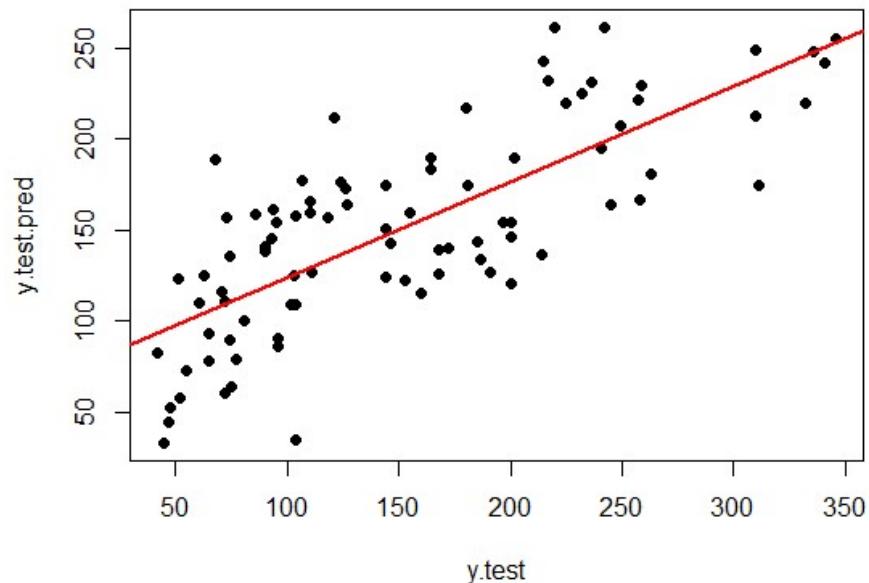
và Polynomial Regression sau khi tiền xử lý lại có hiệu suất cao hơn so với trước khi tiền xử lý.

- Độ đo đánh giá **Adjusted R-Squared** cao nhất trên tập dữ liệu kiểm thử **trước khi tiền xử lý** thuộc về mô hình **Multiple Linear Regression** với kết quả là **0.5795** và **sau khi tiền xử lý** thuộc về mô hình **Polynomial Regression** với kết quả là **0.5669**.
- Độ đo đánh giá Adjusted R-Squared thấp nhất trên tập dữ liệu kiểm thử trước khi tiền xử lý thuộc về mô hình Simple Linear Regression với kết quả là 0.4334 và sau khi tiền xử lý thuộc về mô hình Lasso Regression với kết quả là 0.4792.

## 5.2 Mô hình tốt nhất

Mô hình đạt hiệu suất tốt nhất trên tập kiểm thử là mô hình Multiple Linear Regression trên tập dữ liệu chưa qua tiền xử lý.

$$Y = -320.7058 - 21.9590 * \text{SEX} + 4.9575 * \text{BMI} + 1.0507 * \text{BP} - 1.0232 * \text{S1} + 0.8703 * \text{S2} + 71.9213 * \text{S5} + 0.3715 * \text{S6}$$



**Hình 17.** Biểu đồ thể hiện mối quan hệ giữa giá trị dự đoán và giá trị kiểm thử của mô hình Multiple Linear Regression

## 6 Kết luận

Nhìn chung kết quả thực nghiệm trên các mô hình hồi quy vẫn còn thấp, một phần nguyên nhân là do các thuộc tính bộ dữ liệu phân bố hỗn loạn và ít có

quan hệ tuyến tính với thuộc tính Y, ngoài ra còn có nhiều điểm dữ liệu ngoại lệ.

Thông qua quá trình phân tích ảnh hưởng của yếu tố lên kết quả, tương tác giữa các yếu tố và phân tích hồi quy trên bộ dữ liệu trước và sau khi tiền xử lý cho thấy rằng việc loại bỏ các điểm dữ liệu bất thường có thể làm giảm hiệu suất của mô hình. Ngoài ra, trong quá trình xây dựng mô hình, chúng tôi rút được rằng không chỉ cần chú ý tới các yếu tố có sức ảnh hưởng lên kết quả mà cần phải quan tâm cả tới những tương tác giữa các yếu tố mặc dù những yếu tố đó khi sử dụng đơn lẻ thì không có ảnh hưởng, ví dụ điển hình trong bộ dữ liệu chính là hai thuộc tính SEX và S1. Vậy nên để mô hình đạt hiệu suất cao thì cần phải liên tục thực nghiệm trên nhiều yếu tố và tương tác khác nhau, cân nhắc xử lý các điểm dữ liệu bất thường,...

## Tài liệu

1. Regularization: Ridge, Lasso and Elastic Net, <https://www.datacamp.com/community/tutorials/tutorial-ridge-lasso-elastic-net>.