Modello di Regressione Lineare

ADCOM 2025-2026

Filippo Gambarota PhD
filippo.gambarota@unipd.it
Università di Padova

Ultimo aggiornamento: 05-11-2026

Dataset

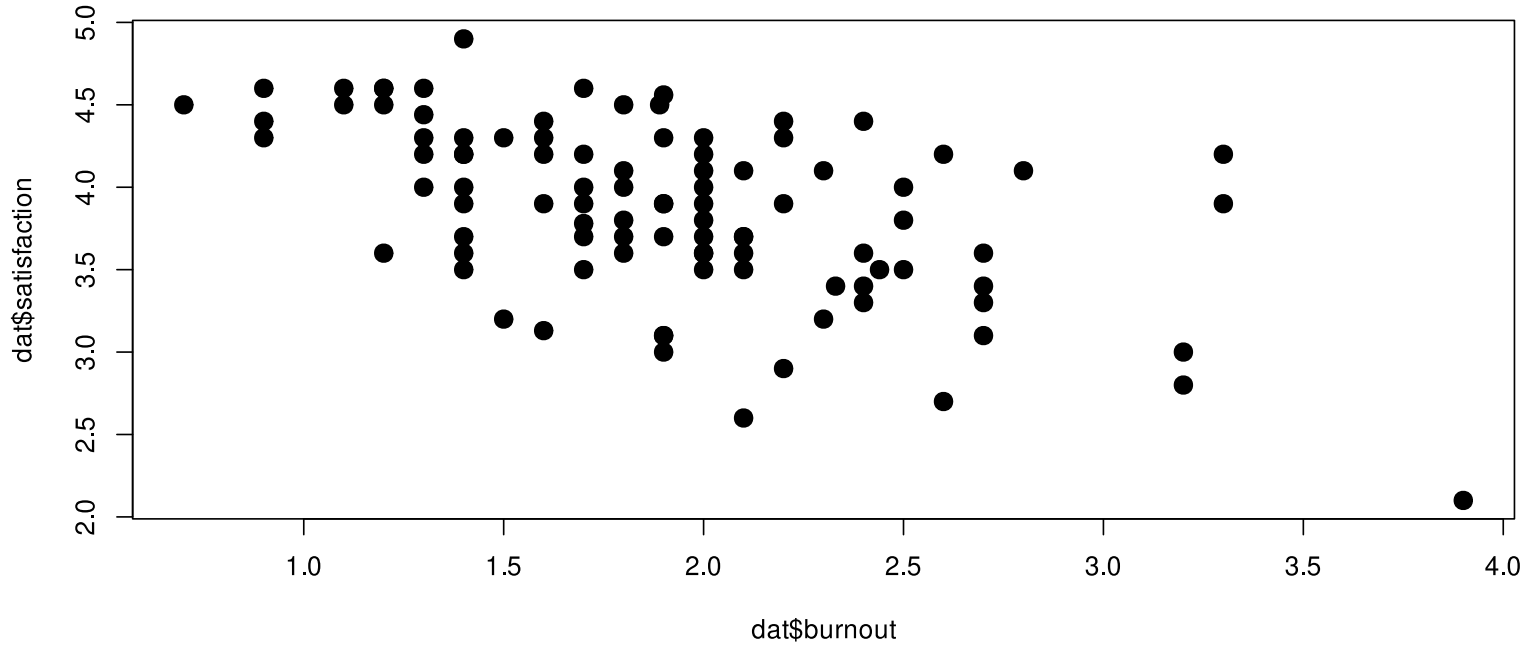
Lavoriamo sempre sul dataset Di Marco et al. (2020):

```
dat <- readxl::read_xlsx("dimarco2020.xlsx")
```

```
  id age gender   education status residence period age_cat period_cat
1  1  53   male high_school      2     south     31   51-60        >31
2  2  60   male      degree      2     north     27   51-60      21-30
3  3  40 female      degree      2     north     13   31-40      11-15
4  4  57   male      degree      2     north     20   51-60      16-20
5  5  60   male high_school      2     north     20   51-60      16-20
6  6  46   male      degree      2     north     14   41-50      11-15
  attachment needs bonds perc_collective_efficacy perc_self_efficacy family
1       3.67  3.33  3.33                     3.2               3.11   3.75
2       4.00  3.33  4.00                     4.2               3.95   5.00
3       4.00  2.67  3.50                     3.8               3.58   4.25
4       4.00  4.00  3.50                     3.6               3.74   4.25
5       3.33  3.00  3.33                     3.4               3.53   4.00
6       4.00  3.33  3.33                     4.2               3.63   5.00
```

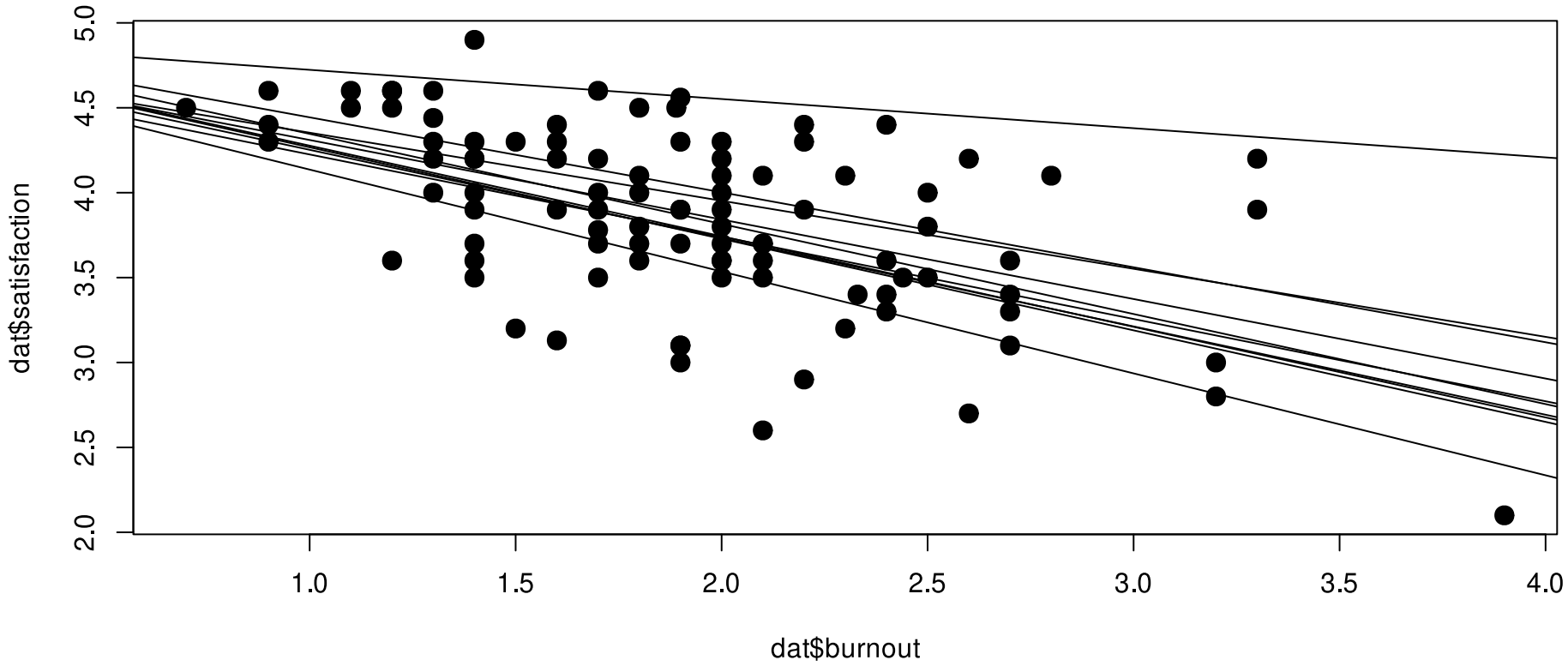
Relazione lineare

Quando abbiamo parlato di *correlazione*, abbiamo chiarito che due variabili sono correlate se la loro relazione è di tipo *lineare*. Lineare significa che la relazione può essere descritta da una retta. **Ma come disegniamo questa retta?**



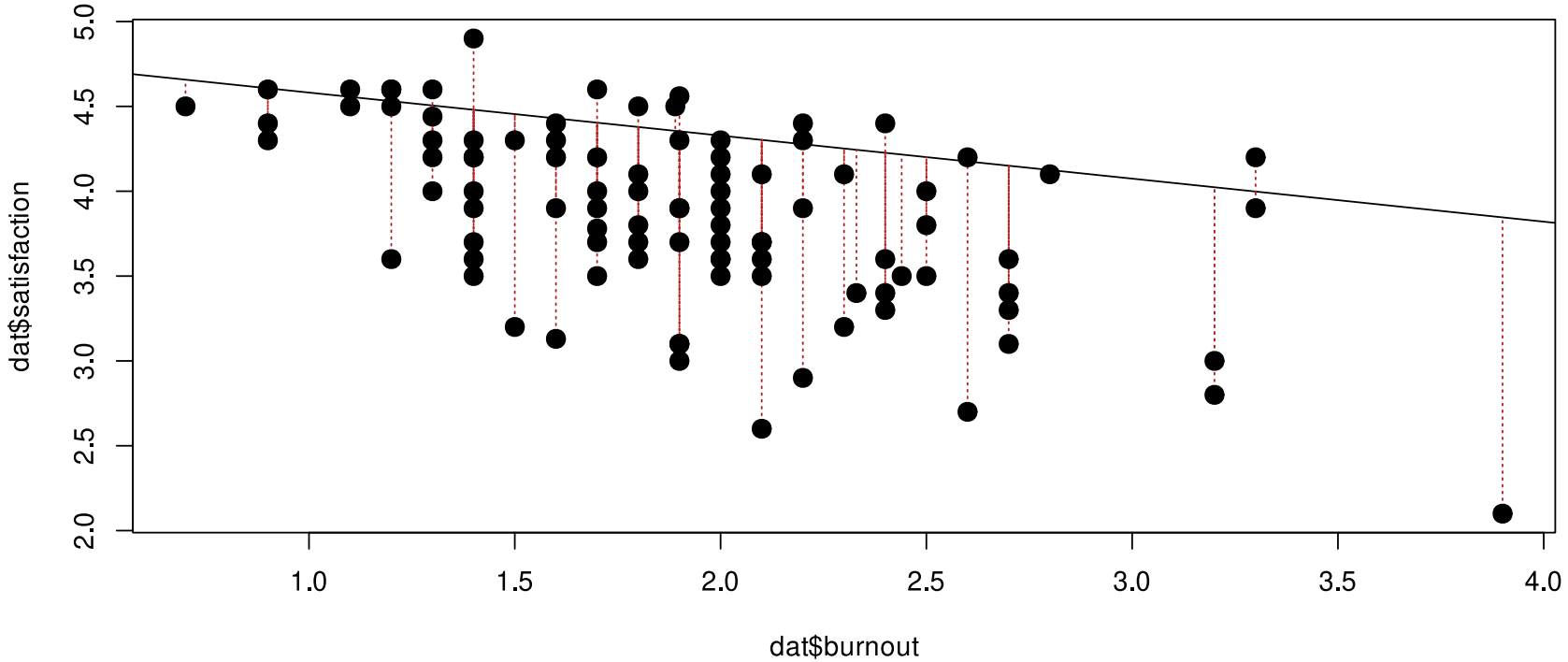
Infinite rette

In uno spazio bidimensionale come questo grafico, possiamo disegnare infinite rette:



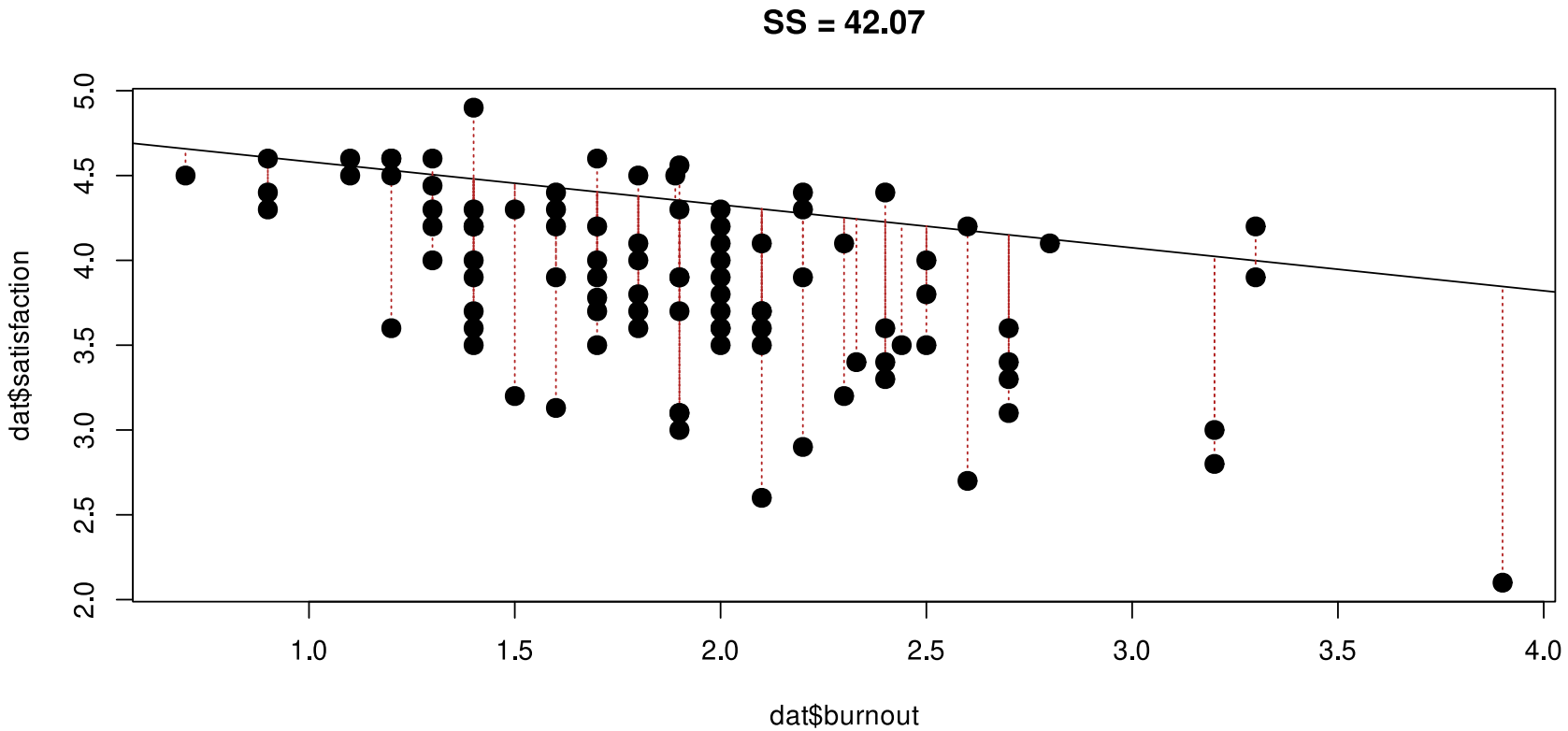
Come scegliere la retta migliore?

Intuitivamente, l'idea è di prendere una retta che *approssima meglio* la relazione tra le due variabili. Prendiamo come metrica di bontà della retta la distanza dai punti:



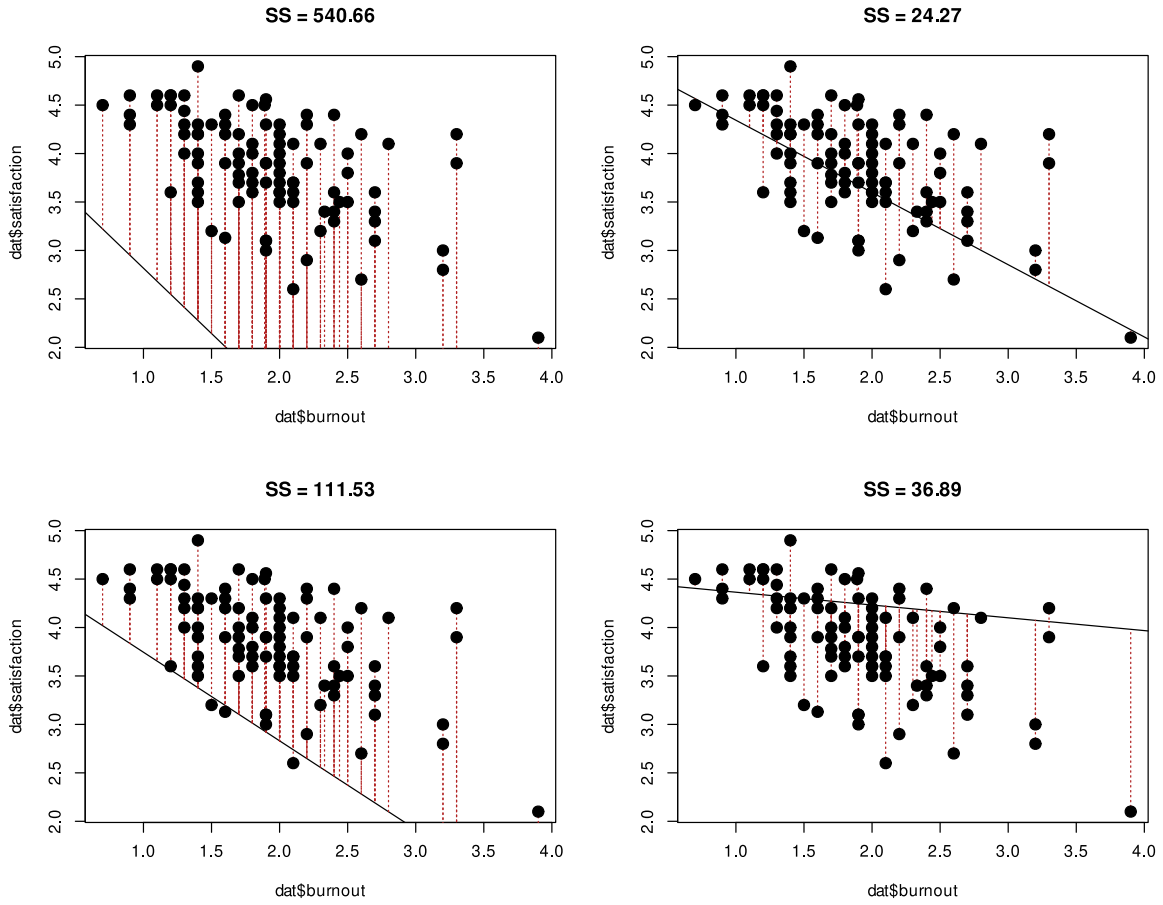
Come scegliere la retta migliore?

Per quantificare in un numero questa metrica, eleviamo al quadrato (togliamo il segno) e facciamo la somma. Calcoliamo quindi la devianza o Sum of Squares (SS):



Come scegliere la retta migliore?

Questo valore di per se non ci dice molto ma riassume la somma delle distanze (al quadrato) dalla retta. Facciamolo per diverse rette.



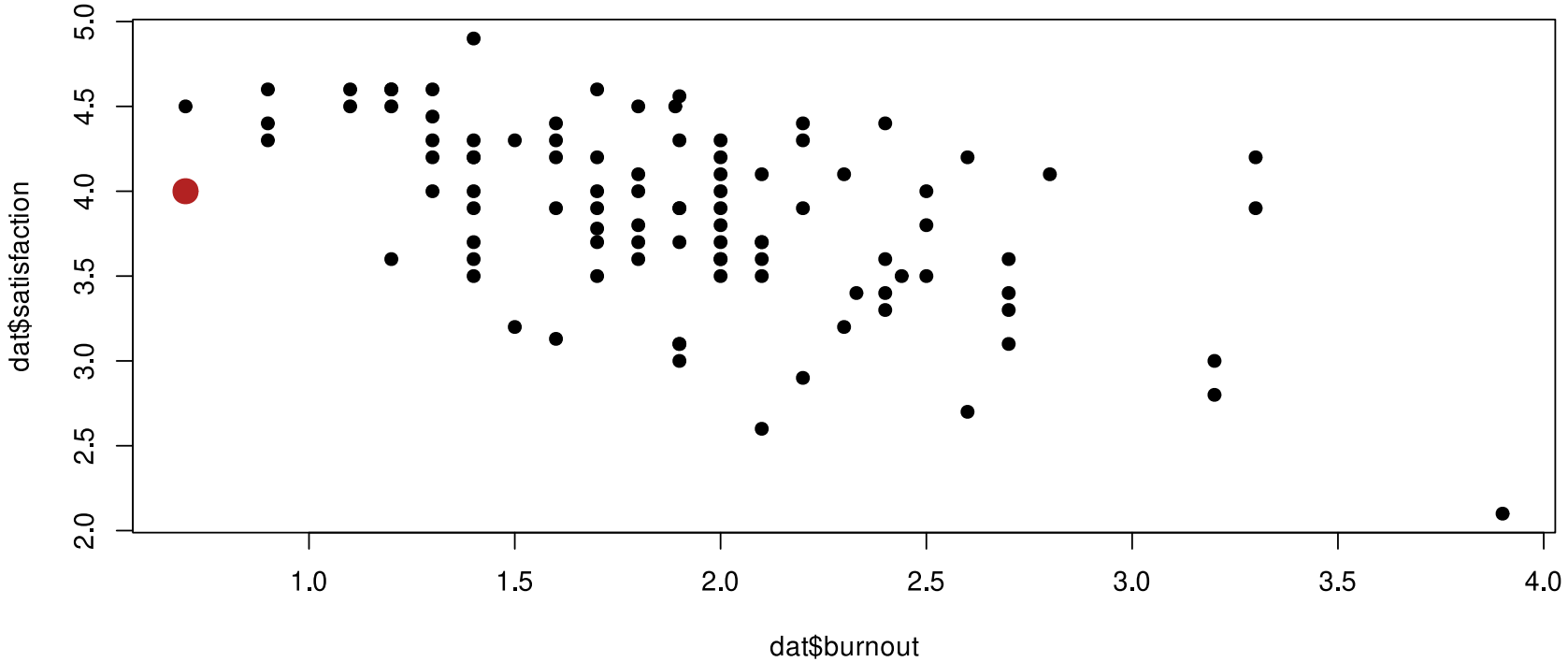
Come scegliere la retta migliore?

Come vediamo, diverse rette producono una diversa SS. Ovviamente, più piccola è la SS e più vicini sono i punti alla retta. Questo è il nostro criterio, dobbiamo trovare la retta che *minimizza* la distanza dei punti (al quadrato).

Questo metodo, dal punto di vista algoritmico, si chiama **metodo dei minimi quadrati** perchè appunto permette di trovare quella retta che minimizza la distanza dai punti (al quadrato).

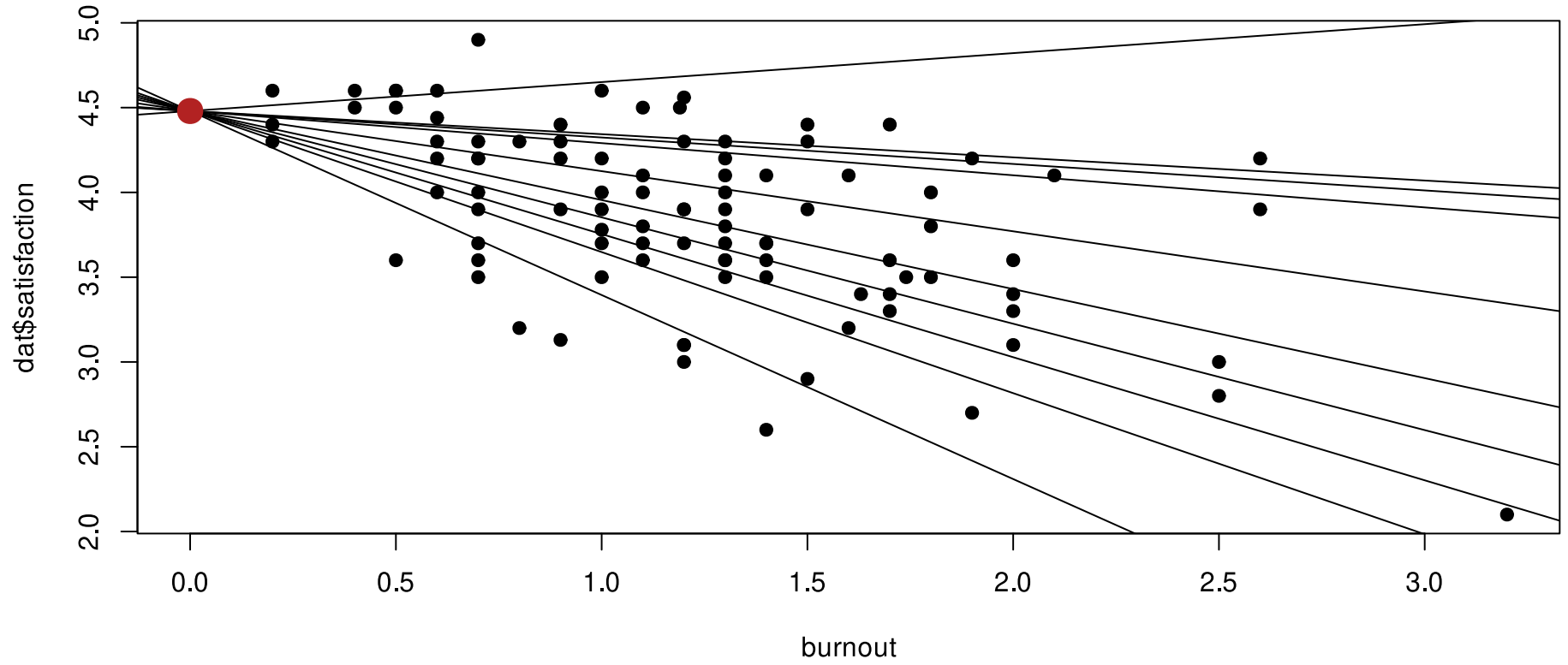
Come disegnare una retta?

Prima di tutto però è necessario capire come una retta viene definita.
Abbiamo detto che per un piano bidimensionale passano infinite rette.
Allora intanto ancoriamoci ad un punto:



Come disegnare una retta?

Ora immaginiamo che tutte le rette (ancora infinite) passino da quel punto.
Di base ci serve solo definire l'inclinazione della retta.



Come disegnare una retta?

Quindi abbiamo bisogno di soli 2 elementi per disegnare una retta. Un punto di *ancoraggio* e un valore che indichi la pendenza della retta. Questi due valori sono chiamati rispettivamente **intercetta** e **pendenza** o coefficiente angolare (*slope*).

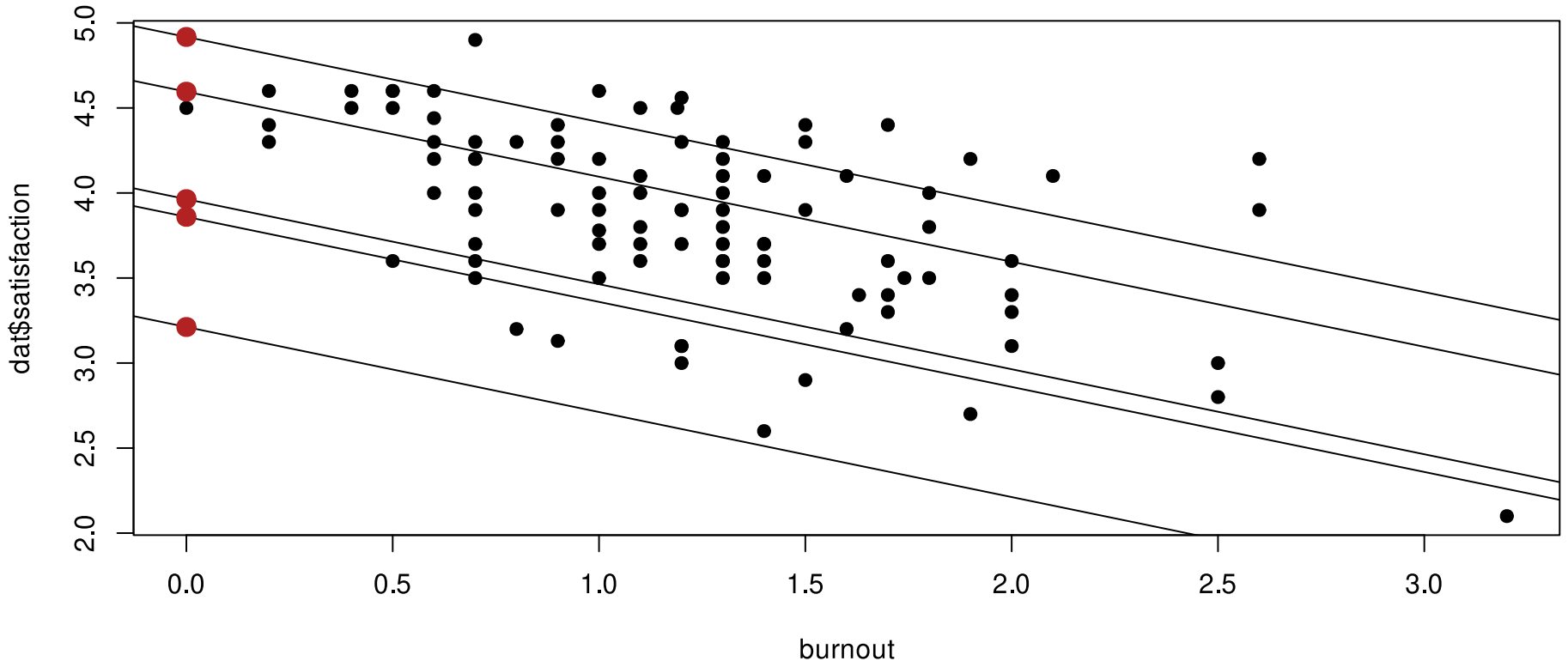
Più formalmente, una retta è definita come:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i$$

Dove β_0 è l'intercetta e β_1 è la pendenza. Nella pratica è una funzione con due parametri che dato un input x fornisce il valore di y. Il valore di y dipenderà dai valori di β_0 e β_1.

Intercetta

Nella pratica, l'intercetta sposta verticalmente la retta. Qui la pendenza è la stessa ma sto spostando verticalmente tutta la retta.



Disegnare la retta, migliore

Quindi come disegniamo la retta migliore? L'idea è quella di trovare un modo per *minimizzare* la distanza della retta dai punti. In questo modo siamo in grado di stimare i parametri β_0 e β_1. In particolare, β_1:

$$\beta_1 = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x - \bar{x})(y - \bar{y})}{\sum_{i=1}^{n}(x - \bar{x})^2}$$

Invece β_0:

$$\beta_0 = \bar{y} - \beta_1 \bar{x}$$

Il metodo dei minimi quadrati dimostra che questo modo di calcolare β_0 e β_1 è quello che minimizza le distanze (errori). La dimostrazione è fuori dallo scopo del corso.

Disegnare la retta, migliore

Proviamo a fare il calcolo, con le nostre due variabili:

```
x <- dat$burnout
y <- dat$satisfaction

b1 <- sum((x - mean(x)) * (y - mean(y))) / sum((x - mean(x))^2)
b0 <- mean(y) - b1 * mean(x)

b0
```

```
[1] 4.83504
```

```
b1
```

```
[1] -0.5072002
```

Anche senza sapere bene come interpretarli, proviamo a disegnare la retta.
Per disegnarla riprendiamo la formula generale della retta $y = \beta_0 + \beta_1 x$.

Disegnare la retta, migliore

Per disegnarla prendiamo una serie di valori x e su ogni x applichiamo la formula. Usiamo direttamente i valori di `burnout` (salvati in `x`)

```
head(x)
```

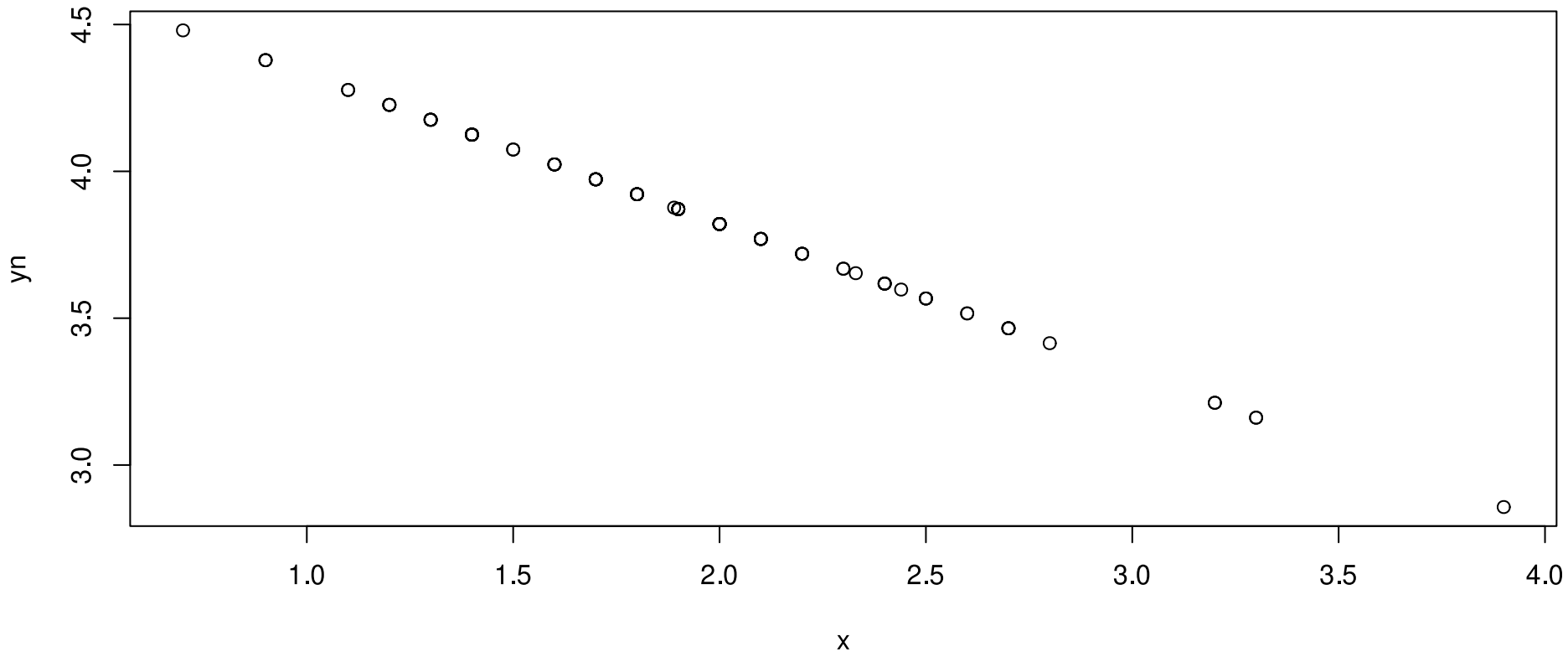
```
[1] 1.8 1.4 2.7 1.9 2.6 2.1
```

```
yn <- b0 + b1 * x

# questi sono i valori per disegnare la retta
head(yn)
```

```
[1] 3.922080 4.124960 3.465599 3.871360 3.516319 3.769919
```

Disegnare la retta, migliore

```
plot(x, yn)
```



Cosa sono effettivamente β_0 e β_1?

Li abbiamo calcolati e visualizzato la retta, ma cosa vogliono dire quei numeri?

- β_0 (intercetta) è il valore di y (outcome) quando $x = 0$. E' il punto dove la retta interseca l'asse y
- β_1 (pendenza, slope) è l'incremento di y per ogni incremento unitario di x

Mentre β_0 è molto semplice, vediamo meglio β_1. L'idea è questa, prendiamo un intervallo di valori sulla x, tramite la retta proiettiamo quell'intervallo sulla y. La proiezione su y è il nostro β_1.

Cosa sono effettivamente β_0 e β_1?

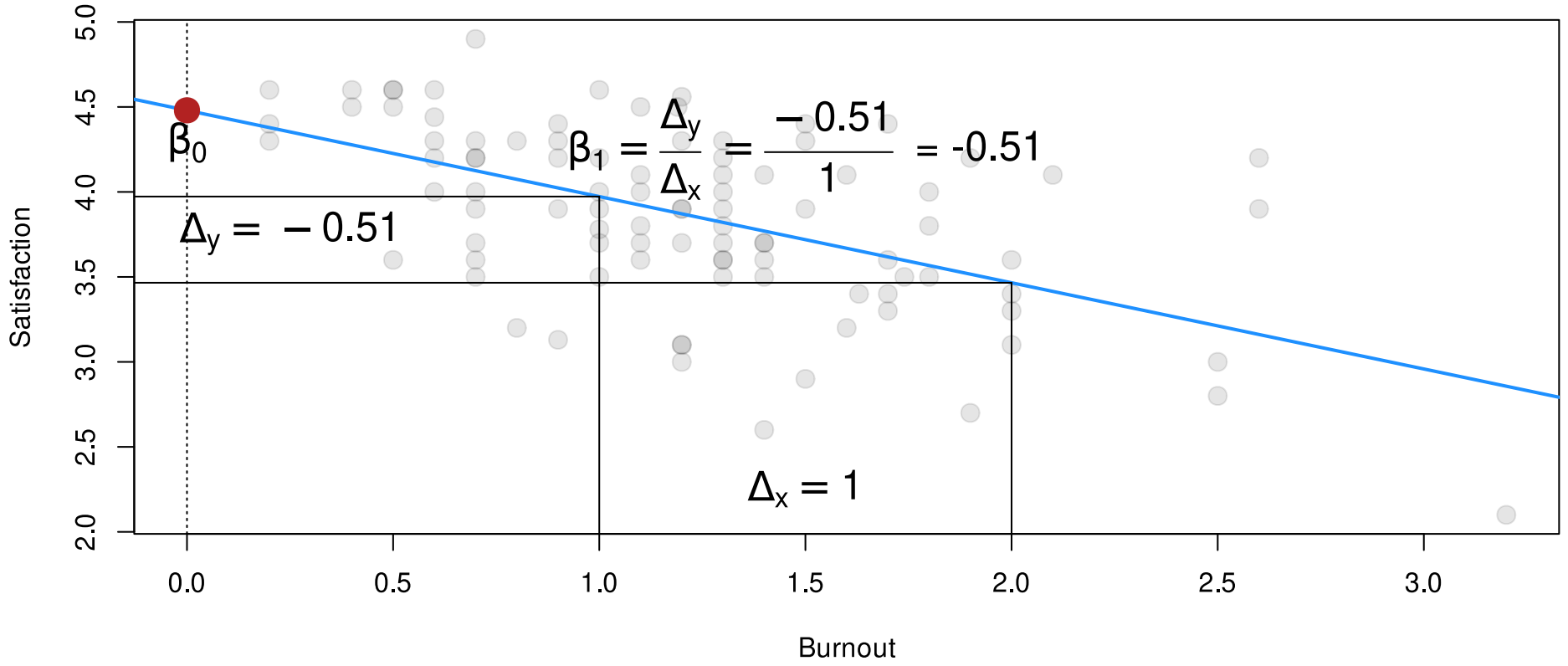
Più formalmente, prendiamo due punti a e b sulla retta x e calcoliamo la differenza, chiamiamolo Δ_x. Poi proiettiamo questa differenza su y e calcoliamo la differenza, chiamiamolo Δ_y. Il rapporto tra queste due differenze è β_1:

$$\beta_1 = \frac{y_a - y_b}{x_a - x_b} = \frac{\Delta_y}{\Delta_x}$$

Quindi, quando $x_a - x_b = 1$ allora:

$$\begin{aligned} y &= \beta_0 + \beta_1 x \\ y^\star &= \beta_0 + \beta_1 (x + 1) \\ y^\star &= \beta_0 + \beta_1 x + \beta_1 \\ y^\star &= y + \beta_1 \end{aligned}$$

Cosa sono effettivamente β_0 e β_1?



Cosa sono effettivamente β_0 e β_1?

Quindi in termini pratici:

- β_0 (intercetta) è la stima di `satisfaction` (*outcome*) quando il `burnout` (*predittore*) è zero.
- β_1 (slope) è l'incremento di `satisfaction` per un incremento unitario di `burnout`. Essendo che β_1 è negativo, questo è un decremento.

Ci sono due punti importanti per l'interpretazione dei valore di β_0 e β_1:

- `burnout` messo a zero potrebbe non essere sensato. Immaginate di avere l'età al posto di burnout. β_0 sarebbe il valore di `satisfaction` quando l'età è zero.
- L'incremento unitario di `burnout` deve essere sensato. Se siamo 1 punto in più nella scala di burnout è un valore sensato, allora β_1 diventa direttamente intepretabile.

Cosa stiamo effettivamente facendo?

A prescindere dall'aspetto geometrico, cosa significa tracciare una retta e quindi trovare (stimare) i parametri β_0 e β_1. Per farlo partiamo da un caso particolare ovvero una retta con $\beta_1 = 0$.

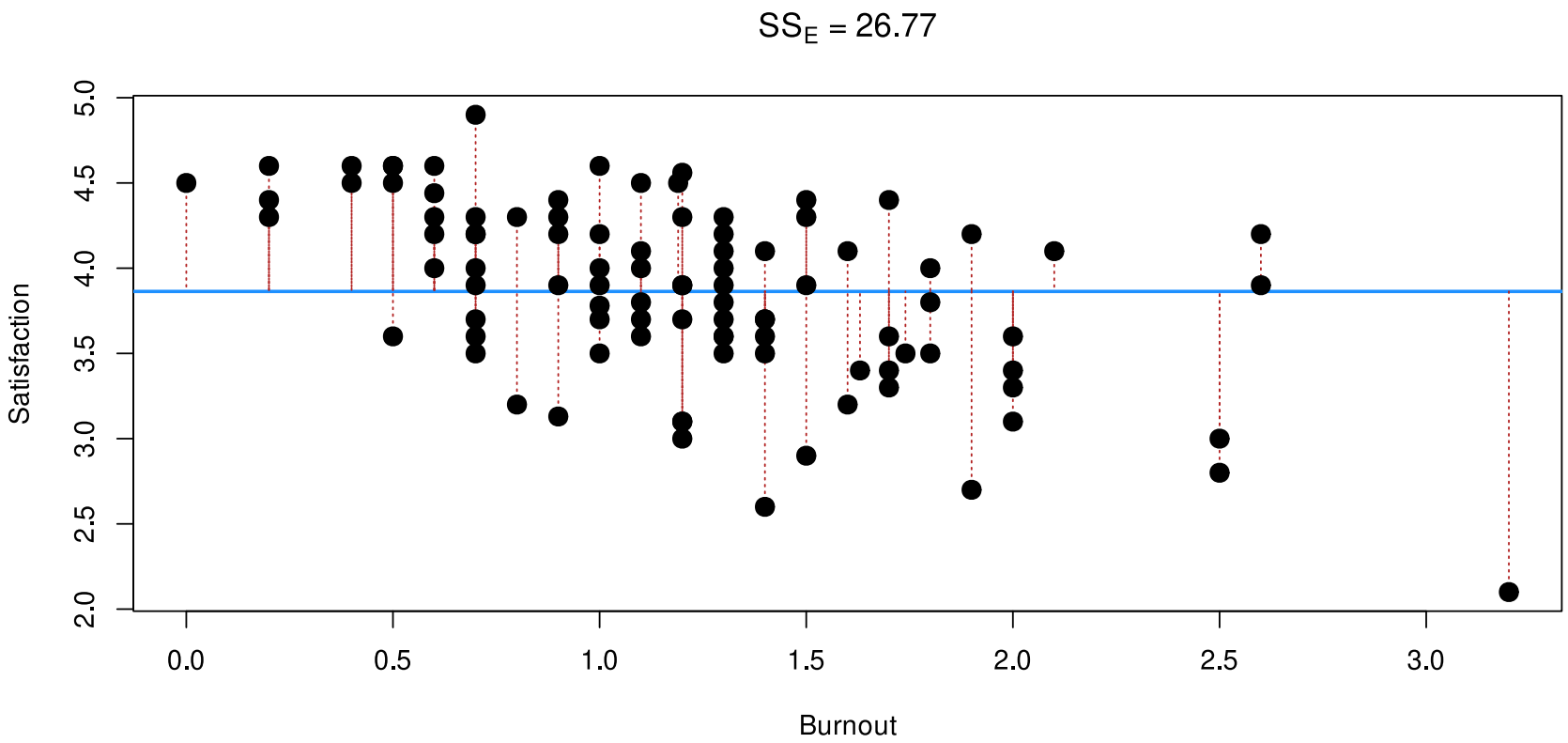
Se riprendiamo le formule:

$$\beta_0 = \bar{y} - \beta_1 \bar{x}$$
$$\beta_0 = \bar{y}$$

Quindi quando $\beta_1 = 0$, β_0 corrisponde alla media di y (`satisfaction` nel nostro caso).

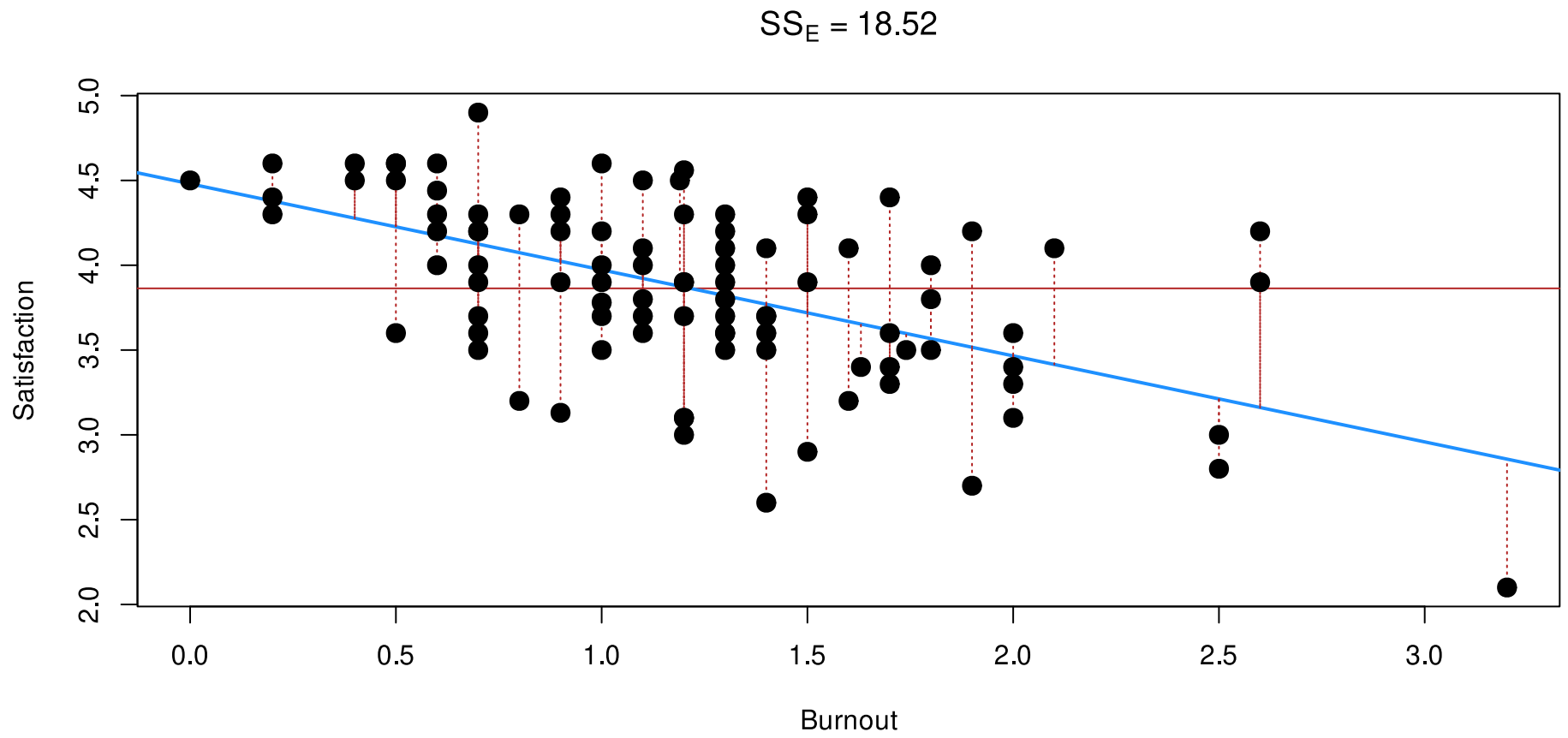
Cosa stiamo effettivamente facendo?

Questa retta sta ignorando `burnout` ($\beta_1 = 0$). Possiamo calcolare la SS sommando i segmenti rossi (al quadrato). Chiamiamo questa SS, SSE (errore):



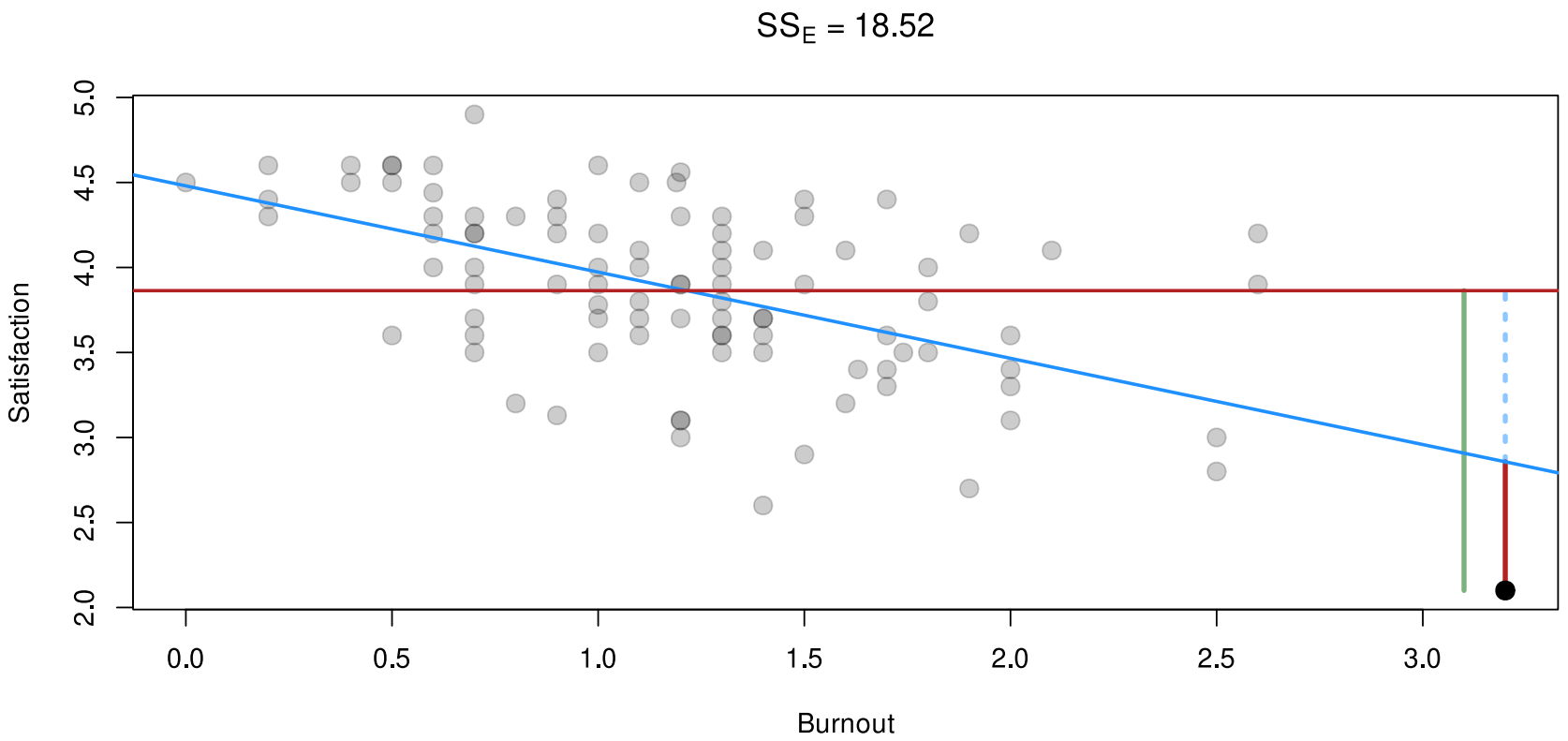
Cosa stiamo effettivamente facendo?

Ora se invece che fissare $\beta_1 = 0$, usiamo `burnout` e vediamo se la retta si sposta:



Cosa stiamo effettivamente facendo?

In pratica la distanza tra la retta e i punti è, in media, ridotta. Vediamo per un punto in particolare. Spostare la retta (dalla rossa alla blu) *spiega* una parte della distanza (varianza).



Cosa stiamo effettivamente facendo?

Quindi se chiamiamo SS_E la somma dei quadrati rimasta dopo aver spostato la retta possiamo chiamare SS_T (totale, riga verde) quella prima di spostare la retta. Invece chiamiamo SS_R (regressione) quella che abbiamo tolto (in gergo, *spiegato*, blu). Possiamo quindi scrivere che:

$$SS_T = SS_R + SS_E$$

Quindi i parametri β_0 e β_1 vengono stimati (tramite il metodo dei minimi quadrati) in modo da minimizzare SS_E (o anche per massimizzare SS_R).

R^2

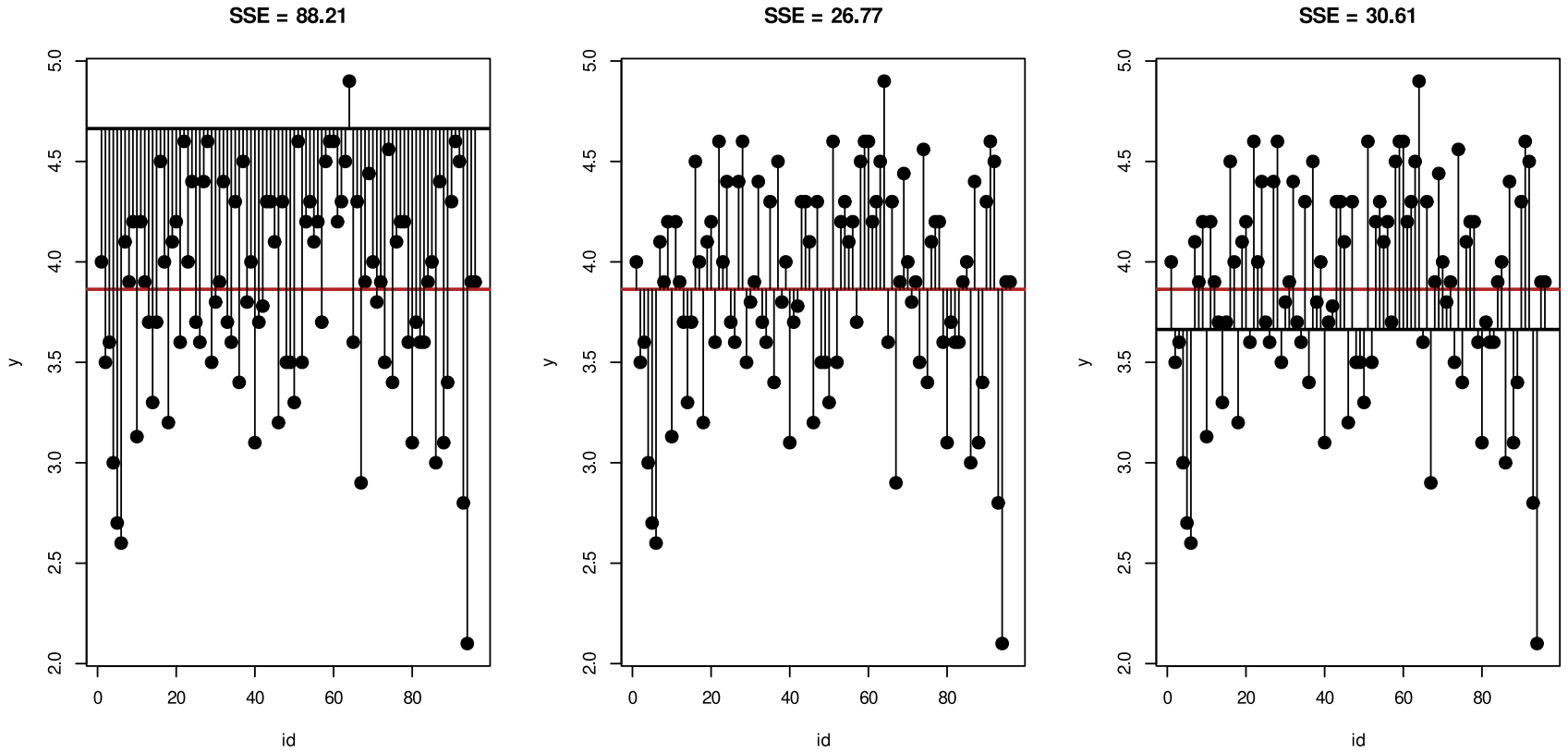
Inoltre, se SS_T è il nostro totale, possiamo esprimere il quale percentuale SS_R spiega. Chiamiamo R^2 questa percentuale. Formalmente:

$$R^2 = 1 - \frac{SS_E}{SS_T}$$

Chiaramente maggiore è la riduzione di SS_E (la retta si avvicina molto ai punti) maggiore è R^2.

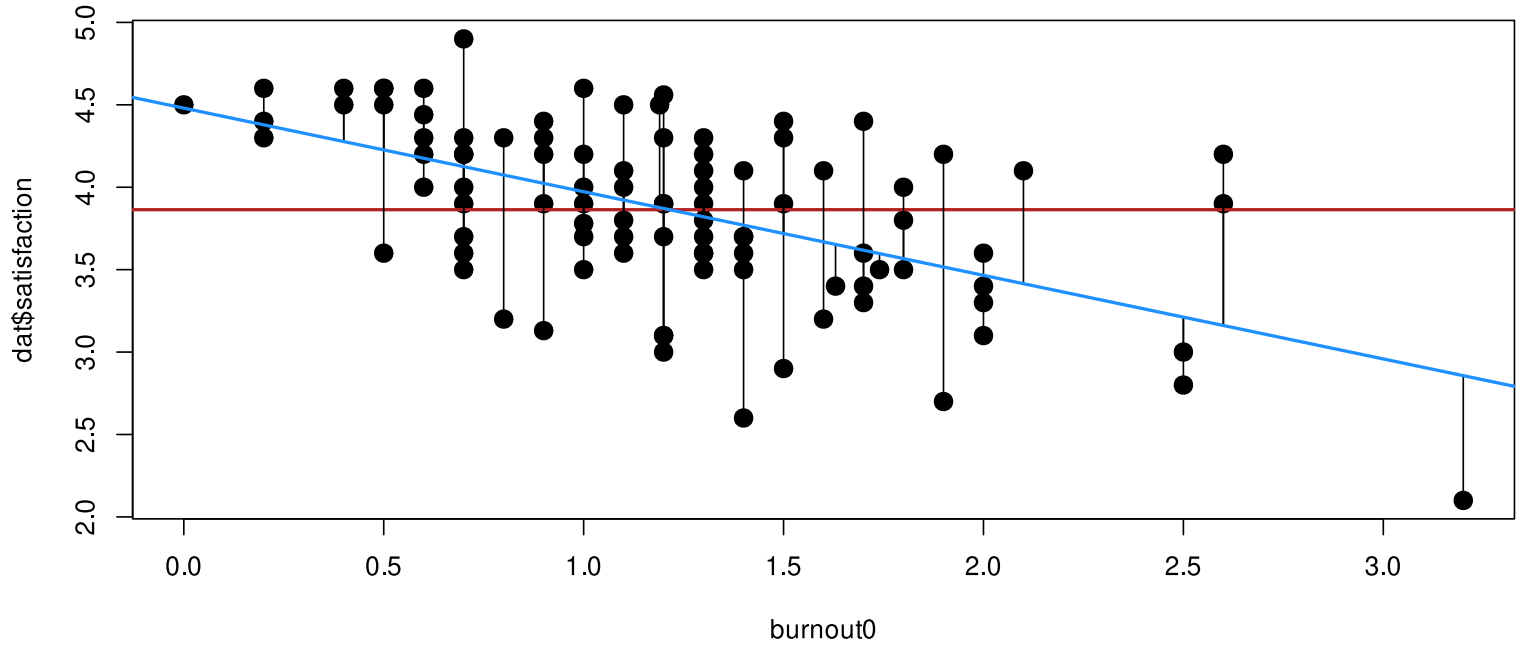
Intuizione

Un'altro modo di vedere la questione è, partendo dalla retta con $\beta_1 = 0$ (quella orizzontale). Senza un predittore x (`burnout`) la retta che minimizza SS_E è fondamentalmente la media.



Intuizione

Quando inseriamo un predittore `burnout` stiamo implicitamente dicendo che la media di y (`satisfaction`) si può spostare in funzione di `burnout`. Quindi la retta che minimizza è sempre la media ma spostata in funzione di `burnout`:



Più formalmente

Ora che abbiamo idea di cosa sta succedendo, defininiamo meglio l'equazione della retta tenendo conto anche dell'errore:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i$$

Dove y_i è il valore *osservato* (di `satisfaction`). La parte $\beta_0 + \beta_1 x_i$ viene anche chiamata componente sistematica perchè definisce semplicemente la retta una volta stimati β_0 e β_1, senza errore. Il valore osservato è quindi formato dalla parte sistematica e dall'errore.

Errori

Ora, mentre la parte sistematica $\beta_0 + \beta_1 x_i$ per definizione è senza errore è importante ora capire di più riguardo a ϵ_i.

Abbiamo definito nel modulo di inferenza, che quando stimiamo dei parametri c'è sempre una quota d'errore. Inoltre questo **errore**, idealmente, dovrebbe essere di tipo **casuale** e non sistematico.

Quindi gli errori ϵ_i, attorno alla retta (parte sistematica) dovrebbero distribuirsi in modo casuale. In termini pratici i punti dovrebbero essere certe volte maggiori, altre volte minori della retta. La media degli errori quindi dovrebbe essere zero.

Errori

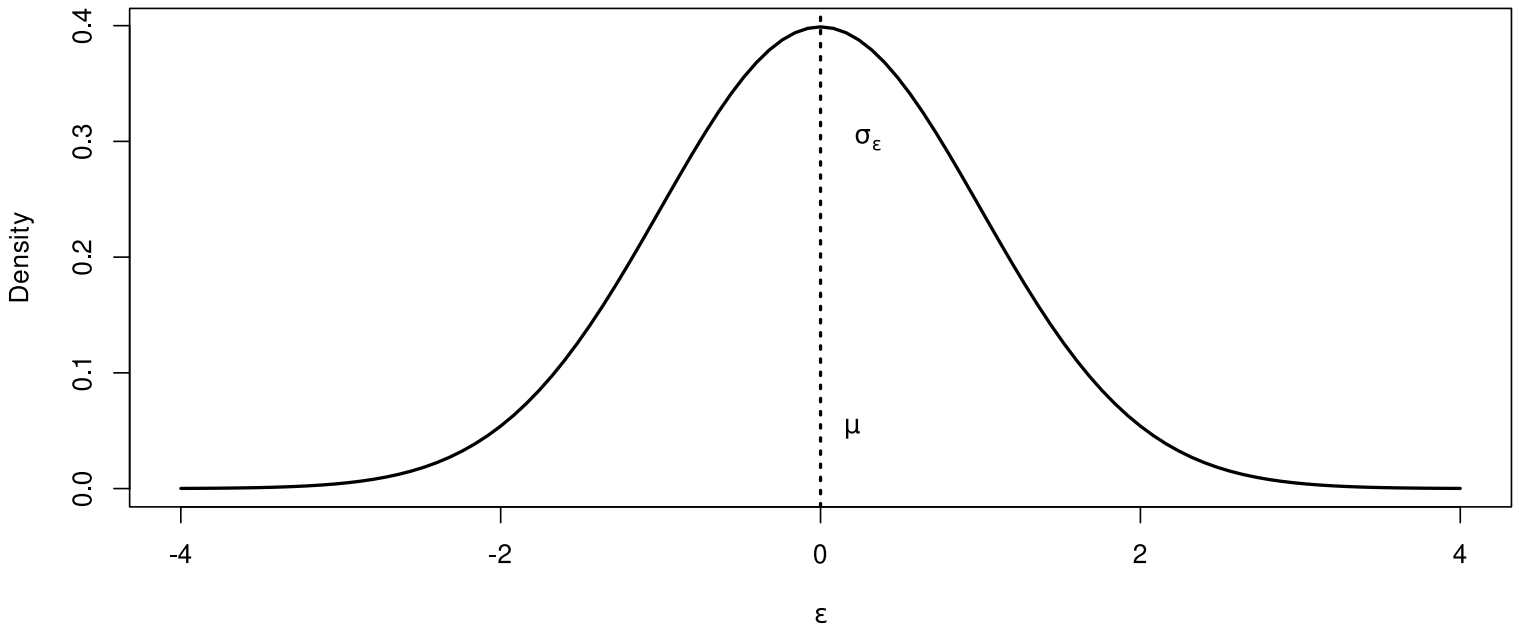
Più formalmente possiamo dire che:

- La media degli errori dovrebbe essere $\mu_\epsilon = 0$
- La dispersione degli errori σ_ϵ (la varianza/deviazione standard) è per definizione diversa da zero (c'è sempre una quota d'errore) ma aumenta/diminuisce in base a quanto la retta è vicina ai punti.

Quindi un buon modo di descrivere gli errori (idealmente) potrebbe essere quello di immaginare una distribuzione $\epsilon \sim \mathcal{D}(\mu = 0, \sigma_\epsilon)$.

Errori

Una buona distribuzione potrebbe essere proprio quella **Normale**. Infatti essendo simmetrica le deviazioni dalla media sono per definizione casuali. Deviazioni positive e negative sono bilanciate attorno al centro, ovvero la media.



Errori

Quindi possiamo dire che costruiamo una retta che, tramite β_0 e β_1 minimizza le distanze dai punti. Le distanze *residue* sono distribuite in modo casuale come una distribuzione normale con $\mu = 0$ e deviazione standard σ_ϵ.

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i$$

$$\epsilon_i \sim \mathcal{N}(0, \sigma_{\epsilon_i})$$

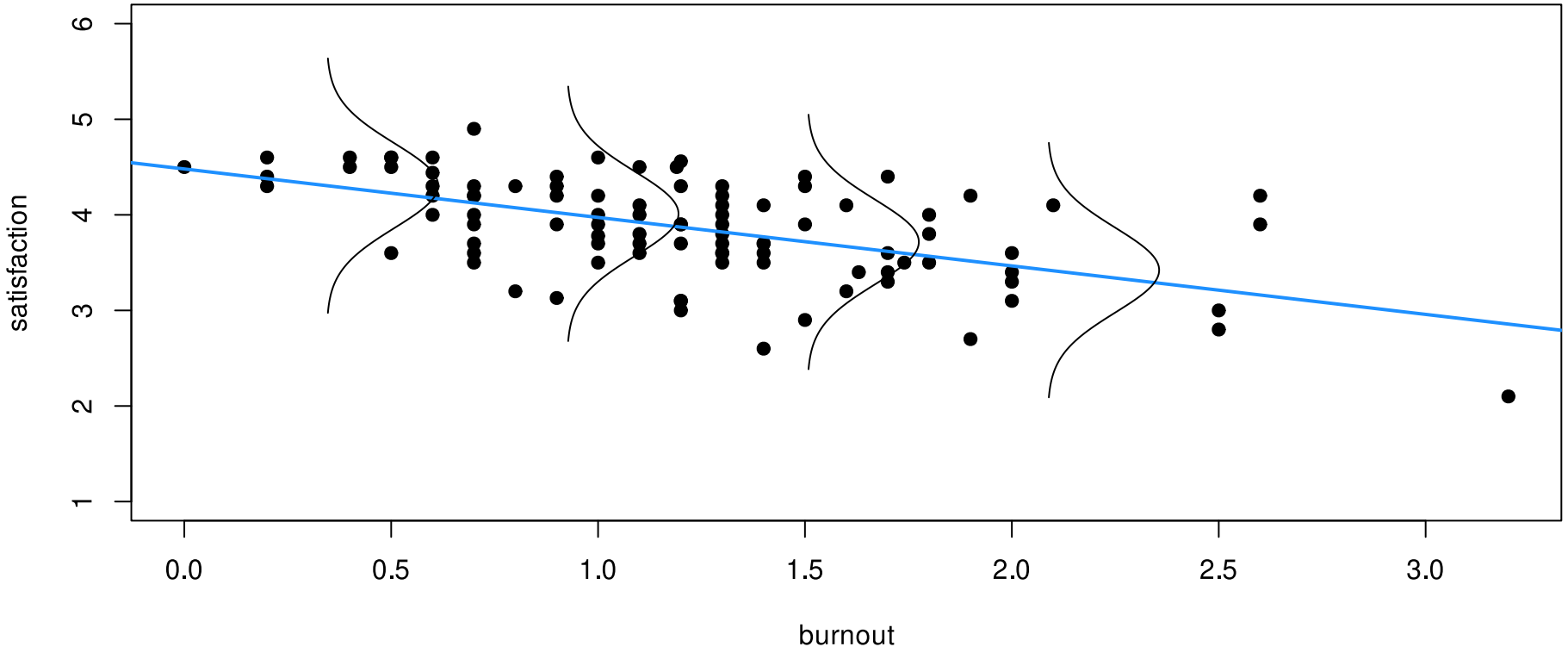
Definiamo anche $\hat{y}$ (ovvero y stimato) come:

$$\hat{y}_i = \beta_0 + \beta_1 x_i$$

Ovvero il valore che la retta prevede per l'osservazione i.

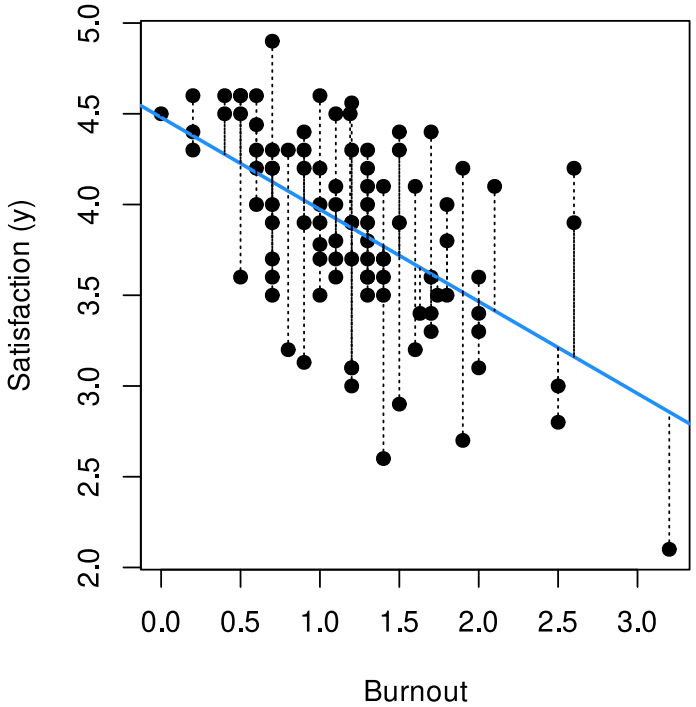
Errori, graficamente

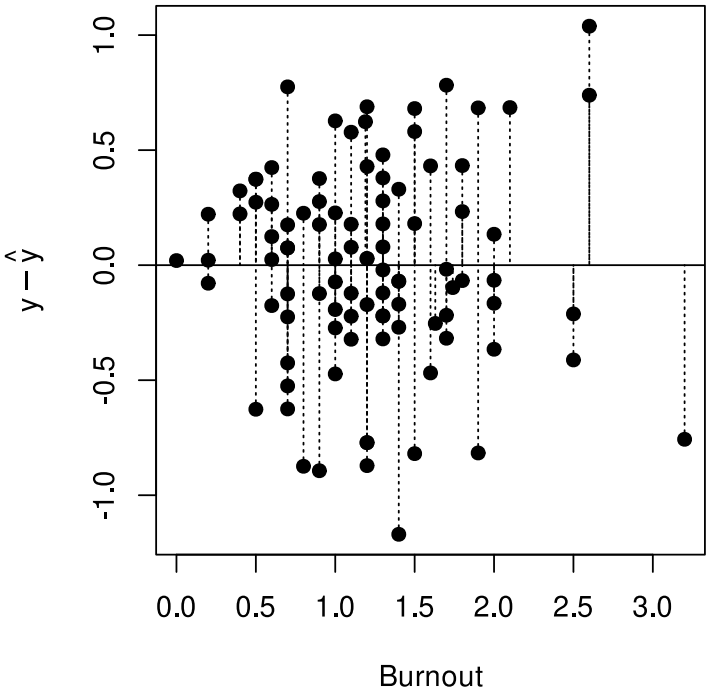
Stiamo assumendo che per ogni $\hat{y}_i$, gli errori intorno siano distribuiti come una normale con $\mu = 0$ e deviazione standard σ_ϵ.



Perche $\mu = 0$?

Se provate a sottrarre (*centrare*) da ogni dato osservato y_i il dato previsto dalla retta $\hat{y}_i$ otteniamo questo. La deviazione standard di $y - \hat{y}$ è una stima di σ_ϵ.





Riassumendo

Abbiamo *scomposto* ogni dato osservato y_i come:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i$$

Se definiamo $\hat{y} = \beta_0 + \beta_1 x_i$ allora:

$$y_i = \hat{y}_i + \epsilon_i$$

Inoltre, definiamo come **residui**:

$$\epsilon_i = y_i - \hat{y}_i$$

Infine, quando $\beta_1 = 0$ abbiamo visto che:

$$y_i = \beta_0 + \epsilon_i = \bar{y} + \epsilon_i$$

Riassumendo

Inoltre abbiamo definito gli errori come casuali ($\mu = 0$) e distribuiti normalmente con deviazione standard σ_ϵ. Possiamo quindi definire queste quantità:

$$SS_T = SS_R + SS_E$$

$$SS_T = \sum_{i=1}^{n} (y_i - \bar{y})^2$$

$$SS_R = \sum_{i=1}^{n} (\hat{y}_i - \bar{y})^2$$

$$SS_E = \sum_{i=1}^{n} (y_i - \hat{y})^2$$

$$R^2 = 1 - \frac{SS_E}{SS_T}$$

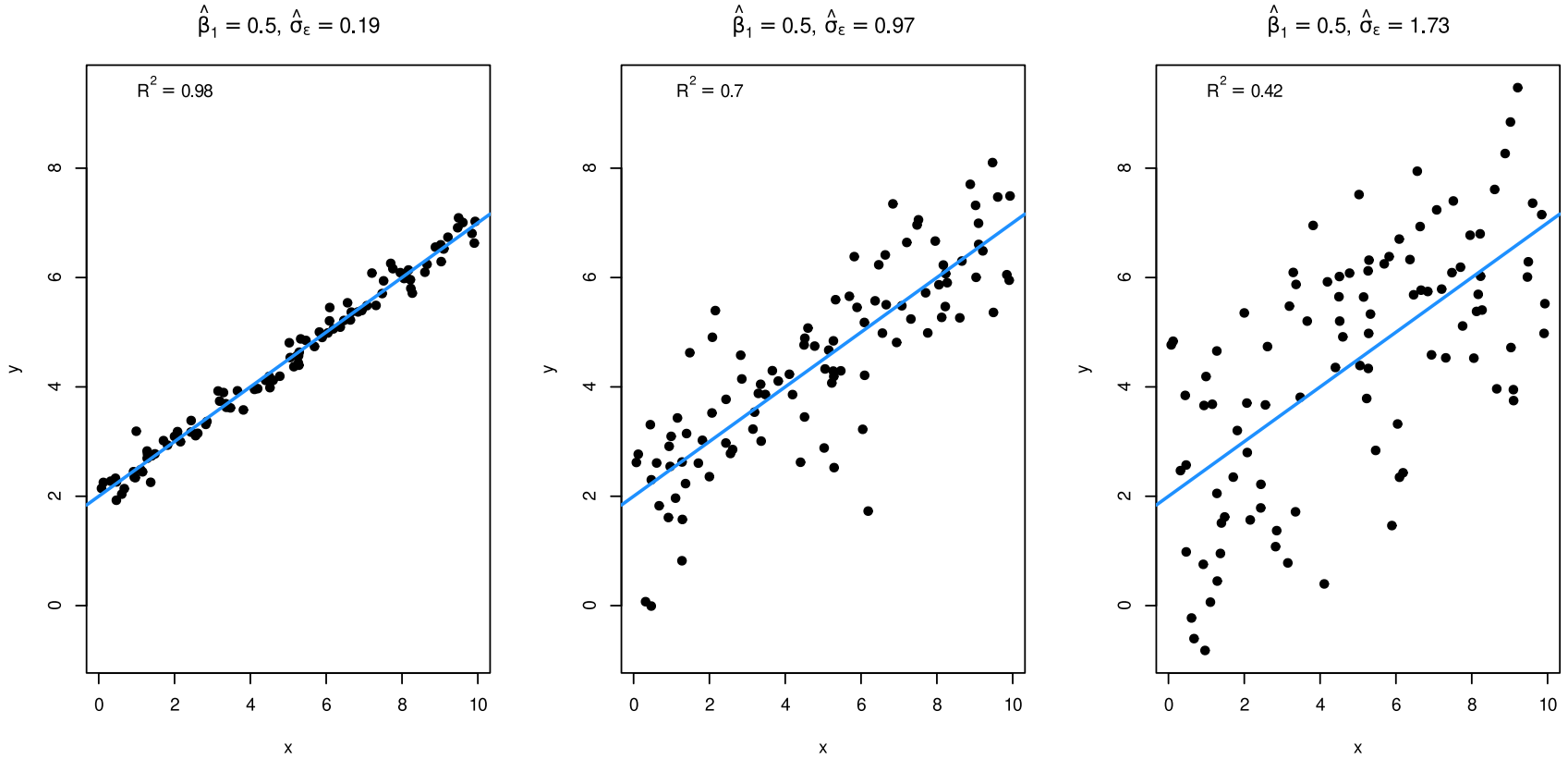
Riassumendo

Questo che abbiamo definito è un modello lineare. Ogni modello lineare ha una parte sistematica $\beta_0 + \beta_1 x$ e una parte casuale ϵ. I parametri da stimare in questo caso sono quindi β_0, β_1 e σ_ϵ.

Quindi, una relazione tra due variabili, si può approssimare con una retta della quale dobbiamo stimare i parametri. Inoltre, i punti possono essere più o meno dispersi attorno alla retta stimata determinando più o meno errore di stima.

Stesso β_1, diversa σ_ϵ

Vediamo dei casi dove la pendenza/slope della retta è la stessa ma la deviazione standard dei residui cambia. Dove è più forte la relazione secondo voi?



Stesso β_1, diversa σ_ϵ

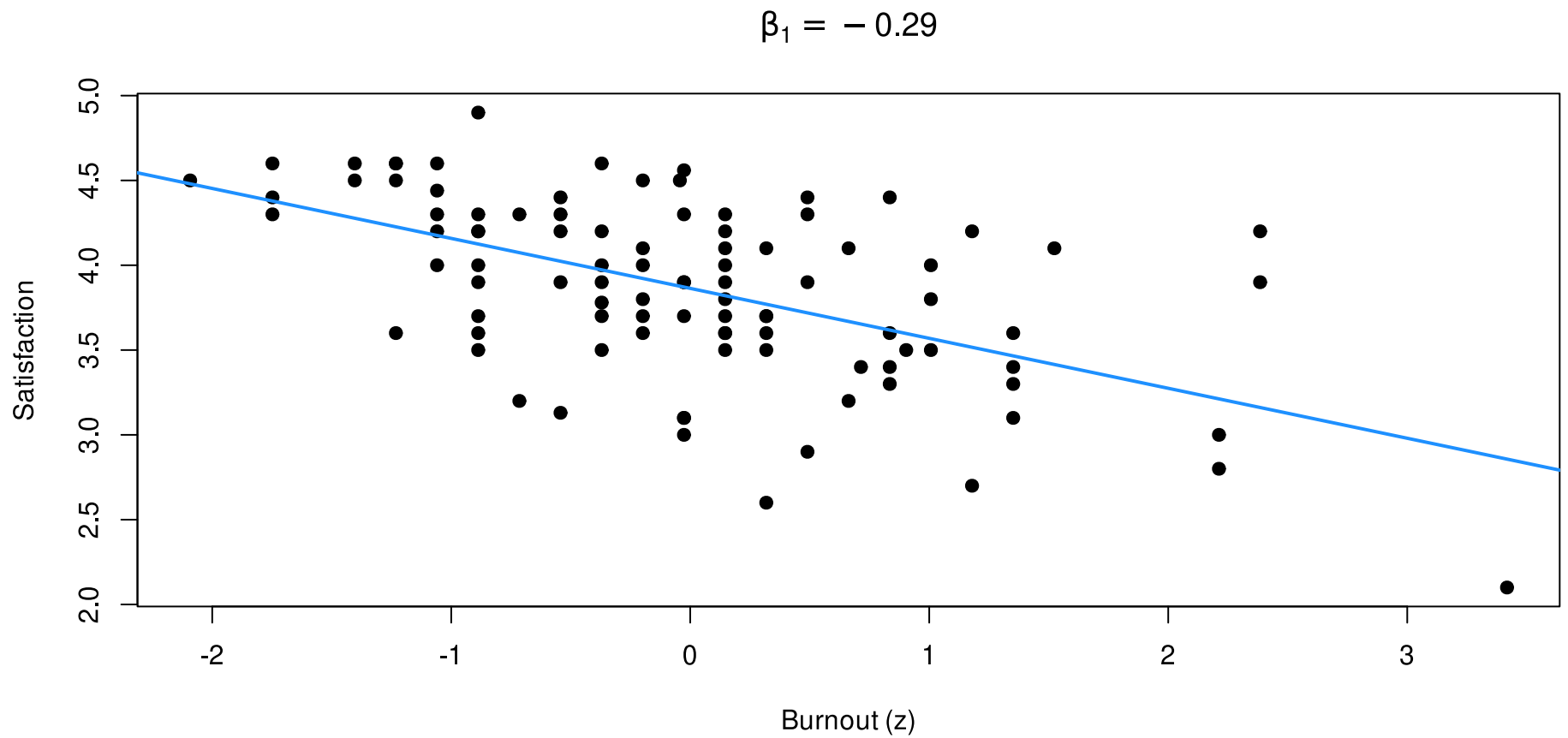
E' chiaro che la forza della relazione, in termini di pendenza è la stessa ma è chiaramente più intensa la relazione nel primo grafico. Il problema è che la variazione di y e x cambia da un grafico all'altro. Forse possiamo *standardizzare* in qualche modo.

Partiamo standardizzando (trasformare in punti z) x, `burnout` nel nostro caso. Ora cambiamo l'unità di misura che diventa una deviazione standard.

Quindi β_1 diventa l'incremento di `satisfaction` quando `burnout` cresce di una deviazione standard.

Stesso β_1, diversa σ_ϵ

Quindi, all'aumentare di una deviazione standard di `burnout`, `satisfaction` diminuisce di 0.29.



Stesso β_1, diversa σ_ϵ

Vediamolo in pratica, vi ricordo la formula:

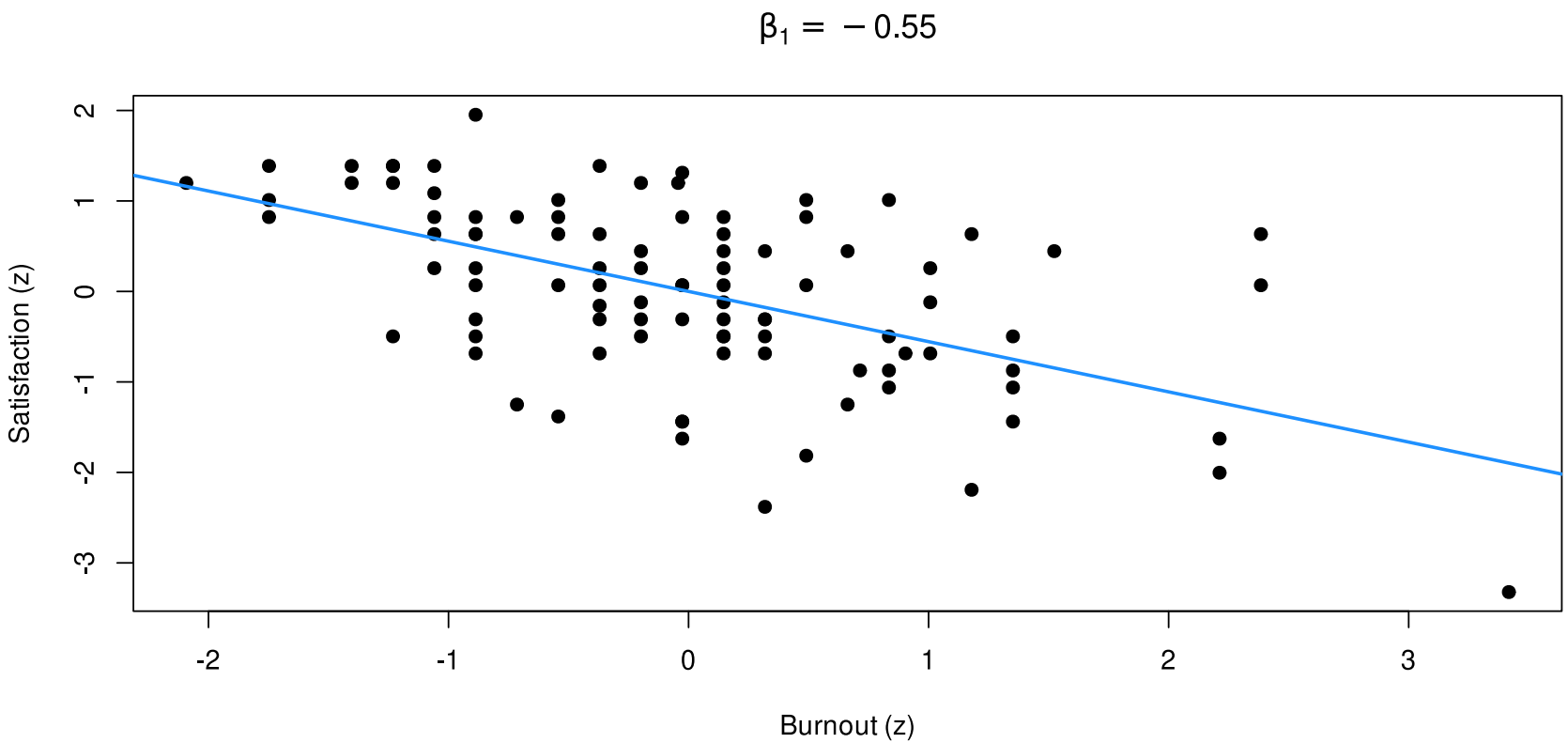
$$\beta_1 = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x - \bar{x})(y - \bar{y})}{\sum_{i=1}^{n}(x - \bar{x})^2}$$

```
# standardizzo il burnout e metto su x per comodità
x <- (dat$burnout - mean(dat$burnout)) / sd(dat$burnout)

# metto su y per comodità
y <- dat$satisfaction

sum((x - mean(x)) * (y - mean(y))) /
  sum((x - mean(x))^2)
```

```
[1] -0.2945735
```

Stesso β_1, diversa σ_ϵ

Ora proviamo a *standardizzare* anche `satisfaction`. β_1 ci dirà di quante deviazioni standard aumenta `satisfaction` all'aumentare di una deviazione standard di `burnout`.



Stesso β_1, diversa σ_ϵ

Vediamolo in R:

```
# standardizzo il burnout e metto su x per comodità
x <- (dat$burnout - mean(dat$burnout)) / sd(dat$burnout)

# metto su y per comodità
y <- (dat$satisfaction - mean(dat$satisfaction)) / sd(dat$satisfaction)

sum((x - mean(x)) * (y - mean(y))) /
  sum((x - mean(x))^2)
```

```
[1] -0.5549457
```

Calcoliamo anche la correlazione:

```
cor(x, y)
```

```
[1] -0.5549457
```

Stesso β_1, diversa σ_ϵ

Come vedete, standardizzando le variabili β_1 equivale alla correlazione. Esiste infatti una relazione diretta:

$$\beta_1 = r_{xy}\frac{\sigma_y}{\sigma_x}$$

Trovare la miglior retta che minimizza la SS equivale a calcolare il coefficiente di correlazione.

Chiaramente nei tre grafici con σ_ϵ diversa essendo fissa la parte sistematica $\beta_0 + \beta_1 x$ allora la varianza di y è maggiore. Se σ_y aumenta per mantenere lo stesso rapporto (abbiamo fissato β_1) necessariamente r_{xy} deve scendere. Per questo se calcoliamo la correlazione, questa diminuisce (a parità di β_1) all'aumentare della dispersione attorno alla retta (σ_ϵ).

Riassumendo

- Il metodo dei minimi quadrati ci permette di disegnare, stimando β_0 e β_1 la miglior retta
- I coefficienti sono rispettivamente la media di y quando $x = 0$ e l'incremento di y per incremento unitario di x
- Una volta definita la retta, abbiamo una componente sistematica $\beta_0 + \beta_1 x$ e una componente d'errore (casuale) ϵ
- Minore è la distanza dei punti dalla retta, minore è la SS_E e quindi maggiore è R^2
- La dispersione dei punti attorno alla retta stimata viene catturata dal parametro σ_ϵ

Modello statistico

Quello che abbiamo costruito passo per passo è un **modello di regressione lineare**. Ma cosa si intende per modello statistico?

Un modello statistico è un **modello matematico che descrive, in modo semplificato, la relazione tra variabili**. Quello che viene definito processo generativo dei dati (data-generating process).

Ogni modello statistico ha una parte **sistematica** e una parte d'**errore (casuale)**. L'obiettivo è quindi, tramite un campione, **stimare** la componente sistematica.

Ogni modello statistico, per definizione, fa delle **assunzioni**. Queste assunzioni sono necessarie per trarre conclusioni appropriate. Il modello statistico quindi non scopre la realtà ma cerca di capire se i dati (e di conseguenza la popolazione) possono essere approssimati tramite le assunzioni/vincoli del modello stesso.

Modello statistico

In generale, possiamo descrivere un modello statistico come:

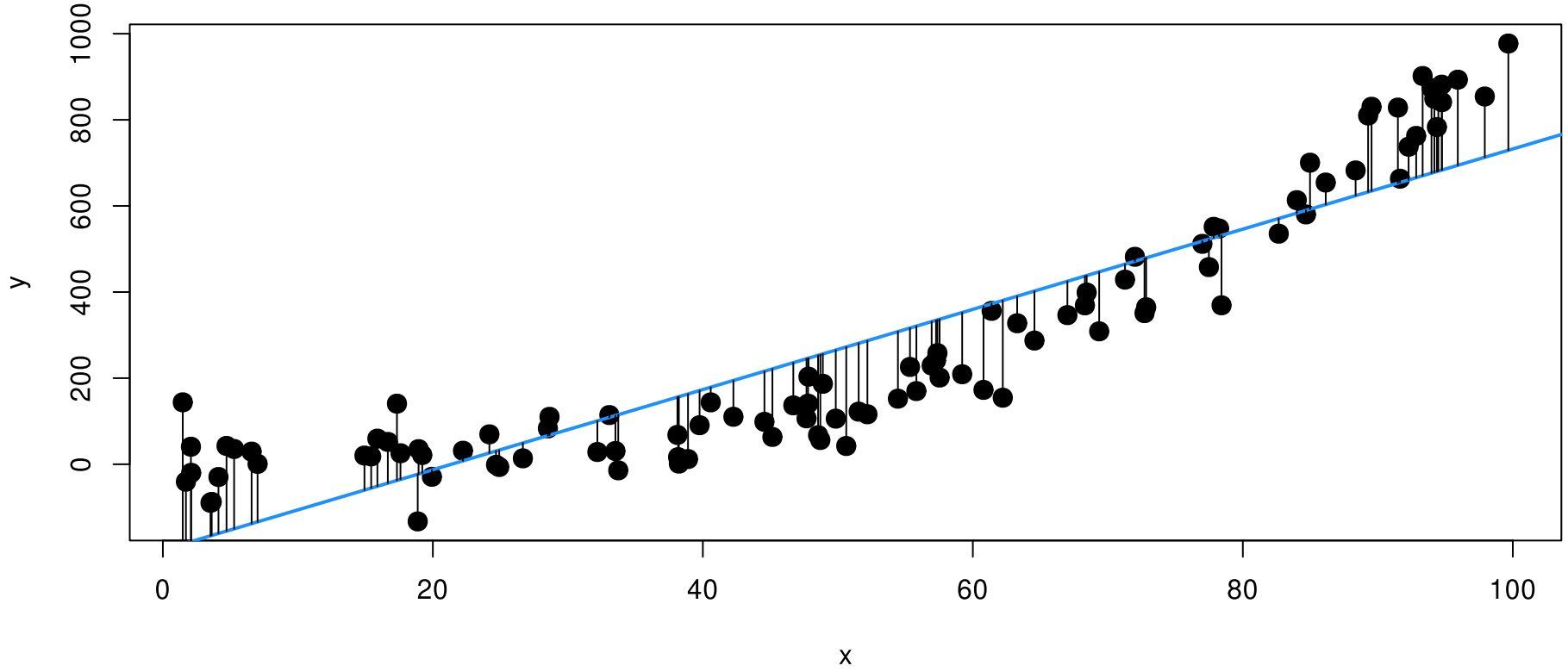
$$y = f(\mathbf{X}) + \epsilon$$

Dove y è la variabile *outcome*, $\mathbf{X}$ sono i predittori (grassetto per indicare uno o più predittori, x_1, x_2, etc.) ϵ è l'errore e $f(\cdot)$ è la parte sistematica del modello.

Nel nostro caso $\epsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma_\epsilon)$ e $f() = \beta_0 + \beta_1 x$ è uno dei modelli possibili e queste sono *assunzioni*. Assumendo che la relazione sia lineare e che gli errori siano distribuiti normalmente, $f() = \beta_0 + \beta_1 x$ descrive i dati.

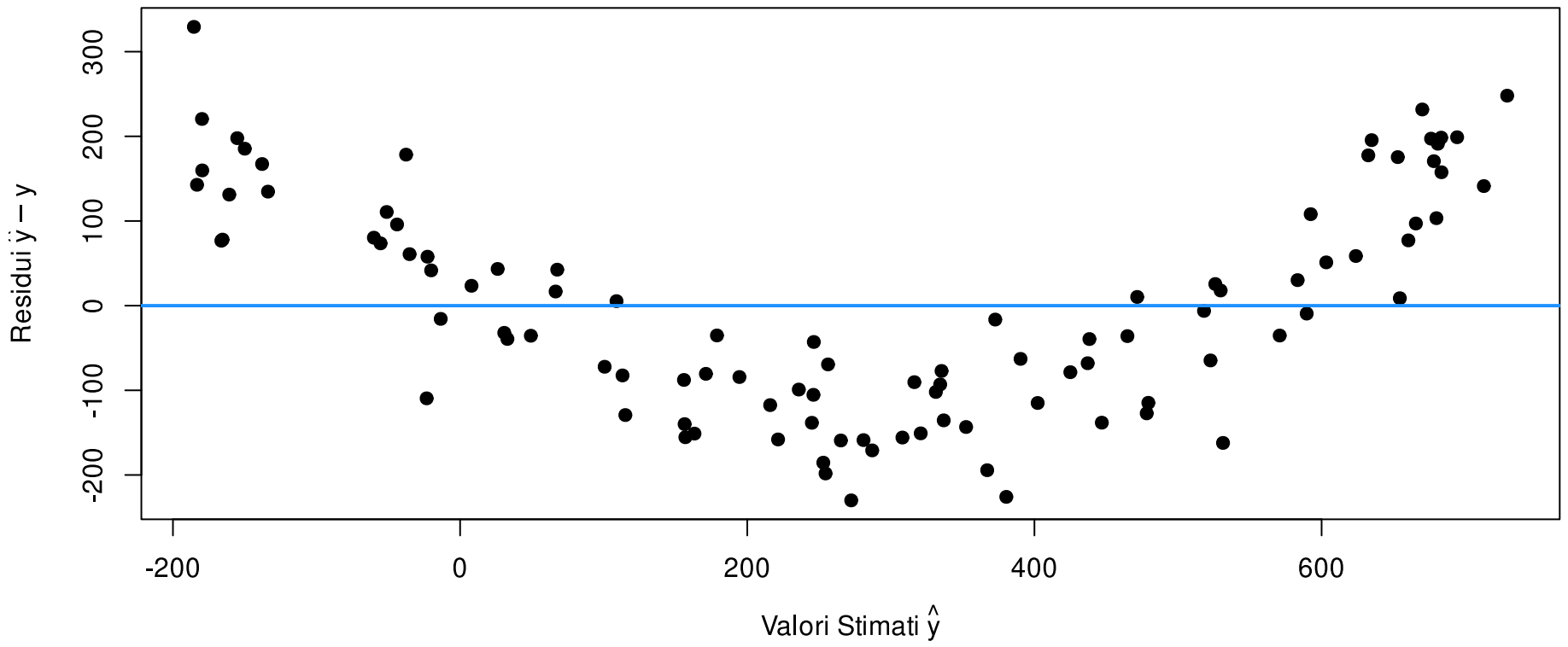
Esempio

Immaginiamo di avere dei dati di questo tipo. E’ chiaro che la relazione non è *lineare*. Se stimiamo la nostra retta qui otteniamo questo:



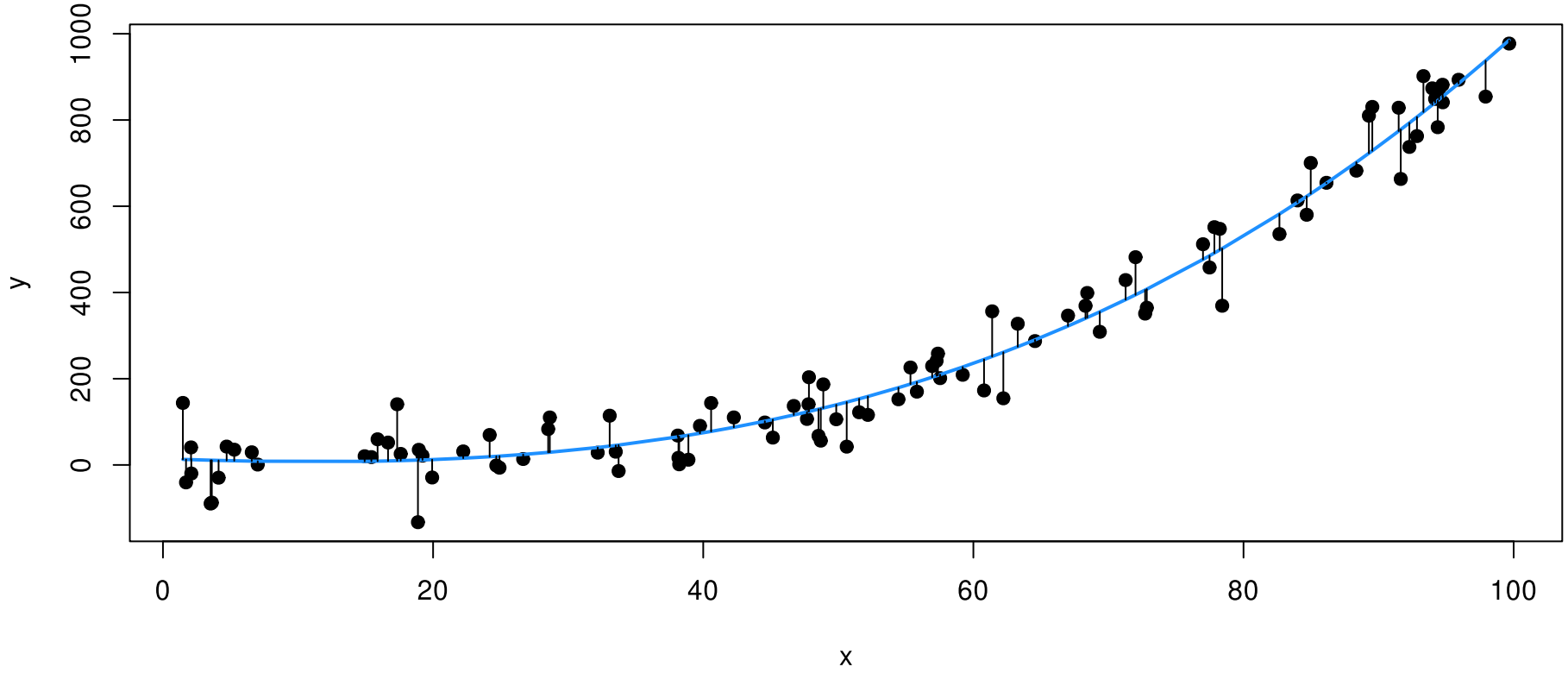
Esempio

Proviamo a rappresentare graficamente ϵ (i residui) vs i valori stimati dal modello (retta blu del grafico precedente).



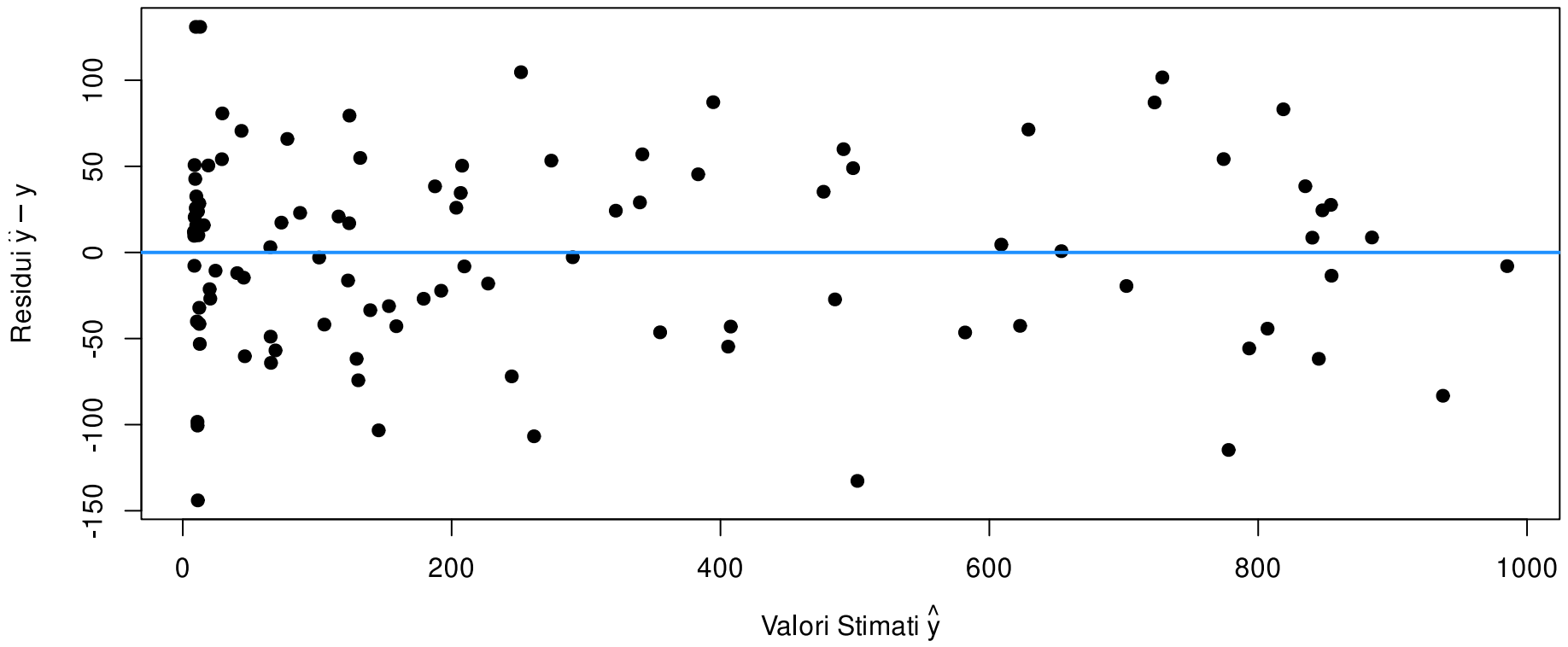
Esempio

E’ chiaro che pur avendo stimato la retta che minimizza la SS_E questa non sia una buona approssimazione dei dati. Ci serve un modello più complesso:



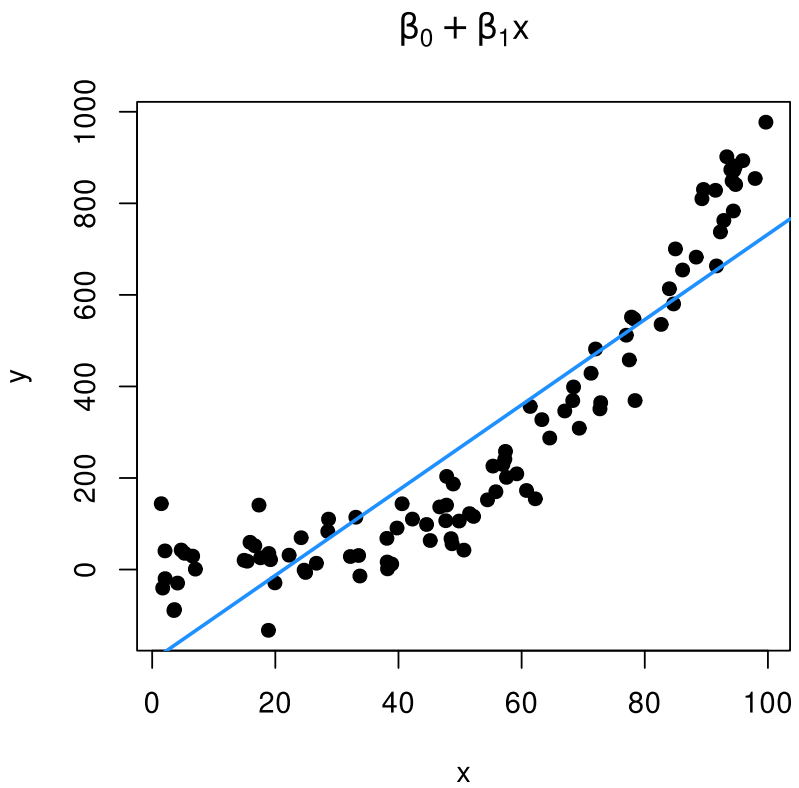
Esempio

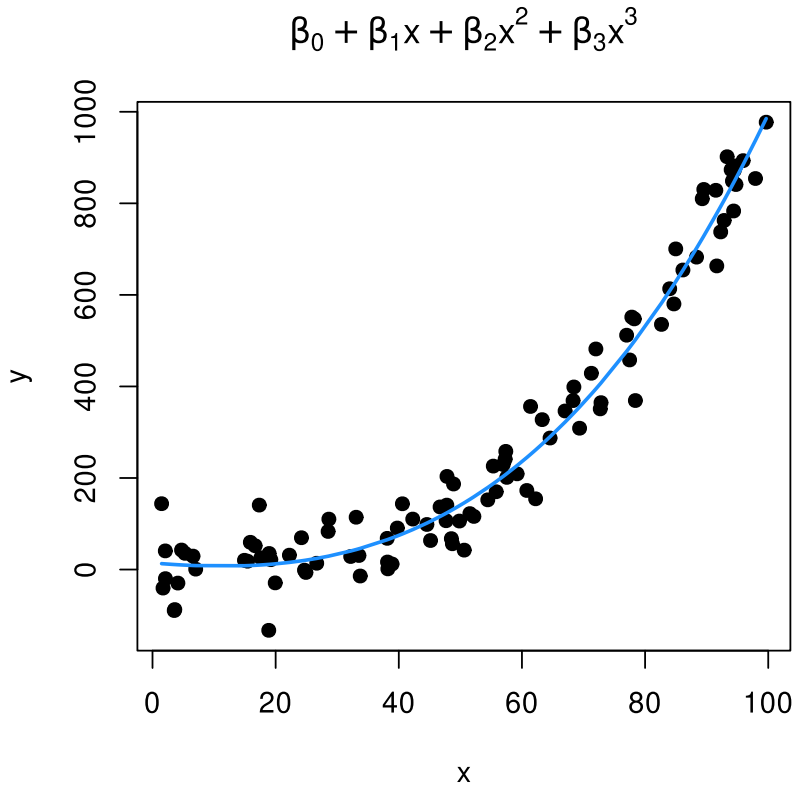
Questi sono i residui in questo caso. La retta non era una buona approssimazione.



Esempio

Questi due modelli differiscono per $f()$. Uno è più semplice (la retta) ma evidenti problematiche. L'altro è più complesso (β_2 e β_3) da stimare ma approssima meglio.





Messaggio finale

> All models are wrong, but some are useful.
> – *George Box*

Quindi, i modelli statistici sono semplificazioni matematiche della realtà tramite assunzioni e vincoli.

Il modello lineare ad esempio, assume che una retta sia una buona approssimazione della realtà. Modelli più complessi possono approssimare meglio ma richiedono anche più parametri.

I parametri vengono *stimati* (con errore) e la qualità della stima è funzione della variabilità del fenomeno e del numero di osservazioni.

Modelli complessi richiedono maggior numero di informazione (soggetti) per essere stimati in modo affidabile.

Modello lineare

Modello lineare [#extra]

Ora ci focalizziamo sul modello lineare con la consapevolezza che $f()$ possa essere molte cose. Formalmente:

$$\mathbf{y}_{n\times 1} = \mathbf{X}_{n\times p}\boldsymbol{\beta}_{p\times 1} + \boldsymbol{\epsilon}_{n\times 1}$$

Il grassetto (o matrix formulation) è un modo compatto per scrivere anche modelli lunghi. Infatti possiamo avere:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1_i} + \beta_2 x_{2_i} + \epsilon_i$$

Modello lineare semplice

Quello che abbiamo usato fino ad ora $\beta_0 + \beta_1 x$ è definito **modello lineare semplice** perchè abbiamo un solo predittore x. Ovviamente i modelli possono avere anche molti predittori, in quel caso si chiamano **modelli lineari multipli**.

Terminologia

Definiamo della terminologia utile:

- con **valori osservati** y_i intendiamo la combinazione di componente sistematica $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ ed errore ϵ.
- con **valori predetti** μ_i intendiamo la sola componente sistematica $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ (senza errore). Sono i valori esattamente sulla retta.
- con **residui** intendiamo la componente di errore ϵ_i ovvero la differenza $y_i - \mu_i$

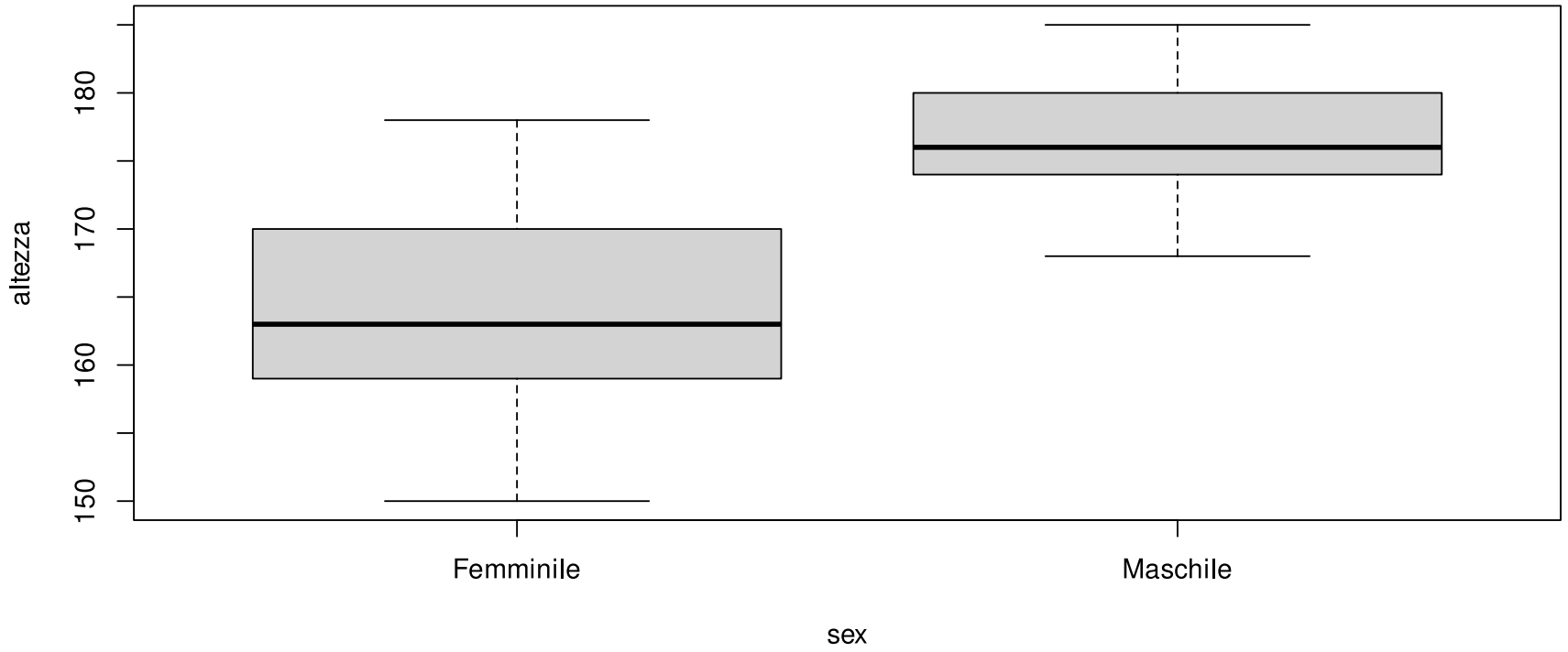
Predittore categoriale

Proviamo ad inserire un predittore categoriale a due livelli `sex`. L'outcome è l'`altezza` (per vedere una chiara differenza)[1]:

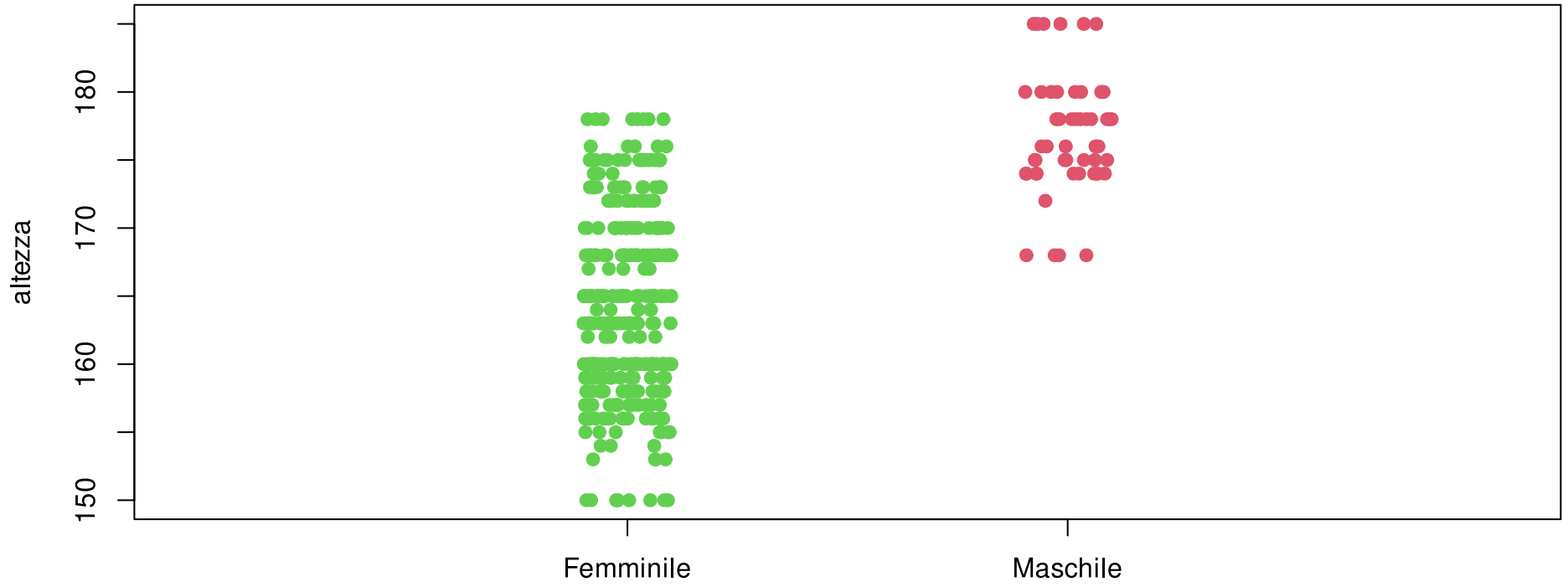
```
boxplot(altezza ~ sex, data = adcom)
```

1. Stiamo usando in nostri dati del questionario

Predittore categoriale



Predittore categoriale



Predittore categoriale

Proviamo a farlo direttamente in R:

```r
fit <- lm(altezza ~ sex, data = adcom)
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = altezza ~ sex, data = adcom)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-14.3517  -4.3517  -0.8077   5.6483  13.6483

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 164.3517     0.3540  464.33   <2e-16 ***
sexMaschile  12.4559     0.9768   12.75   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 6.565 on 394 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.2922,    Adjusted R-squared:  0.2904
F-statistic: 162.6 on 1 and 394 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Predittore categoriale

Per capire quello che sta succedendo prima dobbiamo capire cosa succede a `sex` quando entra in un modello lineare.

L'idea è che nonostante la variabili categoriali siano non numeriche (superficialmente) possiamo rappresentare la stessa informazione usando $k - 1$ (dove k è il numero di modalità) variabili numeriche.

In questo caso, `sex` ha due livelli quindi $k = 2$ e ci servono $k - 1 = 1$ variabili numeriche. Di base si usano quelle che si chiamano **dummy-variables** ovvero variabili con valore 0 o 1.

Dummy variables

La funzione `lm` crea automaticamente queste variabili quando inseriamo dei predittori categoriali. Per vedere quello che succede possiamo usare la funzione `model.matrix()`:

```
model.matrix(~ sex, data = adcom)
```

```
    (Intercept) sexMaschile
1             1           0
2             1           0
3             1           0
4             1           0
5             1           0
6             1           0
7             1           0
8             1           0
9             1           0
10            1           0
11            1           1
12            1           0
13            1           0
```

Dummy variables

Possiamo lasciare stare l'intercetta per il momento, la colonna `sexMaschile` è la versione *dummy* della variabile categoriale `sex`. Possiamo anche crearla manualmente:

```
head(adcom$sex, 15)
```

```
 [1] "Femminile" "Femminile" "Femminile" "Femminile" "Femminile"
"Femminile"
 [7] "Femminile" "Femminile" "Femminile" "Femminile" "Maschile"
"Femminile"
[13] "Femminile" "Femminile" "Maschile"
```

```
adcom$sex_dummy <- ifelse(adcom$sex == "Maschile", 1, 0) # o l'inverso
head(adcom$sex_dummy, 15)
```

```
 [1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 1
```

Non è necessario farlo manualmente, ma è importante capire cosa fa il software. A prescindere da R, tendenzialmente tutti i software lavorano così.

Dummy variables

Quindi quando inseriamo una variabile categoriale con k livelli, vengono create $k - 1$ variabili *dummy*. Sono variabili numeriche a tutti gli effetti, quindi i coefficienti si intepretano come tali. Riprendiamo (concetriamoci sui parametri):

```
summary(fit)
```

```
Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 164.3517     0.3540  464.33   <2e-16 ***
sexMaschile  12.4559     0.9768   12.75   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Dummy variables

- `(Intercept)` è il valore di y (`altezza`) quando $x = 0$ (`sex`). `sex` = 0 per la variabile *dummy* è il sesso femminile. Quindi è l'altezza media delle femmine.
- `sexMaschile` (β_1) è l'incremento di `altezza` per incremento unitario in `sex`.

Essendo che sono variabili dummy, dire *aumento unitario* equivale a dire mi sposto da una categoria all'altra. Quindi β_1 è la **differenza di altezza tra maschi e femmine**.

T-test

In altri termini, abbiamo fatto sostanzialmente un t-test. Infatti possiamo confrontare i risultati. Notate i valori della statistica t e p value:

```
t.test(altezza ~ sex, var.equal = TRUE, data = adcom)
```

```
    Two Sample t-test

data:  altezza by sex
t = -12.752, df = 394, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true difference in means between group Femminile and group Maschile is not equal to
0
95 percent confidence interval:
 -14.37629 -10.53561
sample estimates:
mean in group Femminile  mean in group Maschile
               164.3517                176.8077
```

```
summary(fit)
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 164.3517     0.3540  464.33   <2e-16 ***
sexMaschile  12.4559     0.9768   12.75   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

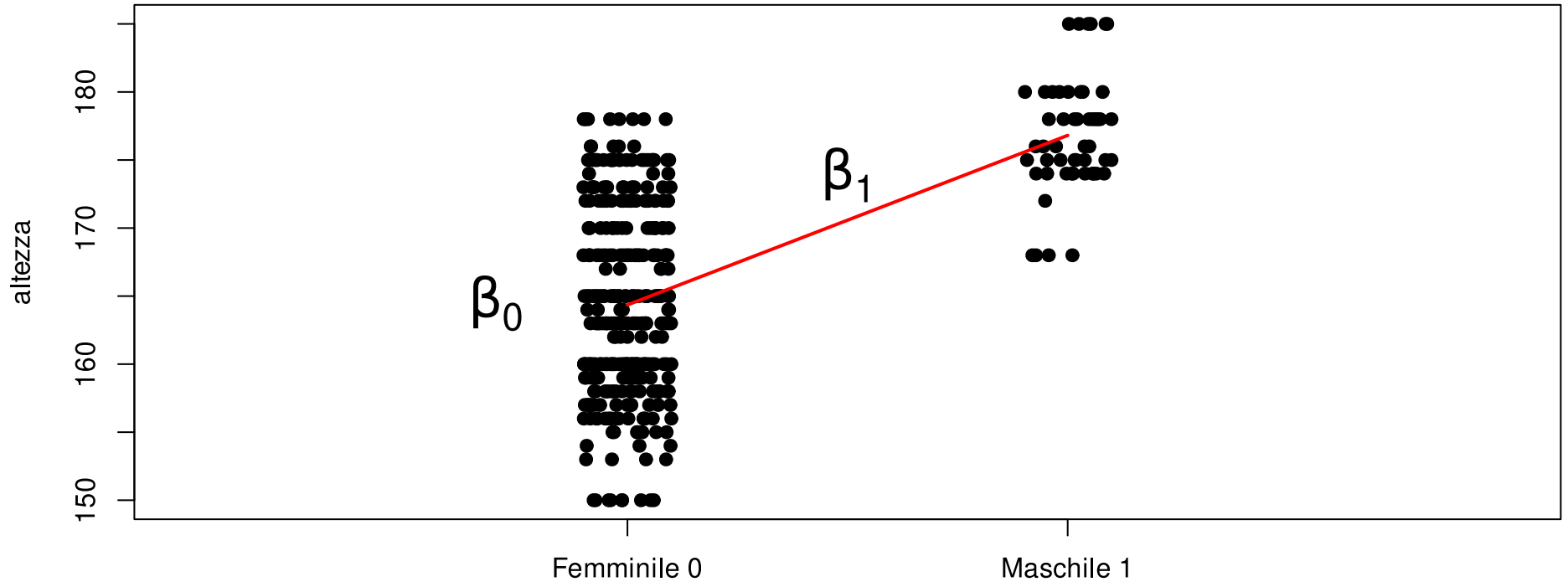
Scriviamo l'equazione

Con i modelli lineari, scrivere l'equazione (componente sistematica) è molto importante e fa capire molte cose.

$$\hat{\text{altezza}} = \beta_0 + \beta_1 \text{sex} \quad \text{sex} = \{0, 1\}$$

$$\begin{aligned} \hat{\text{altezza}} &= \beta_0 + \beta_1 \times 1 \quad \text{sex} = 1 \\ \hat{\text{altezza}} &= \beta_0 + \beta_1 \times 0 \quad \text{sex} = 0 \\ &= \beta_0 \end{aligned}$$

Graficamente



Inferenza

Da dove vengono quelle statistiche test t e p value? Vengono calcolati esattamente come già sappiamo. Dobbiamo definire H_0 e H_1 anche nel caso di modelli di regressione lineare dove:

$$H_0 : \beta_j = 0$$

$$H_1 : \beta_j \neq 0$$

Dove β_j è uno dei possibili coefficienti di regressione che siamo interessati a valutare. Ovviamente possiamo anche fare dei test monodirezionali.

Inferenza

Ogni coefficiente di regressione ha la sua stima campionaria $\hat{\beta}_j$ e quindi ha anche il suo errore standard $\mathrm{SE}_{\hat{\beta}_j}$ che indica quanto è precisa la stima del coefficiente di regressione. Quindi possiamo definire una statistica test standardizzata come:

$$t = \frac{\hat{\beta}_j}{\mathrm{SE}_{\beta_j}}$$

Questa statistica test sotto H_0 si distribuisce come una t di Student con $\nu = n - p$ gradi di libertà dove p è il numero totale di coefficienti stimati dal modello. Nel caso dell'altezza, $p = 2$ (β_0 e β_1) quindi $\nu = n - p = 396 - 2 = 394$.

R^2 aggiustato

Nella tabella di regressione vedete anche il valore di R^2 aggiustato.

$$R^2_{\text{adj}} = 1 - \frac{(1 - R^2)(n - 1)}{n - p}$$

Dove n è la numerosità campionaria e p il numero di coefficienti stimati. Sostanzialmente questa formula riduce il valore di R^2 in funzione del numero dei parametri stimati. A parità di R^2 (non aggiustato), quello aggiustato sarà minore se sono serviti più parametri per arrivare alla stessa varianza spiegata.

Assunzioni

Il modello lineare funziona correttamente nel momento in cui alcune assunzioni sono rispettate:

- **Linearità.** Si assume che la relazione tra x e y sia lineare, sia nella regressione semplice sia in quella multipla.
- **Indipendenza.** I residui devono essere indipendenti tra loro. In sostanza, non devono esserci strutture sistematiche o fattori non misurati che li rendano dipendenti.
- **Normalità.** Si assume che i residui siano distribuiti normalmente. Non è necessario che x e y siano normali, purché lo siano i residui.
- **Omoschedasticità.** La varianza dei residui deve essere costante. In pratica, la dispersione dei residui deve rimanere simile per tutti i valori predetti μ e, idealmente, per tutti i valori dei predittori x.

Linearità

Questa assunzione riguarda la **componente sistematica** del modello. In regressione lineare, “lineare” significa **lineare nei parametri**.

Ad esempio, questi sono modelli lineari:

$$y = \beta_0 + \beta_1 x$$

$$y = \beta_0 + \beta_1 x + \beta_2 x^2$$

è un modello lineare. Pur non rappresentando una retta, resta lineare perché i coefficienti β_0, β_1 e β_2 compaiono linearmente.

$$y = \beta_0 + x^{\beta_1}$$

non è un modello lineare, perché il parametro β_1 compare come esponente e quindi non entra in forma lineare.

Indipendenza

Questa assunzione è *by-design* nel senso che dipende dal tipo di dato. In termini pratici significa che le righe del nostro dataset devono essere indipendenti. Indipendenza in questo caso significa, sostanzialmente, che ogni riga appartiene ad un soggetto diverso. Ad esempio:

- 100 soggetti dove misuro p variabili (questionari, socio-anagrafiche, etc.) -> dataset con righe indipendenti
- 100 soggetti misurati prima/dopo un trattamento. Il valore pre e post sono correlati (dipendenti) perchè sono appartenenti allo stesso soggetto

In questo secondo caso è necessario usare dei modelli che tengano conto della dipendenza, come quelli multilivello. In tutti gli altri casi, il modello lineare che stiamo usando è adeguato.

Normalità dei residui

La normalità dei residui, come dice il nome significa che i residui (e non la variabile dipendente) devono essere distribuiti normalmente. In linea teorica, i residui devono avere media $\mu = 0$ e $\sigma = \sigma_\epsilon$ (quella stimata dal modello). Nella pratica devono avere una forma normale e non contenere pattern e/o deviazioni dalla media $\mu = 0$.

Questa assunzione si vede principalmente a livello grafico e guardando statistiche descrittive dei residui. Alcuni propongono di usare dei test per valutare la normalità (tipo Shapiro-Wilk). Tuttavia il metodo migliore è quello grafico.

Normalità dei residui

La cosa più semplice da fare è rappresentare graficamente i residui con un istogramma e/o un QQ-plot.

Riprendiamo un modello lineare semplice:

```
Call:
lm(formula = satisfaction ~ burnout, data = dat)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max 
-1.16992 -0.22280  0.02072  0.27720  1.03872 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept)  4.83504    0.15688  30.821  < 2e-16 ***
burnout     -0.50720    0.07842  -6.468 4.43e-09 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.4439 on 94 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.308, Adjusted R-squared:  0.3006 
F-statistic: 41.83 on 1 and 94 DF,  p-value: 4.43e-09
```

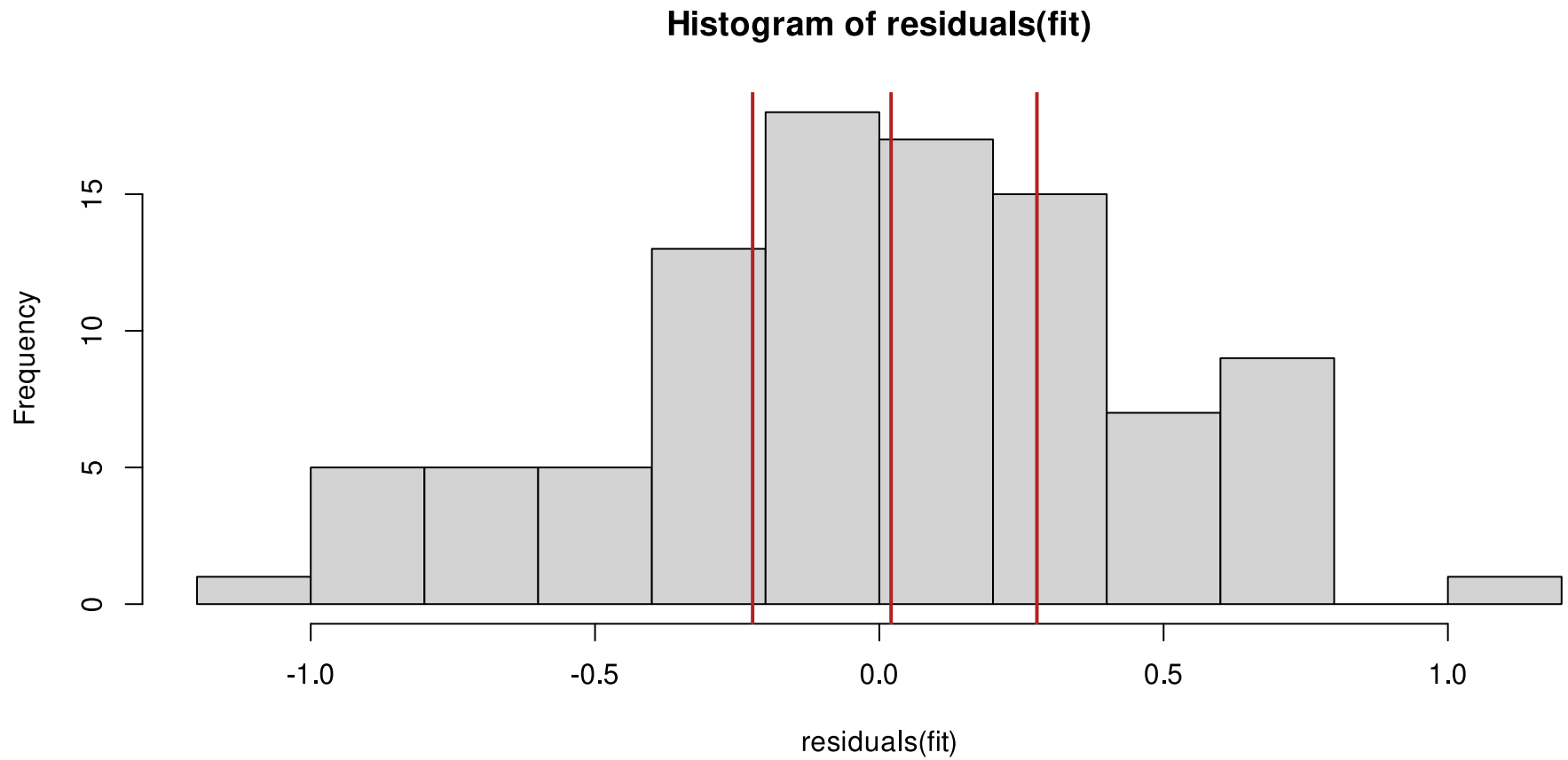
Normalità dei residui

Come vedete su R c'è una sezione specifica riguardo i residui che vi fornisce alcune statistiche descrittive in particolare minimo, primo quartile, mediana, terzo quartile e massimo. Già qui possiamo farci un'idea del pattern:

- i residui devono essere simmetrici attorno a zero, vediamo che la mediana è molto vicina a zero
- se i residui sono normali, 1 e 3 quartile dovrebbero essere lo stesso valore (o molto simile) semplicemente con segno diverso
- lo stesso vale anche per massimo e minimo ma questi sono estremamente sensibili a valori anomali

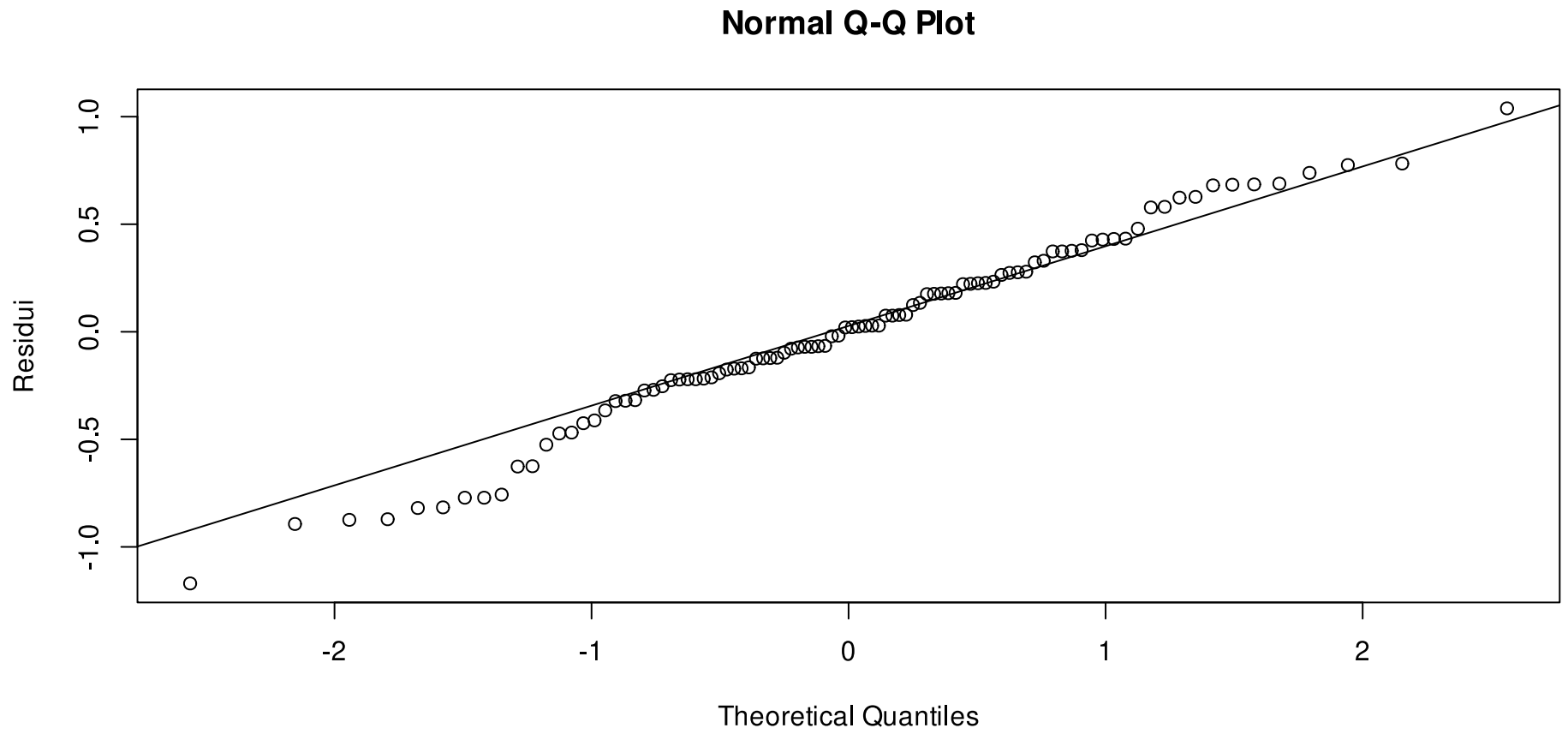
Normalità dei residui

Vediamo con un'istogramma. Le linee rosse sono i quantili che sono riportati nel summary del modello:



Normalità dei residui

Un modo però ancora più efficace è quello del QQ plot perchè ci fa vedere direttamente delle deviazioni dalla normalità:



Normalità dei residui

In questo caso sulle code abbiamo della deviazione dalla normalità ma in generale possiamo dire che il modello è abbastanza adeguato. Deviazioni importanti dalla normalità sicuramente devono essere evidenziate.
Solitamente la principale motivazione di non normalità dei residui è legata al fatto che il modello lineare non è il modello adeguato per quella tipologia di dato. In particolare, la variabile outcome può avere bisogno di un'altro modello.

Omoschedasticità dei residui

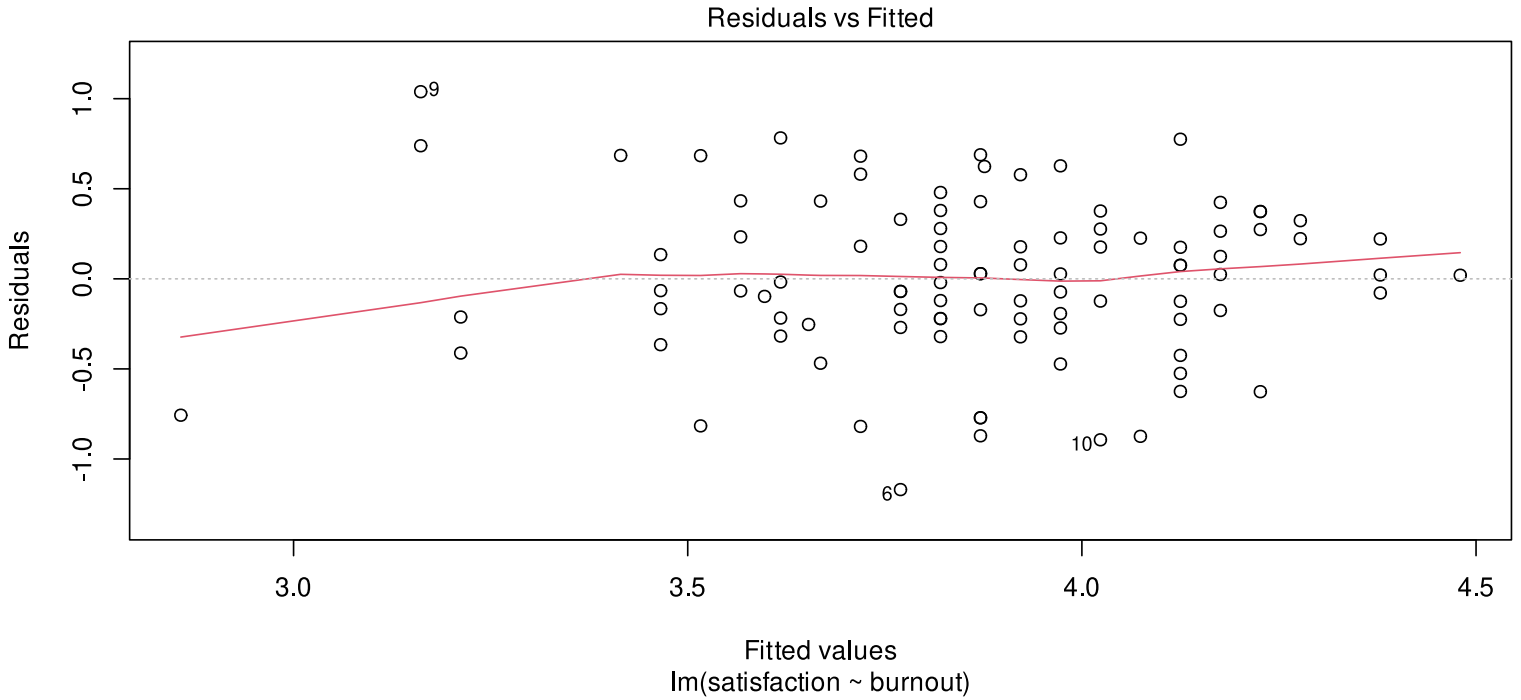
Oltre alla normalità, il modello lineare richiede che la varianza dei residui σ_ϵ sia costante per ogni valore di μ. In termini pratici, la dispersione attorno alla retta di regressione stimata deve essere costante.

Ovviamente questo è legato al fatto che stimando un solo parametro di varianza dei residui, questo per essere informativo non deve variare in funzione di x, altrimenti σ_ϵ diventa meno informativo.

Anche questo criterio è facilmente verificabile a livello grafico e quindi consiglio di evitare i test statistici per questo tipo di cose.

Omoschedasticità dei residui

L'Omoschedasticità dei residui si intende condizionata rispetto al valore stimato dal modello. In altri termini, per ogni valore stimato ci si aspetta che la varianza dei residui (attorno al valore stimato) sia normale (assunzione precedente) con varianza costante.



Omoschedasticità dei residui

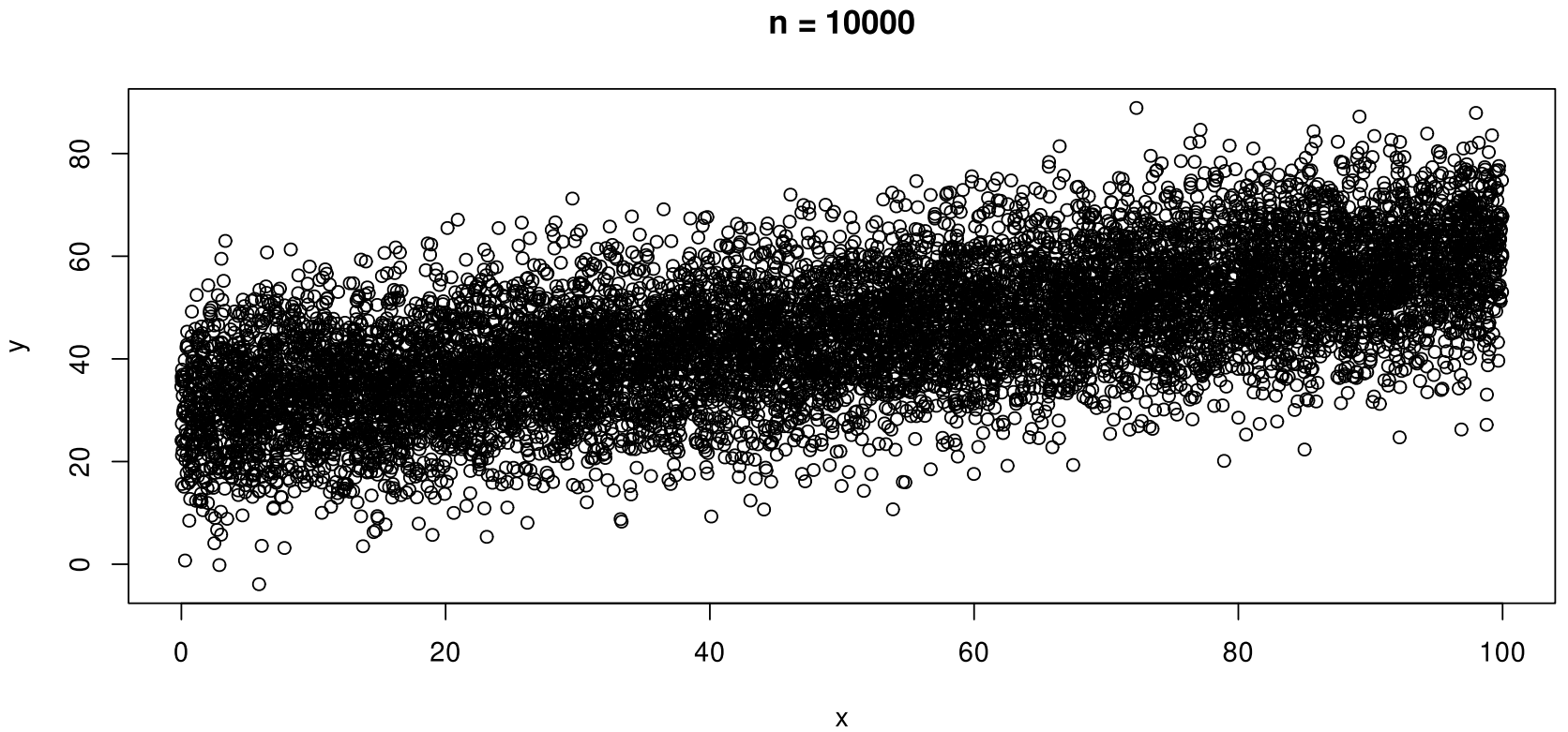
In questo grafico le cose da osservare sono:

- se la linea rossa (una sorta di stima non lineare della relazione) è orizzontale. In questo caso significa che non c'è un pattern nella relazione. Il caso ideale è la linea rossa il più simile possibile a quella tratteggiata orizzontale.
- se la dispersione dei punti attorno alla linea rossa (idealmente quella tratteggiata) è costante. Ovvero non ci sono incrementi o decrementi di variabilità.

Nel grafico precedente la dispersione sembra abbastanza costante a parte agli estremi dove aumenta a sinistra e si riduce a destra. Attenzione che con poche osservazioni è difficile vedere chiaramente eventuali problemi.

Un caso ideale (positivo e negativo)

Vi mostro dei dati simulati per vedere dei casi prototipici di deviazioni rispetto a questi assunti. Questi sono dei dati simulati seguendo esattamente gli assunti. Relazione lineare tra x e y.



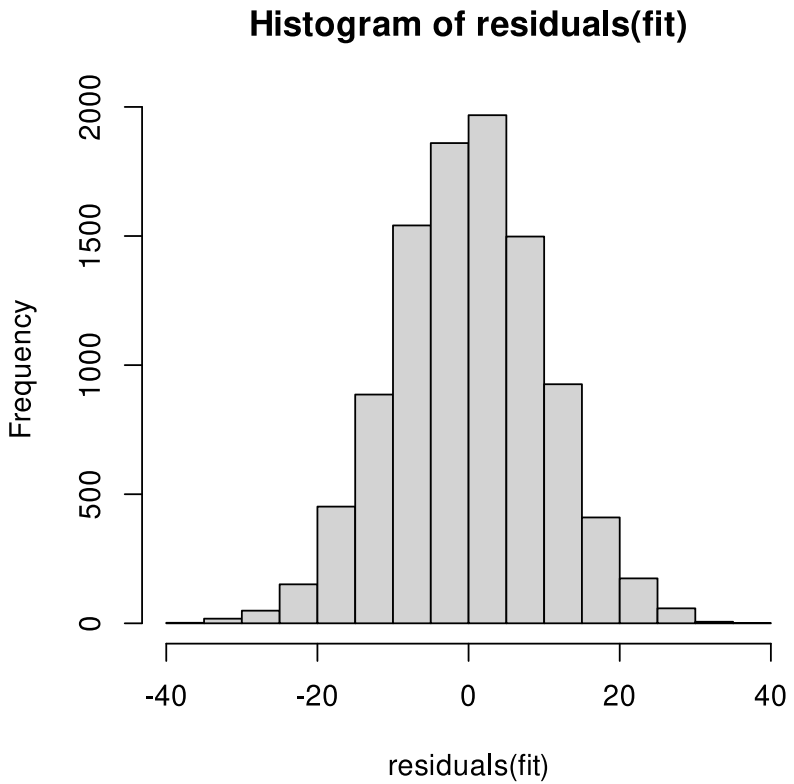
Un caso ideale (positivo e negativo)

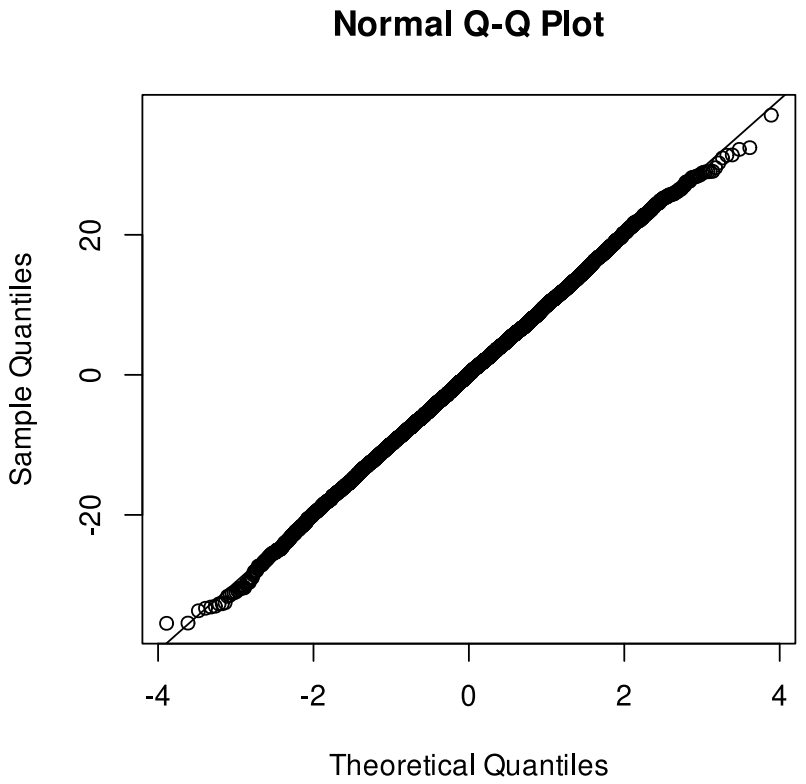
Fittiamo il modello lineare e vediamo i residui:

```
Call:
lm(formula = y ~ x, data = dat)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-35.485  -6.685   0.095   6.589  37.085

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 29.766543   0.200295   148.6   <2e-16 ***
x            0.304761   0.003443    88.5   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 9.958 on 9998 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4393,    Adjusted R-squared:  0.4392
F-statistic:  7833 on 1 and 9998 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Un caso ideale (positivo e negativo)

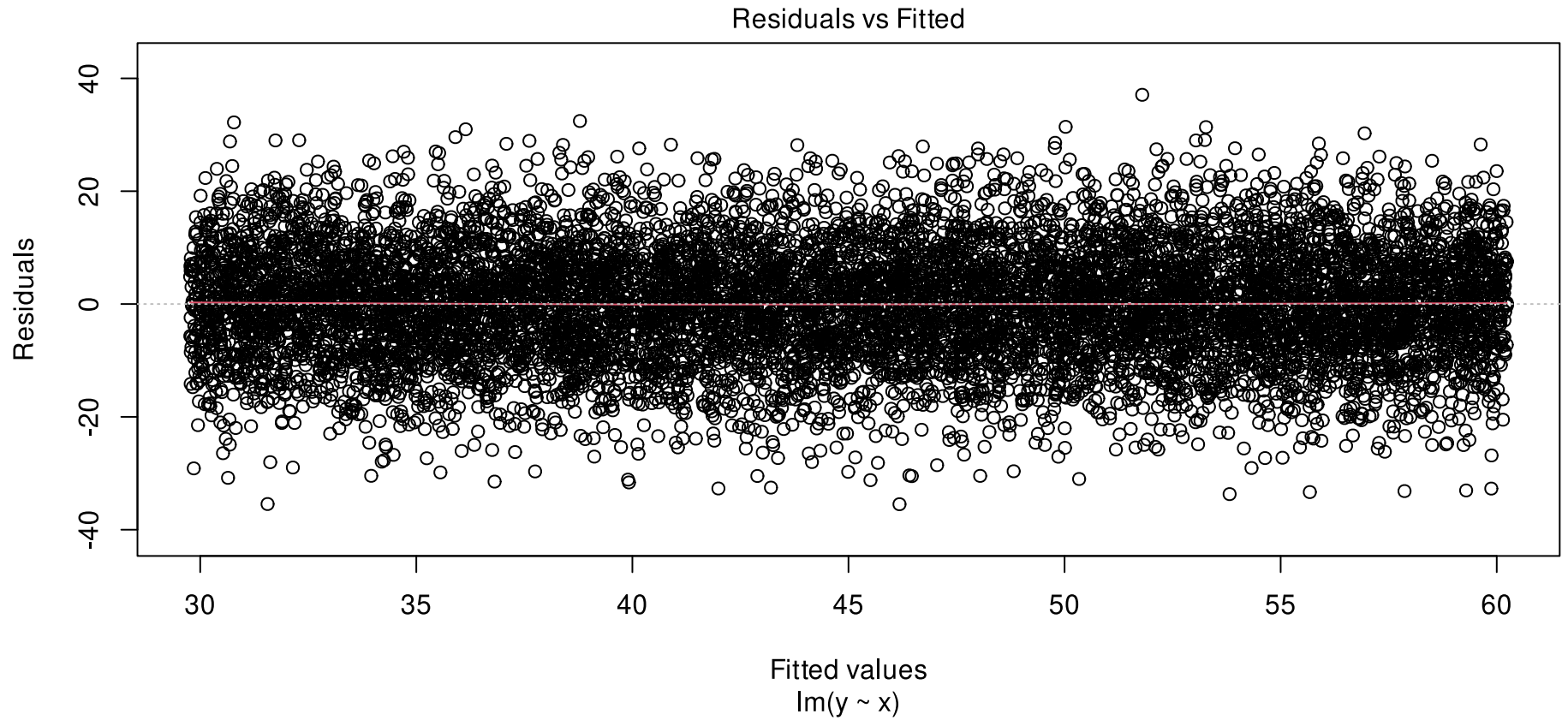
A prescindere da coefficienti ed intepretazione, possiamo vedere che i residui sono chiaramente normali guardando solo i quantili riportati. Vediamo comunque un grafico:





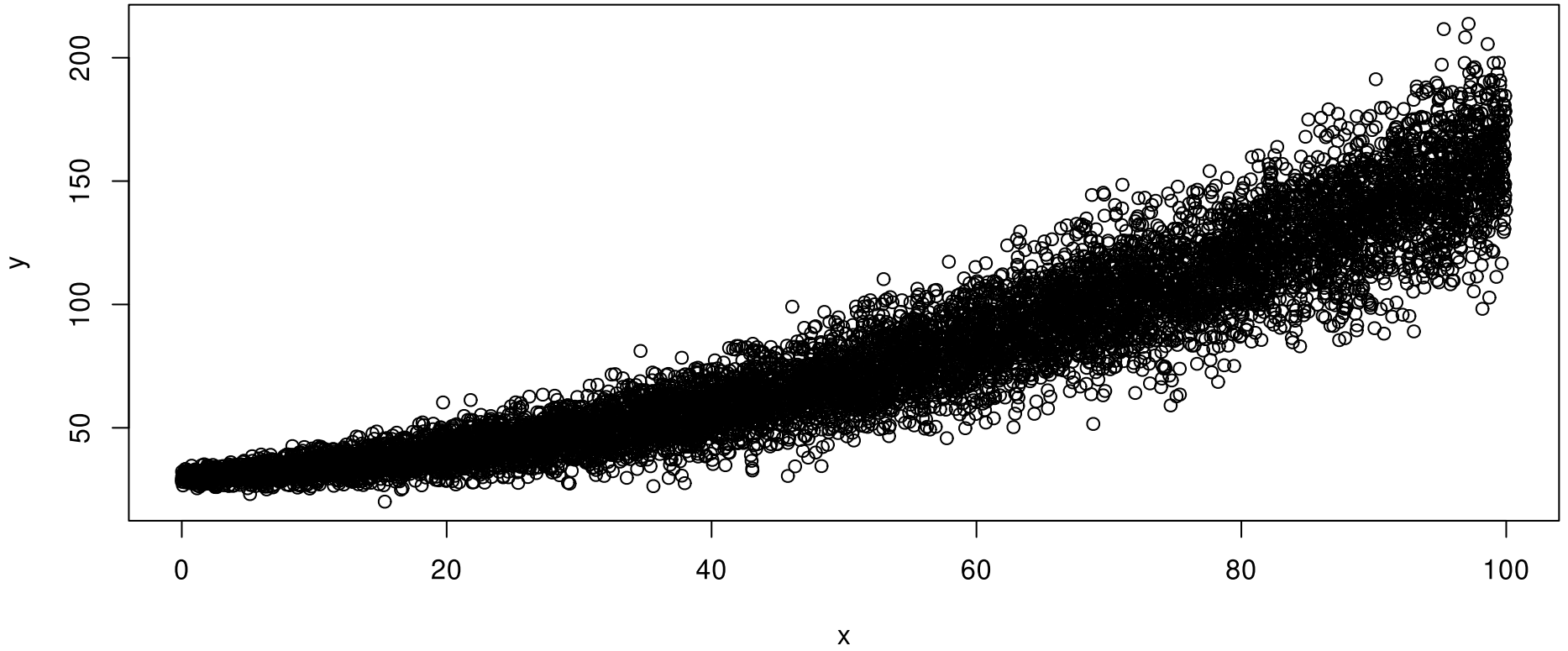
Un caso ideale (positivo e negativo)

Vediamo adesso i valori predetti vs i residui per vedere pattern nella relazione e la dispersione attorno ai valori predetti:



Un caso ideale (positivo e negativo)

Vediamo adesso un caso dove gli assunti sono chiaramente violati:



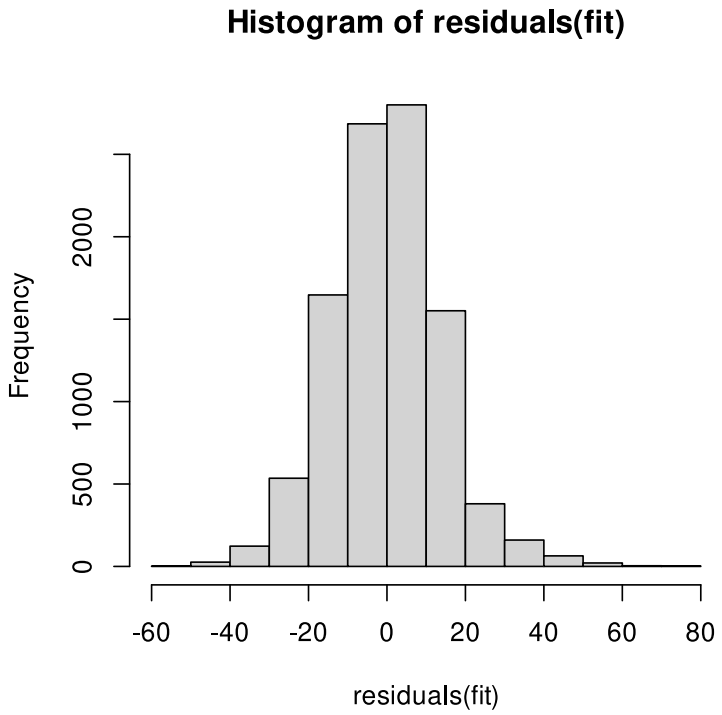
Un caso ideale (positivo e negativo)

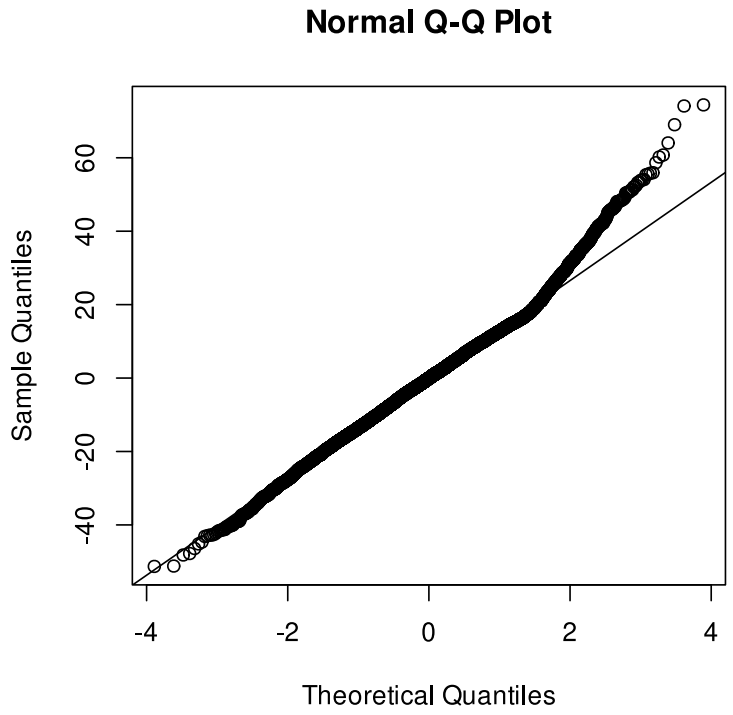
Anche qui facciamo il modello lineare:

```
Call:
lm(formula = y ~ x, data = dat)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-51.305  -9.219  -0.065   8.825  74.407

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 13.297876   0.281222   47.29   <2e-16 ***
x            1.300242   0.004866  267.22   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.01 on 9998 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8772,    Adjusted R-squared:  0.8772
F-statistic: 7.141e+04 on 1 and 9998 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Un caso ideale (positivo e negativo)

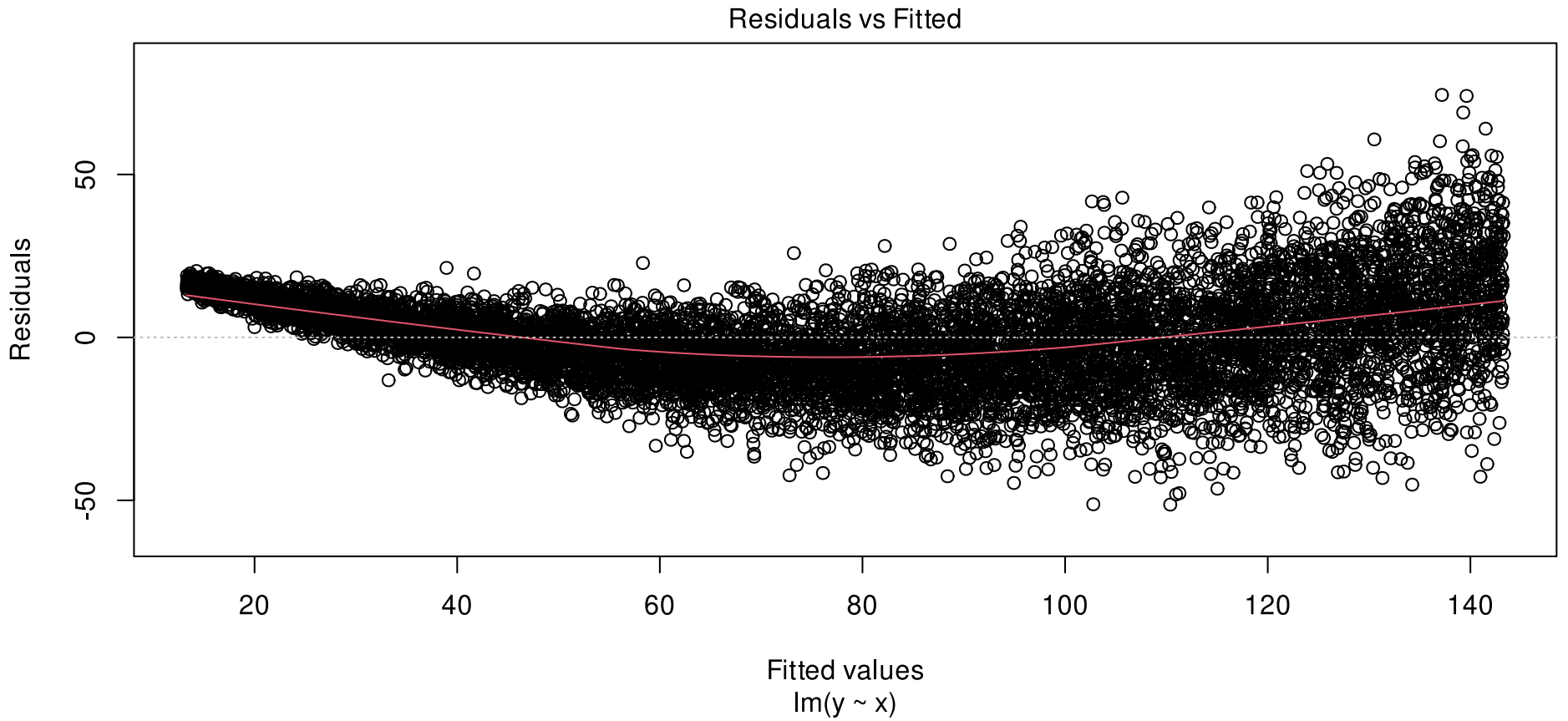
A parte la forma chiaramente non lineare e la dispersione non costante, i quantili dei residui non sono estremamente problematici, vediamo il grafico. E' presente un'asimmetria positiva essendoci dei valori estremi grandi che non sono bilanciati attorno allo zero.





Un caso ideale (positivo e negativo)

Vediamo ora i valori predetti rispetto ai residui:



Un caso ideale (positivo e negativo)

Nel grafico vediamo chiaramente:

- un pattern che rimane (linea rossa non orizzontale) quindi il valore atteso (media) dei residui calcolata per ogni valore predetto dal modello non è sempre zero
- la dispersione dei punti attorno ai valori predetti dal modello non è costante ed anzi ha un pattern crescente in questo caso

Qualche precisazione

Un'aspetto fondamentale rispetto alla verifica delle assunzioni, in particolare normalità e omoschedasticità riguarda il fatto che le assunzioni devono essere verificate sui residui e non sull'outcome y "grezzo".

In altri termini, la variabile y potrebbe sembrare non-normale ma una volta ripulita dalla componente sistematica, quindi calcolando i residui, questi risultano normali e con varianza costante.

Regressione Multipla

Regressione Multipla

Tutto quello che abbiamo visto fino ad ora era riferito al modello lineare semplice ovvero un predittore e un outcome.

Abbiamo visto che nel caso di un predittore categoriale a 2 livelli questo si riduca ad un t-test mentre nel caso di un predittore numerico questo diventi sostanzialmente una correlazione.

Il vero vantaggio di un modello lineare però è quello di includere più di un predittore (categoriale o numerico) all'interno dello stesso modello.

Regressione Multipla

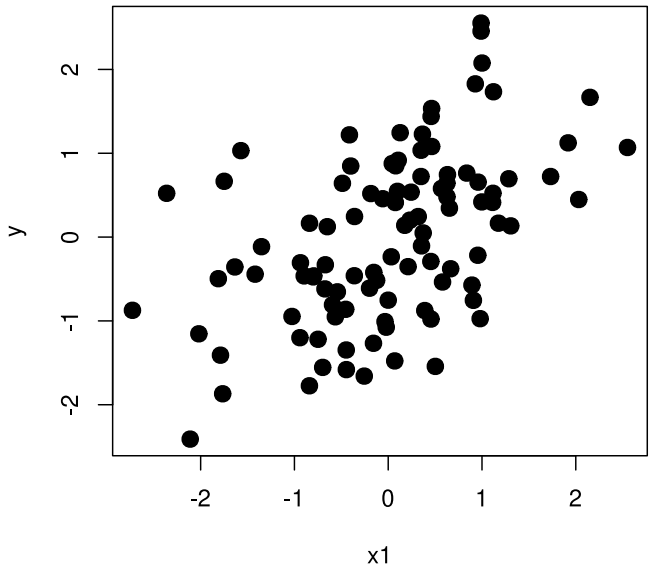
La formula rimane la stessa, semplicemente si allunga:

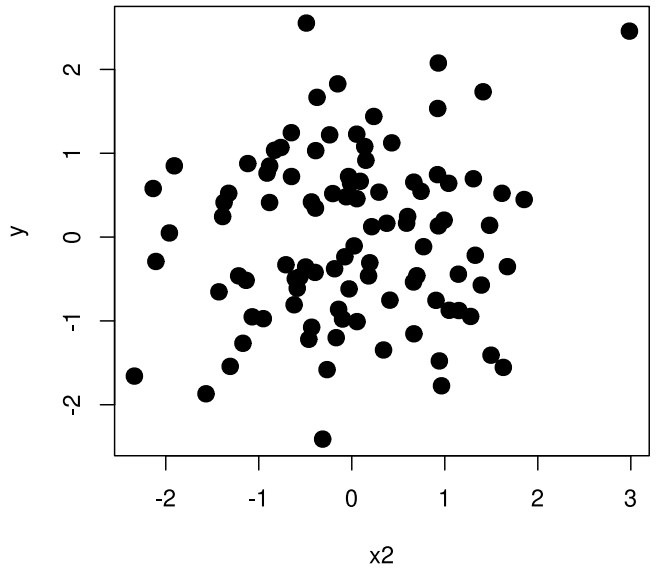
$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1_i} + \beta_2 x_{2_i} + \ldots \beta_p x_{p_i} + \epsilon_i$$

Quindi possiamo aggiungere in modo additivo predittori x_p. Come vedete la struttura è sempre la stessa, abbiamo una componente sistematica che rispetto a prima contiene più componenti $\beta_0 + \beta_1 x_{1_i} + \ldots$ e la componente casuale (residua) ϵ_i che rappresenta sempre la parte non spiegata del modello.

Regressione Multipla

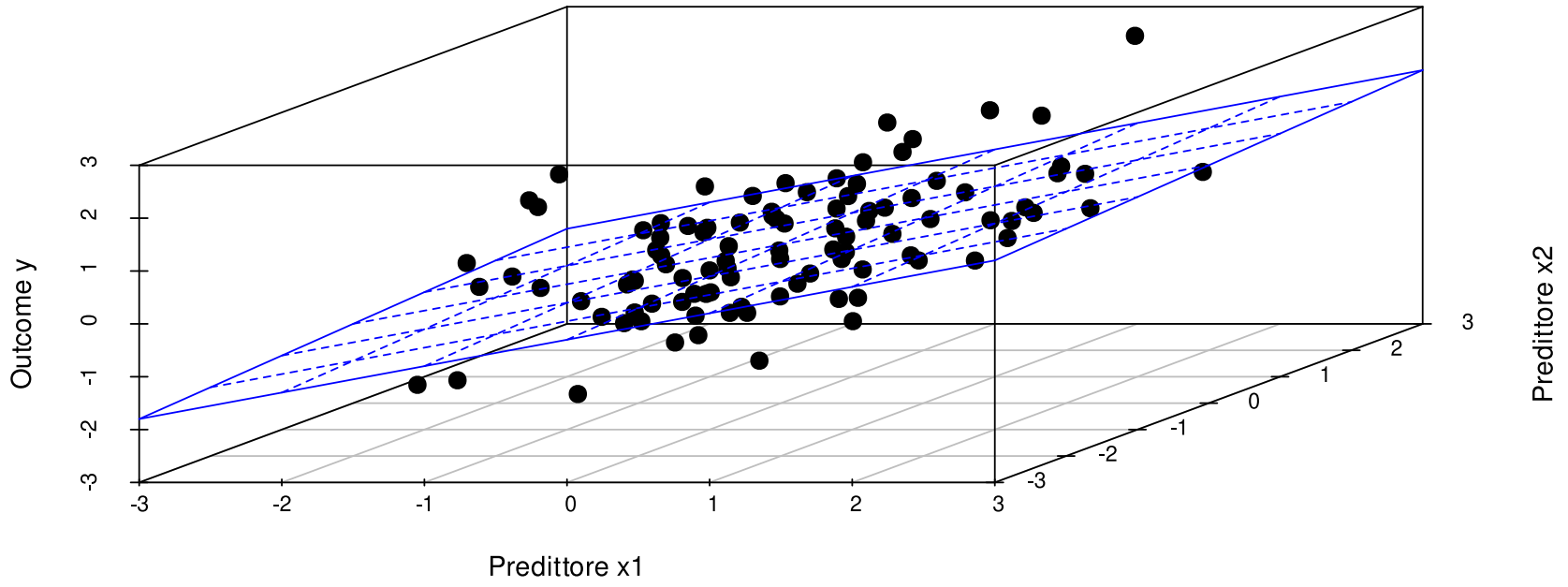
Tutto quello che abbiamo visto nel caso semplice, vale anche nel caso multiplo. La difficoltà però riguarda principalmente la visualizzazione. La relazione tra y e x è facilmente rappresentabile in un piano (2 dimensioni). Quella tra y e x_1 e x_2 richiede un cubo (3 dimensioni). Dopo le 3 dimensioni non è più possibile rappresentare graficamente i concetti.





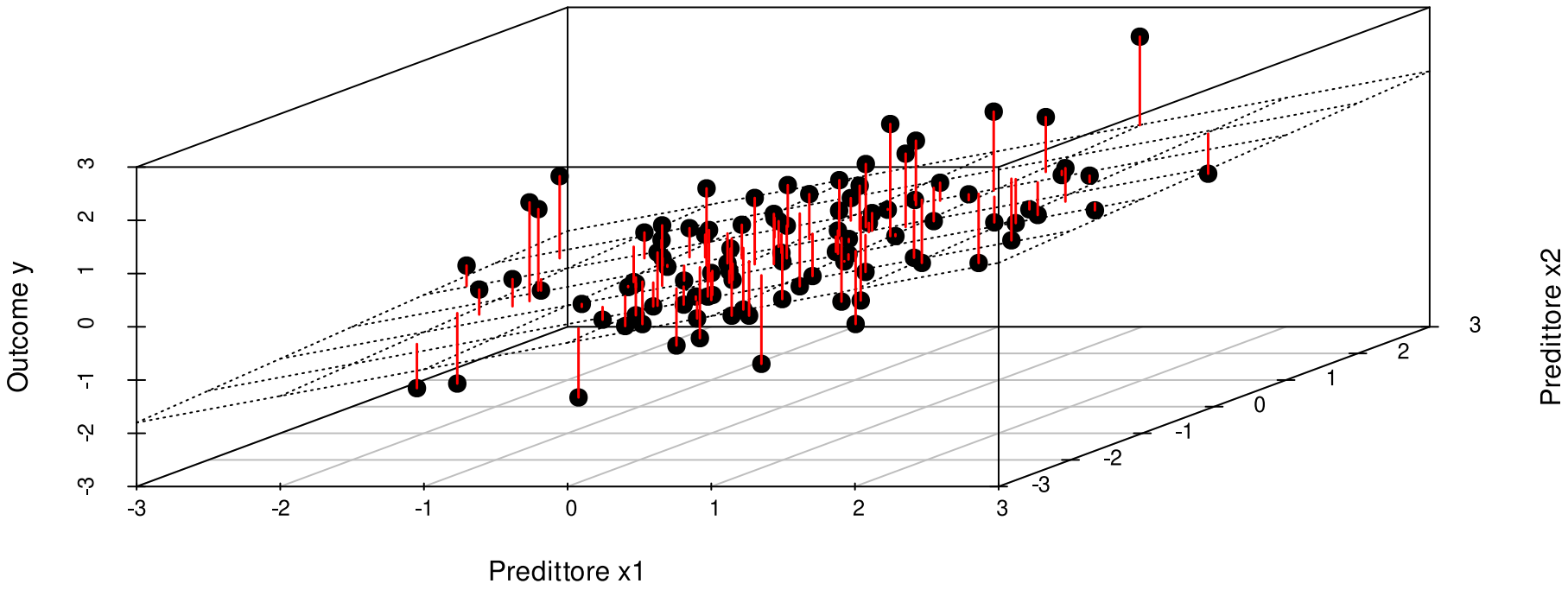
Regressione Multipla

Quelle del grafico precendente sono due relazioni bivariate (due modelli lineari semplici). Mettiamo però tutto assieme. Ora il modello non stima la retta ma il piano che minimizza le distanze.



Regressione Multipla

La logica è la stessa, le distanze (residui) ora sono su 3 dimensioni e non più su due:



Regressione Multipla

Vediamo come cambia l'intepretazione dei parametri. Proviamo a stimare questo modello `attachment ~ period` dove `attachment` indica il senso di appartenenza e legame affettivo con l'organizzazione e `period` indica il numero di anni di "anzianità" di volontariato.

```
fit <- lm(attachment ~ period, data = dat)
summary(fit)
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 3.511591   0.073240  47.946  < 2e-16 ***
period      0.010856   0.003234   3.357  0.00114 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Vediamo che all'aumentare di un anno di "anzianità" aumenta l'attaccamento di 0.01 con un p value significativo.

Regressione Multipla

Quindi possiamo concludere che all'aumentare dell'esperienza di volontariato, maggiore sarà il mio attaccamento all'associazione che frequento attualmente. Tuttavia mi viene il dubbio che anche l'età anagrafica possa essere rilevante. Magari persone con età maggiore hanno sistematicamente meno o più attaccamento. Includo anche l'età nel modello:

```
fit2 <- lm(attachment ~ period + age, data = dat)
summary(fit2)
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 3.087684   0.182768  16.894   <2e-16 ***
period      0.002521   0.004566   0.552   0.5822
age         0.012052   0.004785   2.519   0.0135 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Regressione Multipla

Vediamo che il coefficiente di `period` è drasticamente diminuito e il p value non è più inferiore ad α. Inoltre, `age` è associata ad un coefficiente di 0.01 con un p-value significativo. Cosa è successo?

Intanto, i coefficienti si intepretano sempre allo stesso modo del caso semplice, ma con una piccola aggiunta:

- `period` (0.002) è l'incremento di `attachment` quando `period` aumenta di 1, controllando per `age`
- `age` (0.012) è l'incremento di `attachment` quando `age` aumenta di 1, controllando per `period`

L'aggiunta riguarda quindi il *controllando per*. Cosa stiamo facendo quindi?

Regressione Multipla

Ragionando in ottica bivariata (con regressione semplice o correlazione) noi vediamo la relazione tra `attachment ~ period` e `attachment ~ age`.

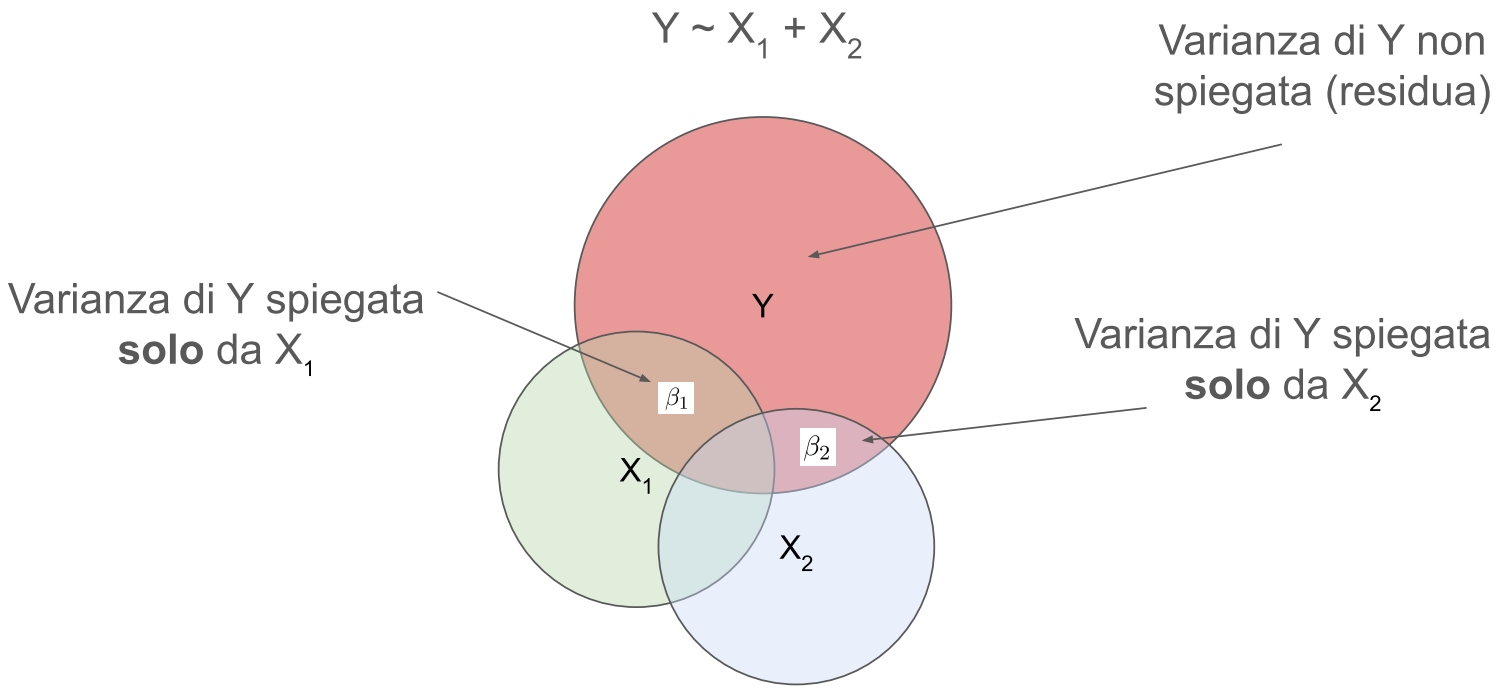
Quello che però vogliamo realmente vedere, in ottica multivariata è il **contributo unico** di `period` e di `age` nello spiegare la varianza di `attachment`.

In termini pratici questo significa prendere soggetti con la stessa `age` ma che variano in `period` (e viceversa) e vedere l'effetto su `attachment`.

Se tenendo fisso `period`, `age` è comunque legato ad `attachment` significa che `age` sta spiegando qualcosa che `period` non spiegava.

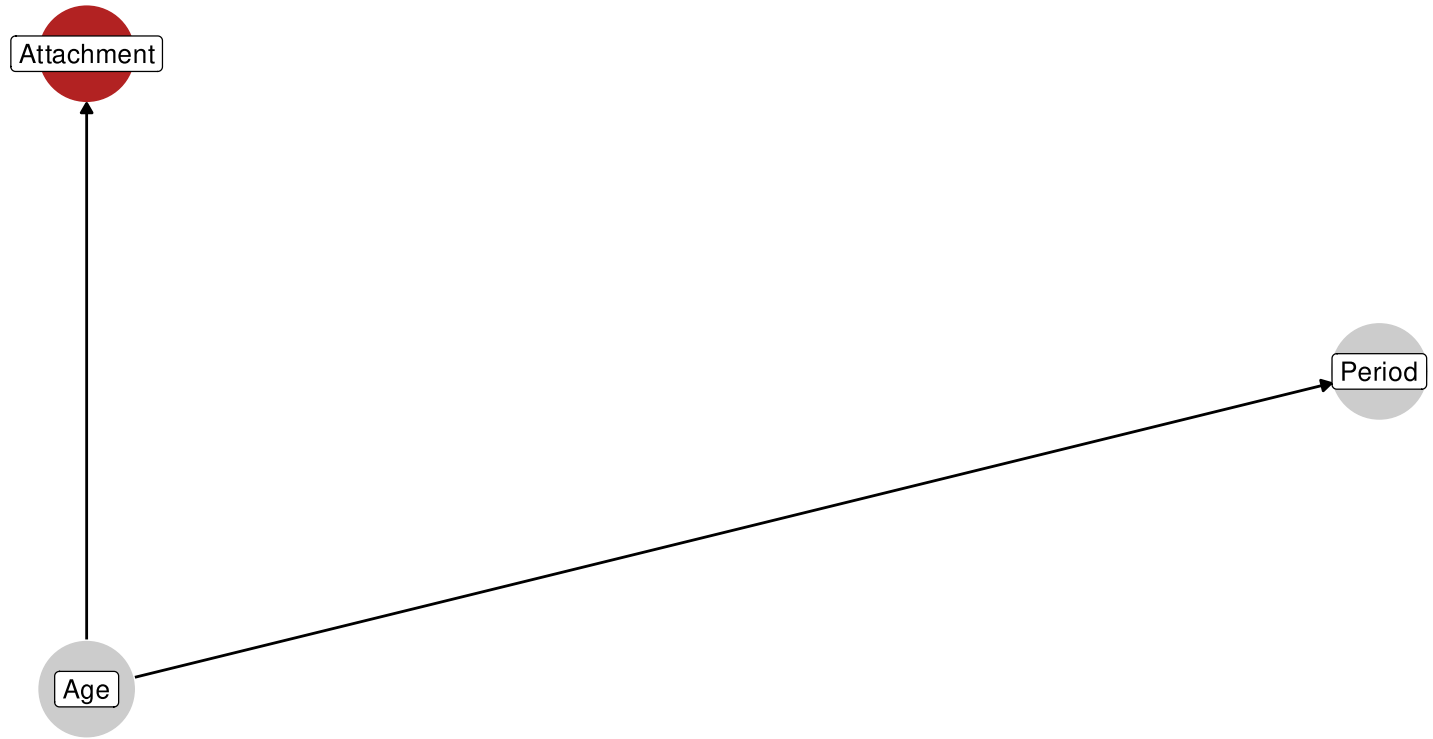
Regressione Multipla

Graficamente questo è quello che stiamo facendo, individuare la varianza spiegata unicamente da quella variabile.



Regressione Multipla

Quello che emerge nel nostro caso è simile al *third-variable problem*. `age` è legato sia a `attachment` che a `period` mentre `period` e `attachment` sono poco o nulla legati. Se ometto `age` allora `period` e `attachment` sembrano apparentemente legati.



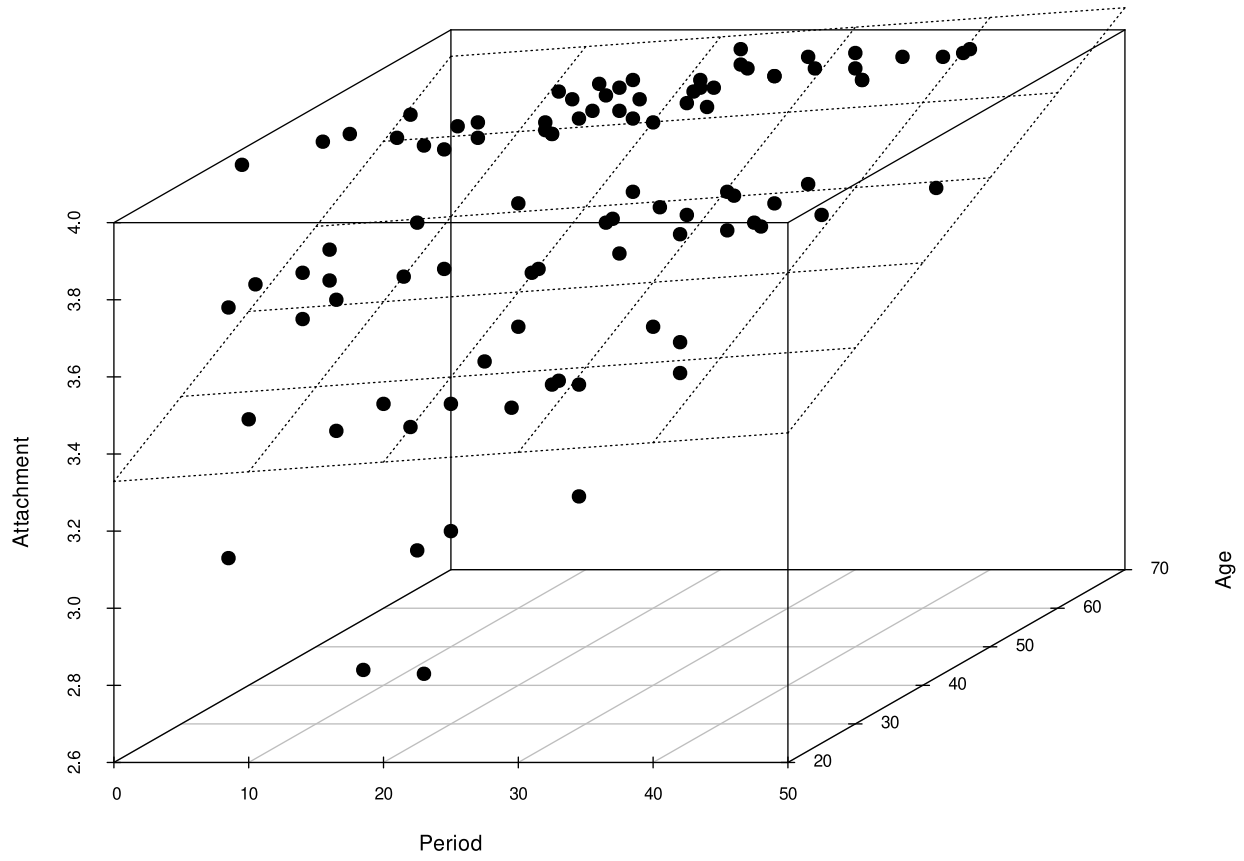
Regressione Multipla

Quindi, inserire `age` come controllo ci permette di capire che non è tanto l'anzianità di volontariato ad aumentare l'attaccamento quanto l'età.

Due persone con la stessa età ma con anzianità diversa tendono tendono ad avere punteggi simili di `attachment`. Due persone con età diversa ma stessa anzianità, tendono ad avere invece maggiore `attachment` all'aumentare dell'età.

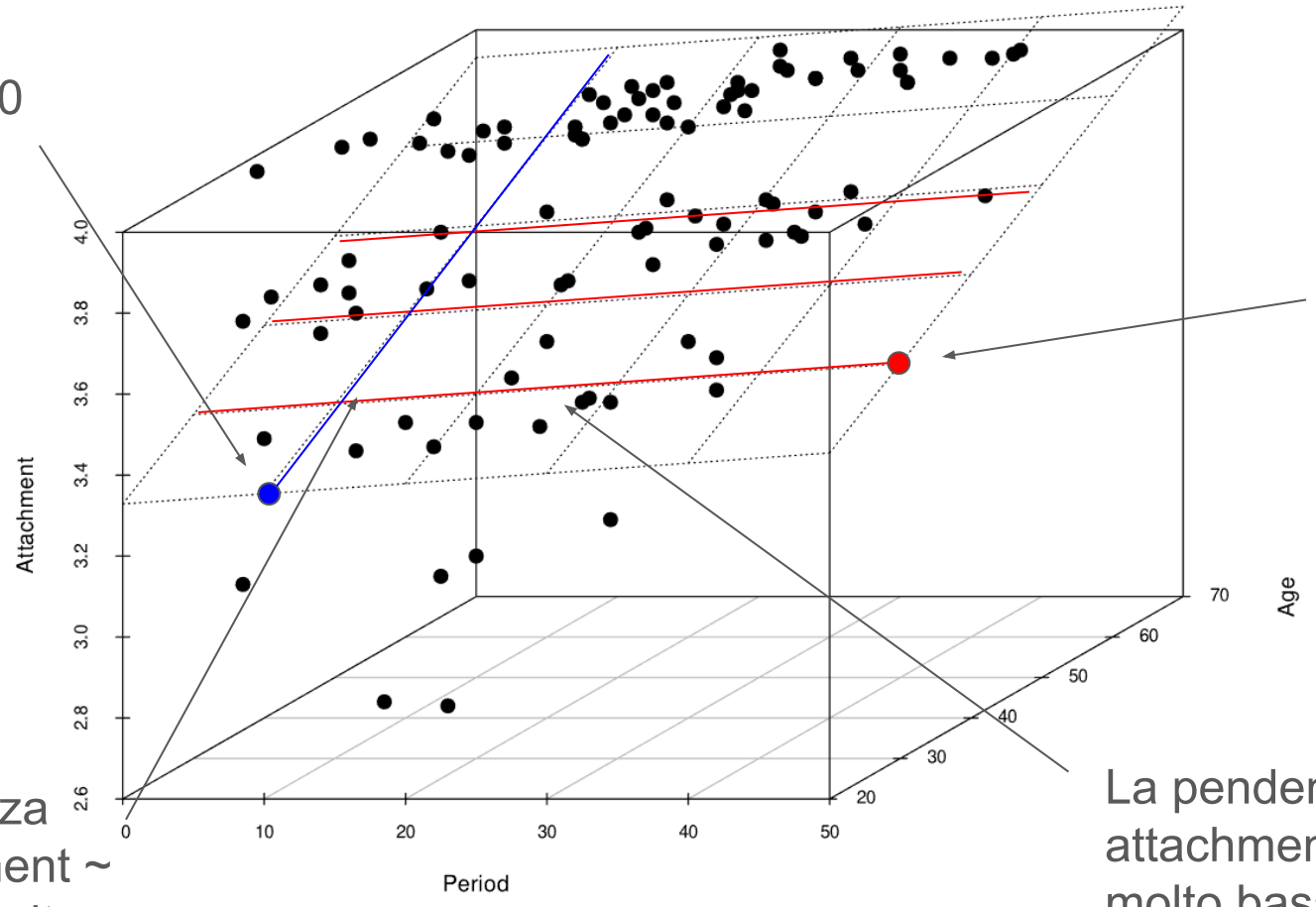
Regressione Multipla

Vediamolo in 3D (di solito non si fa ma in questo caso utile).



Regressione Multipla

Fissiamo period a 10 (esempio)



Fissiamo l'età a 30 anni (esempio)

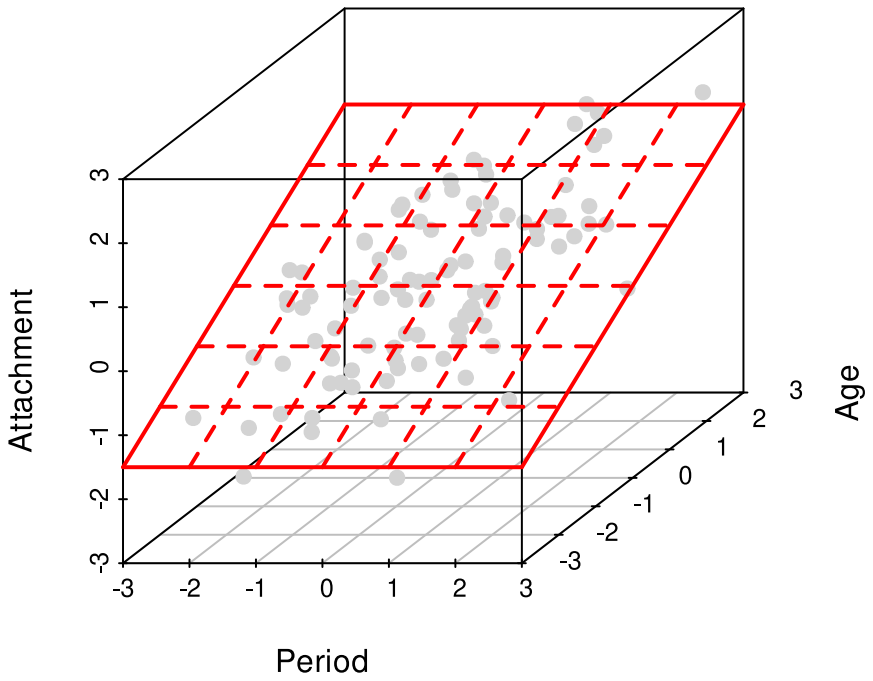
Pendenza attachment ~ age più alta

La pendenza attachment ~ period è molto bassa

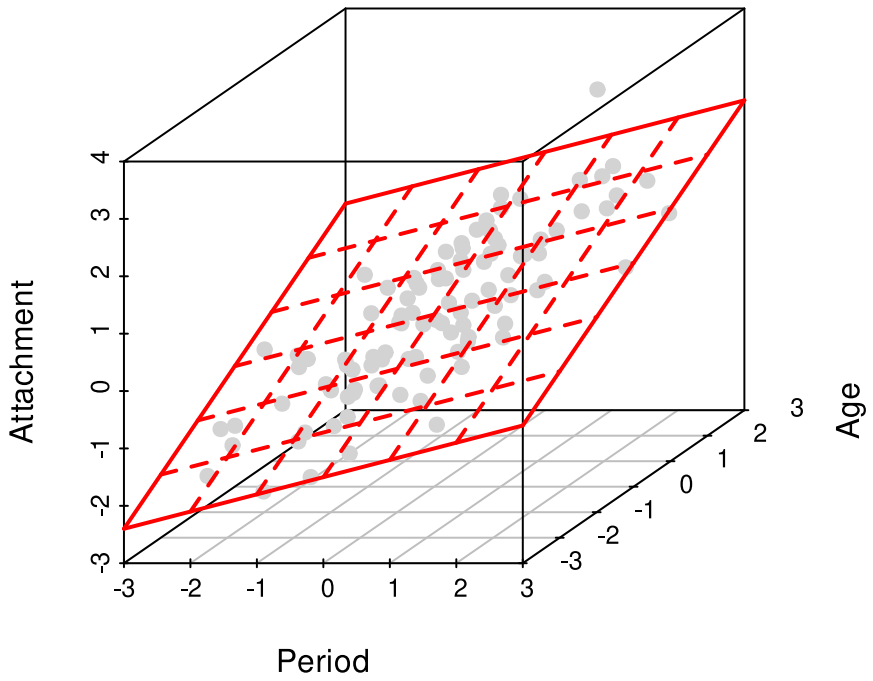
Regressione Multipla

Per darvi un'idea, ecco dei dati simulati dove l'effetto di `period` è zero vs diverso da zero.

Effetto period = 0

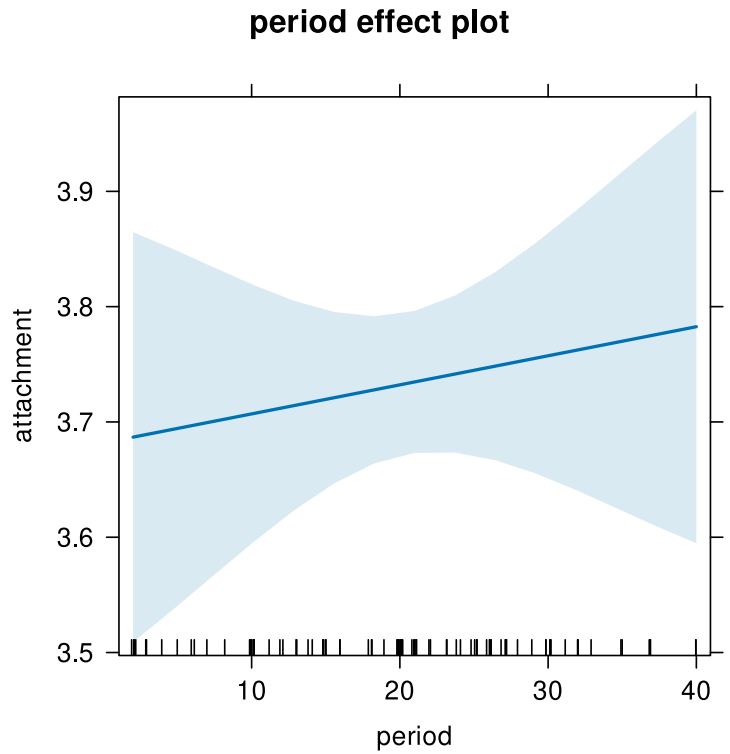


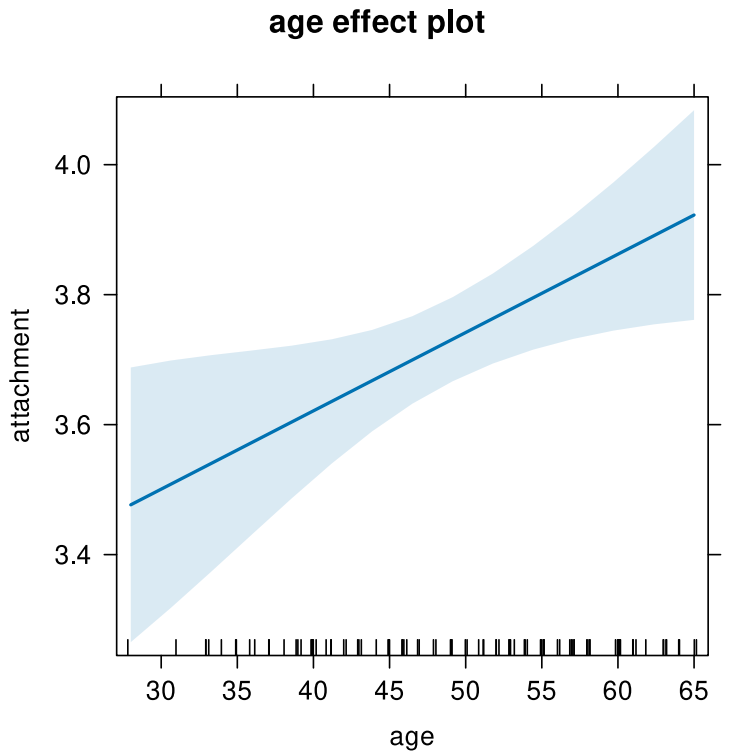
Effetto period > 0



Regressione Multipla

Quello che si fa solitamente è rappresentare le singole relazioni stimate dal modello (quindi aggiustate). Le bande colorate sono gli intervalli di confidenza. Quello che viene fatto è vedere la retta stimata per un certo predittore, fissando gli altri sul valore medio.





Regressione Multipla

Un'ultima intepretazione utile di cosa succede nel modello di regressione multiplo riguarda la residualizzazione. Noi vogliamo vedere la relazione `attachment ~ period` ripulendo per `age`. Quindi togliere l'effetto di `age` sia da `attachment` che da `period`.

Possiamo quindi fare due modelli di questo tipo:

```
att_age <- lm(attachment ~ age, data = dat)
period_age <- lm(period ~ age, data = dat)
```

I residui di questi due modelli saranno i valori di `attachment` e `period` togliendo l'effetto di `age`.

Regressione Multipla

Possiamo ora fare un terzo modello dove usiamo `period` (pulito da `age`) che predice `attachment` (pulito da `age`):

```
options(scipen = 999)
r_attachment <- residuals(att_age)
r_period <- residuals(period_age)
fit_res <- lm(r_attachment ~ r_period)
summary(fit_res)
```

```
Coefficients:
                           Estimate              Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.000000000000000003518 0.030661328267777052115   0.000     1.00
r_period    0.002520844794687062632 0.004541656842091223827   0.555     0.58
```

Il coefficiente è lo stesso di quando facciamo il modello completo `attachment ~ period + age`.
Internamente il modello vede la relazione tra predittore e outcome, residualizzata per gli altri predittori.

Predittori categoriali con > 2 livelli

Prima di vedere una regressione multipla con predittori categoriali e numerici, vediamo cosa succede se inseriamo un predittore categoriale con più di 2 livelli. Intuitivamente:

- non è più come un semplice t-test essendo che abbiamo più di due gruppi/livelli
- non abbiamo più una singola pendenza che rappresenta l'effetto del predittore sull'outcome
- se con 2 livelli potevamo rappresentare la variabile come una serie di 0 e 1 (variabile dummy) ora ci servono più variabili dummy avendo più gruppi/categorie

Predittori categoriali con > 2 livelli

Infatti l'equazione di un modello lineare con un predittore x categoriale con $k > 2$ livelli diventa:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 D_{i1} + \beta_2 D_{i2} + \cdots + \beta_{k-1} D_{i,k-1} + \varepsilon_i$$

$$D_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{se l'osservazione } i \text{ appartiene al livello } j, \\ 0 & \text{altrimenti.} \end{cases}$$

Quindi quando inseriamo un predittore a k livelli, si creano $k - 1$ variabili dummy D dove 1 e 0 rappresenta l'appartenenza a quella categoria. Ma cosa vogliono dire i parametri?

Predittori categoriali con > 2 livelli

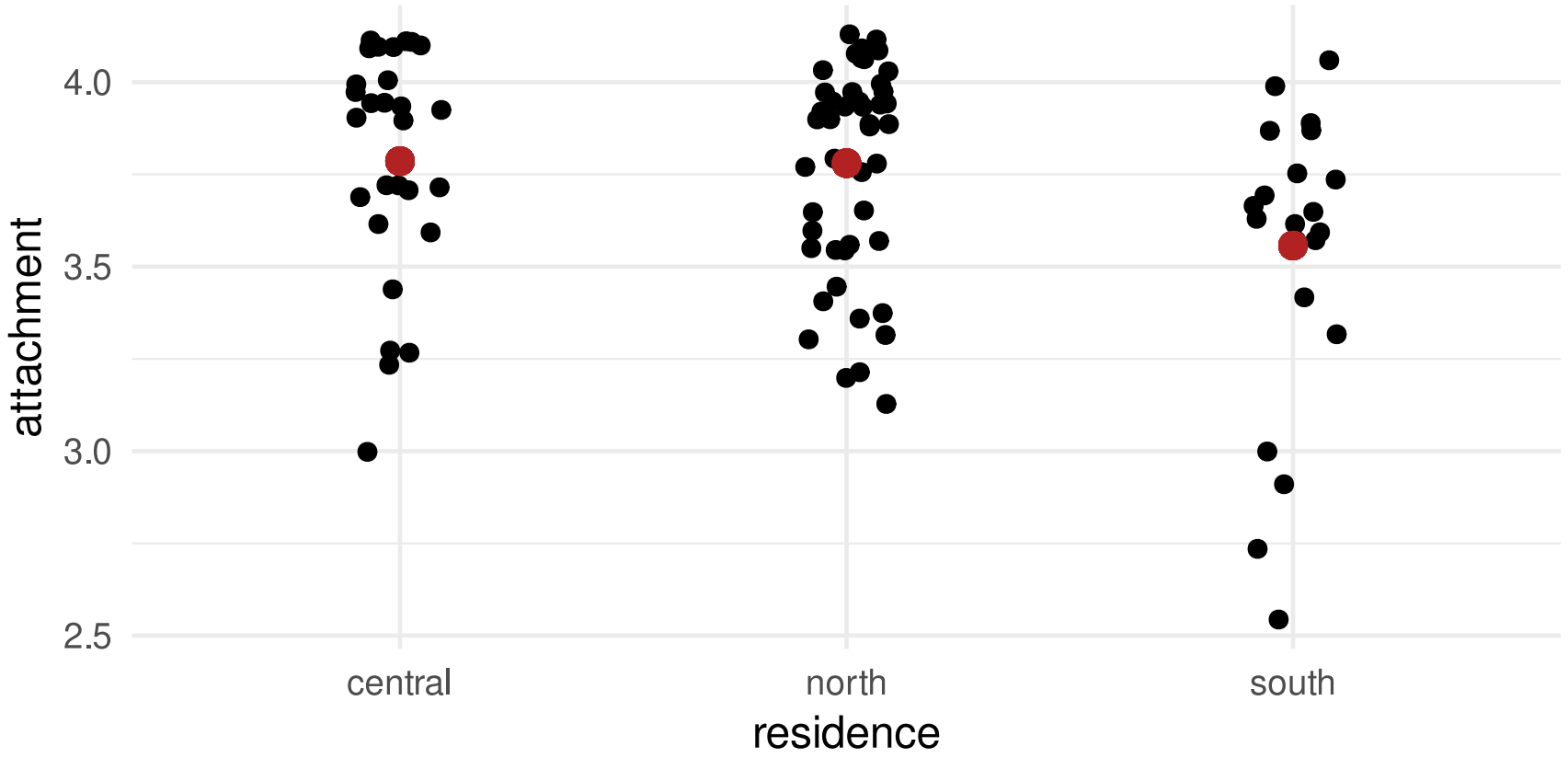
L'idea è la stessa dell'esempio con 2 gruppi. Sostanzialmente ogni parametro β (a parte l'intercetta che vediamo dopo) rappresenta la differenza tra due livelli (proprio come nel caso dei tre gruppi).

L'intercetta rappresenta la media del gruppo di riferimento. Di default i software prendono il primo in ordine alfabetico oppure quello che viene specificato manualmente.

Ogni parametro β rappresenta quindi la differenza tra il gruppo di riferimento (intercetta) e il gruppo che quella specifica variabile dummy codifica. Sono sostanzialmente $k - 1$ t-test confrontati sempre con il gruppo di riferimento.

Predittori categoriali con > 2 livelli

Vediamo un esempio pratico, usiamo `residence` (area geografica di residenza) per predire l'attaccamento all'associazione di volontariato (`attachment`). Il punto rosso è la media.



Predittori categoriali con > 2 livelli

Vediamolo ora all'interno del modello. `central` in ordine alfabetico è il primo livello e quindi rappresenta l'intercetta (ovviamente si può cambiare).

```
fit <- lm(attachment ~ residence, data = dat)
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = attachment ~ residence, data = dat)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-0.8871 -0.1161  0.1129  0.2196  0.4429

Coefficients:
                Estimate Std. Error t value            Pr(>|t|)
(Intercept)     3.786071   0.059808  63.304 <0.0000000000000002 ***
residencenorth -0.005646   0.075551  -0.075               0.941
residencesouth -0.228929   0.091358  -2.506               0.014 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.3165 on 93 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.08218,   Adjusted R-squared:  0.06244
F-statistic: 4.164 on 2 and 93 DF,  p-value: 0.01854
```

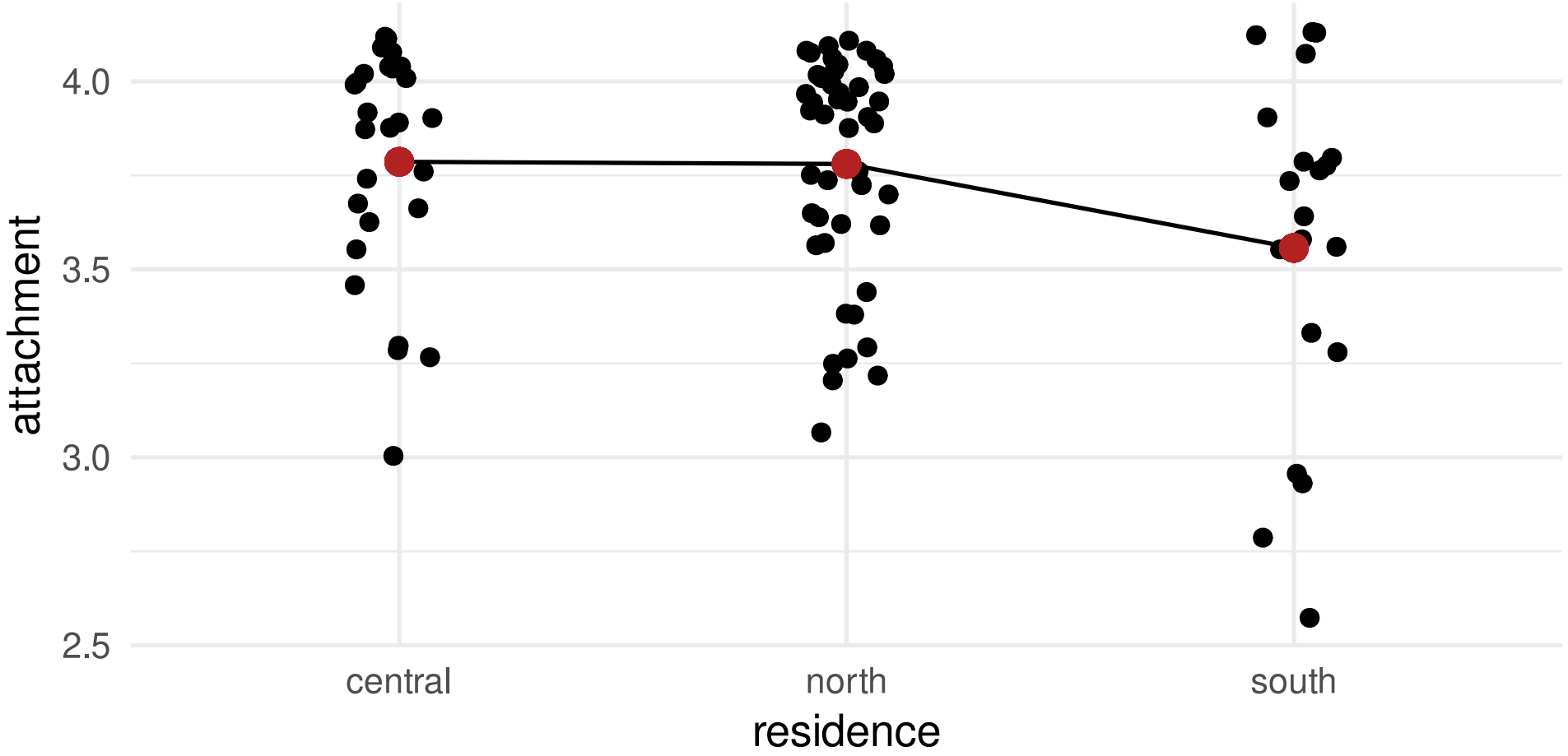
Predittori categoriali con > 2 livelli

Quindi:

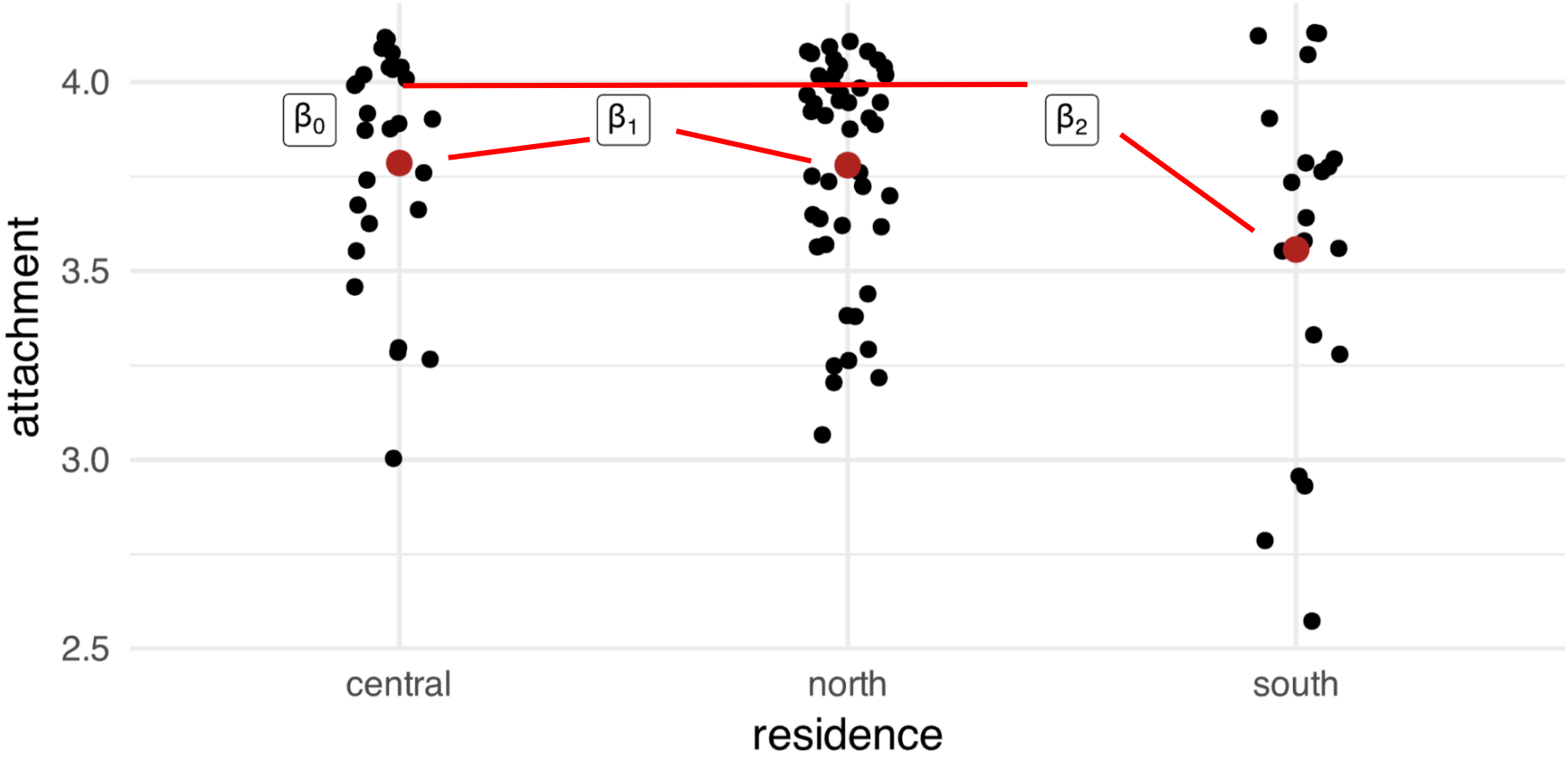
- `(Intercept)` è la media di `attachment` per i soggetti di centro-italia
- `residencenorth` è la differenza tra nord-italia e centro-italia
- `residencesouth` è la differenza tra sud-italia e centro-italia

Stessa intepretazione del caso a due livelli, solo che abbiamo un contrasto in più.

Predittori categoriali con > 2 livelli

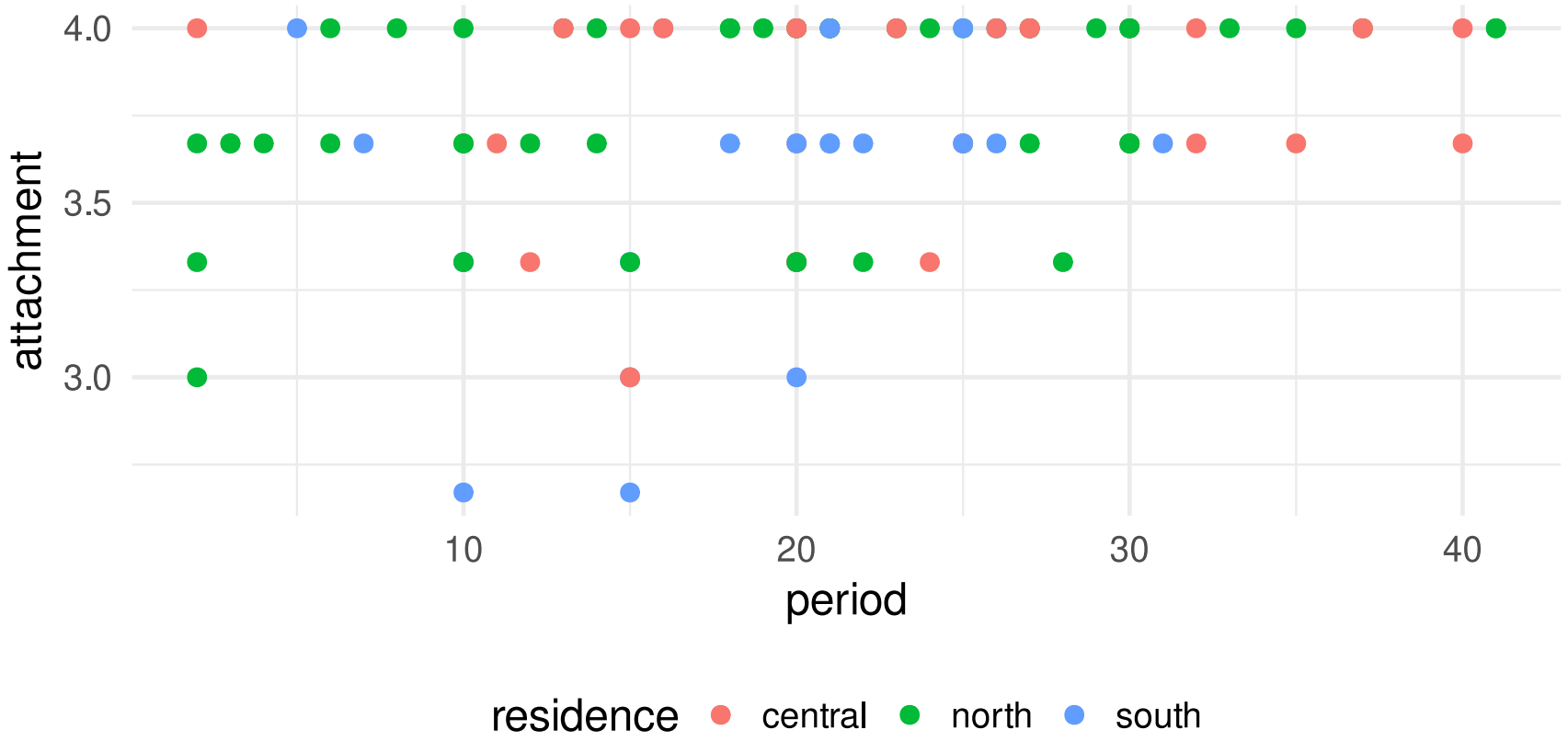


Predittori categoriali con > 2 livelli



Predittori numerici e categoriali

Mettiamo le cose insieme, ora facciamo un modello dove abbiamo predittori categoriali (`residence`) e numerici (`period`) insieme. Di base stiamo modellando questo:



Predittori numerici e categoriali

Partiamo dal modello questa volta e poi vediamo graficamente cosa succede:

```
Call:
lm(formula = attachment ~ period + residence, data = dat)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.84760 -0.18916  0.07101  0.20185  0.58751

Coefficients:
               Estimate Std. Error t value             Pr(>|t|)
(Intercept)    3.534554   0.095893  36.860 < 0.0000000000000002 ***
period         0.010511   0.003225   3.260              0.00156 **
residencenorth 0.045488   0.073612   0.618              0.53814
residencesouth -0.174621   0.088550  -1.972              0.05161 .
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.3013 on 92 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.1772,    Adjusted R-squared:  0.1504
```

Predittori numerici e categoriali

Se intepretiamo i parametri come al solito, abbiamo:

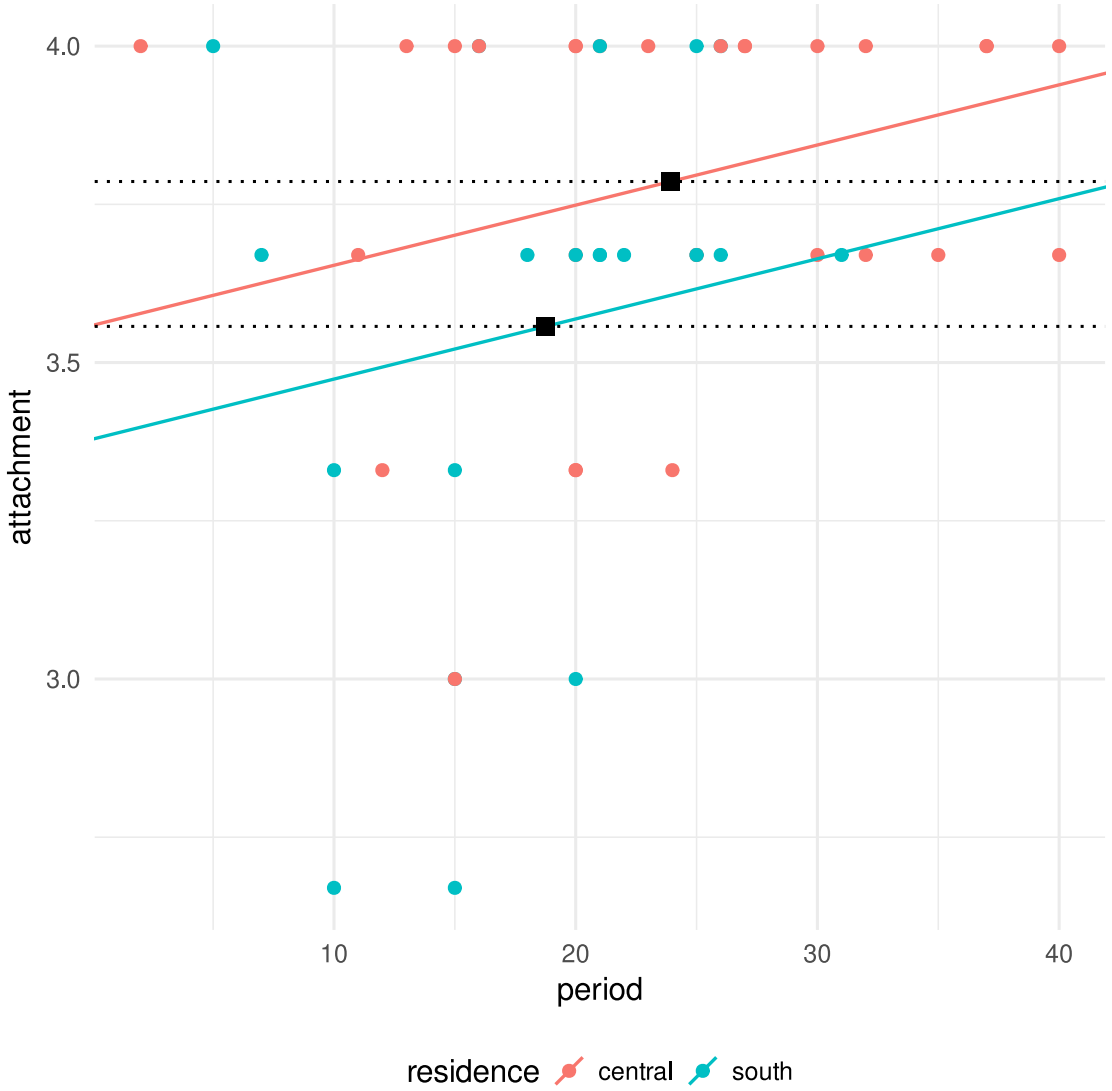
- `(Intercept)`: media di `attachment` quando tutto è zero. Quindi quando siamo nel gruppo di riferimento (`central`) e quando `period` è zero.
- `period`: l'incremento di `attachment` per un incremento unitario di `period` controllando per `residence`
- `residencenorth` e `residencesouth` la differenza di attachment tra nord/sud vs central, controllando per `period`

Ma cosa significa *controllando per* con variabili categoriali e numeriche? Vediamolo graficamente concentrandosi (per semplicità) sul confronto sud vs centro.

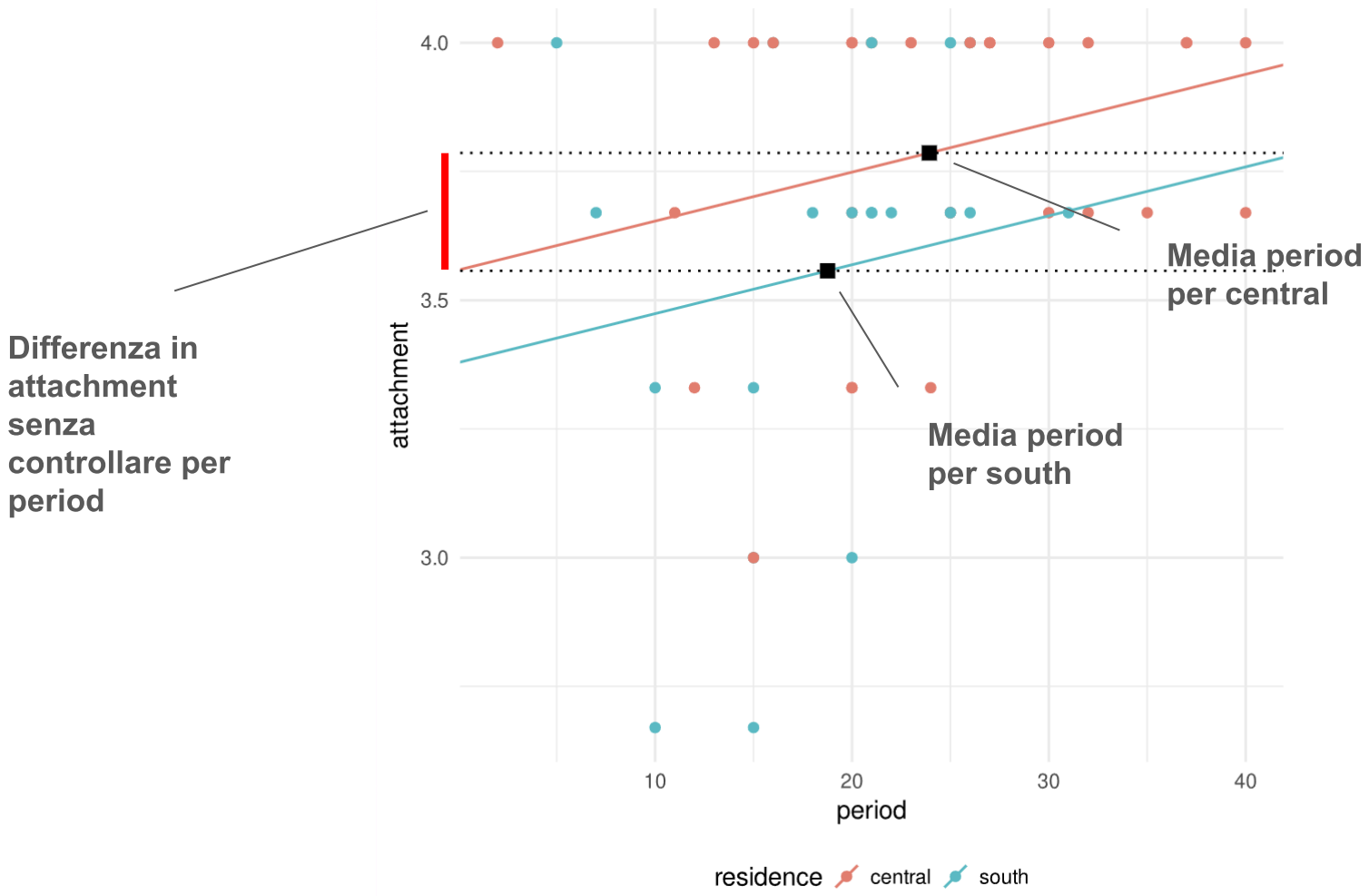
Predittori numerici e categoriali

Abbiamo l'effetto di `period` (rette) per ogni gruppo e i quadrati sono le medie di period per central e south. I due gruppi hanno una certa differenza su `attachment` anche.

Predittori numerici e categoriali

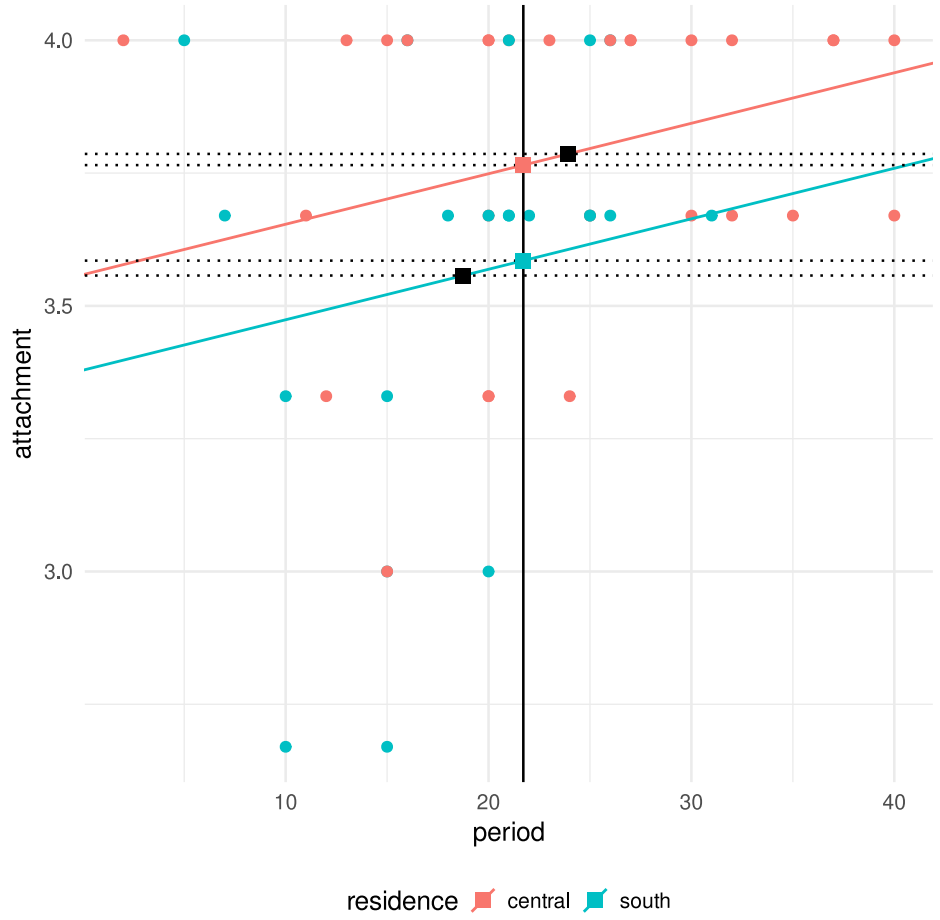


Predittori numerici e categoriali

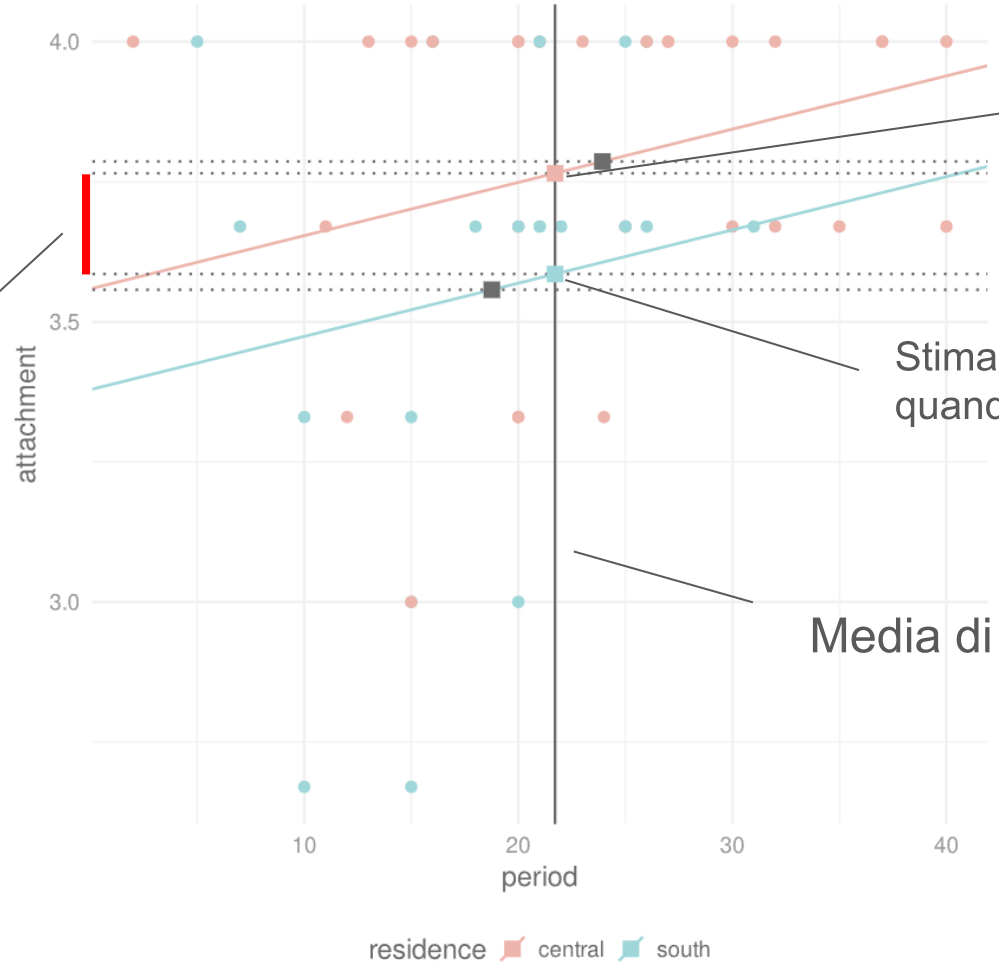


Predittori numerici e categoriali

Per *controllare*, come nel caso di variabile numeriche dobbiamo fissare il valore di `period` (ovvero la media).



Predittori numerici e categoriali



Differenza in attachment controllando (fissando) per period

Stima di attachment per central, quando period è in media

Stima di attachment per south, quando period è in media

Media di period

Medie aggiustate

Quelle che abbiamo calcolato e confrontato graficamente si chiamano medie aggiustate. L'aggiustamento deriva dal tenere fisso (alla media) il valore della covariata in questione (`period`). Una volta controllato per `period` le differenze tra medie possono aumentare, diminuire o rimanere simili.

Modello senza period

```
Call:
lm(formula = attachment ~ residence, data = dat)

Residuals:
   Min     1Q Median     3Q    Max
-0.887 -0.116  0.113  0.220  0.443

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value            Pr(>|t|)
(Intercept)     3.78607    0.05981   63.30 <0.0000000000000002 ***
residencenorth -0.00565    0.07555   -0.07               0.941
residencesouth -0.22893    0.09136   -2.51               0.014 *
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.316 on 93 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.0822,    Adjusted R-squared:  0.0624
F-statistic: 4.16 on 2 and 93 DF,  p-value: 0.0185
```

Differenza non aggiustata

Modello con period

```
Call:
lm(formula = attachment ~ residence + period, data = dat)

Residuals:
   Min     1Q Median     3Q    Max
-0.848 -0.189  0.071  0.202  0.588

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value            Pr(>|t|)
(Intercept)     3.53455    0.09589   36.86 <0.0000000000000002 ***
residencenorth  0.04549    0.07361    0.62               0.5381
residencesouth -0.17462    0.08855   -1.97               0.0516 .
period          0.01051    0.00322    3.26               0.0016 **
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.301 on 92 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.177,     Adjusted R-squared:  0.15
F-statistic:  6.6 on 3 and 92 DF,  p-value: 0.000432
```

Differenza aggiustata (ridotta)

Predittori categoriali, test omnibus

L'ultima particolarità dei predittori categoriali è che essendo associati a $k-1$ coefficienti (k numero di livelli) il test statistico che vediamo dal modello viene fatto su ogni livello (vs l'intercetta/riferimento). Se vogliamo sapere l'effetto complessivo (omnibus) del predittore (e non delle singole dummy) si usa l'analisi della varianza. In R si può fare con `car::Anova()` in Jamovi è indicato il test omnibus:

```
library(car) # per la funzione Anova
fit <- lm(attachment ~ period + residence, data = dat)
car::Anova(fit)
```

```
Anova Table (Type II tests)

Response: attachment
          Sum Sq Df F value   Pr(>F)
period    0.9644  1 10.6252 0.001564 **
residence 0.7121  2  3.9231 0.023173 *
Residuals 8.3501 92
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Predittori categoriali, test omnibus

Vediamo un test per ogni predittore del modello, anche se `residence` ha k livelli. Questo test ha come ipotesi nulla H_0 che tutti i confronti (nord vs sud, central vs sud, central vs north) sono zero mentre l'ipotesi alternativa è che almeno uno sia diverso da zero.

Per i predittori numerici o categoriali con $k = 2$ livelli, questo test è ridondante rispetto al summary del modello. Per quelli con $k > 2$ livelli ci dice complessivamente se il predittore spiega della varianza ma non ci dice quale specifico contrasto. Per quello guardiamo i coefficienti del modello.

Predittori categoriali e numerici

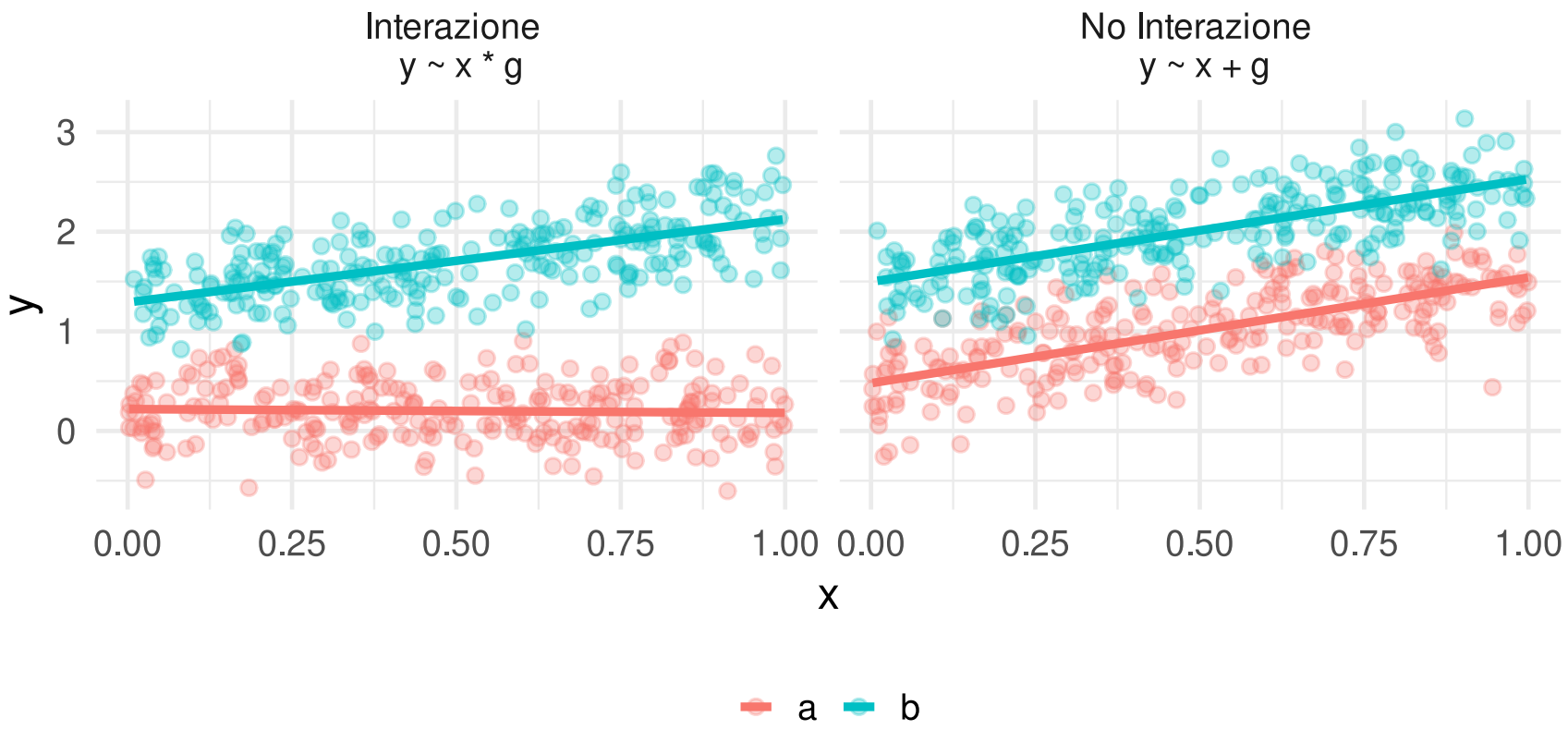
Il modello con `period` e `residence` si chiama tecnicamente un **modello additivo** ovvero i singoli predittori sono inseriti assumendo che l'effetto di uno non influenzi l'altro (se non in termini di *controllare per*).

Tuttavia ci si potrebbe chiedere se l'effetto di `period` possa variare tra una zona geografica e l'altra.

In termini grafici, se la retta di `attachment ~ period` possa essere diversa tra una zona e l'altra. Questo è un esempio di **interazione**

Predittori categoriali e numerici

L'**interazione** è un concetto importante ma complesso. Tecnicamente c'è interazione quando l'effetto di un predittore (sull'outcome) cambia in funzione di un'altro predittore.



Predittori categoriali e numerici

In questo esempio l'effetto di x cambia nel momento in cui lo stimo per il gruppo "a" rispetto al gruppo "b".

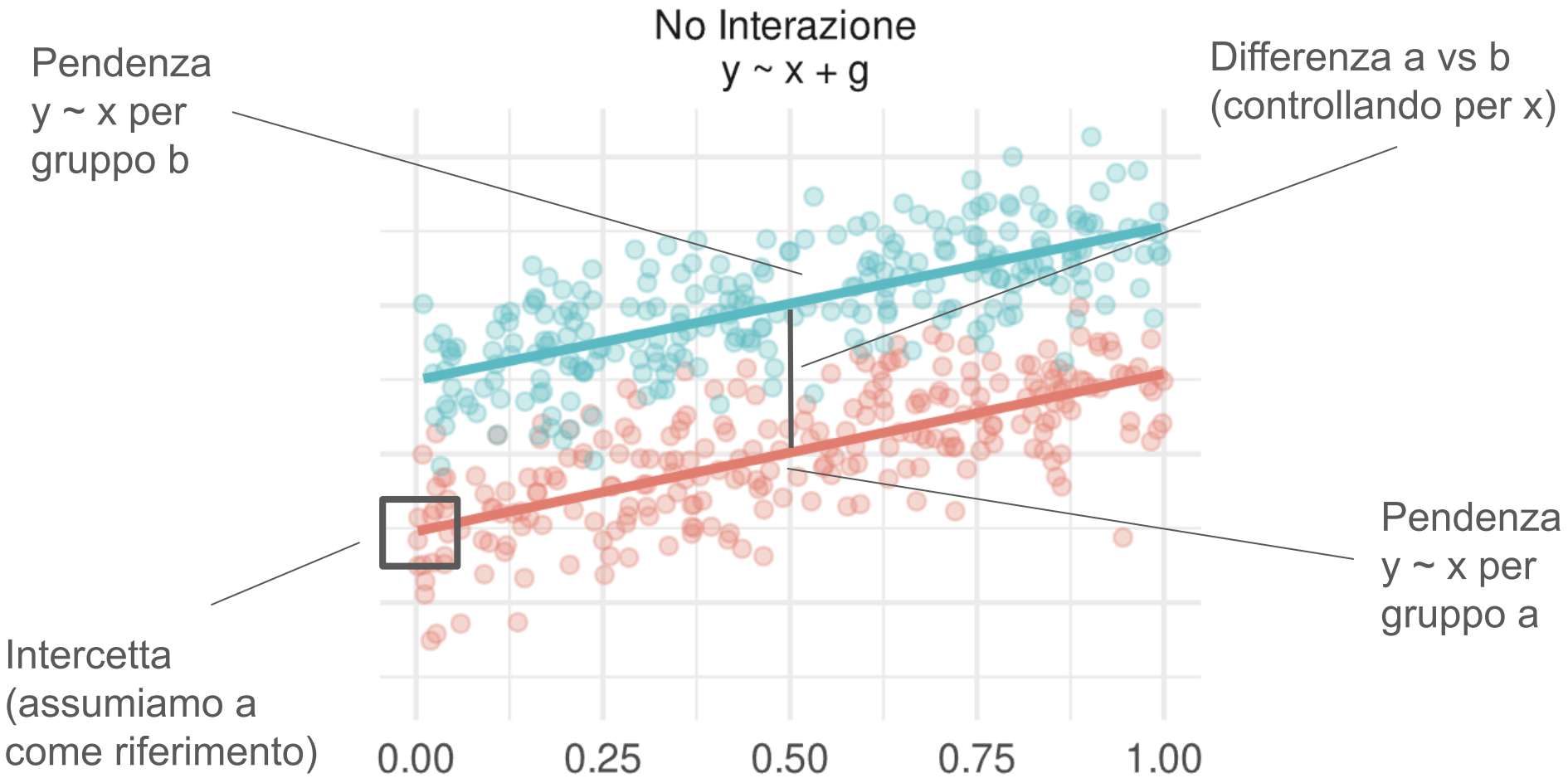
Nel modello additivo, non serve stimare la relazione `y ~ x` per ogni gruppo perchè assumiamo che sia la stessa. Infatti le rette sono parallele, basta stimarlo solo una volta.

Formalmente (poi vediamo nei dati) dove g è la variabile categoriale gruppo ("a" e "b"):

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \beta_2 g_i + \epsilon_i$$

$$g_i = \begin{cases} 1 & \text{se l'osservazione } i \text{ appartiene al gruppo a} \\ 0 & \text{altrimenti. (gruppo b)} \end{cases}$$

Predittori categoriali e numerici



Predittori categoriali e numerici

Nel caso dell'interazione invece, dobbiamo stimare due pendenze, una per gruppo. Quindi abbiamo un parametro aggiuntivo rispetto al modello additivo. Formalmente:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \beta_2 g_i + \beta_3 x_i g_i + \epsilon_i$$

Tecnicamente β_3 (il parametro di interazione) è **la differenza tra le pendenze dei due gruppi**.

Il parametro di interazione è β_3. l'interazione non è un modello adittivo perchè i due predittori si moltiplicano tra loro. Infatti si dice che è un modello **moltiplicativo** (o semplicemente con interazioni).

Interazione in pratica

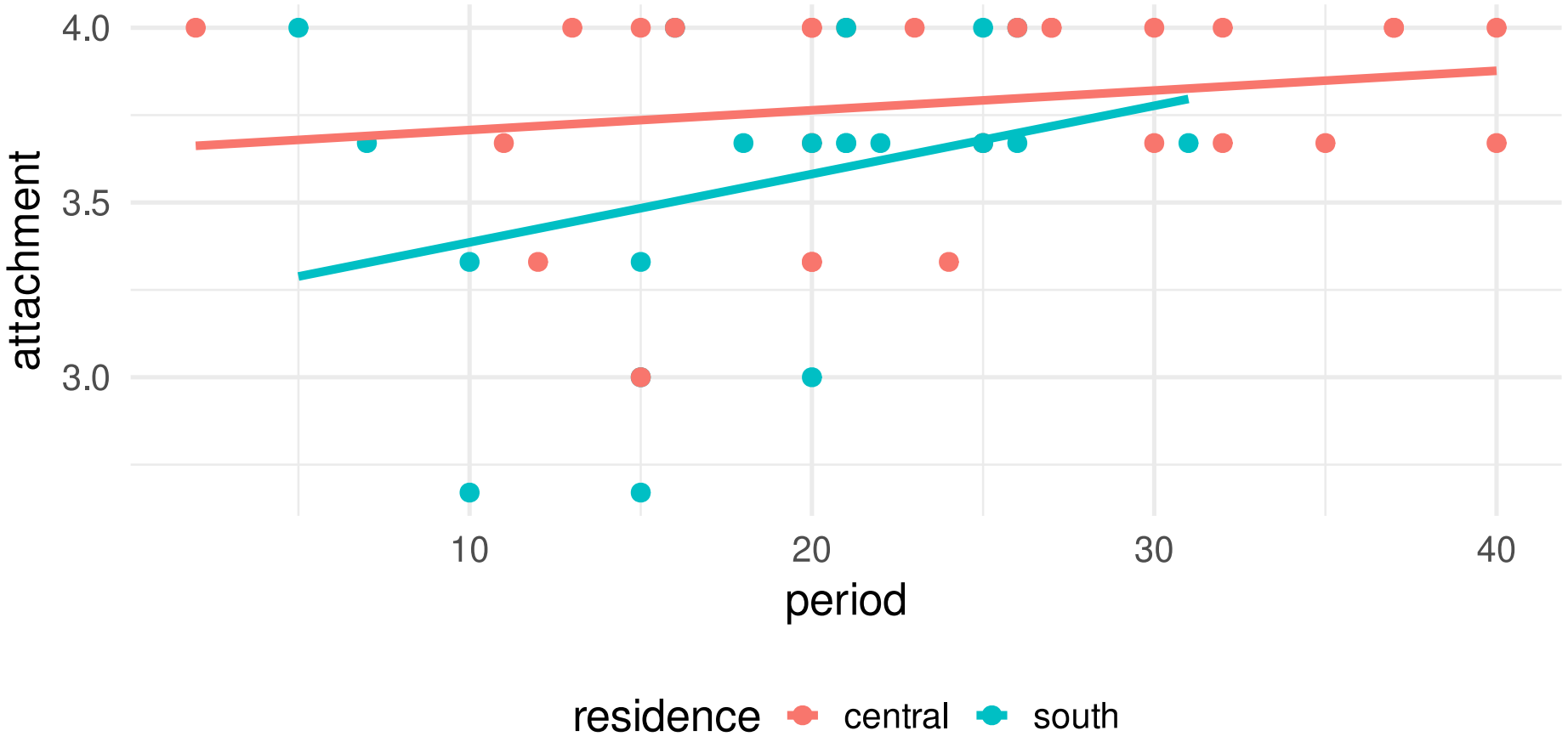
Vediamola con i dati veri. Stimiamo il modello con interazione di `attachment ~ period * age`. Da notare che si usa il simbolo `*` (moltiplicazione) rispetto a quello `+` additivo. Anche qui, per semplicità omettiamo.

```
fit <- lm(attachment ~ period * residence, data = dat, subset = residence != "north")
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = attachment ~ period * residence, data = dat, subset = residence !=
    "north")

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.81364 -0.15364  0.06913  0.23048  0.71174

Coefficients:
                      Estimate Std. Error t value            Pr(>|t|)
(Intercept)           3.650828   0.177978  20.513 <0.0000000000000002 ***
period                0.005652   0.006932   0.815               0.419
residencesouth       -0.460256   0.285128  -1.614               0.113
period:residencesouth 0.013886   0.013162   1.055               0.297
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.3415 on 45 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.1682,    Adjusted R-squared:  0.1128
```

Interazione in pratica

Vediamola graficamente e poi interpretiamo i parametri. Graficamente sembra esserci evidenza di interazione: la pendenza per south è maggiore rispetto a quella per central. Quindi (graficamente) l'effetto di `period` è più forte per le persone residenti al sud rispetto a quelle del centro.



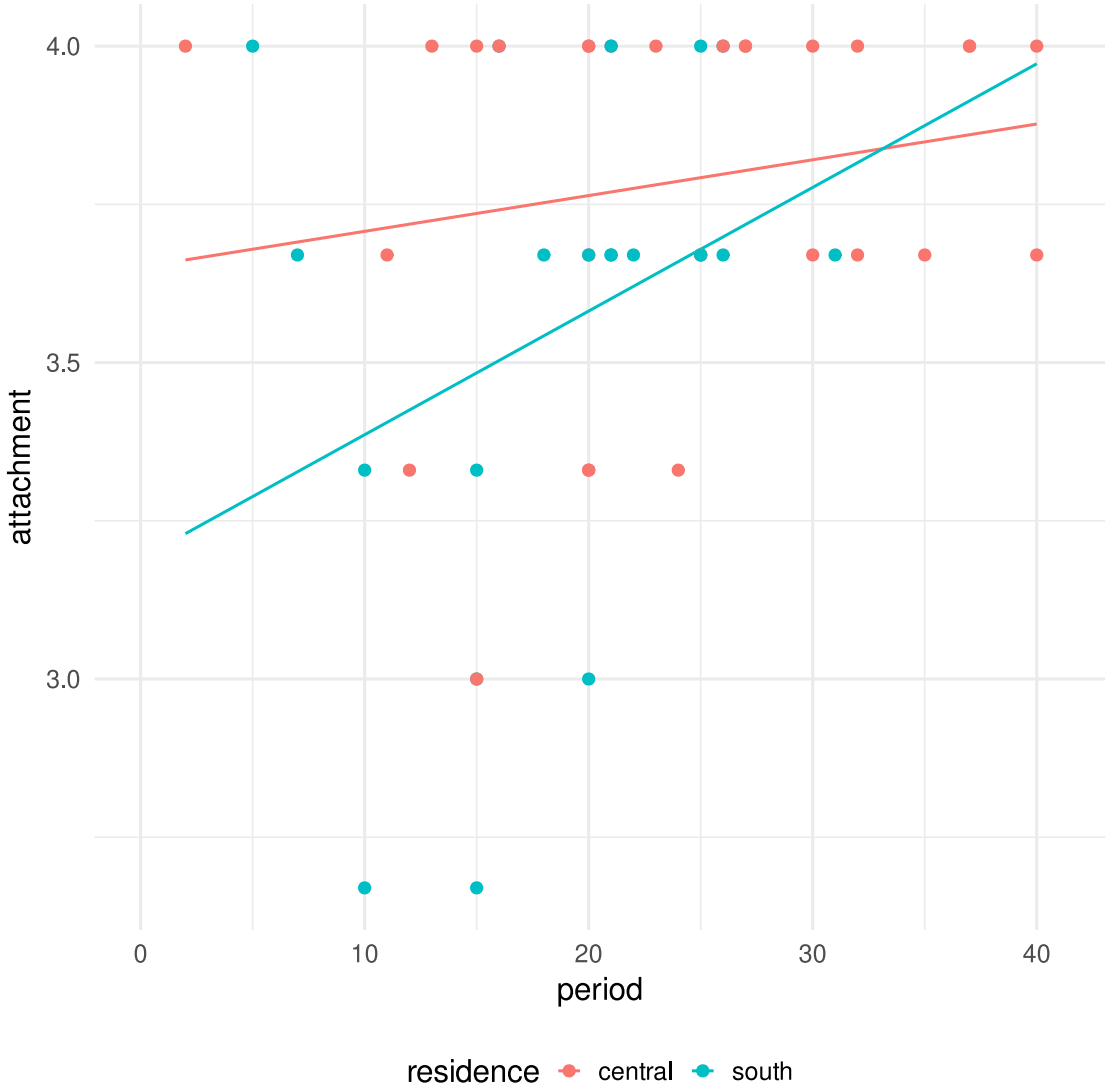
Interazione in pratica

Ora vediamo i parametri. C'è una differenzia sostanziale rispetto al modello additivo, l'effetto di un predittore viene condizionato all'altro. Nel modello additivo questo non è rilevante perchè si assume che non ci sia interazione. Metto tra [] l'aggiunta interpretativa.

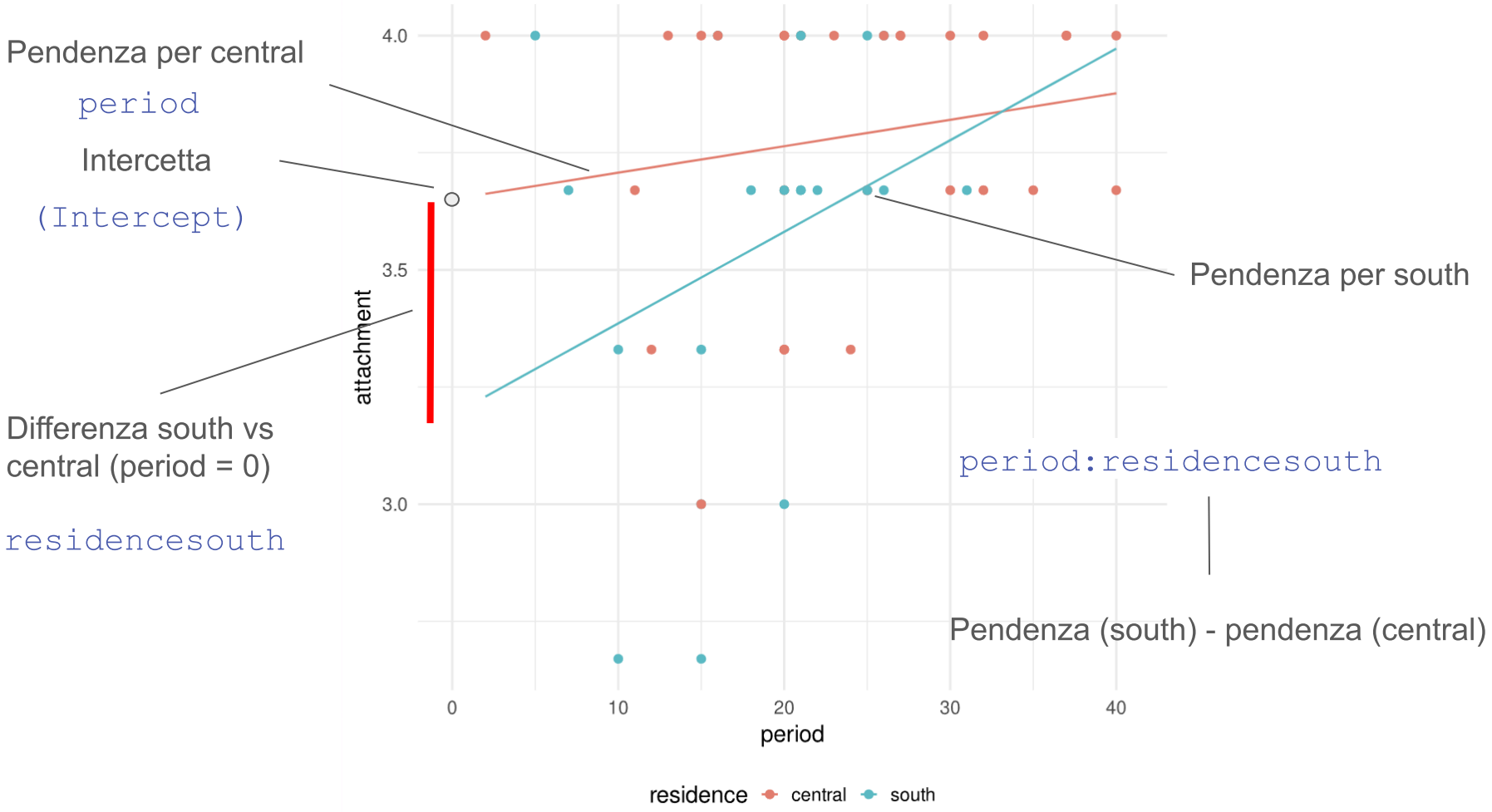
- `(Intercept)`: attachment medio quando tutto è zero. In questo caso quando period è zero e residence è central (livello di riferimento) [solita interpretazione]
- `period`: incremento di attachment per incremento unitario di period [quando residence è zero, quindi per le persone di centro]. In altri termini è la pendenza `attachment ~ period` per le persone di centro
- `residencesouth`: differenza in attachment tra centro e sud [quando period è zero]. Quindi è la differenza tra i due gruppi fissando il valore di period a zero.
- `period:residencesouth`: [questo è il parametro di interazione e rappresenta la differenza tra la pendenza per le persone del sud e le persone di centro]. Se le due pendenze sono diverse (non parallele) questo parametro sarà diverso da zero.

Quindi la differenza principale è che ogni effetto è condizionato a quando l'altro è zero. Nel caso additivo questo non fa differenza mentre qui cambia l'interpretazione dei parametri essendo che stiamo stimando due pendenze e non più solo una.

Interazione in pratica



Interazione in pratica



Riassunto notazione modelli

Per riassumere la notazione dei modelli, sopratutto per distinguere modelli con e senza interazione:

Questo è un modello di regressione multipla dove l'outcome `attachment` viene spiegato da `period` e `residence`. Il `+` indica che i due effetti sono additivi (ovvero senza interazione).

```
attachment ~ period + residence
```

Questo è un modello di regressione multipla dove l'outcome `attachment` viene spiegato da `period` e `residence` in interazione. Il `*` (moltiplicazione) indica che i due effetti sono moltiplicativi, ovvero il modello stimerà l'interazione.

```
attachment ~ period * residence
```

Test omnibus con interazione

Il test omnibus è particolarmente utile nel caso di predittori categoriali con più di due livelli ma anche in presenza di interazioni (sopratutto quando predittori categoriali a più livelli sono coinvolti).

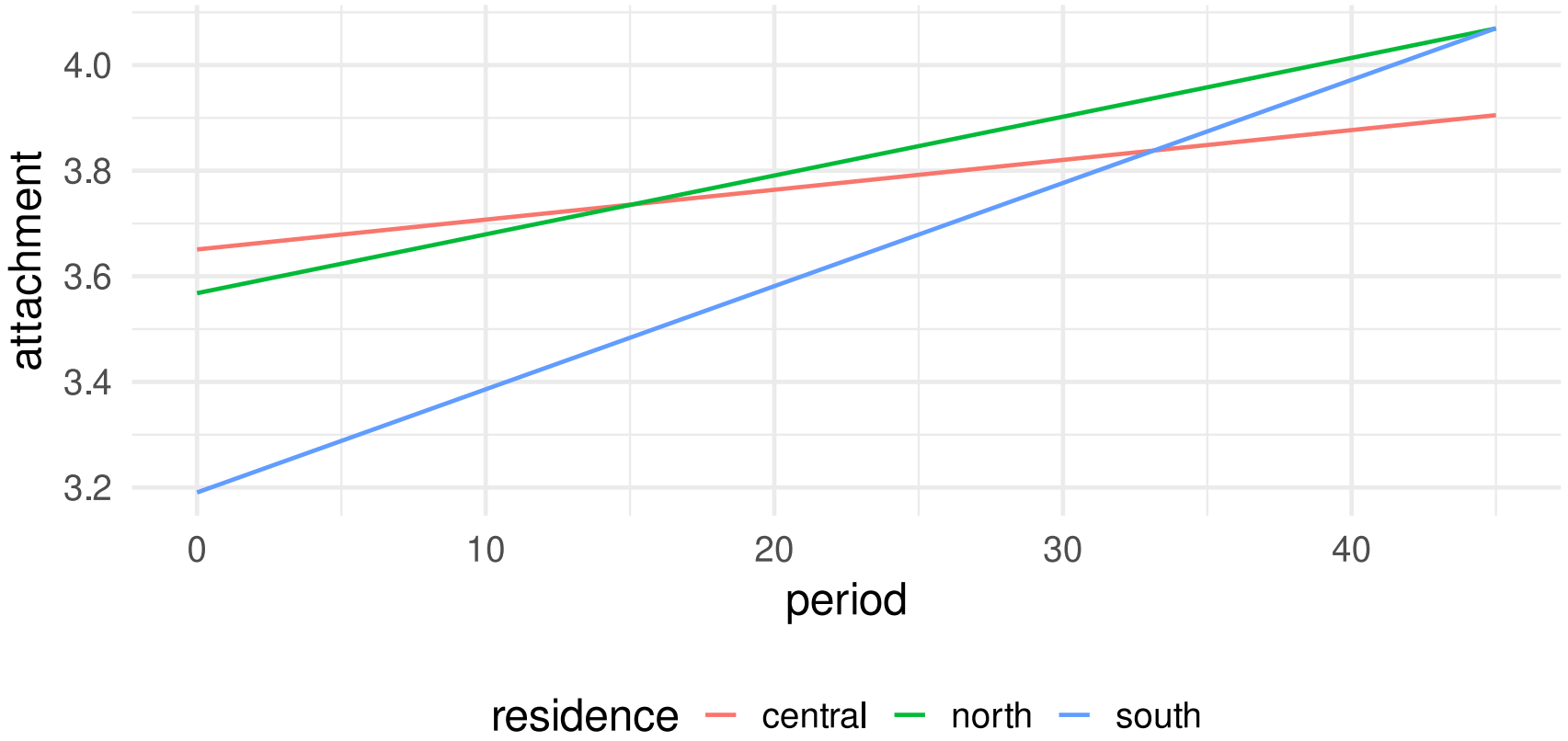
Nel caso del modello completo `attachment ~ period * residence` (senza togliere le osservazioni del nord) abbiamo:

```
fit <- lm(attachment ~ period * residence, data = dat)
summary(fit)
```

```
Call:
lm(formula = attachment ~ period * residence, data = dat)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.81364 -0.15565  0.06884  0.20395  0.71174

Coefficients:
                      Estimate Std. Error t value            Pr(>|t|)
(Intercept)           3.650828   0.157435  23.189 <0.0000000000000002 ***
period                0.005652   0.006131   0.922              0.3591
residencenorth       -0.082810   0.181401  -0.457              0.6491
residencesouth       -0.460256   0.252216  -1.825              0.0713 .
period:residencenorth 0.005490   0.007389   0.743              0.4594
period:residencesouth 0.013886   0.011643   1.193              0.2361
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

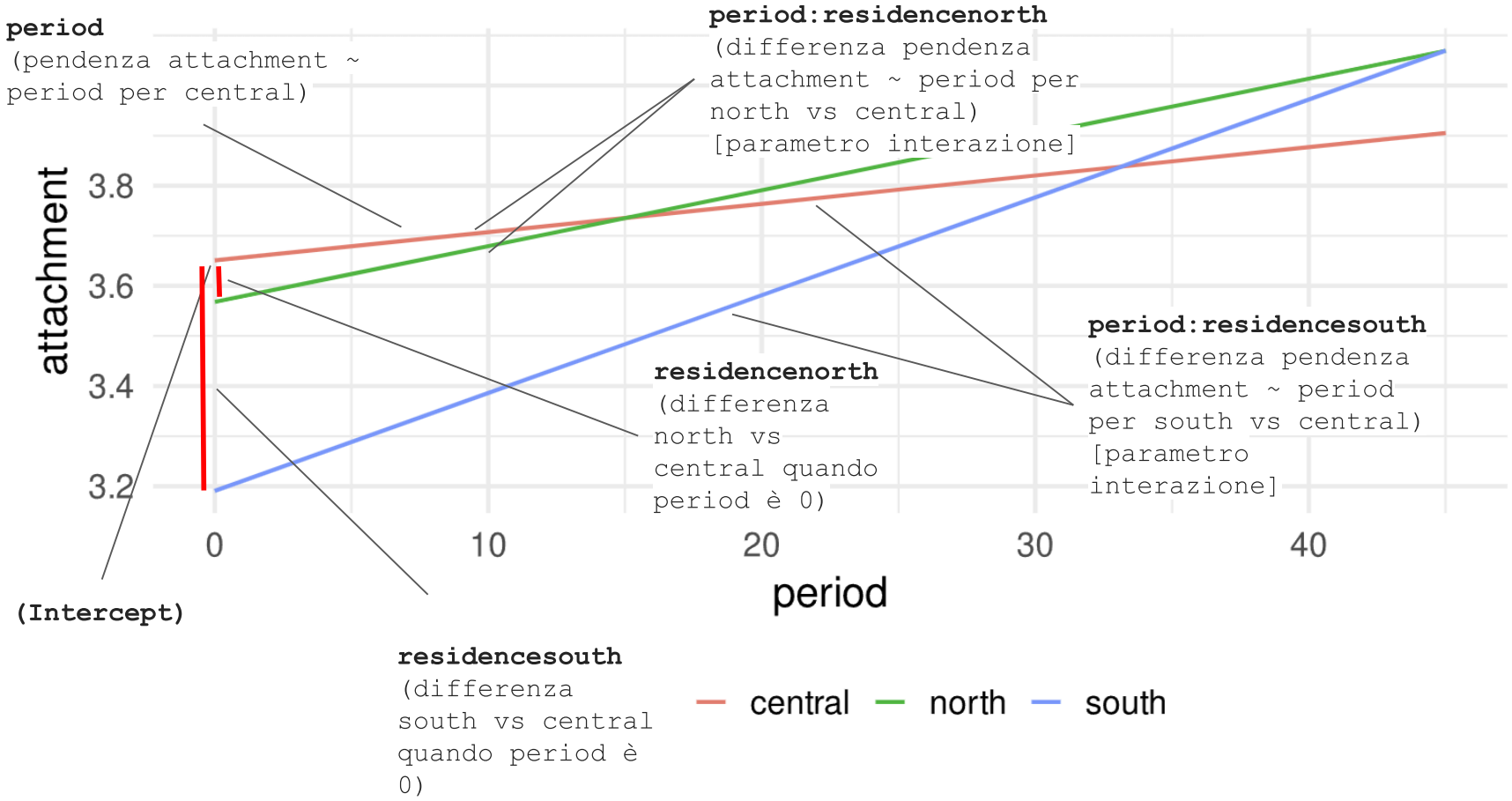
Test omnibus con interazione

Quindi rispetto a prima abbiamo 3 pendenze e quindi due parametri di interazione che rappresentano le differenze tra le pendenze delle due categorie rispetto a quella di riferimento.



Test omnibus con interazione

In figura i parametri e la loro intepretazione dal grafico.



Test omnibus con interazione

In questo caso abbiamo due parameri di interazione, per averne uno unico possiamo usare `car::Anova()` (o test omnibus su Jamovi):

```
car::Anova(fit)
```

```
Anova Table (Type II tests)

Response: attachment
                Sum Sq Df F value   Pr(>F)
period          0.9644  1 10.5655 0.001622 **
residence       0.7121  2  3.9011 0.023726 *
period:residence 0.1354  2  0.7417 0.479211
Residuals       8.2147 90
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Test omnibus con interazione

Effetto complessivo di **period** (ridondante con output modello)

Effetto complessivo di **residence** (differenze tra north/sud/central)

```
Anova Table (Type II tests)

Response: attachment
                Sum Sq Df F value   Pr(>F)
period          0.9644  1 10.5655 0.001622 **
residence       0.7121  2  3.9011 0.023726 *
period:residence 0.1354  2  0.7417 0.479211
Residuals       8.2147 90
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Effetto complessivo dell'interazione **residence * period** (differenze in pendenza tra north/sud/central)

Bibliografia

Di Marco, G., Hichy, Z., & Sciacca, F. (2020). Dataset on the relationship between psychosocial resources of volunteers and their quality of life. *Data in Brief*, *30*, 105522. https://doi.org/10.1016/j.dib.2020.105522