

# Retinopathy - Sequential Logit Models

January 25, 2024

```
library(catdata)
data(retinopathy)
```

For sequential models again the "vglm"-function from the "VGAM"-library is needed, but now family option "sratio" is required.

```
library(VGAM)
## Warning: Paket 'VGAM' wurde unter R Version 4.2.3 erstellt
```

Now several sequential logit models are fitted and compared by their corresponding deviances. The first model is the sequential logit model with all category-specific effects, so the option "parallel=FALSE" is used.

```
seqm1 <- vglm(RET ~ SM + DIAB + GH + BP, family = sratio (link="logit",
parallel=FALSE), data = retinopathy)

## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
```







```

## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")

deviance(seqm1)

## [1] 891.4193

```

No category-specific effect for DIAB:

```

seqm2 <- vglm(RET ~ SM + DIAB + GH + BP, family = sratio (link="logit",
parallel=FALSE ~ SM + GH + BP), data = retinopathy)

## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")

```





```
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")

deviance(seqm2)
```

Testing the removed effect:

```
1-pchisq(deviance(seqm2)-deviance(seqm1), df=1)
## [1] 0.8781324
```

No category-specific effect for GH:

```
seqm3 <- vglm(RET ~ SM + DIAB + GH + BP, family = sratio (link="logit",
parallel=FALSE ~ SM + BP), data = retinopathy)

## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
```







```
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")

deviance(seqm3)
```

Testing the removed effect:

```
1-pchisq(deviance(seqm3)-deviance(seqm2), df=1)
## [1] 0.8716468
```

No category-specific effect for BP:

```
seqm4 <- vglm(RET ~ SM + DIAB + GH + BP, family = sratio (link="logit",
parallel=FALSE ~ SM), data = retinopathy)

## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
```





```
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")

deviance(seqm4)
```

Testing the removed effect:

```
1-pchisq(deviance(seqm4)-deviance(seqm3), df=1)
## [1] 0.4760739
```

No category-specific effect for GH (only global effects):

```
seqm5 <- vglm(RET ~ SM + DIAB + GH + BP, family = sratio (link="logit",
parallel=TRUE), data = retinopathy)

## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
```







```
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")

deviance(seqm5)
```

Testing the removed effect:

```
1-pchisq(deviance(seqm5)-deviance(seqm4), df=1)
## [1] 0.01664239
```

As the last test is significant, model "seqm4" is analyzed in detail.

```
summary(seqm4)

## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
## Warning: 'logit' ist veraltet.
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'
## Siehe help("Deprecated")
```

















```
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'  
## Siehe help("Deprecated")  
## Warning: 'logit' ist veraltet.  
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'  
## Siehe help("Deprecated")  
## Warning: 'logit' ist veraltet.  
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'  
## Siehe help("Deprecated")  
## Warning: 'logit' ist veraltet.  
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'  
## Siehe help("Deprecated")  
## Warning: 'logit' ist veraltet.  
## Benutzen Sie stattdessen 'logitlink'  
## Siehe help("Deprecated")
```

= "logit",

[Y=2|Y>=2])

(s):

The summary gives no p-values for the individual covariates, they have to be computed separately. For this purpose the t-values are copied from the summary. The quadratic t-values are the wald-statistics which can be used to produce the individual p-values.

p-value intercept1:

```
1 - pchisq(9.5223^2, df=1)
## [1] 0
```

p-value intercept2:

```
1 - pchisq(8.9957^2, df=1)
## [1] 0
```

p-value SM1:

```
1 - pchisq((-1.8646)^2, df=1)
## [1] 0.06223749
```

p-value SM2:

```
1 - pchisq(1.5687^2, df=1)
## [1] 0.1167179
```

p-value DIAB:

```
1 - pchisq((-10.4303)^2, df=1)
## [1] 0
```

p-value GH:

```
1 - pchisq((-6.3116)^2, df=1)
## [1] 2.761653e-10
```

p-value BP:

```
1 - pchisq((-5.1037)^2, df=1)
## [1] 3.330761e-07
```

To receive the corresponding odds-ratios, the following command can be used.

```
exp(coefficients(seqm4)[3:7])
##      SM:1      SM:2      DIAB      GH      BP
## 0.6855376 1.6335785 0.8796526 0.6539010 0.9396286
```