

Università degli studi di Padova
Dipartimento di Scienze Statistiche
Corso di Laurea Triennale in
Statistica per l'Economia e l'Impresa



RELAZIONE FINALE

**VARIABILI ESPLICATIVE RELATIVE AI SOGGETTI NEL
MODELLO BRADLEY-TERRY**

Relatore Prof.ssa Manuela Cattelan
Dipartimento di Scienze Statistiche

Laureanda Alessia Denti
Matricola N 1187315

Anno Accademico 2020/2021

Indice

Introduzione	11
1 Indagine sul ruolo del paziente nelle decisioni mediche	13
1.1 Dati di confronti a coppie	13
1.2 Lo studio	14
1.3 Il dataset	17
2 Il modello Bradley-Terry	19
2.1 Introduzione	19
2.2 Il modello Bradley-Terry	20
2.2.1 Il modello base	20
2.2.2 Il modello con variabili esplicative relative ai soggetti	23
2.3 Albero basato sul modello Bradley-Terry	24
2.3.1 Stima del modello Bradley-Terry	25
2.3.2 Test per l'instabilità dei parametri	26
2.3.3 Selezione dei punti di taglio e divisione del campione	29
2.4 Confronto tra i due metodi	30
3 Applicazione al dataset sul ruolo del paziente nelle decisioni mediche	31
3.1 I pacchetti R	31

3.2	Il modello Bradley-Terry	32
3.3	L'albero basato sul modello Bradley-Terry	35
3.4	Il confronto tra il modello Bradley-Terry con le variabili genere e <i>BS</i> e l'albero basato su di esso	35
3.5	Impatto del sessismo nelle scelte mediche	36
4	Studi di simulazione	41
4.1	Primo studio	43
4.2	Secondo studio	46
4.3	Terzo studio	48
4.4	Quarto studio	52
	Conclusioni	57
	Bibliografia	59
	A Codice R	63

Elenco dei codici

A.1	Codice relativo alla sezione 3.2	63
A.2	Codice relativo alla sezione 3.3	64
A.3	Codice relativo alla sezione 3.4	65
A.4	Funzioni per creare i dataset	67
A.5	Funzione per calcolare i parametri di valore a partire dai parametri λ considerando le variabili genere e BS senza la loro interazione	67
A.6	Funzioni per stimare il modello Bradley-Terry con le variabili genere e BS e gli alberi basati su di esso . . .	68
A.7	Funzioni per visualizzare i risultati delle simulazioni . .	69
A.8	Impostazione dei primi tre studi di simulazione	71
A.9	Primo studio di simulazione: scale di preferenza simili .	74
A.10	Secondo studio di simulazione: scale di preferenza diverse	74
A.11	Terzo studio di simulazione: due scale di preferenza simili e diverse dalle altre due	74
A.12	Quarto studio di simulazione: tre gruppi di soggetti con un diverso livello di sessismo benevolo e diversa scala di preferenza	74

Elenco delle tabelle

1.1	Le preferenze nei confronti a coppie dei primi cinque soggetti.	18
2.1	Matrice del disegno del modello iniziale	22
2.2	Approccio e tipologia di variabili	30
3.1	Stime dei parametri nel modello Bradley-Terry base . .	32
3.2	Parametri di valore del modello Bradley-Terry base . .	33
3.3	Stime dei parametri nel modello con variabile esplicativa relativa al soggetto	33
3.4	Confronto tra il modello Bradley-Terry base e il modello Bradley-Terry con la variabile genere	34
3.5	Statistica test per l'instabilità del parametro S_1 e il cor- rispondente p-value per il modello Bradley-Terry per i dati medici	35
3.6	Confronto tra il modello con la variabile genere e BS e il modello con la variabile genere, BS e la loro interazione	37
3.7	I parametri di valore calcolati dalla stima del modello Bradley-Terry con le variabili genere e indice di sessismo ostile	37
3.8	Statistica test per l'instabilità dei parametri S_1, S_2 e i corrispondenti p-values per il modello Bradley-Terry . .	38

3.9	Statistica test per l'instabilità dei parametri e i corrispondenti p-values nel primo nodo (a sinistra) e nel terzo nodo (a destra)	39
4.1	I parametri di valore veri e i parametri di valori medi stimati nel primo studio di simulazione	43
4.2	I parametri λ scelti, i λ stimati medi, gli errori standard medi e i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975 nel primo studio di simulazione	44
4.3	Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel primo studio di simulazione . . .	45
4.4	Strutture degli alberi con la variabile BS con 3 nodi terminali nel primo studio di simulazione	45
4.5	Strutture degli alberi con la variabile $BS.num$ con 2 nodi terminali nel primo studio di simulazione	46
4.6	I parametri λ scelti, i λ stimati medi, gli errori standard medi e i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975 nel secondo studio di simulazione	47
4.7	Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel secondo studio di simulazione . .	48
4.8	Strutture degli alberi con la variabile $BS.num$ con 4 nodi terminali nel secondo studio di simulazione	48
4.9	I parametri λ scelti, i λ stimati medi, gli errori standard medi e i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975 nel terzo studio di simulazione	50
4.10	Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel terzo studio di simulazione . . .	50
4.11	Strutture degli alberi con la variabile BS con 3 nodi terminali nel terzo studio di simulazione	51

4.12	Tipologia di struttura degli alberi con la variabile <i>BS.num</i> con 2 nodi terminali e i nodi individuati dai punti di cambio nel terzo studio di simulazione	51
4.13	Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel quarto studio di simulazione (primo scenario)	53
4.14	Struttura degli alberi con la variabile <i>BS</i> categoriale con 2 nodi terminali nel quarto studio di simulazione	53
4.15	Tipologia di struttura degli alberi con la variabile <i>BS.num</i> con 3 nodi terminali e i nodi individuati dai punti di cambio nel quarto studio di simulazione (primo scenario)	54
4.16	Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel quarto studio di simulazione (secondo scenario)	54
4.17	Tipologia di struttura degli alberi con la variabile <i>BS.num</i> con 3 nodi terminali e i nodi individuati dai punti di cambio nel quarto studio di simulazione (secondo scenario)	55

Introduzione

Il metodo dei confronti a coppie è una tecnica molto utilizzata il cui scopo è ordinare un insieme di oggetti sulla base delle preferenze dell'individuo; più precisamente, gli oggetti vengono presentati a coppie al soggetto, il quale per ogni coppia deve indicare quale oggetto preferisce tra i due. I risultati delle scelte di oggetti nelle coppie permettono di stimare tramite particolari modelli la scala di preferenza. Questa tipologia di dati è di particolare interesse in diversi ambiti, in quanto permette di creare classifiche generali di oggetti, che altrimenti sarebbero difficili da stimare. Negli anni sono stati proposti numerosi modelli e relative estensioni per affrontare il problema, in questa tesi ci si concentra sul modello Bradley-Terry, il più conosciuto in questo ambito, e un nuovo approccio basato sul partizionamento ricorsivo. L'elaborato è organizzato come segue. Nel primo capitolo viene presentata la tipologia dei dati dei confronti a coppie e vengono descritti i dati analizzati successivamente nella tesi. I dati provengono da un'indagine sul ruolo del paziente nelle decisioni mediche, nella quale si sono analizzati gli effetti del sessismo sulle scelte dei pazienti. Nel secondo capitolo vengono descritti i due approcci utilizzati in questa tesi: il modello Bradley-Terry base e con l'estensione alle variabili esplicative relative al soggetto, e il partizionamento ricorsivo basato sul modello Bradley-Terry. Nel terzo capitolo sono esposti i risultati delle applicazioni dei due diversi approcci ai dati riguardanti le scelte mediche. Infine, nel capitolo 4 sono riportati gli esiti di quattro studi di simula-

zione con lo scopo di valutare come le variabili numeriche e categoriali possano influire nelle stime dei modelli. Nell'appendice A è riportato il codice prodotto necessario per l'implementazione delle procedure descritte all'interno di questa tesi. Tutte le analisi presentate in questa tesi sono state eseguite con il software statistico R (R Core Team, 2020), nella versione 4.0.3.

Capitolo 1

Indagine sul ruolo del paziente nelle decisioni mediche

Nel presente capitolo vengono introdotti i dati della tipologia dei confronti a coppie, viene presentato lo studio riguardante il ruolo del paziente nelle decisioni mediche e descritto il relativo dataset, che è utilizzato per le analisi in questa tesi.

1.1 Dati di confronti a coppie

I dati della tipologia del confronto a coppie nascono da confronti di coppie di oggetti. Questa tipologia di dati si può riscontrare in diversi contesti: in molti casi è presente un soggetto che per ogni coppia di oggetti sceglie quello che preferisce, negli altri casi si identifica un vincitore e un perdente senza la presenza di un soggetto. Dati i numerosi campi in cui questa tipologia di dati è presente, la terminologia è varia; in questa tesi si definiscono oggetti gli elementi coinvolti nei confronti e soggetti le persone, se presenti, che esprimono la loro preferenza. Un esempio in cui sono studiate le scale di preferenza degli studenti universitari rispetto sei università europee è analizzato da Dittrich, Hatzinger e Katzenbeisser (1998). Contesti in cui in questa tipologia

di dati non è presente un soggetto sono quelli sportivi, dove il risultato per la squadra o il giocatore è categoriale (vincere/perdere). Per esempio un'analisi su dati riguardanti il tennis viene mostrata in Agresti (2003).

1.2 Lo studio

Gli psicologi sono interessati a studiare in che modo il ruolo del paziente nel prendere decisioni riguardanti la propria salute risente dell'influenza delle sue caratteristiche socio-demografiche e delle sue tendenze psicologiche. Si è interessati a questo tema perché la relazione tra paziente e medico è il fulcro dell'approccio "centrato sul paziente", diffusosi di recente nell'ambito dell'assistenza sanitaria (Gorini, Mazzocco e Pravettoni, 2013). In particolare questo nuovo approccio sottolinea l'importanza di una buona comunicazione tra il paziente e il medico, oltre tutti i benefici che scaturiscono dalla partecipazione del paziente nel processo decisionale nel trattamento alla malattia. Uno degli aspetti principali nell'approccio centrato sul paziente è il processo decisionale condiviso (in inglese *shared decision-making*, SDM), in cui i medici e il paziente valutano insieme i possibili trattamenti tenendo in considerazione i bisogni, le preferenze e le informazioni cliniche del paziente stesso (Renzi et al., 2016). Una delle fasi centrali del SDM è la determinazione del grado di coinvolgimento che il paziente vuole nel processo decisionale; lo strumento per valutarlo è il "Control Preference Scale (CPS)" (Degner, Sloan e Venkatesh, 1997), che è composto da cinque differenti vignette ognuna delle quali rappresenta un differente ruolo che le persone possono assumere nel processo di decisione nell'ambito dell'assistenza sanitaria (i.e. attivo, attivo collaborativo, collaborativo, passivo collaborativo, passivo). Le differenze nelle preferenze sulla scelta del ruolo nel processo decisionale possono essere dovute sia a fattori esterni che a fattori interni: i primi comprendono le caratteristiche

socio-demografiche e psicologiche del paziente, i secondi includono i fattori contestuali strettamente correlati allo scenario specifico della scelta del trattamento medico. Gli effetti delle variabili socio-demografiche sul grado di controllo del paziente nella decisione sul trattamento sono stati analizzati in diversi studi, in cui è stato dimostrato che fattori come genere, età e grado di istruzione sono tra quelli più rilevanti per prevedere il ruolo assunto dal paziente nella scelta in ambito sanitario. Per esempio, rispetto agli uomini, le donne sono propense a interagire di più nelle scelte mediche: assumendo un ruolo attivo o condividendo le decisioni relative ai trattamenti con il medico (Arora e McHorney, 2000; Brom et al., 2014). Solo pochi studi, invece, hanno analizzato l'effetto di fattori psicologici nelle preferenze del paziente nel grado di controllo della scelta medica.

Tra i fattori che influenzano maggiormente il rapporto tra il paziente e il medico è stato riscontrato che il genere del dottore assume un ruolo importante: rispetto ai colleghi maschi, i medici donne sono viste come più empatiche, più attente a creare una relazione positiva con il paziente, tendono a fornire più informazioni e a preferire un approccio collaborativo con il paziente. Di conseguenza, la concordanza di genere tra il paziente e il medico riveste un ruolo significativo nel ruolo del paziente nel processo decisionale: diversi studi hanno mostrato che la concordanza di genere ha un impatto positivo nella comunicazione, nel processo decisionale e nella soddisfazione del paziente stesso.

Tra le caratteristiche psicologiche del paziente, in particolar modo la presenza di stereotipi di genere e l'attitudine verso le donne potrebbero influenzare in modo significativo il suo ruolo nel processo decisionale; Sandhu et al. (2009) ipotizza che la discordanza di genere tra il paziente e il medico possa portare a una minore qualità della comunicazione e maggiori livelli di tensione perché la relazione tra il paziente e il medico viene influenzata da una diversa percezione di potere, status, stereotipi di genere e attitudine verso l'altro sesso. Quindi è possibile ipotizzare

che il sessismo possa influenzare le diverse preferenze di ruolo nel controllo della scelta del trattamento quando il medico è donna o uomo. La teoria del sessismo ambivalente, sviluppata da Glick e Fiske (1996), prevede che nei confronti di ciascun genere coesistano atteggiamenti di natura apertamente ostile con atteggiamenti apparentemente benevoli, seppur anch'essi sessisti. Questa teoria postula quindi l'esistenza di quattro sessismi: benevolo (BS) e ostile (HS) verso le donne, benevolo (BM) e ostile (HM) verso gli uomini. Rispetto alle donne il sessismo benevolo è caratterizzato da convinzioni protettive e paternalistiche, mentre il sessismo ostile è caratterizzato da un'antipatia esplicita verso le donne che ricoprono ruoli differenti da quelli tradizionali imposti dagli stereotipi di genere. Rispetto agli uomini, il sessismo benevolo è caratterizzato da atteggiamenti radicati nella tradizione di ammirazione per il ruolo di protettori e fornitori degli uomini, mentre il sessismo ostile è caratterizzato dall'ostilità verso il dominio maschile e verso gli atteggiamenti culturali che ritraggono gli uomini come superiori. Nello studio di riferimento si è posta una particolare attenzione al sessismo verso le donne. Sia il sessismo ostile che quello benevolo derivano dalla visione tradizionale del ruolo della donna nella società e giustificano le disuguaglianze nelle relazioni di genere, nel potere e nello status: le donne che si conformano ai ruoli tradizionali e non minacciano il potere degli uomini sono soggette al sessismo benevolo, mentre quelle che non si conformano ai ruoli tradizionali e minacciano il potere degli uomini sono soggette al sessismo ostile. Dato che il ruolo del medico è associato a un alto status, a più potere e non rientra nei tradizionali ruoli femminili, i medici donne possono essere viste negativamente dalle persone con un alto indice di sessismo ostile. Quindi, come ipotizzato in Monzani et al. (2020), i pazienti maschi con un alto livello di sessismo ostile che si consultano con un medico donna dovrebbero prediligere un ruolo attivo rispetto a ruoli passivi e collaborativi, perché preferirebbero scegliere loro piuttosto che lasciare un medico donna decidere

o scegliere insieme.

1.3 Il dataset

Il dataset considerato in questa tesi contiene le preferenze dei confronti a coppie di cinque differenti tipologie di ruoli nelle decisioni mediche fatte da 153 soggetti, di cui 62 uomini e 92 donne. L'età dei soggetti varia dai 18 ai 78 anni e l'età media è di 40.32 anni. Nello studio i soggetti sono stati casualmente divisi in due gruppi: ai 77 soggetti del primo gruppo è stato chiesto di immaginare di discutere del loro trattamento per una condizione medica lieve con un medico uomo, mentre ai 76 soggetti del secondo gruppo è stato chiesto di immaginare di discutere del loro trattamento con un medico donna. I cinque differenti tipi di ruoli che le persone possono assumere nelle decisioni mediche sono:

- A** ruolo attivo (Ac): "Voglio avere l'ultima parola sulla mia terapia";
- B** ruolo attivo collaborativo (AcCo): "Voglio avere l'ultima parola sulla mia terapia, dopo aver valutato attentamente il parere del mio medico";
- C** ruolo collaborativo (Co): "Voglio condividere con il mio medico la decisione sulla terapia più adatta a me";
- D** ruolo passivo collaborativo (PaCo): "Voglio lasciare al mio medico l'ultima parola sulla terapia che riceverò, dopo una sua attenta valutazione del mio parere";
- E** ruolo Passivo (Pa): "Voglio lasciare al mio medico ogni decisione sulla mia terapia".

A ogni soggetto è stato chiesto di indicare quale ruolo preferisse per ognuna delle possibili coppie date dalla combinazione dei cinque oggetti (i.e., AB, BC, CD, DE, AC, BD, CE, AD, BE, AE). I risultati

delle preferenze espresse dai soggetti sono raccolte nelle dieci variabili, ognuna delle quali rappresenta un confronto a coppia.

Per valutare il livello di sessismo ostile e benevolo la versione corta in italiano del "Ambivalent Sexism Inventory" è stata sottoposta ai soggetti insieme a ogni possibile coppia dei cinque ruoli. Per ogni frase proposta i soggetti dovevano indicare quanto erano d'accordo con essa su una scala Likert a 6 punti. Per una descrizione più dettagliata della versione italiana del "Ambivalent Sexism Inventory" si faccia riferimento a Rollero, Glick e Tartaglia (2014).

Nella Tabella 1.1 sono riportate le preferenze dei primi 5 soggetti: ogni riga corrisponde a un soggetto e ogni colonna è la variabile relativa a una coppia di oggetti confrontati. Per esempio, rispetto al primo confronto (AB), è presente lo 0 se il soggetto preferisce il primo elemento (A), mentre l'1 se preferisce il secondo elemento (B).

Il dataset comprende inoltre la variabile esplicativa relativa al genere del dottore (*Genere_Dottore*) e tre variabili esplicative relative ai soggetti, vale a dire il genere del paziente (*Genere*), l'indice di sessismo ostile (*HS*) e l'indice di sessismo "benevolo" (*BS*). Per una spiegazione esaustiva sui dati si faccia riferimento a Monzani et al. (2020).

Tabella 1.1: Le preferenze nei confronti a coppie dei primi cinque soggetti.

	AB	AC	BC	AD	BD	CD	AE	BE	CE	DE
1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
3	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
4	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0
5	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0

Capitolo 2

Il modello Bradley-Terry

Nel presente capitolo vengono introdotti teoricamente il modello Bradley-Terry e il partizionamento ricorsivo basato sul modello Bradley-Terry. Tali metodologie verranno applicate ai dati analizzati in questa tesi.

2.1 Introduzione

Il metodo del confronto a coppie affronta il problema di determinare la scala di preferenze di un insieme di J oggetti, O_1, O_2, \dots, O_J , che non è osservabile direttamente. Per ogni coppia di oggetti viene chiesto ad un soggetto quale dei due elementi preferisce. In totale il soggetto viene esposto a $\binom{J}{2}$ confronti a coppie, nell'ordine

$$(1, 2), (1, 3), \dots, (1, J), (2, 3), (2, 4), \dots, (2, J), \dots, (J - 1, J),$$

dove (j, k) è la notazione compatta per il confronto degli oggetti O_j e O_k .

Il modello più conosciuto in questo contesto è il modello Bradley-Terry (Bradley e Terry, 1952), per il quale sono state proposte numerose estensioni: per includere la possibilità di esprimere la presenza di uguale preferenza per i due oggetti confrontati (Rao e Kupper, 1967), per

introdurre variabili esplicative per gli oggetti (Springall, 1973) e effetti individuali dei soggetti (Dittrich, Hatzinger e Katzenbeisser, 1998).

Un approccio più recente per incorporare variabili esplicative relative ai soggetti nel modello Bradley-Terry, quindi per identificare gruppi di soggetti che differiscono nella scala delle preferenze, consiste nell'uso del partizionamento ricorsivo basato su un modello (Strobl, Wickelmaier e Zeileis, 2011). Il partizionamento ricorsivo basato sul modello Bradley-Terry utilizza lo stesso approccio degli alberi di classificazione e regressione (CART; Breiman et al., 1984), nel quale lo spazio delle variabili esplicative viene partizionato per distinguere gruppi di soggetti con diverse caratteristiche.

2.2 Il modello Bradley-Terry

2.2.1 Il modello base

Per ogni coppia $k > j = 1, \dots, J$, sia $X_{(jk)j}$ la variabile casuale che denota il numero di preferenze per l'oggetto j rispetto all'oggetto k , sia $X_{(jk)k}$ la variabile casuale che denota il numero di preferenze per l'oggetto k rispetto all'oggetto j nel confronto tra j e k , e sia $n_{(jk)} = X_{(jk)j} + X_{(jk)k}$ il numero di confronti fatti tra l'oggetto j e l'oggetto k .

Assumendo che gli $n_{(jk)}$ confronti siano indipendenti e aventi la stessa probabilità $\Pi_{(jk)j}$ che sia preferito j , allora la variabile casuale $X_{(jk)j}$ è distribuita come una Binomiale con parametri $n_{(jk)}$ e $\Pi_{(jk)j}$. Il modello Bradley-Terry ipotizza che la probabilità che l'oggetto j sia preferito all'oggetto k nel confronto tra i due oggetti sia

$$\Pi_{(jk)j} = \frac{\pi_j}{\pi_j + \pi_k}.$$

I parametri non negativi π_j e π_k , anche chiamati parametri di "valore", descrivono la posizione degli oggetti nella scala delle preferenze.

Inoltre, se anche i confronti tra le diverse coppie di oggetti sono indipendenti, il modello Bradley-Terry può essere rappresentato come un modello logistico (Agresti, 2003). Di conseguenza, grazie alla corrispondenza tra i modelli log-lineari e i modelli logistici, il modello può essere adattato come un modello log-lineare per tabelle di contingenza. In questa tesi verrà utilizzato l'approccio log-lineare.

Seguendo l'approccio introdotto da Sinclair (1982) la probabilità che l'oggetto j sia preferito all'oggetto k è data da

$$\Pi_{(jk)j} = \frac{\pi_j}{\pi_j + \pi_k} = \frac{\sqrt{\pi_j/\pi_k}}{\sqrt{\pi_j/\pi_k} + \sqrt{\pi_k/\pi_j}}, \quad (2.1)$$

analogamente, la probabilità che l'oggetto k sia preferito all'oggetto j è data da

$$\Pi_{(jk)k} = \frac{\pi_k}{\pi_j + \pi_k} = \frac{\sqrt{\pi_k/\pi_j}}{\sqrt{\pi_j/\pi_k} + \sqrt{\pi_k/\pi_j}}. \quad (2.2)$$

Si assume che le variabili casuali $X_{(jk)j}$ e $X_{(jk)k}$ seguano una distribuzione di Poisson. Quindi con $X_{(jk)j} + X_{(jk)k} = n_{(jk)}$ fissato, $(X_{(jk)j}, X_{(jk)k})$ seguono una distribuzione multinomiale (in questo caso binomiale) e il loro valore atteso può essere formulato come un modello moltiplicativo. Di conseguenza il numero atteso di preferenze dell'oggetto j rispetto all'oggetto k , $E(X_{(jk)j}) = m_{(jk)j}$ dato da

$$m_{(jk)j} = n_{(jk)}\Pi_{(jk)j} = n_{(jk)} \frac{\sqrt{\pi_j/\pi_k}}{\sqrt{\pi_j/\pi_k} + \sqrt{\pi_k/\pi_j}},$$

si può scrivere in forma log-lineare (analogamente per $\ln(m_{(jk)k})$) come

$$\ln(m_{(jk)j}) = \mu_{(jk)j} + \lambda_j^O - \lambda_k^O,$$

$$\ln(m_{(jk)k}) = \mu_{(jk)k} - \lambda_j^O + \lambda_k^O,$$

dove i parametri di disturbo $\mu_{(jk)j}$ e $\mu_{(jk)k}$ sono definiti come

$$\mu_{(jk)j} = \mu_{(jk)k} = \ln(n_{jk}) - \ln(\sqrt{\pi_j/\pi_k} + \sqrt{\pi_k/\pi_j}),$$

e $\lambda_j^O = \frac{1}{2} \ln(\pi_j)$ per $j = 1, 2, \dots, J$. In particolare, coerentemente con la notazione di Agresti (2003), il termine λ_j^O caratterizzato dall'apice O fa

riferimento a parametri specifici all'oggetto. Questa riparametrizzazione facilita la notazione per ulteriori estensioni del modello. Il modello descritto può essere interpretato come un modello log-lineare per una tabella di contingenza $(\binom{J}{2} \times 2)$ completa a due entrate (coppie di oggetti \times preferenza per l'oggetto), dove la decisione significa scegliere per il primo oggetto j o il secondo oggetto k nel confronto dato (jk) . La matrice del disegno consiste di vettori colonna corrispondenti ai parametri $\mu = (\mu_{(12)1}, \mu_{(12)2}, \dots, \mu_{((J-1)J)J-1}, \mu_{((J-1)J)J})$ e $\lambda = (\lambda_1^O, \lambda_2^O, \dots, \lambda_J^O)$, dove ogni riga corrisponde a una delle $\binom{J}{2}$ coppie di oggetti. Per esempio, dati cinque oggetti la matrice del disegno è data dalla matrice nella Tabella 2.1, dove nei vettori colonna relativi ai parametri λ^O è presente 1 se l'oggetto j è preferito nel confronto (jk) , -1 se k è preferito nel confronto (jk) e 0 negli altri confronti. Per stimare i parametri di valore $\pi = (\pi_1, \dots, \pi_J)$ si deve considerare che il modello Bradley-Terry è invariante a trasformazioni di scala e per garantire l'identificabilità si richiede che $\sum_i \pi_i = 1$. La relazione tra i parametri λ e i parametri di valore π è data da:

$$\pi_j = \exp(2\lambda_j^O) / \sum_i \exp(2\lambda_i^O), \quad j = 1, 2, \dots, J.$$

Tabella 2.1: Matrice del disegno del modello iniziale

Confronto	Preferenza	Numero di preferenza	μ	λ_1^O	λ_2^O	λ_3^O	λ_4^O	λ_5^O	
(12)	O_1	$x_{(12)1}$	$\begin{pmatrix} 1 & 1 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & -1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 10 & 0 & 0 & 0 & 1 & -1 \\ 10 & 0 & 0 & 0 & -1 & 1 \end{pmatrix}$	1	1	-1	0	0	0
(12)	O_2	$x_{(12)2}$		1	-1	1	0	0	0
...
(45)	O_4	$x_{(45)4}$		10	0	0	0	1	-1
(45)	O_5	$x_{(45)5}$		10	0	0	0	-1	1

2.2.2 Il modello con variabili esplicative relative ai soggetti

In molti casi è ragionevole assumere che le preferenze dei soggetti non dipendano solo dalle caratteristiche degli oggetti confrontati, ma anche dalle caratteristiche dei soggetti stessi. Per tenerne conto è possibile stimare diversi modelli per i diversi gruppi di soggetti (per esempio partecipanti maschi o femmine), o considerare una formulazione log-lineare del modello Bradley-Terry esteso per incorporare variabili esplicative relative ai soggetti, agli oggetti e la loro interazione. In particolare l'utilizzo di variabili esplicative relative ai soggetti porta a definire diverse classifiche di oggetti per i diversi gruppi di soggetti definiti dalle variabili esplicative relative ai soggetti.

Si assume di avere una variabile esplicativa categoriale con Q livelli relativa ai soggetti che si vuole inserire nel modello. Sia $m_{(jk)|q}$ il numero atteso di confronti in cui l'oggetto j è preferito all'oggetto k nel caso in cui il soggetto appartenga al livello q . La rappresentazione log-lineare del modello Bradley-Terry esteso per incorporare una variabile esplicativa categoriale relativa al soggetto (S) è data dalle seguenti equazioni

$$\ln(m_{(jk)j}) = \mu_{(jk)j} + \lambda_j^O - \lambda_k^O + \lambda_q^S + \lambda_{jq}^{OS} - \lambda_{kq}^{OS},$$

$$\ln(m_{(jk)k}) = \mu_{(jk)k} - \lambda_j^O + \lambda_k^O + \lambda_q^S - \lambda_{jq}^{OS} + \lambda_{kq}^{OS},$$

dove il parametro λ_q^S rappresenta il principale effetto del q -esimo livello della variabile esplicativa relativa al soggetto, λ_{jq}^{OS} e λ_{kq}^{OS} sono i parametri di interazione soggetto-oggetto che descrivono l'effetto della variabile esplicativa relativa al soggetto (osservato il livello q) sulle preferenze dell'oggetto j e k rispettivamente. I parametri di interesse λ_{jq}^{OS} e λ_{kq}^{OS} si possono interpretare in termini di log quote:

$$\ln \frac{\prod_{(jk)j|q}}{\prod_{(jk)k|q}} = 2(\lambda_j^O + \lambda_{jq}^{OS}) - 2(\lambda_k^O + \lambda_{kq}^{OS}),$$

dove $\Pi_{(jk)j|q}$ è la probabilità che l'oggetto j sia preferito a k nel confronto (jk) nel caso in cui il soggetto appartenga al livello q . In questo caso, diversamente dal modello base, bisogna distinguere diverse log quote per ogni confronto e ogni parametro di interazione soggetto-oggetto significativo. Il parametro λ_j^O descrive l'oggetto nel livello di riferimento, cioè i soggetti caratterizzati dal livello $q = 1$ nella parametrizzazione di default, perché per i corrispondenti parametri si ha per definizione $\lambda_{j1}^{OS} = 0$ per $j = 1, 2, \dots, J$. Posto il livello $q = 1$ di riferimento per la variabile esplicativa relativa al soggetto, i parametri di interesse λ_{jq}^{OS} e λ_{kq}^{OS} si possono interpretare in termini di log rapporti delle quote:

$$\ln \frac{\Pi_{(jk)j|q} / \Pi_{(jk)k|q}}{\Pi_{(jk)k|1} / \Pi_{(jk)j|1}} = 2(\lambda_{jq}^{OS} - \lambda_{kq}^{OS}).$$

Se $\lambda_{jq}^{OS} - \lambda_{kq}^{OS}$ è positivo, allora la variabile esplicativa S ha un effetto positivo, cioè la quota in favore alla preferenza dell'oggetto j nel livello q della variabile esplicativa sono maggiori rispetto alla corrispondente quota nel livello di riferimento ($q = 1$).

2.3 Albero basato sul modello Bradley-Terry

Il partizionamento ricorsivo basato su un modello si basa sullo stesso principio degli alberi di classificazione e regressione (CART): i soggetti vengono divisi in gruppi sulla base dei valori di selezionate variabili esplicative. Tuttavia, a differenza di un semplice CART, che cerca gruppi di soggetti con diversi valori della variabile risposta, il partizionamento ricorsivo basato su un modello cerca gruppi di soggetti con diversi valori dei parametri del modello. Nel caso del modello Bradley-Terry tali parametri sono i parametri di valore π , che possono variare tra diversi gruppi di soggetti.

Un esempio di albero basato sul modello Bradley-Terry adattato sulla base dei dati riguardanti i ruoli nelle decisioni mediche si trova in Figu-

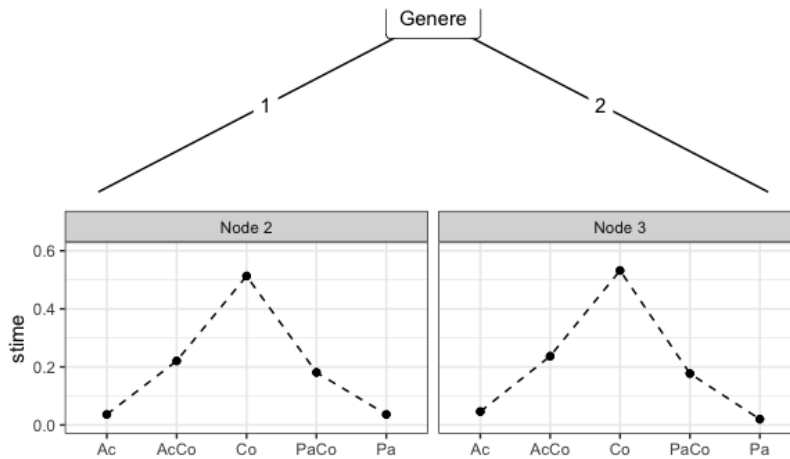


Figura 2.1: Albero basato sul modello Bradley-Terry con la variabile genere

ra 2.1. Non si notano differenze tra i due gruppi di soggetti: sia i maschi (Nodo 1) che le femmine (Nodo 2) preferiscono un ruolo Collaborativo (Co).

La procedura di partizionamento ricorsivo per i modelli Bradley-Terry è composta da quattro fasi: (a) stima del modello Bradley-Terry, (b) test per l'instabilità dei parametri per le variabili di suddivisione selezionate, (c) massimizzazione della verosimiglianza partizionata per la selezione dei punti di suddivisione, e (d) divisione del campione. Queste fasi vengono ripetute ricorsivamente fino a che non ci sono più significative instabilità dei parametri o la dimensione delle foglie (nodi terminali) è minore di una soglia minima prefissata.

2.3.1 Stima del modello Bradley-Terry

Coerentemente alla notazione adottata, ognuno degli n soggetti esprime una preferenza per uno dei due oggetti per ognuna delle $j^* = \frac{J(J-1)}{2}$ coppie. La probabilità che il primo oggetto nel confronto (jk) , cioè j , sia preferito è $\Pi_{(jk)j} = \Pi_{(jk)1}$ definita nell'equazione 2.1, analogamente per il secondo oggetto k la probabilità $\Pi_{(jk)k} = \Pi_{(jk)2}$ è

definita nell'equazione 2.2.

Date $i = 1, \dots, n$ osservazioni $y_i \in \{1, 2\}^{j^*}$, cioè ogni y_i contiene i j^* confronti del soggetto i con risultato $c = 1$ se il primo elemento della coppia viene scelto e $c = 2$ se viene scelto il secondo elemento della coppia, la log-verosimiglianza è data da:

$$\begin{aligned} \log L(\theta|y_1, \dots, y_n) &= \sum_{i=1}^n \sum_{j < k} \sum_{c=1}^2 I(y_{i,jk} = c) \log(\Pi_{(jk)c}) \\ &= \sum_{i=1}^n \Psi(y_i, \theta), \end{aligned}$$

dove $\theta = (\theta_1, \dots, \theta_{J-1})$ con $\theta_i = \ln(\pi_i)$, $y_{i,jk}$ è l'osservazione del soggetto i nel confronto tra gli oggetti j e k , $\Psi(y_i, \theta)$ è il contributo dell' i -esima osservazione alla log-verosimiglianza e $I(\cdot)$ è la funzione indicatrice. Le stime dei parametri $\hat{\theta} = (\hat{\theta}_1, \dots, \hat{\theta}_{J-1})$ si possono ottenere dallo stimatore di massima verosimiglianza:

$$\hat{\theta} = \underset{\theta}{\operatorname{argmax}} \sum_{i=1}^n \Psi(y_i, \theta),$$

oppure stimando il modello log-lineare di Poisson per frequenze $n_{jkc} = \sum_{i=1}^n I(y_{i,jk} = c)$.

2.3.2 Test per l'instabilità dei parametri

Per catturare potenziali effetti delle variabili esplicative bisogna testare se ci sono instabilità nei parametri per ognuna delle m variabili esplicative, questo passaggio si ripete ricorsivamente per ogni nuovo sottocampione creato. Di seguito, per semplificare la notazione, verrà utilizzata la notazione per l'intero campione.

Un esempio di instabilità dei parametri è il cambiamento in un singolo parametro, come uno spostamento nella media. I valori dei parametri di interesse del modello possono essere ordinati rispetto a ogni variabile, e la significatività del cambiamento strutturale rispetto al range

della variabile può essere testato formalmente.

Un possibile approccio consiste nell'uso del test di fluttuazione (fluctuation test) (Zeileis e Hornik, 2007). Questa tipologia di test verifica le deviazioni dal modello per ciascun soggetto, queste dovrebbero disporsi casualmente intorno allo zero sotto l'ipotesi nulla della stabilità dei parametri.

Una misura della deviazione per modelli parametrici è lo score relativo al soggetto: la derivata del contributo alla log-verosimiglianza rispetto al vettore dei parametri. Per il modello Bradley-Terry è dato da:

$$\psi(y_i, \theta) = \frac{\partial \Psi(y_i, \theta)}{\partial \theta} = \sum_{j < k} \sum_{c=1}^2 I(y_{i,jk} = c) \frac{\partial \log(\Pi_{(jk)c})}{\partial \theta},$$

dove il gradiente delle log-probabilità $\log(\Pi_{(jk)c})$, $c = 1, 2$, è

$$\frac{\partial \log(\Pi_{(jk)1})}{\partial \theta_h} = \begin{cases} 1 - \Pi_{(jk)1} & h = j, \\ -\Pi_{(jk)2} & h = k, \\ 0 & \text{altrimenti,} \end{cases}$$

$$\frac{\partial \log(\Pi_{(jk)2})}{\partial \theta_h} = \begin{cases} -\Pi_{(jk)1} & h = j, \\ 1 - \Pi_{(jk)2} & h = k, \\ 0 & \text{altrimenti.} \end{cases}$$

Per verificare la presenza di deviazioni sistematiche per ogni variabile esplicativa x_{il} , $i = 1, \dots, n$, $l = 1, \dots, m$, le deviazioni sono aggregate lungo ognuna delle m variabili esplicative:

$$W_l(t) = \hat{V}^{-1/2} n^{-1/2} \sum_{i=1}^{\lfloor n \cdot t \rfloor} \psi(y_{(i|l)}, \hat{\theta}) \quad (0 \leq t \leq 1),$$

dove $\hat{V} = \sum_{i=1}^n \psi(y_i, \hat{\theta}) \psi(y_i, \hat{\theta})^T$ è la stima della matrice di covarianza sulla base del prodotto vettoriale dei gradienti, l'indice $(i|l)$ denota l' i -esima osservazione ordinata rispetto alla l -esima variabile esplicativa, e $\lfloor \cdot \rfloor$ è la parte intera.

La somma cumulativa serve a incorporare l'ordine delle deviazioni individuali rispetto alla variabile esplicativa considerata: le $i = 1, \dots, n$

deviazioni individuali sono ordinate rispetto alla l -esima variabile esplicativa e sommate fino all'elemento $\lfloor n \cdot t \rfloor$ in ogni step. Quando $W_l(t)$ è considerata una funzione della frazione t della dimensione del campione, il modello nullo senza cambiamenti strutturali corrisponde al percorso di un processo casuale con media nulla.

Il vantaggio di questo approccio è che il modello non deve essere stimato per ogni sottocampione, perché le deviazioni individuali rimangono uguali e solo il loro ordine (e il corrispondente percorso di $W_l(t)$) cambia per valutare le diverse variabili esplicative.

Sotto l'ipotesi nulla di stabilità dei parametri, la somma cumulativa $W_l(t)$ converge a un *Browian bridge* $(J - 1)$ -dimensionale (Zeileis e Hornik, 2007). Per verificare deviazioni sistematiche in $W_l(t)$ si usano diverse statistiche test in base alla tipologia della l -esima variabile esplicativa. Se è quantitativa, la statistica test è:

$$S_l = \max_{i=\underline{i}, \dots, \bar{i}} \left(\frac{i}{n} \cdot \frac{n-i}{n} \right)^{-1} \left\| W_l \left(\frac{i}{n} \right) \right\|_2^2,$$

che può essere interpretata come la statistica test dello score per l'ipotesi alternativa dell'esistenza di un solo valore dell'esplicativa in corrispondenza del quale si verifica una differenza nei parametri di valore π . Tale valore del punto di cambio si può trovare nell'intervallo $[\underline{i}, \bar{i}]$, che in genere viene definito richiedendo una lunghezza minima \underline{i} , di conseguenza $\bar{i} = n - \underline{i}$. La distribuzione limite da cui i p-values possono essere calcolati è mostrata in Zeileis, Hothorn e Hornik (2008).

Invece, se la l -esima variabile esplicativa è categoriale con $q = 1, \dots, Q$ livelli la statistica test è:

$$S_l = \sum_{q=1}^Q n \left(\sum_{i=1}^n I(x_{il} = q) \right)^{-1} \left\| \Delta_q W_l \left(\frac{i}{n} \right) \right\|_2^2,$$

dove Δ_q è l'incremento nel q -esimo livello. Questa statistica test è invariante rispetto l'ordine delle Q categorie e dei soggetti in ogni livello. La statistica test cattura l'instabilità nei Q sottocampioni e la sua distribuzione limite è un χ^2 con $(Q - 1) \cdot k$ gradi di libertà da cui si

determinano i p-values.

Per ogni variabile viene calcolata la statistica test S_l ($l = 1, \dots, m$) con i corrispondenti p-values (corretti per i test multipli); la variabile con il minor p-value viene utilizzata per suddividere il sottocampione nello step corrente dell'algoritmo di partizione ricorsiva. L'algoritmo si ferma quando tutti i p-values sono maggiori del livello di significatività (tipicamente il 5%), cioè non c'è più nessuna significativa instabilità dei parametri, o quando il numero di osservazioni nel sottocampione è minore della soglia data.

2.3.3 Selezione dei punti di taglio e divisione del campione

Scelta la l -esima variabile esplicativa per la divisione, il valore ottimale per quella variabile, sulla base del quale dividere i soggetti, si determina massimizzando la verosimiglianza partizionata (i.e. la somma delle verosimiglianze per le osservazioni prima e dopo il punto di suddivisione) rispetto tutti i possibili valori.

Per una variabile numerica o qualitativa ordinale, i sottocampioni a sinistra e destra di un punto di taglio ξ sono $L(\xi) = \{i | x_{i-l} \leq \xi\}$ e $R(\xi) = \{i | x_{i-l} > \xi\}$ e i parametri $\hat{\theta}^{(L)}$ e $\hat{\theta}^{(R)}$ si stimano come descritto precedentemente. Per determinare il punto di suddivisione ottimale ξ , la verosimiglianza partizionata

$$\sum_{i \in L(\xi)} \Psi(y_i, \hat{\theta}^{(L)}) + \sum_{i \in R(\xi)} \Psi(y_i, \hat{\theta}^{(R)})$$

viene massimizzata rispetto tutti i possibili punti di taglio ξ che rispettano la dimensione minima richiesta del sottocampione.

Per una variabile qualitativa non ordinale si dividono i Q livelli in tutte le possibili partizioni binarie, quella con la maggiore verosimiglianza partizionata viene scelta. Nel caso in cui la variabile abbia 2 livelli, cioè

$Q = 2$, allora la selezione del punto di taglio non è necessaria in quanto ci sono solo due sottocampioni associati alla variabile.

2.4 Confronto tra i due metodi

Sia il modello Bradley-Terry, che l'approccio basato sull'albero servono a stimare una scala di preferenze dei J oggetti, il primo è un approccio parametrico mentre il secondo è semi-parametrico.

La principale differenza è la tipologia di variabili che possono essere incluse nei modelli (vedi Tabella 2.2). Nel modello Bradley-Terry si possono includere variabili qualitative (ordinali e non ordinali), mentre le variabili quantitative possono essere incluse solo dopo essere discretizzate.

Invece, nel partizionamento ricorsivo basato sul modello si possono includere tutte le tipologie di variabili.

Tabella 2.2: Approccio e tipologia di variabili

Approccio	Quantitative	Qualitative	
		ordinali	non ordinali
B-T	solo se discretizzate	si	si
albero	si	si	si

Capitolo 3

Applicazione al dataset sul ruolo del paziente nelle decisioni mediche

Nel presente capitolo vengono introdotti i pacchetti R utilizzati e analizzati i dati riguardanti i ruoli nelle decisioni mediche (descritti nella sezione 1.3) utilizzando gli approcci descritti nel capitolo precedente.

3.1 I pacchetti R

Per creare la scala di preferenza per i cinque possibili ruoli nelle decisioni mediche delle persone dati i dieci confronti a coppie, è stato stimato il modello Bradley-Terry nella sua rappresentazione log-lineare tramite l'utilizzo del pacchetto R `prefmod` (Hatzinger e Maier, 2017) e `gnm` (Turner e Firth, 2020). In particolare, per stimare il modello Bradley-Terry nella sua rappresentazione log-lineare si è utilizzata la funzione `gnm`, alla quale è stata data la matrice del disegno costruita con la funzione `lbt.design` e si è utilizzata la funzione `lbt.worth` per

calcolare i parametri di valore.

L'albero basato sul modello Bradley-Terry è stato stimato tramite l'utilizzo del pacchetto `psychotree` (Strobl, Wickelmaier e Zeileis, 2011), che implementa il metodo del partizionamento ricorsivo dei soggetti sulla base delle variabili esplicative e stima un modello Bradley-Terry non strutturato per ogni sottocampione finale.

3.2 Il modello Bradley-Terry

Date le 5 tipologie di ruoli nelle decisioni mediche il modello Bradley-Terry base (descritto nella sezione 2.2.1) può essere adattato come un modello log-lineare per tabelle di contingenza $(\binom{5}{2} \times 2)$ (coppie di oggetti \times preferenza per l'oggetto). Le stime dei parametri λ date dall'adattamento del modello ai dati sono riportati nella Tabella 3.1

Nella Tabella 3.2 sono riportati i parametri di valore π , che mostrano l'ordine di preferenza dei ruoli nelle decisioni mediche: il ruolo meno preferito è quello passivo (Pa), mentre quello preferito è quello collaborativo (Co). Se si considera anche la variabile esplicativa relativa al soggetto "Genere" (che ha due livelli maschio = Genere1 e femmina = Genere2) il modello Bradley-Terry con variabile esplicativa (descritto nella sezione 2.2.2) può essere adattato come un modello log-lineare per tabelle di contingenza $(\binom{5}{2} \times 2 \times 2^1)$ (coppie di oggetti \times preferenza per l'oggetto \times gruppi di soggetti). Nella Tabella 3.3 sono riportate le

Tabella 3.1: Stime dei parametri nel modello Bradley-Terry base

	Stima	Errore Standard	z value	Pr(> z)
Ac	0.24	0.07	3.67	0.00
AcCo	1.08	0.07	14.87	0.00
Co	1.50	0.08	18.77	0.00
PaCo	0.96	0.07	13.54	0.00
Pa	0.00	NA	NA	NA

Tabella 3.2: Parametri di valore del modello Bradley-Terry base

Parametri	Opinione	Stima
π_1	Co	0.52
π_2	AcCo	0.23
π_3	PaCo	0.18
π_4	Ac	0.04
π_5	Pa	0.03

stime dei parametri λ date dall'adattamento del modello Bradley-Terry ai dati, da cui è possibile calcolare le quote per i due gruppi di soggetti. Il gruppo di riferimento è composto dai soggetti maschi, mentre il gruppo per il confronto è composto dai soggetti femmine, cioè i soggetti con la variabile genere pari al livello 2. Per esempio, le quote stimate in favore del ruolo attivo (Ac) nel confronto tra il ruolo attivo e collaborativo (Co) sono $0.07 = \exp 2(\hat{\lambda}_{Ac} - \hat{\lambda}_{Co}) = \exp[2\{0 - 1.32\}]$ per il gruppo di riferimento e $0.87 = \exp\{2(\hat{\lambda}_{Ac} + \hat{\lambda}_{Ac:Genere2}) - 2(\hat{\lambda}_{Co} + \hat{\lambda}_{Co:Genere2})\} = \exp\{2(0+0.42) - 2(1.32+0.32)\}$ per le donne. L'effetto che causa questo cambiamento nelle quote è legato principalmente al termine di interazione $\hat{\lambda}_{Ac:Genere2} = 0.42$, che è significativo considerando la soglia di significatività del 5%.

Nella Figura 3.1 sono mostrati i parametri di valore, in particolare nel grafico A sono rappresentati quelli stimati dal modello Bradley-Terry

Tabella 3.3: Stime dei parametri nel modello con variabile esplicativa relativa al soggetto

	Stime	Errore Standard	z value	Pr(> z)
Ac	-0.00	0.10	-0.00	1.00
AcCo	0.94	0.11	8.65	0.00
Co	1.32	0.12	11.10	0.00
PaCo	0.79	0.11	7.52	0.00
Pa	0.00	NA	NA	NA
Ac:Genere2	0.42	0.13	3.11	0.00
AcCo:Genere2	0.26	0.15	1.78	0.08
Co:Genere2	0.32	0.16	1.96	0.05
PaCo:Genere2	0.31	0.14	2.15	0.03
Pa:Genere2	0.00	NA	NA	NA

base, mentre nei grafici B e C sono rappresentati quelli stimati dal modello con la variabile esplicativa genere, rispettivamente nel caso di maschi e femmine. Le tre scale di preferenza hanno una struttura molto simile, in tutti e tre i casi il ruolo preferito è quello collaborativo (Co).

Per verificare dal punto di vista formale se l'inclusione della variabile genere sia significativa si possono confrontare i modelli annidati tramite la funzione `anova` di R, che confronta le devianze. In questo caso, come mostrato nella Tabella 3.4, il p-value associato al test pari a $4.452e - 10$ indica che l'aggiunta della variabile genere è significativa e quindi il secondo modello è da preferire.

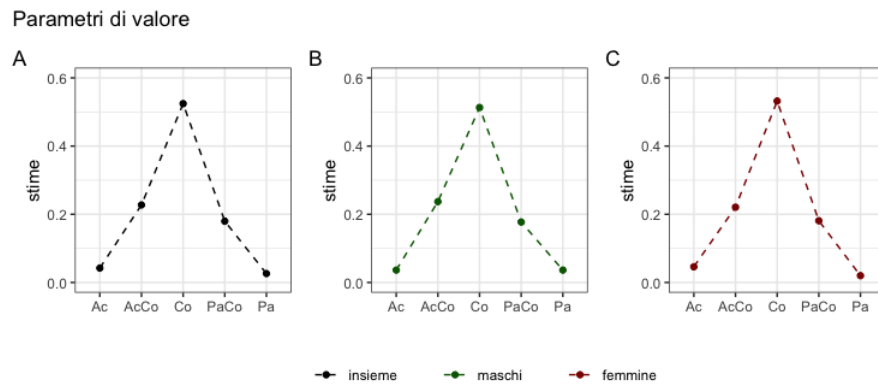


Figura 3.1: Parametri di valore del modello Bradley-Terry senza e con la variabile esplicativa genere

Tabella 3.4: Confronto tra il modello Bradley-Terry base e il modello Bradley-Terry con la variabile genere

	Gradi di libertà	Residui	Devianza	Residua	Gradi di libertà	Devianza	Pr(>Chi)
1		66		239.76			
2		52		166.26	14	73.50	4.452e-10

3.3 L'albero basato sul modello Bradley-Terry

Nella Tabella 3.5 sono riportate la statistica test e il p-value per l'instabilità dei parametri per il modello Bradley-Terry per i dati dei ruoli nelle decisioni mediche. Si nota che la variabile genere ha un p-value associato al test per l'instabilità del parametro significativo se si considera la soglia di significatività del 5%; quindi come mostrato in Figura 2.1 nell'albero derivante dall'adattamento del modello Bradley-Terry c'è la suddivisione dovuta alla variabile genere.

Tabella 3.5: Statistica test per l'instabilità del parametro S_1 e il corrispondente p-value per il modello Bradley-Terry per i dati medici

	Genere
statistica	11.76
p.value	0.02

3.4 Il confronto tra il modello Braley-Terry con le variabili genere e BS e l'albero basato su di esso

Sia nell'adattamento del modello Bradley-Terry che nell'albero basato su di esso la variabile genere è significativa. Nella Figura 3.2 sono mostrate le scale di preferenza: nei grafici A per i maschi e B per le femmine sono stimate dal modello Bradley-Terry, mentre nei grafici C per i maschi e D per le femmine sono stimate dall'albero basato sul modello Bradley-Terry. Entrambi gli approcci portano alla stima di una scala di preferenza molto simile, in particolare il ruolo che risulta preferito in entrambi i generi è quello collaborativo (Co), mentre quello meno

preferito è quello Attivo (Ac).

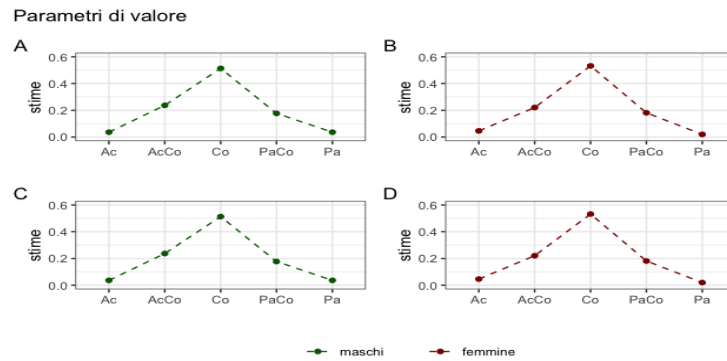


Figura 3.2: Parametri di valore del modello Bradley-Terry con la variabile esplicativa genere e dell'albero basato su di esso

3.5 Impatto del sessismo nelle scelte mediche

Dopo l'analisi iniziale che considerava solo il genere del paziente, si considerano ora la variabile *Genere* e la variabile dell'indice di sessismo benevolo, *BS*, per effettuare un'analisi più approfondita.

Dato che nel modello Bradley-Terry non è possibile includere variabili di tipo continuo, l'indice di sessismo benevolo è stato diviso rispetto alla mediana (2.67) per rappresentare un alto o basso livello di sessismo benevolo. Per selezionare il modello Bradley-Terry con la variabile esplicativa genere e *BS* che si adatta meglio ai dati si sono confrontati i modelli annidati contenenti le due variabili esplicative tramite il comando `anova` considerando un livello di significatività pari al 5%. Il modello finale contiene le singole variabili genere e indice di sessismo benevolo e la loro interazione.

Nella Tabella 3.6 è riportato l'output del comando `anova()` del confronto tra il modello con la variabile genere e *BS* e il modello con la variabile genere, *BS* e la loro interazione. Si nota che il p-value pari a 0.011, considerato il livello di significatività del 5%, porta a scegliere

Tabella 3.6: Confronto tra il modello con la variabile genere e *BS* e il modello con la variabile genere, *BS* e la loro interazione

	Gradi di libertà	Residui	Devianza Residua	Gradi di libertà	Devianza	Pr(>Chi)
1		268	479.41			
2		264	466.43	4	12.979	0.01138

come modello finale il primo.

Nella Tabella 3.7 sono riportati i parametri di valore del modello scelto, dove M indica maschio, F femmina, BS:basso l'indice di sessismo benevolo basso e BS:alto l'indice di sessismo alto. Mentre il ruolo preferito da entrambi i generi e livelli di sessismo benevolo è quello collaborativo; nei soggetti con un basso indice di sessismo segue l'attivo collaborativo e il passivo collaborativo, mentre nei soggetti con un alto indice di sessismo il ruolo passivo collaborativo e attivo collaborativo sono a un livello di preferenza simile.

Dato che nell'approccio dell'albero basato sul modello è possibile includere anche le variabili quantitative, la variabile relativa all'indice di sessismo benevolo si può considerare sia come numerica che discretizzata come nel caso del modello Bradley-Terry log-lineare.

Nel primo caso si considera la variabile *BS* come continua, l'albero basato sul modello Bradley-Terry con le variabili genere e indice del sessismo benevolo risultante dall'adattamento ai dati è presente una sola suddivisione dovuta dalla variabile genere. Nella Tabella 3.8 infatti

Tabella 3.7: I parametri di valore calcolati dalla stima del modello Bradley-Terry con le variabili genere e indice di sessismo ostile

	M BS:basso	F BS:basso	M BS:alto	F BS:alto
Ac	0.04	0.03	0.03	0.06
AcCo	0.27	0.24	0.21	0.20
Co	0.58	0.55	0.46	0.51
PaCo	0.10	0.17	0.24	0.19
Pa	0.01	0.01	0.06	0.03

Tabella 3.8: Statistica test per l'instabilità dei parametri S_1, S_2 e i corrispondenti p-values per il modello Bradley-Terry

	BS	Genere
statistic	17.27	11.76
p.value	0.08	0.04

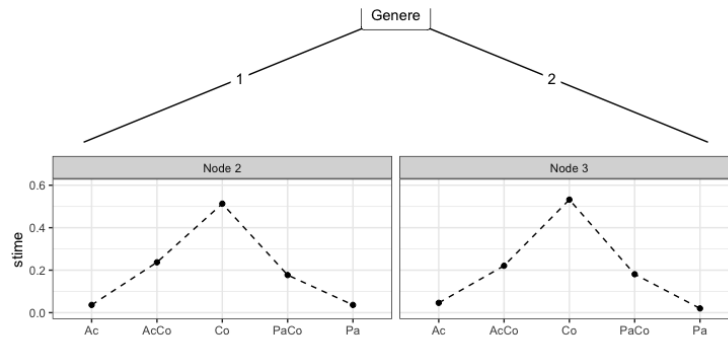


Figura 3.3: Albero basato sul modello Bradley-Terry con variabili esplicative genere e indice di sessismo benevolo numerico

ti, si nota che solo il p-value associato al genere nel test per l'instabilità dei parametri risulta significativo considerando un livello di significatività pari al 5%. Di conseguenza, come mostrato in Figura 3.3, l'albero individua due scale di preferenza sulla base del genere del paziente; si nota, comunque, come le due scale individuate siano molto simili e il ruolo preferito da entrambi i generi è quello collaborativo. Rispetto al modello Bradley-Terry, dove anche la variabile relativa al sessismo benevolo risultava significativa, in questo caso non risulta esserlo.

Nel secondo caso si considera la variabile BS discretizzata in livello basso e alto in base alla mediana, come era stata utilizzata nel modello Bradley-Terry. In questo caso entrambe le variabili risultano significative come lo sono nel modello Bradley-Terry log-lineare; nella Tabella 3.9 sono riportate a sinistra le statistiche e i p-value per i test dell'instabilità dei parametri per il primo nodo, dove il p-value della variabile BS è minore del livello di significatività del 5% considerato e a destra

Tabella 3.9: Statistica test per l'instabilità dei parametri e i corrispondenti p-values nel primo nodo (a sinistra) e nel terzo nodo (a destra)

	Genere	BS		Genere	BS
statistic	11.762	12.177	statistic	21.716	0.000
p.value	0.038	0.032	p.value	0.000	NA

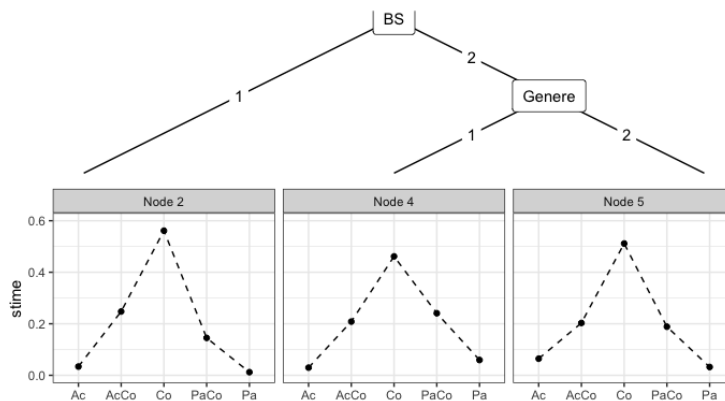


Figura 3.4: Albero basato sul modello Bradley-Terry con variabili esplicative genere e indice di sessismo benevolo discretizzato

i valori relativi al terzo nodo, dove il p-value della variabile genere è significativo.

L'albero risultante considerando la variabile relativa al sessismo benevolo come discreta è mostrato in Figura 3.4, il nodo 2 raffigura la scala di preferenza dei soggetti maschi, il nodo 4 quella dei soggetti femmine con un basso livello di sessismo benevolo e il nodo 5 quella dei soggetti femmine con un alto livello di sessismo benevolo. Le scale nel nodo 2 e nel nodo 5 (i.e. soggetti con un basso livello di sessismo benevolo e soggetti femmine con un alto livello di sessismo benevolo) hanno una struttura molto simile: il ruolo preferito è quello collaborativo e a seguire attivo collaborativo, passivo collaborativo, attivo e passivo. Mentre la scala nel nodo 4 (i.e. soggetti maschi con un alto livello di sessismo benevolo) ha una struttura diversa dalle precedenti: il ruolo preferito è sempre quello collaborativo, ma a seguire è il ruolo passivo collaborativo, attivo collaborativo, passivo e attivo.

Se si confrontano i parametri di valore ottenuti dall'adattamento del modello Bradley-Terry con variabili esplicative genere e BS categoriale e dall'albero basato su di esso (mostrati in Figura 3.5) si nota che le tre scale di preferenza stimate dal modello Bradley-Terry (grafici A, C e D) hanno una struttura simile tra loro e simile alle scale di preferenza stimate dall'albero (grafici E e G, corrispondenti ai nodi due e cinque nella Figura 3.4), mentre la scala di preferenza dei soggetti maschi con alto livello di sessismo benevolo (grafico B) ha una struttura diversa dalle precedenti e analoga a quella del grafico F (corrispondente al nodo 4 dell'albero).

Questa differenza del numero delle scale di preferenza individuate dall'albero rispetto al modello Bradley-Terry e della significatività della variabile BS quando considerata numerica e quando categoriale nell'albero, mentre nel modello Bradley-Terry risulta significativa, viene indaga in maggior dettaglio nello studio di simulazione nel capitolo 4.

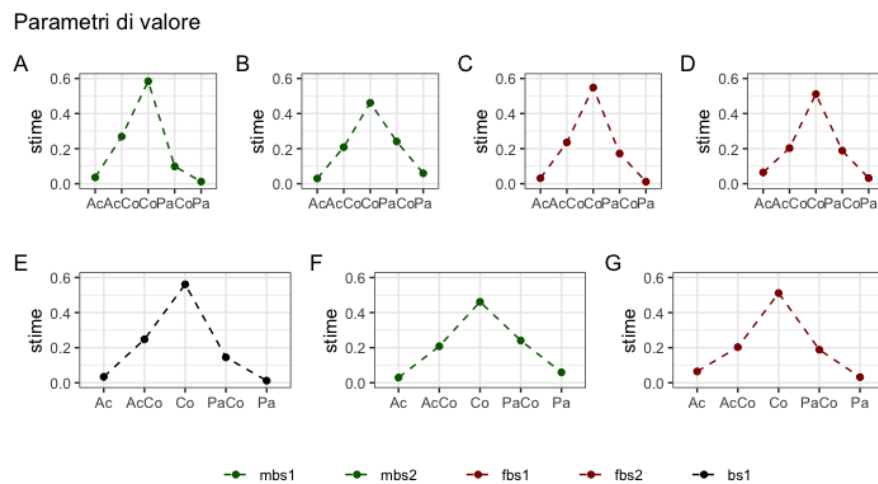


Figura 3.5: Parametri di valore del modello modello Bradley-Terry con variabili esplicative genere e indice di sessismo benevolo discretizzato e albero basato su di esso

Capitolo 4

Studi di simulazione

In questo capitolo si vuole valutare, attraverso quattro studi di simulazione, il comportamento del modello Bradle-Terry con variabili esplicative genere e BS , dell'albero basato su di esso nel caso in cui la variabile relativa al sessismo benevolo sia categoriale e nel caso in cui sia continua nel stimare le scale di preferenza.

Nelle prime tre configurazioni è stata fissata la numerosità campionaria n pari a 150, di cui 25 maschi e 50 femmine con un basso livello di sessismo benevolo, e 35 maschi e 40 femmine con un alto livello di sessismo benevolo. Dove per basso/alto livello di sessismo benevolo si fa riferimento ai livelli 1 e 2 della variabile BS discretizzata sulla base della mediana (2.67), valore scelto su cui è stata simulata la variabile numerica, $BS.num$, relativa all'indice di sessismo benevolo. In tutte e tre le configurazioni è stato scelto di non includere l'interazione tra le variabili genere e BS nella stima del modello Bradley-Terry, quindi per ogni configurazione sono stati scelti i 15 parametri λ (i.e. $\lambda_{Ac}^O, \lambda_{AcCo}^O, \lambda_{Co}^O, \lambda_{PaCo}^O, \lambda_{Pa}^O, \lambda_{Ac:Genere2}^{OS}, \lambda_{AcCo:Genere2}^{OS}, \lambda_{Co:Genere2}^{OS}, \lambda_{PaCo:Genere2}^{OS}, \lambda_{Pa:Genere2}^{OS}, \lambda_{Ac:Genere2:BS2}^{OS}, \lambda_{AcCo:Genere2:BS2}^{OS}, \lambda_{Co:Genere2:BS2}^{OS}, \lambda_{PaCo:Genere2:BS2}^{OS}, \lambda_{Pa:Genere2:BS2}^{OS}$), in modo tale che i parametri di valore π (i.e. $\pi_{Ac}, \pi_{AC}, \pi_{Co}, \pi_{PC}, \pi_{Pa}$ per i quattro gruppi $Genere1 : BS1, Genere2 : BS1, Genere2 : BS2, Genere2 : BS2$) calcolati abbiano la

struttura desiderata.

Le configurazioni dei tre studi sono: (a) i parametri λ sono quelli stimati dal modello Bradley-Terry senza interazione tra genere e BS , (b) i parametri λ sono stati scelti in modo tale da individuare quattro scale di preferenza distinte nei quattro gruppi dati dalla combinazione dei due livelli delle variabili genere e BS e (c) i parametri λ sono stati scelti in modo tale che le scale di preferenza dei soggetti con un basso livello di sessismo benevolo siano uguali indipendentemente dal genere, mentre quelle dei soggetti con un alto livello di sessismo benevolo siano diverse in base al genere del paziente.

Nell'ultimo studio di simulazione si considerano solo le variabili relative al sessismo benevolo BS e $BS.num$, in particolare la variabile $BS.num$ è stata simulata ipotizzando che ci fossero tre gruppi di numerosità 75, 35 e 45 con un diverso livello di sessismo benevolo, mentre la variabile BS è stata discretizzata in due livelli (basso/alto) in base alla mediana come spesso accade nell'ambito medico nel caso di variabili numeriche. I parametri λ (i.e. $\lambda_{Ac}^O, \lambda_{AcCo}^O, \lambda_{Co}^O, \lambda_{PaCo}^O, \lambda_{Pa}^O, \lambda_{Ac:BS2}^{OS}, \lambda_{AcCo:BS2}^{OS}, \lambda_{Co:BS2}^{OS}, \lambda_{PaCo:BS2}^{OS}, \lambda_{Pa:BS2}^{OS}, \lambda_{Ac:BS3}^{OS}, \lambda_{AcCo:BS3}^{OS}, \lambda_{Co:BS3}^{OS}, \lambda_{PaCo:BS3}^{OS}, \lambda_{Pa:BS3}^{OS}$) sono stati scelti in modo tale da individuare due scale differenti per i π (i.e. $\pi_{Ac}, \pi_{AC}, \pi_{Co}, \pi_{PC}, \pi_{Pa}$ per i tre gruppi $BS1$, $BS2$ e $BS3$). Si vuole valutare l'adattamento dell'albero basato sul modello Bradley-Terry con la variabile BS numerica, in particolare se riesce a distinguere i tre gruppi con un diverso livello di sessismo benevolo.

Date le numerosità campionarie dei gruppi e i parametri λ da cui si calcolano i parametri di valore, gli studi di simulazione, ognuno composto da 1000 ripetizioni, sono impostati nel seguente modo:

a si simulano i risultati dei confronti a coppie sulla base dei parametri

di valore attraverso il comando `simPC`,

b si adatta il modello Bradley-Terry con la variabile genere e BS ,

c si adatta l'albero con la variabile relativa al sessismo benevolo categoriale, BS ,

d si adatta l'albero con la variabile relativa al sessismo benevolo numerica, $BS.num$.

4.1 Primo studio

Nel primo studio di simulazione sono stati scelti i parametri λ stimati dal modello Bradley-Terry con le variabili genere e sessismo benevolo descritto nella sezione 3.5, dove le scale di preferenza dei quattro gruppi di soggetti sono molto simili. Nella Tabella 4.1 sono riportati i parametri di valore utilizzati (in alto) e le medie dei parametri di valori stimati dal modello Bradley-Terry nelle simulazioni (in basso); le scale di preferenza stimate ricalcano quelle reali.

Nella Tabella 4.2 sono riportati nella prima colonna i parametri λ del modello vero usati per calcolare i parametri di valore, nella seconda

Tabella 4.1: I parametri di valore veri e i parametri di valori medi stimati nel primo studio di simulazione

	Genere1:BS1	Genere2:BS1	Genere1:BS2	Genere2:BS2
Ac	0.03	0.04	0.04	0.05
AcCo	0.26	0.24	0.22	0.20
Co	0.55	0.56	0.48	0.49
PaCo	0.14	0.15	0.20	0.22
Pa	0.02	0.01	0.06	0.04
	Genere1:BS1	Genere2:BS1	Genere1:BS2	Genere2:BS2
Ac	0.03	0.04	0.04	0.06
AcCo	0.25	0.22	0.24	0.20
Co	0.57	0.48	0.54	0.45
PaCo	0.14	0.21	0.16	0.25
Pa	0.01	0.05	0.01	0.03

colonna le medie delle stime dei parametri λ ottenute dal modello Bradley-Terry, nella terza gli errori standard medi e nella quarta i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975.

Nella Tabella 4.3 sono riportati il numero di alberi basati sul modello Bradley-Terry con le variabili relative al genere e al sessismo benevolo con 1, 2, 3 o 4 nodi terminali che sono stati stimati nelle 1000 simulazioni: la colonna *BS* (con a lato le percentuali) fanno riferimento agli alberi in cui la variabile relativa al sessismo benevolo è categoriale, mentre la colonna *BS.num* (con a lato le percentuali) fa riferimento agli alberi con la variabile numerica. Si nota come nel caso della variabile *BS* categoriale l'algoritmo del partizionamento ricorsivo nel 50% dei casi ha individuato un albero con 3 nodi terminali: le quattro strutture individuate sono mostrate in Tabella 4.4 con il relativo numero di alberi per ogni struttura, tra queste la quarta struttura è quella che più volte è stata individuata. Nel caso della variabile numerica *BS.num* l'algoritmo del partizionamento ricorsivo nel 70% dei casi

Tabella 4.2: I parametri λ scelti, i λ stimati medi, gli errori standard medi e i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975 nel primo studio di simulazione

	λ	$\hat{\lambda}$	Errore Standard	2.5%	97.5%
Ac	0.30	0.31	0.14	0.03	0.59
AcCo	1.40	1.42	0.16	1.10	1.75
Co	1.80	1.83	0.18	1.49	2.18
PaCo	1.10	1.12	0.16	0.81	1.43
Pa	0.00	0.00	-	-	-
Ac:BS2	-0.40	-0.41	0.15	-0.70	-0.12
AcCo:BS2	-0.70	-0.71	0.17	-1.04	-0.38
Co:BS2	-0.70	-0.72	0.18	-1.08	-0.37
PaCo:BS2	-0.40	-0.42	0.16	-0.74	-0.10
Pa:BS2	0.00	0.00	-	-	-
Ac:Genere2	0.40	0.41	0.14	0.14	0.68
AcCo:Genere2	0.20	0.20	0.15	-0.09	0.49
Co:Genere2	0.20	0.20	0.16	-0.11	0.52
PaCo:Genere2	0.30	0.31	0.15	0.02	0.60
Pa:Genere2	0.00	0.00	-	-	-

Tabella 4.3: Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel primo studio di simulazione

numero di nodi terminali	numero di alberi con			
	<i>BS</i>	%	<i>BS.num</i>	%
1	9	1	13	1
2	389	39	710	71
3	502	50	261	26
4	100	10	16	2

ha individuato un albero con 2 nodi terminali: le 2 tipologia di strutture individuate sono mostrate in Tabella 4.5, tra le quali la prima è quella che più volte è stata stimata. Si sottolinea che nel caso di alberi con la variabile *BS.num* si parla di tipologia di struttura in quanto la variabile continua *BS.num* risulta significativa, vale a dire che porta a una suddivisione nell'albero, ma il valore del punto di cambio può variare tra diversi alberi con la stessa tipologia di struttura.

I risultati dell'adattamento dei modelli con le variabili esplicative genere e *BS* ai dati originari descritto nella sezione 3.5 sono coerenti con i risultati dello studio di simulazione. Infatti, l'albero stimato nella sezione 3.5 con la variabile genere e la variabile *BS.num* numerica è formato da due nodi e ha la struttura che nella simulazione è stata individuata nel 95.9% dei casi con due nodi terminali. Invece, l'albero stimato nella stessa sezione con la variabile genere e la variabile *BS* categoriale è formato da tre nodi, come il 50% degli alberi adattati nello studio di simulazione, tuttavia la sua struttura (la seconda cella della Tabella

Tabella 4.4: Strutture degli alberi con la variabile *BS* con 3 nodi terminali nel primo studio di simulazione

47 (9.36%)	47 (9.36%)	104 (20.72%)	304 (60.56%)
<pre> graph TD Root --> BS1 Root --> BS2 BS1 --> Genere1 BS1 --> Genere2 </pre>	<pre> graph TD Root --> BS1 Root --> BS2 BS1 --> Genere1 BS1 --> Genere2 </pre>	<pre> graph TD Root --> Genere1 Root --> Genere2 Genere1 --> BS1 Genere1 --> BS2 </pre>	<pre> graph TD Root --> Genere1 Root --> Genere2 Genere1 --> BS1 Genere1 --> BS2 </pre>

4.4) è stata individuata solo nel 9.36% dei casi con tre nodi terminali.

Tabella 4.5: Strutture degli alberi con la variabile *BS.num* con 2 nodi terminali nel primo studio di simulazione

681 (95,9%)	29 (4.1%)
<pre> graph TD Root --> Genere1 Root --> Genere2 </pre>	<pre> graph TD Root --> BS.num1 Root --> BS.num2 </pre>

4.2 Secondo studio

Nel secondo studio di simulazione i parametri λ sono stati scelti in modo tale che le scale di preferenza dei quattro gruppi siano completamente diverse l'una dall'altra, come mostrato in Figura 4.1: i grafici **A** e **B** mostrano le scale di preferenza rispettivamente dei soggetti maschi e femmine con un basso livello di sessismo benevolo e i grafici **C** e **D** mostrano le scale di preferenza rispettivamente dei soggetti maschi e femmine con un alto livello di sessismo benevolo.

Si ipotizza che in questo contesto sia l'albero con la variabile del sessismo benevolo categoriale che quello con la variabile del sessismo benevolo numerica riescano a distinguere chiaramente le quattro scale di

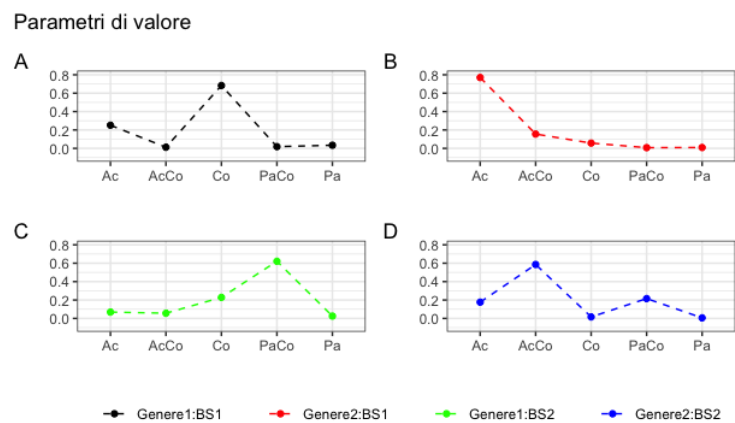


Figura 4.1: Parametri di valore del secondo studio di simulazione

Tabella 4.6: I parametri λ scelti, i λ stimati medi, gli errori standard medi e i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975 nel secondo studio di simulazione

	λ	$\hat{\lambda}$	Errore Standard	2.5%	97.5%
Ac	1	1.01	0.16	0.69	1.33
AcCo	-0.5	-0.51	0.14	-0.79	-0.22
Co	1.5	1.51	0.17	1.18	1.84
PaCo	-0.3	-0.31	0.14	-0.59	-0.03
Pa	0	0.00	-	-	-
Ac:BS2	1.2	1.22	0.17	0.89	1.56
AcCo:BS2	1.9	1.93	0.17	1.60	2.27
Co:BS2	-0.6	-0.60	0.17	-0.92	-0.27
PaCo:BS2	0.2	0.21	0.16	-0.11	0.53
Pa:BS2	0	0.00	-	-	-
Ac:Genere2	-0.5	-0.50	0.18	-0.85	-0.15
AcCo:Genere2	0.9	0.92	0.17	0.59	1.25
Co:Genere2	-0.4	-0.39	0.17	-0.72	-0.07
PaCo:Genere2	1.9	1.93	0.17	1.60	2.26
Pa:Genere2	0	0.00	-	-	-

preferenza, a differenza del caso precedente, dove le scale di preferenza erano simili.

Nella Tabella 4.6 sono riportati nella prima colonna i parametri λ fissati per calcolare i parametri di valore, nella seconda colonna le medie delle stime dei parametri λ ottenute dal modello Bradley-Terry, nella terza gli errori standard medi e nella quarta i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975.

I parametri stimati corrispondono con quelli scelti, di conseguenza i parametri di valore, che sono calcolati a partire dai parametri λ , corrispondono a quelli iniziali.

Come ipotizzato, la struttura dell'albero basato sul modello Bradley-Terry con la variabile BS è composta da 4 nodi terminali in tutte le 1000 simulazioni, e quella dell'albero basato sul modello Bradley-Terry con la variabile $BS.num$ è composta da 4 nodi terminali nel 94.4% dei casi (Tabella 4.7).

Come riportato in Tabella 4.8 nel caso dell'albero con la variabile del

sessismo benevolo categoriale non c'è una delle due tipologie di strutture che prevale, mentre nel caso dell'albero con la variabile del sessismo benevolo numerica nel 61.33% degli alberi con 4 nodi terminali è stata individuata la struttura di destra.

Tabella 4.7: Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel secondo studio di simulazione

numero di nodi terminali	numero di alberi con			
	<i>BS</i>	%	<i>BS.num</i>	%
4	1000	100	944	94.4
5			50	5.0
6			5	0.5
7			1	0.1

Tabella 4.8: Strutture degli alberi con la variabile *BS.num* con 4 nodi terminali nel secondo studio di simulazione

Albero con <i>BS</i>	516 (51.6%)	484 (48.4%)
Albero con <i>BS.num</i>	365 (38.67%)	579 (61.33%)
Tipologia di struttura degli alberi		

4.3 Terzo studio

In questo studio di simulazione sono stati fissati i parametri λ in modo tale che la scala di preferenza dei soggetti con un basso livello di sessismo benevolo sia simile per i maschi e le femmine (grafici **A** e **B**), e diversa da quella dei soggetti maschi e femmine con un alto livello di sessismo benevolo (grafici **C** e **D**), come mostrato in Figura 4.2.

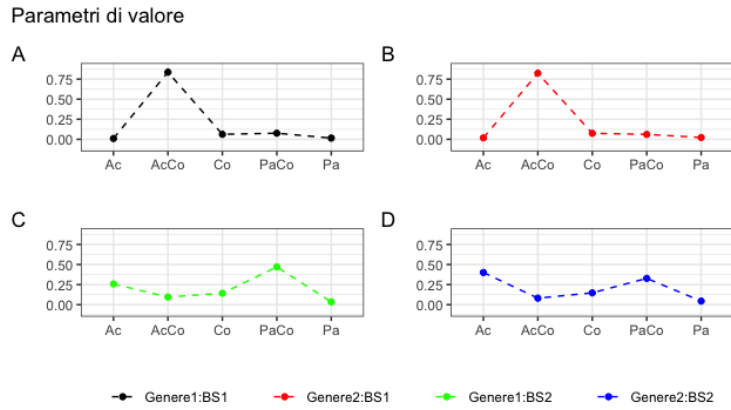


Figura 4.2: Parametri di valore del terzo studio di simulazione

Tuttavia, anche le scale di preferenza dei soggetti maschi e femmine con un alto livello di sessismo benevolo sono simili, in quanto nella stima del modello non si è considerata l'interazione tra la variabile genere e *BS*, ma solo le singole variabili. Si ipotizza che in questo contesto il modello Bradley-Terry riesca a riconoscere bene le scale di preferenza, mentre gli alberi (quello con la variabile del sessismo benevolo categoriale e quello con la variabile del sessismo benevolo numerica) facciano più difficoltà nel distinguere le tre scale, stimando quindi strutture composte nel maggiore numero di casi da 2 o 3 nodi terminali, in quanto anche le scale di preferenza nei grafici C e D sono simili.

Nella Tabella 4.9 sono riportati nella prima colonna i parametri λ fissati per calcolare i parametri di valore, nella seconda colonna le medie delle stime dei parametri λ ottenute dal modello Bradley-Terry, nella terza gli errori standard medi e nella quarta i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975.

I parametri medi stimati corrispondono a quelli scelti, di conseguenza i parametri di valore, che sono calcolati a partire dai parametri λ , corrispondono a quelli iniziali.

Come ipotizzato, la struttura degli alberi basati sul modello Bradley-Terry è composta da 2 o 3 nodi terminali nel 91.50% delle 1000 simulazioni, più precisamente nel 50% da 2 e nel 41.50% da 3 (Tabella 4.10).

Tabella 4.9: I parametri λ scelti, i λ stimati medi, gli errori standard medi e i quantili empirici di ordine 0.025 e 0.975 nel terzo studio di simulazione

	λ	$\hat{\lambda}$	Errore Standard	2.5%	97.5%
Ac	-0.2	-0.20	0.13	-0.46	0.06
AcCo	2	2.03	0.19	1.66	2.40
Co	0.7	0.71	0.13	0.45	0.97
PaCo	0.8	0.81	0.14	0.55	1.08
Pa	0	0.00	-	-	-
Ac:BS2	0.1	0.10	0.14	-0.17	0.37
AcCo:BS2	-0.2	-0.20	0.15	-0.50	0.09
Co:BS2	-0.1	-0.11	0.13	-0.37	0.15
PaCo:BS2	-0.3	-0.31	0.14	-0.59	-0.03
Pa:BS2	0	0.00	-	-	-
Ac:Genere2	1.2	1.21	0.14	0.95	1.48
AcCo:Genere2	-1.5	-1.52	0.18	-1.88	-1.17
Co:Genere2	0	-0.00	0.13	-0.26	0.26
PaCo:Genere2	0.5	0.50	0.14	0.23	0.77
Pa:Genere2	0	0.00	-	-	-

Nella Tabella 4.11 sono riportate le due tipologie di strutture composte da 3 nodi terminali date dall'adattamento dell'albero con la variabile *BS* categoriale, nel 73.11% è stata individuata la struttura che era stata fissata nello studio, vale a dire tre scale di preferenza: una per i soggetti con un basso livello di sessismo benevolo, una per i soggetti maschi con un alto livello di sessismo benevolo e una per i soggetti femmine con un alto livello di sessismo benevolo.

Tabella 4.10: Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel terzo studio di simulazione

numero di nodi terminali	numero di alberi con			
	<i>BS</i>	%	<i>BS.num</i>	%
2	366	36.60	500	50.00
3	517	51.70	415	41.50
4	117	11.70	77	7.70
5			6	0.60
6			1	0.10
7			2	0.20

Tabella 4.11: Strutture degli alberi con la variabile *BS* con 3 nodi terminali nel terzo studio di simulazione

139 (26.89%)	378 (73.11%)

Nella Tabella 4.12 a sinistra è riportata la tipologia di struttura composta da 2 nodi terminali data dall'adattamento dell'albero con la variabile *BS.num* numerica: in tutti i 500 alberi la variabile *BS.num* è risultata significativa, a differenza della variabile genere, in particolare il valore del punto di cambio (tabella a destra) che è stato trovato più volte è pari al valore della mediana (2.67), sulla base della quale era stata discretizzata la variabile stessa. L'albero con la variabile *BS.num* nel 50% dei casi individua due scale di preferenza diverse (e non le tre che erano state ipotizzate): una per i soggetti con basso indice di sessismo benevolo e una per quelli con un alto indice di sessismo benevolo.

Tabella 4.12: Tipologia di struttura degli alberi con la variabile *BS.num* con 2 nodi terminali e i nodi individuati dai punti di cambio nel terzo studio di simulazione

500 (100%)	punti di cambio		numero di casi
	nodo 2	nodo 3	
	(0.0, 2.65)	(2.65, 6.0)	1
	(0.0, 2.66)	(2.66, 6.0)	13
	(0.0, 2.67)	(2.67, 6.0)	461
	(0.0, 2.69)	(2.69, 6.0)	25

4.4 Quarto studio

Si considera ora solo la variabile relativa al sessismo benevolo, si ipotizza che ci siano 3 gruppi di soggetti tra i 150 totali con un diverso livello di sessismo benevolo. La variabile $BS.num$ è stata simulata in base ai tre gruppi descritti sopra, mentre la variabile BS , cioè l'indice di sessismo benevolo categoriale, è stata discretizzata in due livelli (basso/alto) in base alla mediana, come di solito accade nel caso di variabili numeriche in ambito medico. I parametri λ sono stati scelti in modo tale che i soggetti appartenenti ai tre gruppi con diverso livello di sessismo benevolo descritti in precedenza abbiano una scala di preferenza diversa tra loro, come mostrato in Figura 4.3. Si ipotizza che l'albero con la variabile BS categoriale non riesca individuare i tre gruppi di soggetti, al contrario di quello con la variabile $BS.num$ numerica. In particolare, si vuole valutare se l'albero con la variabile $BS.num$ numerica riesce a distinguere le diverse scale di preferenza anche nel caso in cui gli estremi che identificano i tre gruppi di soggetti con diverso livello di sessismo non sono ben distinti tra di loro.

Nel primo caso si considerano tre gruppi di soggetti con livelli di sessismo benevolo nettamente distinti l'uno dall'alto: per 75 di loro il livello varia tra i valori 1 – 1.8, per 35 varia tra i valori 3 – 4 e per gli

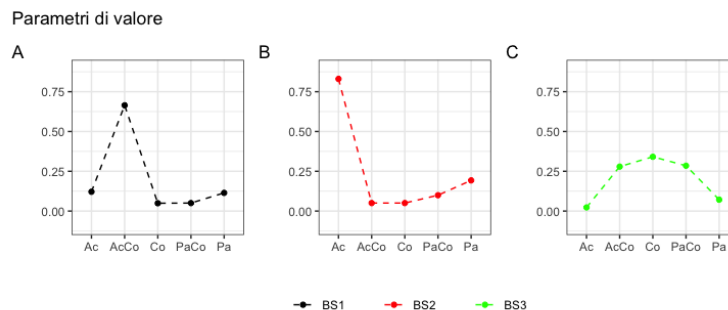


Figura 4.3: Parametri di valore del quarto studio di simulazione

Tabella 4.13: Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel quarto studio di simulazione (primo scenario)

numero di nodi terminali	numero di alberi con			
	<i>BS</i>	%	<i>BS.num</i>	%
2	1000	100.00		
3			955	95.50
4			4	4.50

altri 45 varia tra i valori 5 – 6.

Nella 4.13 sono riportati il numero degli alberi simulati con 2, 3 o 4 nodi terminali, si nota che gli alberi con la variabile *BS* categoriale sono composti da 2 nodi terminali nel 100% dei casi, mentre gli alberi con la variabile *BS.num* numerica sono composti da 3 nodi terminali nel 95.5% dei casi. Come ipotizzato l'albero con la variabile numerica riesce a riconoscere i 3 gruppi di soggetti con diverso livello di sessismo benevolo e con scale di preferenza diverse, mentre l'albero con la variabile categoriale individua solo due scale di preferenza. Nel caso in cui l'albero sia stimato con la variabile *BS* categoriale il punto di suddivisione dei soggetti è dato dai livelli della variabile (Tabella 4.14), nel caso in cui l'albero sia stimato con la variabile *BS.num* numerica il punto di cambio può variare. Nella Tabella 4.15 a sinistra è riportata la struttura dell'albero e a destra i punti di cambio (raggruppati arrotondando a una cifra decimale) che identificano i nodi terminali individuati nello studio di simulazione; si nota come i valori dei punti di suddivisione 1.8, 3.0, 4.0 e 5.0 sono gli estremi scelti per simulare i valori del sessismo benevolo del primo gruppo (1 – 1.8), del secondo

Tabella 4.14: Struttura degli alberi con la variabile *BS* categoriale con 2 nodi terminali nel quarto studio di simulazione

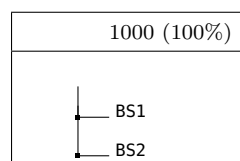
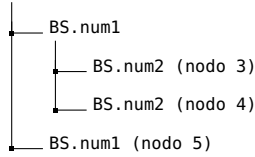


Tabella 4.15: Tipologia di struttura degli alberi con la variabile *BS.num* con 3 nodi terminali e i nodi individuati dai punti di cambio nel quarto studio di simulazione (primo scenario)

955 (95.5%)	punti di cambio			numero di casi
	nodo 3	nodo 4	nodo 5	
	(0.0, 1.8)	(1.8, 4.0)	(4.0, 6.0)	860
	(0.0, 3.0)	(3.0, 4.0)	(4.0, 6.0)	49
	(0.0, 1.8)	(1.8, 5.0)	(5.0, 6.0)	44
	(0.0, 3.0)	(3.0, 5.0)	(5.0, 6.0)	2

(3 – 4) e del terzo (5 – 6).

Nel secondo scenario si considerano tre gruppi di soggetti con livelli di sessismo benevolo più simili l'uno all'altro: per 75 di loro il livello varia tra i valori 1 – 2, per 35 varia tra i valori 2 – 3 e per gli altri 45 varia tra i valori 3 – 4.

Nella 4.16 sono riportati il numero degli alberi simulati con 2, 3, 4 o 5 nodi terminali, si nota che gli alberi con la variabile *BS* categoriale sono composti da 2 nodi terminali nel 100% dei casi, mentre gli alberi con la variabile *BS.num* numerica sono composti da 3 nodi terminali nel 95.3% dei casi. Come nel primo scenario, anche in questo dove gli estremi che identificano i tre gruppi di soggetti con diverso livello di sessismo non sono ben distinti tra di loro l'albero con la variabile numerica riesce a riconoscere i 3 gruppi di soggetti con diverso livello di sessismo benevolo e con scale di preferenza diverse, mentre l'albero con

Tabella 4.16: Il numero di nodi terminali e il numero degli alberi stimati per ogni caso nel quarto studio di simulazione (secondo scenario)

numero di nodi terminali	numero di alberi con			
	<i>BS</i>	%	<i>BS.num</i>	%
2	1000	100.00		
3			953	95.30
4			45	4.50
5			2	0.20

la variabile categoriale individua solo due scale di preferenza.

Nel caso in cui l'albero sia stimato con la variabile *BS* categoriale il punto di suddivisione dei soggetti è dato dai livelli della variabile (come nel primo scenario, Tabella 4.14), nel caso in cui l'albero sia stimato con la variabile *BS.num* numerica il punto di cambio può variare. Nella Tabella 4.17 a sinistra è riportata la struttura dell'albero e a destra i punti di cambio (raggruppati arrotondando a una cifra decimale) della variabile *BS.num* che identificano i nodi terminali individuati nello studio di simulazione; si nota come i valori dei punti di suddivisione 2.0, 3.0, e 3.2 sono gli estremi scelti per simulare i valori del sessismo benevolo del primo gruppo (1–2), del secondo (2–3) e del terzo (3–4).

Tabella 4.17: Tipologia di struttura degli alberi con la variabile *BS.num* con 3 nodi terminali e i nodi individuati dai punti di cambio nel quarto studio di simulazione (secondo scenario)

953 (95.3%)			
punti di cambio			numero di casi
nodo 3	nodo 4	nodo 5	
(0.0, 2.0)	(2.0, 3.0)	(3.0, 6.0)	944
(0.0, 2.0)	(2.0, 3.2)	(3.2, 6.0)	9

953 (95.3%)			
	BS.num1		
		BS.num2 (nodo 3)	
			BS.num2 (nodo 4)
			BS.num1 (nodo 5)

Conclusioni

Lo scopo principale di questa tesi è confrontare il modello Bradley-Terry con le variabili esplicative relative ai soggetti e il partizionamento ricorsivo basato sul modello Bradley-Terry. Il primo è il modello più conosciuto nell'ambito del metodo dei confronti a coppie, mentre il secondo è un approccio più recente utilizzato per incorporare le variabili esplicative relative al soggetto. Per comparare i due approcci si è posta l'attenzione su una delle principali differenze tra i due: la tipologia di variabili che possono essere incluse, nel modello Bradley-Terry possono essere incluse variabili di tipo categoriale o continue ma discretizzate, mentre nell'albero si possono includere sia variabili numeriche che categoriali.

Dopo le differenze notate nei risultati ottenuti dagli adattamenti dei modelli con le variabili relative al genere e al livello di sessismo benevolo ai dati, in cui le strutture degli alberi stimati uno con la variabile relativa al sessismo benevolo categoriale e l'altro con la variabile relativa al sessismo benevolo numerica erano diverse. Nel capitolo 4 attraverso degli studi di simulazione si è indagata in maggior dettaglio questa differenza. Negli studi di simulazione si è riscontrato che se le scale di preferenza dei quattro gruppi di soggetti (i.e. *Genere1 : BS1, Genere2 : BS1, Genere2 : BS2, Genere2 : BS2*) sono tutte simili tra loro o simili due a due, il modello Bradley-Terry riesce a stimare le quattro scale, mentre il partizionamento ricorsivo basato sul modello Bradley-Terry stima un numero diverso di scale di preferenza.

In particolare, l'albero con la variabile BS categoriale identifica nella maggior parte dei casi strutture con tre nodi terminali, mentre l'albero con la variabile $BS.num$ numerica identifica nella maggior parte dei casi strutture con due nodi terminali, dove ogni nodo terminale fa riferimento a un gruppo di soggetti con scala di preferenza.

Mentre, se le scale di preferenza dei quattro gruppi di soggetti sono diverse tra di loro, allora gli alberi sia quelli con la variabile BS categoriale che quelli con la variabile $BS.num$ numerica hanno una struttura con 4 nodi terminali, individuando quindi le quattro diverse scale di preferenza, alla pari del modello Bradley-Terry.

Infine si è posta l'attenzione solo sugli alberi basati sul modello Bradley-Terry, per analizzare le stime delle scale di preferenza nel caso in cui ci fossero tre gruppi di soggetti con un diverso livello di sessismo con tre diverse scale di preferenza. In un albero è stata inclusa la variabile $BS.num$ numerica, mentre nell'altro la variabile BS discretizzata in 2 livelli sulla base della mediana di $BS.num$. In quest'ultimo caso l'albero con la variabile categoriale non riesce a individuare i tre gruppi di soggetti, a differenza di quello con la variabile numerica.

Bibliografia

- Agresti, A. *Categorical Data Analysis*. Wiley Series in Probability and Statistics. Wiley, 2003.
- Arora, N. K. e C. A. McHorney. «Patient Preferences for Medical Decision Making: Who Really Wants to Participate?» In: *Medical Care* 38.3 (2000), pp. 335–341.
- Bradley, R. A. e M. E. Terry. «Rank Analysis of Incomplete Block Designs: I. The Method of Paired Comparisons». In: *Biometrika* 39.3/4 (1952), pp. 324–345.
- Breiman, L., J. H. Friedman, R. A. Olshen e C. J. Stone. *Classification and regression trees*. New York: Chapman e Hall, 1984.
- Brom, L., W. Hopmans, H.R. Pasman, D. Timmermans, G. Widder-shoven e B. Onwuteaka-Philipsen. «Congruence between patients' preferred and perceived participation in medical decision-making: A review of the literature». In: *BMC medical informatics and decision making* 14 (2014), p. 25.
- Degner, L., J. Sloan e P. Venkatesh. «The Control Preferences Scale.» In: *The Canadian journal of nursing research* 29 3 (1997), pp. 21–43.
- Dittrich, R., R. Hatzinger e W. Katzenbeisser. «Modelling the effect of subject-specific covariates in paired comparison studies with an application to university rankings». In: *Journal of the Royal Statistical Society: Series C (Applied Statistics)* 47.4 (1998), pp. 511–525.

- Glick, P. e S. Fiske. «The Ambivalent Sexism Inventory: Differentiating Hostile and Benevolent Sexism». In: *Journal of Personality and Social Psychology* 70 (1996), pp. 491–512.
- Gorini, A., K. Mazzocco e G. Pravettoni. «The use of PROMS to promote patient empowerment and improve resilience in health care systems». In: *Resilient Health Care*. Ashgate Publishing Ltd, 2013, pp. 183–190.
- Hatzinger, R. e M. J. Maier. *prefmod: Utilities to Fit Paired Comparison Models for Preferences*. R package version 0.8-34. 2017.
- Monzani, D., L. Vergani, S. Pizzoli, G. Marton, K. Mazzocco, L. Bailo, C. Messori, L. Pancani, M. Cattelan e G. Pravettoni. «Sexism Interacts with Patient–Physician Gender Concordance in Influencing Patient Control Preferences: Findings from a Vignette Experimental Design». In: *Applied Psychology Health and Well-Being* 12 (2020).
- R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2020.
- Rao, P. V. e L. L. Kupper. «Ties in Paired-Comparison Experiments: A Generalization of the Bradley-Terry Model». In: *Journal of the American Statistical Association* 62.317 (1967), pp. 194–204.
- Renzi, C., S. Riva, M. Masiero e G. Pravettoni. «The choice dilemma in chronic hematological conditions: Why choosing is not only a medical issue? A psycho-cognitive perspective». In: *Critical Reviews in Oncology/Hematology* 99 (2016), pp. 134–140.
- Rollero, C., P. Glick e S. Tartaglia. «Psychometric properties of short versions of the Ambivalent Sexism Inventory and Ambivalence Toward Men Inventory». In: *TPM - Testing, Psychometrics, Methodology in Applied Psychology* 21 (2014), pp. 149–159.
- Sandhu, H., A. Adams, L. Singleton, D. Clark-Carter e J. Kidd. «The impact of gender dyads on doctor-patient communication: A sy-

- stematic review». In: *Patient education and counseling* 76 (2009), pp. 348–55.
- Springall, A. «Response Surface Fitting Using a Generalization of the Bradley-Terry Paired Comparison Model». In: *Journal of the Royal Statistical Society. Series C (Applied Statistics)* 22.1 (1973), pp. 59–68.
- Strobl, C., F. Wickelmaier e A. Zeileis. «Accounting for Individual Differences in Bradley-Terry Models by Means of Recursive Partitioning». In: *Journal of Educational and Behavioral Statistics* 36.2 (2011), pp. 135–153.
- Turner, H. e D. Firth. *Generalized nonlinear models in R: An overview of the gnm package*. R package version 1.1-1. 2020.
- Zeileis, A. e K. Hornik. «Generalized M-fluctuation tests for parameter instability». In: *Statistica Neerlandica* 61.4 (2007), pp. 488–508.
- Zeileis, A., T. Hothorn e K. Hornik. «Model-Based Recursive Partitioning». In: *Journal of Computational and Graphical Statistics* 17.2 (2008), pp. 492–514.

Appendice A

Codice R

Le librerie che sono state utilizzate sono: `prefmod`, `psychotree`, `gnm`, `xtable`, `ggplot2`, `ggparty` e `patchwork`.

Capitolo 3

Codice A.1: Codice relativo alla sezione 3.2

```
# i dati
dati <- read.csv('dati_sessismo.csv')
names(dati)[names(dati) == 'GENERE'] <- 'Genere'
names(dati)[names(dati) == 'Age'] <- "Eta"
names(dati)[names(dati) == 'GENDER_DOCTOR'] <- "Genere_Dottore"
names(dati)[names(dati) == 'ASI_HOSTILE_SEXISM'] <- "HS"
names(dati)[names(dati) == 'ASI_BENEVOLENT_SEXISM'] <- "BS"
dati[,13]<-as.factor(dati[,13])
dati[,14]<-as.factor(dati[,14])

# i dati per il modello Bradley-Terry
dati.bt <- dati
dati.bt$HS <- as.factor(ifelse(dati.bt$HS <=2.5,1,2))
dati.bt$BS <- as.factor(ifelse(dati.bt$BS <=2.67,1,2))

# la matrice del disegno
mat.dis <- llbt.design(dati.bt, nitems = 5,objnames = c("Ac", "AcCo", "Co", "PaCo", "Pa"), cat.scovs = c("Genere", "Genere_Dottore", "HS", "BS"))
```

```

# il modello Bradley-Terry base
mod.base <- gnm(y~Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa,
               eliminate=mu, family = poisson , data = mat.dis)
summary(mod.base)

# parametri di valore del modello base
wmat1 <- llbt.worth(mod.base)
wmat1 <- as.table(sort(wmat1[,1], decreasing=TRUE))

# il modello Bradley-Terry con la variabile esplicativa Genere
mod.genere <- gnm(y~Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa+
                 (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):Genere,
                 eliminate=mu:Genere, family = poisson , data = mat.dis
                 )
summary(mod.genere)

# confronto il modello base e il modello con la variabile esplicativa
  Genere
anova(mod.base , mod.genere , test = "Chisq")

# parametri di valore del modello con la variabile esplicativa Genere
wmat2 <- llbt.worth(mod.genere)

```

Codice A.2: Codice relativo alla sezione 3.3

```

# preparazione dei dati per la stima dell'albero
dati.albero <- dati[,c(1:10,13:16)]
# nel dataset iniziale nel confronto AB è presente lo 0 se A è
  preferito e l'1 se B è preferito, per utilizzare paircomp si
  ricodificano i dati, nel confronto AB è presente l'1 se A è
  preferito e -1 se B è preferito
for(i in 1:10){
  dati.albero[,i]<-as.integer(ifelse(dati.albero[,i] == 1, -1, 1))
}

# albero basato sul modello Bradley-Terry con la variabile genere
preference <- paircomp(as.matrix(dati.albero[,1:10]), labels = c("Ac",
  "AcCo", "Co", "PaCo", "Pa"))
datipair <- data.frame(preference , dati.albero[,c(11,14)])
alb.genere <- btree(preference ~ Genere, data = datipair , minsize=5,
  ref ="Pa")

# i parametri di valore stimati dall'adattamento dell'albero
w.albero.gen <- t(itempar(alb.genere))

# le statistiche test e i pvalue per l'instabilità dei parametri nel
  primo nodo

```

```
if(require("strucchange")) sctest(alb.generere, node = 1)
```

Codice A.3: Codice relativo alla sezione 3.4

```
# considero la variabile genere e bs (indice del sessismo benevolo)
# selezione del modello Bradley-Terry
# modello con la variabile sessismo benevolo
mod.bs <-gnm(y~Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa+
            (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):BS,
            eliminate=mu:BS, family = poisson, data = mat.dis)
summary(mod.bs)

# modello con la variabile sessismo benevolo e genere senza
# interazione tra le due
mod.bs.gen1<-gnm(y~Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa+
                (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):BS+
                (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):Genere,
                eliminate=mu:BS:Genere, family = poisson, data = mat.
                dis)
summary(mod.bs.gen1)

# modello con la variabile sessismo benevolo e genere con interazione
# tra le due
mod.bs.gen<-gnm(y~Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa+
                (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):BS+
                (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):Genere+
                (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):BS:Genere,
                eliminate=mu:BS:Genere, family = poisson, data = mat.
                dis)
summary(mod.bs.gen)

# confronto i modelli annidati

anova(mod.generere, mod.bs.gen1, test = "Chisq")
# preferisco il modello con genere e sessismo benevolo rispetto al
# modello con solo genere

anova(mod.bs, mod.bs.gen,1 test = "Chisq")
# preferisco il modello con genere e sessismo benevolo rispetto al
# modello con solo sessismo benevolo

anova(mod.bs.gen1, mod.bs.gen, test = "Chisq")
# preferisco il modello con interazione tra genere e bs rispetto al
# modello senza

# dati per stimare l'albero con la variabile del sessismo benevolo
# categoriale
```

```

dati.alb.fac <- dati.albero
dati.alb.fac$BS <- as.factor(ifelse(dati.alb.fac$BS <=2.67,1,2))
datipair.fac <-cbind(preference ,dati.alb.fac[,11:14])

# albero con la variabile relativa sessismo benevolo numerica
alb.bs <- btree(preference ~ BS, minsize=5, ref = 'Pa', data =
  datipair)
plot(alb.bs)

# albero con le variabili genere e sessismo benevolo numerico
alb.genere.bs <- btree(preference ~ BS+Genere, minsize=5, ref = 'Pa',
  data = datipair)
plot(alb.genere.bs)

# albero con la variabile BS categoriale
alb.bs.fac <- btree(preference ~ BS, minsize=5, ref = 'Pa', data =
  datipair.fac)
plot(alb.bs.fac)

# albero con le variabili genere e BS categoriale
alb.genere.bs.fac <- btree(preference ~ Genere + BS, minsize=5, ref =
  "Pa", data = datipair.fac)
plot(alb.genere.bs.fac)

# le statistiche test e i pvalue per l'instabilit  dei parametri nel
  primo nodo dell'albero costruito con la variabile bs numerica e
  genere
if(require("strucchange")) sctest(alb.genere.bs, node = 1)

# le statistiche test e i pvalue per l'instabilit  dei parametri per
  il primo e terzo nodo dell'albero costruito con la variabile bs
  categoriale e genere
if(require("strucchange")) sctest(alb.genere.bs.fac, node = 1)
if(require("strucchange")) sctest(alb.genere.bs.fac, node = 3)

# i parametri di valore del modello Bradley-Terry con genere e BS, l'
  albero con genere e BS numerica e l'albero con genere e BS
  categoriale
llbt.worth(mod.bs.gen)
t(itempair(alb.genere.bs))
t(itempair(alb.genere.bs.fac))

```

Capitolo 4

Codice A.4: Funzioni per creare i dataset

```
# funzione che crea il nuovo dataset a partire dai parametri di valore
  (worth) e dalla matrice del disegno
# n1, n2, n3, n4 sono le numerosità dei quattro gruppi di soggetti
  utilizzate nei primi tre studi di simulazione
crea.dataset <- function(worth, matricedisegno){
  A1 <- simPC(nogg,n1,worth = worth[,1]) # m bs1
  A2 <- simPC(nogg,n2,worth = worth[,2]) # f bs1
  A3 <- simPC(nogg,n3,worth = worth[,3]) # m bs2
  A4 <- simPC(nogg,n4,worth = worth[,4]) # f bs2
  dati.sim <- rbind(A1,A2,A3,A4)
  dati.sim <- cbind(dati.sim,matricedisegno) #unisco i dati simulati
  e le variabili
  colnames(dati.sim) <- nomi.colonne
  dati.sim$Genere <- as.factor(dati.sim$Genere)
  dati.sim$BS <- as.factor(dati.sim$BS)
  return(dati.sim)
}

# funzione che crea il nuovo dataset a partire dai parametri di valore
  (worth) e dalla matrice del disegno
# n1, n2, n3 sono le numerosità dei tre gruppi di soggetti utilizzate
  nel quarto studio di simulazione
crea.dataset.bs <- function(worth, matricedisegno){
  A1 <- simPC(nogg,n1.bs,worth = worth[,1]) # bs1
  A2 <- simPC(nogg,n3,worth = worth[,2]) # bs2
  A3 <- simPC(nogg,n4,worth = worth[,3])
  dati.sim <- rbind(A1,A2,A3)
  dati.sim <- cbind(dati.sim,matricedisegno) #unisco i dati simulati
  e le variabili
  colnames(dati.sim) <- nomi.colonne[-11]
  dati.sim$BS <- as.factor(dati.sim$BS)
  return(dati.sim)
}
```

Codice A.5: Funzione per calcolare i parametri di valore a partire dai parametri λ considerando le variabili genere e BS senza la loro interazione

```
# funzione che calcola i parametri di worth a partire dai parametri  $\lambda$ 
  considerando le variabili genere e BS senza la loro interazione
stime.worth <- function(lambda){
```

```

lambda[is.na(lambda)] <- 0
worth <- matrix(ncol = 4, nrow = 5)
worth[,1] <- exp(2*(lambda[1:5]))/sum(exp(2*lambda[1:5])) #m bs1
worth[,2] <- exp(2*(lambda[1:5]+lambda[6:10]))/sum(exp(2*(lambda
  [1:5]+lambda[6:10]))) #f bs1
worth[,3] <- exp(2*(lambda[1:5]+lambda[11:15]))/sum(exp(2*(lambda
  [1:5]+lambda[11:15]))) #m bs2
worth[,4] <- exp(2*(lambda[1:5]+lambda[6:10]+lambda[11:15]))/sum(exp
  (2*(lambda[1:5]+lambda[6:10]+lambda[11:15]))) #f bs2
colnames(worth) <- c("Genere1:BS1", "Genere2:BS1", "Genere1:BS2", "
  Genere2:BS2")
row.names(worth) <- nomi.oggetti
return(worth)
}

```

Codice A.6: Funzioni per stimare il modello Bradley-Terry con le variabili genere e BS e gli alberi basati su di esso

```

# funzione per stimare il modello Bradley-Terry con le variabili
  genere e BS categoriale
# dove dati sono i dati, nogg è il numero di oggetti, passo è il passo
  nel ciclo for della simulazione, nomiogg i nomi degli oggetti,
  mod.bt la lista dove salvare il summary, i parametri di valore e
  gli intervalli di confidenza dei parametri  $\lambda$  stimati
modello.bt.genere.bs <- function(dati, nogg, passo, mod.bt){
  m.dis <- llbt.design(dati, nitens = 5,objnames = c("Ac", "AcCo", "Co"
    , "PaCo", "Pa"), cat.scovs = c("Genere", "BS"))
  modello <- gnm(y~Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa+
    (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):Genere +
    (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):BS,
    eliminate=mu:BS:Genere, family = poisson, data = m.dis)
  mod.bt$summary[[passo]] <- summary(modello)$coef
  mod.bt$worth[[passo]] <- llbt.worth(modello)
  return(mod.bt)
}

# funzione per stimare l'albero basato sul modello Bradley-Terry con
  la variabile genere e BS categoriale o numerica
# dati sono i dati, nogg il numero di oggetti, passo il passo nel
  ciclo for della simulazione, nomiogg i nomi degli oggetti, mod.bt.
  alb la lista dove salvare l'albero, la sua struttura e i parametri
  di valore, bs.num è pari a FALSE se si vuole utilizzare la
  variabile BS categoriale e pari a TRUE se si vuole utilizzare
  quella numerica
albero.bt <- function(dati, nogg, passo, nomiogg, mod.bt.alb, bs.num=
  FALSE){

```

```

preference <- paircomp(as.matrix(dati[,1:10]), labels = nomiogg)
datipair <- data.frame(preference, dati[,11:13])
if (bs.num==TRUE){
  dtree <- bttree(preference ~ Genere + BS.num, data = datipair,
    minsize=nogg)
}
else{
  dtree <- bttree(preference ~ Genere + BS, data = datipair,
    minsize=nogg)
}
mod.bt.alb$albero[[passo]] <- dtree
mod.bt.alb$worth[[passo]] <- t(itempar(dtree))
mod.bt.alb$struttura[[passo]] <- partykit:::.list.rules.party(dtree)
mod.bt.alb$noditerminali[[passo]] <- width(dtree)
return(mod.bt.alb)
}

# funzione per stimare l'albero basato sul modello Bradley-Terry con
# la variabile BS categoriale o numerica
albero.bt.bs <- function(dati, nogg, passo, nomiogg, mod.bt.alb, num=
  FALSE){
  preference <- paircomp(as.matrix(dati[,1:10]), labels = nomiogg)
  datipair <- data.frame(preference, dati[,11:13])\\
  if (bs.num==TRUE){
    dtree <- bttree(preference ~ BS.num, data = datipair, minsize=
      nogg)
  }
  else{
    dtree <- bttree(preference ~ BS, data = datipair, minsize=nogg)
  }
  mod.bt.alb$albero[[passo]] <- dtree
  mod.bt.alb$worth[[passo]] <- t(itempar(dtree))
  mod.bt.alb$struttura[[passo]] <- partykit:::.list.rules.party(dtree)
  mod.bt.alb$noditerminali[[passo]] <- width(dtree)
  return(mod.bt.alb)
}

```

Codice A.7: Funzioni per visualizzare i risultati delle simulazioni

```

# funzione per visualizzare i risultati delle simulazioni del modello
# Bradley-Terry
risultati.sim <- function(ncolonne, nomi, colonna, modello.risultati,
  worth.par=FALSE, ngruppi=0){
  if (worth.par==TRUE){
    matrice.risultati <- matrix(NA, ncol = ncolonne, nrow = nsim)
    for(i in 1:nsim){ matrice.risultati[i,] <- modello.risultati[[i]]}
  }
}

```

```

matrice.w <- matrix(c(round(apply(matrice.risultati,2,mean),3)),
  ncol = ngruppi, nrow = 5)
colnames(matrice.w) <- nomi
row.names(matrice.w) <- nomi.oggetti
return(matrice.w)
}
if(worth.par==FALSE){
matrice.risultati <- matrix(NA, ncol = ncolonne, nrow = nsim,
  dimnames = list(rep=seq(nsim), coef=
  nomi))
for(i in 1:nsim){ matrice.risultati[i,] <- modello.risultati[[i
  ]][,colonna]}
return(round(apply(matrice.risultati,2,mean),3))
}
}

# funzione per calcolare i quantili di ordine 0.25 e 0.975 dei
  parametri  $\lambda$  stimati dato il summary del modello
quantili <- function(mod.bt.sim){
  parametri.sim <- matrix(NA, nrow= nsim, ncol = 15)
  quantili.sim <- matrix(NA, nrow = 15, ncol = 2)
  colnames(quantili.sim) <- c("2.5%", "97.5%")
  rownames(quantili.sim) <- rownames(mod.bt.sim$summary[[1]])
  for(i in 1:nsim) {
    parametri.sim[i,] <- mod.bt.sim[[i]][,1]
  }
  for(i in 1:15) quantili.sim[i,] <- quantile(parametri.sim[,i],c
    (0.025,0.975))
  return(quantili.sim)
}

# funzione per salvare i dati di ogni nodo dell'albero stimato
nodo <- function(dati){
  matrice.nodi <- vector("list",7)
  matrice.nodi[[1]] <- summary(dati)$'1'$coefficients
  matrice.nodi[[2]] <- summary(dati)$'2'$coefficients
  matrice.nodi[[3]] <- summary(dati)$'3'$coefficients
  matrice.nodi[[4]] <- summary(dati)$'4'$coefficients
  matrice.nodi[[5]] <- summary(dati)$'5'$coefficients
  matrice.nodi[[6]] <- summary(dati)$'6'$coefficients
  matrice.nodi[[7]] <- summary(dati)$'7'$coefficients
  return(matrice.nodi)
}

# funzione per visualizzare i risultati dell'albero stimato
risultati.sim.alb <- function(ncolonne, nomi, colonna, modello.

```

```

    risultati , worth.par=FALSE, numeronodo){
matrice.risultati <- matrix(NA, ncol = ncolonne , nrow = nsim ,
                           dimnames = list(rep=seq(nsim) , coef=nomi
                                             ))

if(worth.par==TRUE){
  for(i in 1:nsim){ matrice.risultati[i,] <- modello.risultati[[i]]}
  return(round(apply(matrice.risultati ,2 ,mean) ,3))
}
for(i in 1:nsim){
  nodi.ter <- c(nodeids(modello.risultati[[i]] , terminal = TRUE))
  matrice.nodi <- nodo(modello.risultati[[i]])
  if(numeronodo %in% nodi.ter){
    matrice.risultati[i,] <- matrice.nodi[[numeronodo]][ ,colonna]
  }
  else{
    matrice.risultati[i,] <- rep(0,4)
  }
}
return(round(apply(matrice.risultati ,2 ,mean) ,3))
}

# funzione per identificare le strutture di alberi formate da al
# massimo 4 nodi terminali
alb.struttura <- function(indice , n.nodi.term , mod.bt.alb){
  nodi.term <- data.frame(matrix(NA, ncol=1, nrow=length(which(mod.bt.
    albero$noditerminali==n.nodi.term))))
  for (i in seq(nsim)) {
    if(i %in% which(mod.bt.alb$noditerminali==n.nodi.term)){
      indice <- indice + 1
      nodi.term[indice ,1] <- paste(mod.bt.alb$struttura[[i]][1] ,
                                   mod.bt.alb$struttura[[i]][2] ,
                                   mod.bt.alb$struttura[[i]][3] ,
                                   mod.bt.alb$struttura[[i]][4])
    }
  }
  return(nodi.term)
}

```

Codice A.8: Impostazione dei primi tre studi di simulazione

```

nomi.oggetti <- c("Ac" , "AcCo" , "Co" , "PaCo" , "Pa")
nomi.colonne <- c("AB" , "AC" , "BC" , "AD" , "BD" , "CD" , "AE" , "BE" , "CE" ,
  "DE" , "Genere" , "BS" , "BS.num")
nomi.coef.g.bs <- c("Ac" , "AcCo" , "Co" , "PaCo" , "Pa" , "Ac:BS2" , "AcCo:BS2" , "
  Co:BS2" , "PaCo:BS2" , "Pa:BS2" , "Ac:Genere2" , "AcCo:Genere2" , "Co:
  Genere2" , "PaCo:Genere2" , "Pa:Genere2")

```

```

# numerosità campionarie nei primi tre studi di simulazione
n1 <- 25 # m BS1
n2 <- 50 # f BS1
n3 <- 35 # m BS2
n4 <- 40 # f BS2
n <- n1+n2+n3+n4
nsim <- 1000 # numero di simulazioni
nogg <- 5

#matrice del disegno nei primi tre studi di simulazione
a.sim1 <- matrix(ncol = 3, nrow = n)
a.sim1[,1] <- as.factor(c(rep(1,n1), rep(2,n2), rep(1,n3), rep(2,n4))) #
  creo la variabile genere
a.sim1[1:(n1+n2),2] <- rep(1,n1+n2) # creo la variabile BS
  categoriale per livelli di sessismo benevolo basso
a.sim1[(n1+n2+1):n,2] <- rep(2,n3+n4) # creo la variabile BS
  categoriale per livelli di sessismo benevolo alto
a.sim1[1:(n1+n2),3] <- runif((n1+n2),1,2.67) # creo la
  variabili BS numerica per livelli di sessismo benevolo basso
a.sim1[(n1+n2+1):n,3] <- runif(n3+n4,2.67+0.01,6)

# Liste vuote per contenere i risultati dei modelli
# Modello Bradley-Terry
mod.bt <- vector("list", 2)
names(mod.bt) <- c("summary", "worth")
mod.bt$summary <- vector("list", nsim) # per il summary dei modelli
mod.bt$worth <- vector("list", nsim) # per i parametri di valore
  dei modelli

# Albero con BS categoriale
mod.bt.albero <- vector("list", 4)
names(mod.bt.albero) <- c("albero", "worth", "struttura", "
  noditerminali")
mod.bt.albero$albero <- vector("list", nsim) # per l'albero
mod.bt.albero$worth <- vector("list", nsim) # per i parametri di
  valore
mod.bt.albero$struttura <- vector("list", nsim) # per la struttura
  dell'albero
mod.bt.albero$noditerminali <- vector("list", nsim) # per il numero
  di nodi terminali dell'albero

# Albero con BS numerico
mod.bt.albero.num <- vector("list", 4)
names(mod.bt.albero.num) <- c("albero", "worth", "struttura", "
  noditerminali")

```

```

mod.bt.albero.num$albero <- vector("list", nsim) # per l'albero
mod.bt.albero.num$worth <- vector("list", nsim) # per i parametri
  di valore
mod.bt.albero.num$struttura <- vector("list", nsim) # per la
  struttura dell'albero
mod.bt.albero.num$noditerminali <- vector("list", nsim) # per il
  numero di nodi terminali dell'albero

# la simulazione
for(i in seq(nsim)){
  dati.nuovi <- crea.dataset(worth.sim3, a.sim1)
  mod.bt <- modello.bt.genere.bs(dati.nuovi, 5, passo=i, mod.bt)
  mod.bt.albero <- albero.bt(dati.nuovi, 5, passo=i, nomi.oggetti, mod
    .bt.albero, bs.num=FALSE)
  mod.bt.albero.num <- albero.bt(dati.nuovi, 5, passo=i, nomi.oggetti,
    mod.bt.albero.num, bs.num=TRUE)
}

# i parametri  $\lambda$  veri e i parametri  $\lambda$  medi stimati, gli standard error
  medi e i quantili di ordine 0.25 e 0.975
cbind(lambda.sim,
  risultati.sim(15, nomi.coef.g.bs, 1, mod.bt$summary),
  risultati.sim(15, nomi.coef.g.bs, 2, mod.bt$summary),
  quantili.sim(mod.bt$summary))

# conta il numero di strutture con lo stesso numero di nodi terminali
  nel caso dell'albero con BS categoriale
tipo.alberi <- rep(NA, nsim)
for(i in 1:nsim) {tipo.alberi[i] <- mod.bt.albero$noditerminali[[i]]}
table(tipo.alberi)

# conta il numero di strutture con lo stesso numero di nodi terminali
  nel caso dell'albero con BS numerico
tipo.alberi.num <- rep(NA, nsim)
for(i in 1:nsim) {tipo.alberi.num[i] <- mod.bt.albero.num$
  noditerminali[[i]]}
table(tipo.alberi.num)

# per visualizzare le strutture degli alberi con 1,2,3 e 4 nodi
  terminali
table(alb.struttura(0, 1, mod.bt.albero))
table(alb.struttura(0, 2, mod.bt.albero))
table(alb.struttura(0, 3, mod.bt.albero))
table(alb.struttura(0, 4, mod.bt.albero))

```

Codice A.9: Primo studio di simulazione: scale di preferenza simili

```

# simulazione con i parametri  $\lambda$  del modello Braldehy-Terry con le
  variabili genere e BS senza interazione tra le due adattato ai
  dati veri

# stimo i parametri  $\lambda$  e calcolo i parametri di valore
# la matrice del disegno
mat.dis <- llbt.design(dati.bt, nitems = 5, objnames = c("Ac", "AcCo", "
  Co", "PaCo", "Pa"), cat.scovs = c("Genere", "BS"))
# modello sessismo benevolo e genere senza interazione tra le due
  variabili
mod.bs.gen1 <- gnm(y~Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa+
  (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):BS+
  (Ac+AcCo+Co+PaCo+Pa):Genere,
  eliminate=mu:BS:Genere, family = poisson, data = mat.
  dis)
lambda.sim1 <- round(coef(mod.bs.gen1), 1)
worth.sim1 <- stime.worth(lambda.sim1)

```

Codice A.10: Secondo studio di simulazione: scale di preferenza diverse

```

# scelti i parametri  $\lambda$  in modo tale che le scale di preferenza dei
  quattro gruppi di soggetti siano diverse tra di loro

lambda.sim2 <- c(1.0, -0.5, 1.5, -0.3, 0, # ruoli
  1.2, 1.9, -0.6, 0.2, 0, # ruoli:
  Genere
  -0.5, 0.9, -0.4, 1.9, 0) # ruoli:BS
worth.sim2 <- stime.worth(lambda.sim2)

```

Codice A.11: Terzo studio di simulazione: due scale di preferenza simili e diverse dalle altre due

```

# scelti i parametri  $\lambda$  in modo tale che le scale di preferenza dei
  soggetti maschi e femmine con un basso livello di sessismo
  benevolo siano simili, mentre quelle dei soggetti maschi e femmine
  con un alto livello di sessismo benevolo siano diverse tra di
  loro

lambda.sim3 <- c(-0.2, 2.0, 0.7, 0.8, 0.0, # ruoli
  0.1, -0.2, -0.1, -0.3, 0.0, # ruoli:Genere
  1.2, -1.5, 0.0, 0.5, 0.0) # ruoli:BS
worth.sim3 <- stime.worth(lambda.sim3)

```

Codice A.12: Quarto studio di simulazione: tre gruppi di soggetti con un diverso livello di sessismo benevolo e diversa scala di preferenza

```

# tre gruppi di soggetti con un diverso livello di sessismo benevolo e
# diversa scala di preferenza
# considero solo l'albero con la variabile BS categoriale e quello con
# la variabile BS numerica

# numerosità dei tre gruppi
n1.bs <- n1 + n2
n2.bs <- n3 + n4
n.bs <- n1.bs +n2.bs

# matrice del disegno nel primo scenario
a.sim2 <- matrix(ncol = 2, nrow = n.bs)
a.sim2[1:(n1+n2),2] <- runif((n1+n2),1,1.8)
#primo livello di sessismo benevolo
a.sim2[(n1+n2+1):(n1+n2+n3),2] <- c(runif(n3,3,4))
#secondo livello di sessismo benevolo alto
a.sim2[(n1+n2+n3+1):n,2] <- c(runif(n4,5,6))
#terzo livello di sessismo benevolo
a.sim2[,1] <- ifelse(a.sim2[,2] <= median(a.sim2[,2]), 1, 2)
#divido secondo la mediana

# matrice del disegno nel secondo scenario
a.sim3 <- matrix(ncol = 2, nrow = n.bs)
a.sim3[1:(n1+n2),2] <- runif((n1+n2),1,2)
# creo la variabili bs numerica per bs basso
a.sim3[(n1+n2+1):(n1+n2+n3),2] <- c(runif(n3,2,3))
# creo la variabili bs numerica per bs alto
a.sim3[(n1+n2+n3+1):n,2] <- c(runif(n4,3,4))
# creo la variabili bs numerica per bs alto
a.sim3[,1] <- ifelse(a.sim3[,2] <= median(a.sim3[,2]), 1, 2)
# divido secondo la mediana

# i parametri  $\lambda$  scelti
lambda.sim4 <- c(0.03, 0.88, -0.42, -0.41, 0.0,
                0.7, -1.55, -0.25, 0.08, 0.0,
                -0.6, -0.2, 1.2, 1.1, 0.0)
# calcolo i parametri di valore
worth.sim4 <- matrix(ncol = 3, nrow =5)
worth.sim4[,1] <- exp(2*(lambda.sim4[1:5]))/sum(exp(2*lambda.sim4
[1:5])) # bs1
worth.sim4[,2] <- exp(2*(lambda.sim4[1:5]+lambda.sim4[6:10]))/sum(exp
(2*lambda.sim4[1:5]+lambda.sim4[6:10])) # bs2

```

```

worth.sim4[,3] <- exp(2*(lambda.sim4[1:5]+lambda.sim4[11:15]))/sum(exp
  (2*(lambda.sim4[1:5]+lambda.sim4[11:15]))) # bs3
colnames(worth.sim4) <- c("BS1", "BS2", "BS3")
row.names(worth.sim4) <- nomi.oggetti

# Liste vuote per contenere i risultati dei modelli
# Albero con BS categoriale
mod.bt.albero <- vector("list", 4)
names(mod.bt.albero) <- c("albero", "worth", "struttura", "
  noditerminali")
mod.bt.albero$albero <- vector("list", nsim) # per l'albero
mod.bt.albero$worth <- vector("list", nsim) # per i parametri di
  valore
mod.bt.albero$struttura <- vector("list", nsim) # per la struttura
  dell'albero
mod.bt.albero$noditerminali <- vector("list", nsim) # per il numero
  di nodi terminali dell'albero
# Albero con BS numerico
mod.bt.albero.num <- vector("list", 4)
names(mod.bt.albero.num) <- c("albero", "worth", "struttura", "
  noditerminali")
mod.bt.albero.num$albero <- vector("list", nsim) #per l'albero
mod.bt.albero.num$worth <- vector("list", nsim) #per i parametri
  di valore
mod.bt.albero.num$struttura <- vector("list", nsim) #per la
  struttura dell'albero
mod.bt.albero.num$noditerminali <- vector("list", nsim) # per il
  numero di nodi terminali dell'albero

# la simulazione
for(i in seq(nsim)){
  dati.nuovi <- crea.dataset.bs(worth.sim4, a.sim2)
  mod.bt.albero <- albero.bt.bs(dati.nuovi, 5, passo=i, nomi.oggetti,
    mod.bt.albero, bs.num=FALSE)
  mod.bt.albero.num <- albero.bt.bs(dati.nuovi, 5, passo=i, nomi.
    oggetti, mod.bt.albero.num, bs.num=TRUE)
}

# conta il numero di strutture con lo stesso numero di nodi terminali
  nel caso dell'albero con BS categoriale
tipo.alberi <- rep(NA, nsim)
for(i in 1:nsim) {tipo.alberi[i] <- mod.bt.albero$noditerminali[[i]]}
table(tipo.alberi)

# conta il numero di strutture con lo stesso numero di nodi terminali
  nel caso dell'albero con BS numerico

```

```
tipo.alberi.num <- rep(NA, nsim)
for(i in 1:nsim) {tipo.alberi.num[i] <- mod.bt.albero.num$
  noditerminali[[i]]}
table(tipo.alberi.num)

# per visualizzare le strutture degli alberi con 1,2,3 e 4 nodi
  terminali
table(alb.struttura(0, 1, mod.bt.albero))
table(alb.struttura(0, 2, mod.bt.albero))
table(alb.struttura(0, 3, mod.bt.albero))
table(alb.struttura(0, 4, mod.bt.albero))
```
