

# Analisi dei dati studio Covid-19 e vaccinazioni

6/30/2021

N= 109

## Analisi descrittive delle variabili demografiche

Media e deviazione standard dell'età sul campione aggregato e sui tre campioni separatamente

1= IULM, 2= Sigmund Freud University, 3= Kore

```
pander(summary(data$eta)); pander(sd(data$eta))
```

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.
20	21	22	22.44	23	41

2.891

```
eta.desc<- summarySE(data, measurevar="eta", groupvars=c("raccolta_dati"), na.rm=TRUE)  
pander(eta.desc)
```

raccolta_dati	N	eta	sd	se	ci
1	52	21.44	1.018	0.1411	0.2833
2	43	23.4	3.36	0.5125	1.034
3	14	23.21	4.611	1.232	2.662

Frequenze per la variabile genere sul campione aggregato e sui tre campioni separatamente

```
data$genere<- as.factor(data$genere)  
pander(summary(data$genere))
```

Campione aggregato

Altro	F	M
1	100	8

```
iulm$genere<- as.factor(iulm$genere)  
pander(summary(iulm$genere))
```

IULM

F	M
50	2

```
sfu$genere<- as.factor(sfu$genere)
pander(summary(sfu$genere))
```

Sigmund Freud University

Altro	F	M
1	37	5

```
kore$genere<- as.factor(kore$genere)
pander(summary(kore$genere))
```

Kore

F	M
13	1

**Media e SD dell'orientamento politico nel campione aggregato e nei tre campioni separatamente**

1= IULM, 2= Sigmund Freud University, 3= Kore

-4 = estrema sinistra; +4= estrema destra

```
pander(summary(data$orientamento_politico)); pander(sd(data$orientamento_politico))
```

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.	NA's
-3	-3	-2	-1.355	-1	4	47

NA

```
orientamento.desc<- summarySE(data, measurevar="orientamento_politico", groupvars=c("raccolta_dati"), na.rm=T)
pander(orientamento.desc)
```

raccolta_dati	N	orientamento_politico	sd	se	ci
1	32	-1.406	1.434	0.2534	0.5169
2	24	-1.292	1.732	0.3534	0.7312
3	6	-1.333	2.251	0.9189	2.362

**Frequenze per la variabile educazione sul campione aggregato e sui tre campioni separatamente**

1= medo di un diploma di scuola superiore; 2= diploma di scuola superiore o equivalente; 3= Università, senza conseguire la laurea; 4= Laurea triennale; 5= Laurea magistrale; 6= diploma di specializzazione

```
data$educazione<- as.factor(data$educazione)
pander(summary(data$educazione))
```

Campione aggregato

2	3	4	5
34	52	21	2

```
iulm$educazione<- as.factor(iulm$educazione)
pander(summary(iulm$educazione))
```

IULM

2	3	4
22	27	3

```
sfu$educazione<- as.factor(sfu$educazione)
pander(summary(sfu$educazione))
```

Sigmund Freud University

2	3	4	5
9	14	18	2

```
kore$educazione<- as.factor(kore$educazione)
pander(summary(kore$educazione))
```

Kore

2	3
3	11

Frequenze per la variabile occupazione sul campione aggregato e sui tre campioni separatamente

1= full time; 2= part time; 3= studente; 4= pensionato; 5= disoccupato; 6= altro

```
data$occupazione<- as.factor(data$occupazione)
pander(summary(data$occupazione))
```

Campione aggregato

1	2	3	5	6
2	5	99	2	1

```
iulm$occupazione<- as.factor(iulm$occupazione)
pander(summary(iulm$occupazione))
```

IULM

1	2	3
1	3	48

```
sfu$occupazione<- as.factor(sfu$occupazione)
pander(summary(sfu$occupazione))
```

Sigmund Freud University

1	2	3	5	6
1	1	39	1	1

```
kore$occupazione<- as.factor(kore$occupazione)
pander(summary(kore$occupazione))
```

Kore

2	3	5
1	12	1

Frequenze per la variabile residenza sul campione aggregato e sui tre campioni separatamente

1= Italia; 2= Estero

```
data$residenza<- as.factor(data$residenza)
pander(summary(data$residenza))
```

Campione aggregato

1	2
105	4

```
iulm$residenza<- as.factor(iulm$residenza)
pander(summary(iulm$residenza))
```

IULM

1	2
50	2

```
sfu$residenza<- as.factor(sfu$residenza)
pander(summary(sfu$residenza))
```

### Sigmund Freud University

1	2
41	2

```
kore$residenza<- as.factor(kore$residenza)
pander(summary(kore$residenza))
```

### Kore

1
14

### Frequenze per la variabile fonte di informazione

1= si, ho usato questa fonte di informazione; 2= no, non ho usato questa fonte di informazione

### Campione aggregato

```
data$info_social<- as.factor(data$info_social)
pander(summary(data$info_social))
```

### Social

0	1
47	62

```
data$info_TV<- as.factor(data$info_TV)
pander(summary(data$info_TV))
```

### TV

0	1
38	71

```
data$info_giornali<- as.factor(data$info_giornali)
pander(summary(data$info_giornali))
```

### Giornali

0	1
96	13

```
data$info_internet<- as.factor(data$info_internet)
pander(summary(data$info_internet))
```

### Internet

0	1
25	84

```
data$info_medico<- as.factor(data$info_medico)
pander(summary(data$info_medico))
```

### Medico curante

0	1
102	7

```
data$info_persone<- as.factor(data$info_persone)
pander(summary(data$info_persone))
```

### Persone vicine

0	1
72	37

### Frequenze per la variabile ho fatto il faccino

1 = sì, appartengo a una delle categorie professionali per cui è stata prevista la vaccinazione; 2 = sì, appartengo a una delle categorie di popolazione fragile/vulnerabile; 3 = no, non ho intenzione di farlo; 4 = no, non ho ancora avuto la possibilità di farlo; 5 = preferisco non rispondere

```
data$vaccino<- as.factor(data$vaccino)
pander(summary(data$vaccino))
```

### Campione aggregato

1	2	3	4	5
4	13	8	82	2

```
iulm$vaccino<- as.factor(iulm$vaccino)
pander(summary(iulm$vaccino))
```

## IULM

2	3	4	5
2	4	45	1

```
sfu$vaccino<- as.factor(sfu$vaccino)
pander(summary(sfu$vaccino))
```

## Sigmund Freud University

1	2	3	4	5
4	7	3	28	1

```
kore$vaccino<- as.factor(kore$vaccino)
pander(summary(kore$vaccino))
```

## Kore

2	3	4
4	1	9

## Frequenze per la variabile ho contratto il covid

1 = no; 2 = si, con sintomatologia lieve; 3 = si, con sintomatologia severa (es. necessità di ossigeno a domicilio, necessità di ricovero); 4 = preferisco non rispondere

```
data$covid<- as.factor(data$covid)
pander(summary(data$covid))
```

## Campione aggregato

1	2	3
88	20	1

```
iulm$covid<- as.factor(iulm$covid)
pander(summary(iulm$covid))
```

## IULM

1	2
44	8

```
sfu$covid<- as.factor(sfu$covid)
pander(summary(sfu$covid))
```

**Sigmund Freud University**

1	2	3
32	10	1

```
kore$covid<- as.factor(kore$covid)
pander(summary(kore$covid))
```

**Kore**

1	2
12	2

**Frequenze per la variabile le persone vicine a me hanno contratto il covid**

1 = no; 2 = si, con sintomatologia lieve; 3 = si, con sintomatologia severa (es. necessità di ossigeno a domicilio, necessità di ricovero); 4 = preferisco non rispondere

```
data$covid_contatti<- as.factor(data$covid_contatti)
pander(summary(data$covid_contatti))
```

**Campione aggregato**

1	2	3
18	55	36

```
iulm$covid_contatti<- as.factor(iulm$covid_contatti)
pander(summary(iulm$covid_contatti))
```

**IULM**

1	2	3
7	30	15

```
sfu$covid_contatti<- as.factor(sfu$covid_contatti)
pander(summary(sfu$covid_contatti))
```

**Sigmund Freud University**

1	2	3
9	16	18

```
kore$covid_contatti<- as.factor(kore$covid_contatti)
pander(summary(kore$covid_contatti))
```

**Kore**

1	2	3
2	9	3

### Frequenze per la variabile condizione

1 = salienza ospedalizzazioni; 2 = salienza contagi

```
data$condizione<- as.factor(data$condizione)
pander(summary(data$condizione))
```

**Campione aggregato**

1	2
55	54

```
iulm$condizione<- as.factor(iulm$condizione)
pander(summary(iulm$condizione))
```

**IULM**

1	2
28	24

```
sfu$condizione<- as.factor(sfu$condizione)
pander(summary(sfu$condizione))
```

**Sigmund Freud University**

1	2
22	21

```
kore$condizione<- as.factor(kore$condizione)
pander(summary(kore$condizione))
```

**Kore**

1	2
5	9

## Test delle ipotesi

### Campione aggregato

Modello:

DV ~ vaccino \* condizione + genere + + (1|id)

Ipotesi:

Dovrebbe esserci un effetto significativo ( $p < .05$ ) dell'interazione vaccino \* condizione, cioè la variabile dipendente dovrebbe variare a seconda del vaccino valutato (66% contro 94%) e della condizione di salienza (ospedalizzazione contro contagi) a cui il partecipante è stato sottoposto

```
protetto.mod<-lmer(valutazione_protetto ~ vaccino * condizione + genere + (1|id), data=data.protetto)
pander(anova(protetto.mod))
```

### VD: quanto ti sentiresti protetto

Table 43: Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
<b>vaccino</b>	216.6	216.6	1	107	147.5	7.401e-22
<b>condizione</b>	1.387	1.387	1	105	0.9446	0.3333
<b>genere</b>	3.098	1.549	2	105	1.055	0.3519
<b>vaccino:condizione</b>	4.406	4.406	1	107	3.001	0.08609

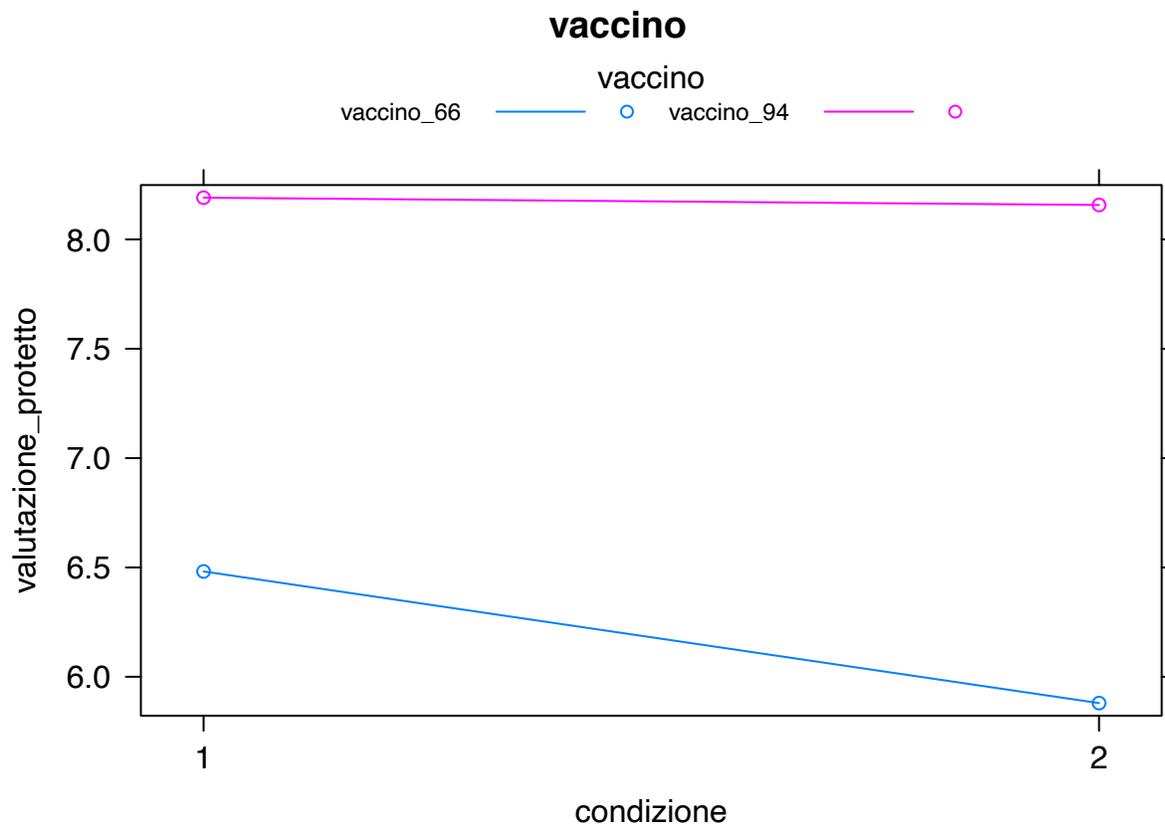
```
summary(protetto.mod)
```

```
## Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
## lmerModLmerTest]
## Formula: valutazione_protetto ~ vaccino * condizione + genere + (1 | id)
## Data: data.protetto
##
## REML criterion at convergence: 845.6
##
## Scaled residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.79458 -0.50541  0.01277  0.53095  1.92804
##
## Random effects:
## Groups Name          Variance Std.Dev.
## id      (Intercept)  2.137   1.462
## Residual                    1.468   1.212
## Number of obs: 218, groups: id, 109
##
## Fixed effects:
##              Estimate Std. Error    df t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      8.1455    1.6982 105.9764   4.796 5.31e-06 ***
## vaccinovaccino_94  1.7091    0.2311 107.0000   7.397 3.30e-11 ***
## condizione2      -0.6020    0.3658 154.9546  -1.646  0.1018
## genereF          -1.6293    1.7103 105.0000  -0.953  0.3429
## genereM          -2.3014    1.8086 105.0000  -1.272  0.2060
## vaccinovaccino_94:condizione2  0.5687    0.3283 107.0000   1.732  0.0861 .
```

```
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
##          (Intr) vcc_94 cndzn2 generF generM
## vccvccn_94 -0.068
## condizione2 -0.021  0.316
## genereF      -0.988  0.000 -0.084
## genereM      -0.935  0.000 -0.101  0.939
## vccnvc_94:2  0.048 -0.704 -0.449  0.000  0.000
```

- Le persone si sentono generalmente più protette all'idea di essere vaccinati con il vaccino 94% ( $p < .001$ ).
- L'effetto dell'interazione vaccino \* condizione tende alla significatività ( $p = .086$ ), mostrando che, mentre le valutazioni del vaccino 94% restano invariate a seconda della condizione sperimentale, le valutazioni del vaccino 66% sono più basse nella condizione di salienza contagio rispetto alla condizione di salienza ospedalizzazione (vedere figura sotto)

```
plot(Effect(c("condizione", "vaccino"), protetto.mod), "condizione", "vaccino", multiline = T)
```



```
##### VD: quanto ritieni affidabile
```

```
affidabile.mod <- lmer(valutazione_affidabile ~ vaccino * condizione + genere + (1|id), data=data.affidabile)
pander(anova(affidabile.mod))
```

Table 44: Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
<b>vaccino</b>	110.6	110.6	1	107	90.47	6.508e-16
<b>condizione</b>	0.09999	0.09999	1	105	0.08176	0.7755

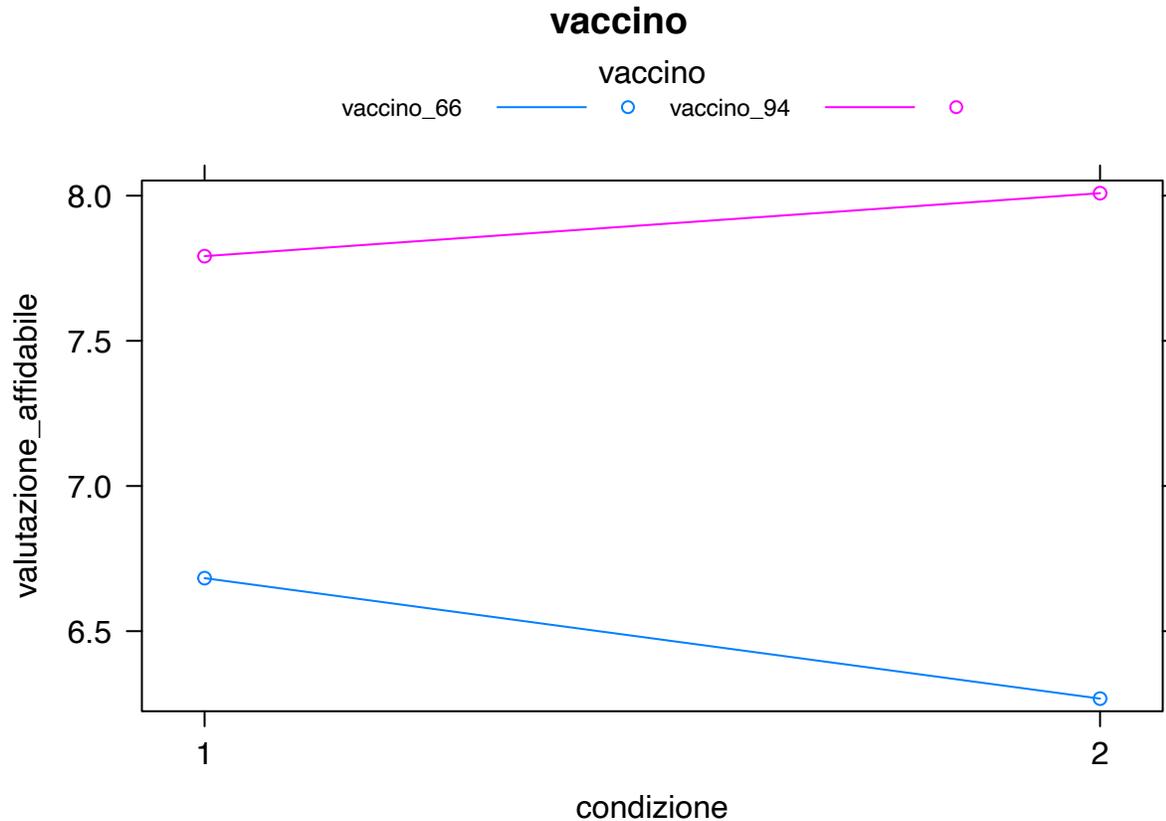
	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
<b>genere</b>	2.096	1.048	2	105	0.857	0.4274
<b>vaccino:condizione</b>	5.436	5.436	1	107	4.445	0.03735

```
summary(affidabile.mod)
```

```
## Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
## lmerModLmerTest]
## Formula: valutazione_affidabile ~ vaccino * condizione + genere + (1 | id)
## Data: data.affidabile
##
## REML criterion at convergence: 838.1
##
## Scaled residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.29727 -0.49547  0.02619  0.45599  2.16609
##
## Random effects:
## Groups Name          Variance Std.Dev.
## id      (Intercept)  2.610   1.615
## Residual                1.223   1.106
## Number of obs: 218, groups: id, 109
##
## Fixed effects:
##              Estimate Std. Error      df t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      8.4455    1.7979 105.7248   4.697 7.96e-06 ***
## vaccinovaccino_94  1.1091    0.2109 107.0000   5.259 7.47e-07 ***
## condizione2     -0.4148    0.3773 143.0636  -1.100  0.2734
## genereF         -1.7365    1.8117 105.0000  -0.958  0.3400
## genereM         -2.3131    1.9159 105.0000  -1.207  0.2300
## vaccinovaccino_94:condizione2  0.6316    0.2996 107.0000   2.108  0.0373 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
##              (Intr) vcc_94 cndzn2 generF generM
## vccnvccn_94 -0.059
## condizione2 -0.016  0.279
## genereF     -0.989  0.000 -0.086
## genereM     -0.935  0.000 -0.104  0.939
## vccnvc_94:2  0.041 -0.704 -0.397  0.000  0.000
```

- Le persone valutano come più affidabile il vaccino al 94% ( $p < .001$ ).
- L'interazione vaccino \* condizione è significativa ( $p = .037$ ), mostrando che, mentre le valutazioni del vaccino 94% sono più alte nella condizione di salienza contagi rispetto alla condizione di salienza ospedalizzazione, le valutazioni del vaccino 66% sono più basse nella condizione di salienza contagi rispetto alla condizione di salienza ospedalizzazione (vedere figura sotto). Da notare che i coefficienti delle due curve non sono significativi (i beta non sono diversi da zero), ma la significatività dell'interazione è dovuta al fatto che i coefficienti hanno segno diverso (i beta sono diversi tra loro) (vedere figura sotto).

```
plot(Effect(c("condizione", "vaccino"), affidabile.mod), "condizione", "vaccino", multiline = T)
```



```
disponibilita.mod<-lmer(valutazione_disponibilita ~ vaccino * condizione + genere + (1|id), data=data.d
pander(anova(disponibilita.mod))
```

VD: quanto saresti disponibile a farti vaccinare

Table 45: Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
<b>vaccino</b>	131.5	131.5	1	107	69.65	2.716e-13
<b>condizione</b>	4.589	4.589	1	105	2.431	0.122
<b>genere</b>	6.836	3.418	2	105	1.811	0.1686
<b>vaccino:condizione</b>	5.476	5.476	1	107	2.901	0.09145

```
summary(disponibilita.mod)
```

```
## Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
## lmerModLmerTest]
## Formula: valutazione_disponibilita ~ vaccino * condizione + genere + (1 |
## id)
## Data: data.disponibilita
##
## REML criterion at convergence: 933.2
```

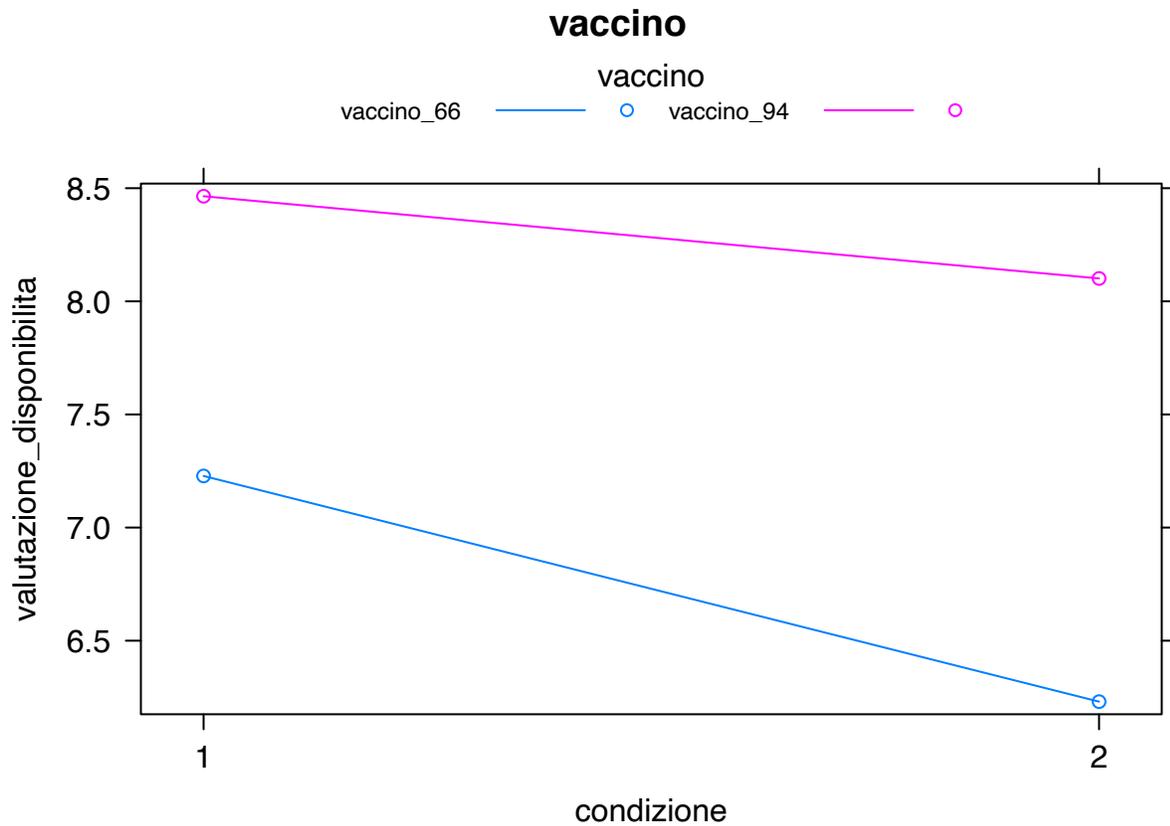
```

##
## Scaled residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.39809 -0.37017 -0.01948  0.57916  2.06298
##
## Random effects:
##  Groups   Name      Variance Std.Dev.
##  id       (Intercept) 4.173    2.043
##  Residual                1.888    1.374
## Number of obs: 218, groups: id, 109
##
## Fixed effects:
##
##              Estimate Std. Error      df t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      9.3818    2.2659 105.7044   4.140 6.99e-05 ***
## vaccinovaccino_94  1.2364    0.2620 107.0000   4.719 7.22e-06 ***
## condizione2     -0.9974    0.4745 142.0581  -2.102  0.0373 *
## genereF         -2.0716    2.2834 105.0000  -0.907  0.3664
## genereM         -3.4497    2.4148 105.0000  -1.429  0.1561
## vaccinovaccino_94:condizione2  0.6340    0.3723 107.0000   1.703  0.0914 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
##              (Intr) vcc_94 cndzn2 generF generM
## vccnvccn_94 -0.058
## condizione2 -0.016  0.276
## genereF     -0.989  0.000 -0.086
## genereM     -0.935  0.000 -0.104  0.939
## vccnvc_94:2  0.041 -0.704 -0.392  0.000  0.000

```

- Le persone sarebbero più disponibili a farsi vaccinare con il vaccino al 94% ( $p < .001$ ), e sarebbero generalmente più disponibili a farsi vaccinare le persone esposte alla condizione disalienza delle ospedalizzazioni ( $p = .037$ ).
- L'interazione vaccino \* condizione tende alla significatività ( $p = .091$ ), mostrando che l'effetto della condizione sperimentale è maggiore per il vaccino 66% rispetto al vaccino 94%. In altre parole, mentre le valutazioni del vaccino 94% differivano poco tra condizioni sperimentali, le valutazioni del vaccino 66% variavano maggiormente tra condizioni sperimentali di salienza contagi versus ospedalizzazioni, con disponibilità più bassa a farsi vaccinare nella condizione di salienza dei contagi (vedere figura sotto).

```
plot(Effect(c("condizione", "vaccino"), disponibilita.mod), "condizione", "vaccino", multiline = T)
```



```
fiducia.mod<-lmer(valutazione_fiducia ~ vaccino * condizione + genere + (1|id), data=data.fiducia)
pander(anova(fiducia.mod))
```

VD: quanto ti fidi

Table 46: Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
<b>vaccino</b>	88.93	88.93	1	107	61.11	3.997e-12
<b>condizione</b>	1.893	1.893	1	105	1.301	0.2567
<b>genere</b>	2.909	1.454	2	105	0.9994	0.3716
<b>vaccino:condizione</b>	3.167	3.167	1	107	2.176	0.1431

```
summary(fiducia.mod)
```

```
## Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
## lmerModLmerTest]
## Formula: valutazione_fiducia ~ vaccino * condizione + genere + (1 | id)
## Data: data.fiducia
##
## REML criterion at convergence: 879.9
##
## Scaled residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
```

```

## -2.82621 -0.38333 0.01259 0.42049 2.54678
##
## Random effects:
## Groups Name Variance Std.Dev.
## id (Intercept) 3.288 1.813
## Residual 1.455 1.206
## Number of obs: 218, groups: id, 109
##
## Fixed effects:
## Estimate Std. Error df t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 8.4818 2.0072 105.6919 4.226 5.07e-05 ***
## vaccinovaccino_94 1.0364 0.2300 107.0000 4.505 1.70e-05 ***
## condizione2 -0.6820 0.4197 141.4382 -1.625 0.106
## genereF -1.6290 2.0228 105.0000 -0.805 0.422
## genereM -2.4744 2.1391 105.0000 -1.157 0.250
## vaccinovaccino_94:condizione2 0.4822 0.3268 107.0000 1.475 0.143
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
## (Intr) vcc_94 cndzn2 generF generM
## vccvccn_94 -0.057
## condizione2 -0.016 0.274
## genereF -0.989 0.000 -0.086
## genereM -0.935 0.000 -0.104 0.939
## vccvnc_94:2 0.040 -0.704 -0.389 0.000 0.000

```

- Le persone si fidano di più del vaccino al 94%, e questo è indipendente dall'effetto della condizione di salienza a cui sono state sottoposte.
- Nessun effetto dell'interazione vaccino \* condizione.

```

ritieni.sicuro.mod<-lmer(valutazione_ritieni_sicuro ~ vaccino * condizione + genere + (1|id), data=data,
pander(anova(ritieni.sicuro.mod))

```

## VD: quanto ritieni sicuro

Table 47: Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
<b>vaccino</b>	75.57	75.57	1	107	56.62	1.74e-11
<b>condizione</b>	0.2143	0.2143	1	105	0.1606	0.6894
<b>genere</b>	3.292	1.646	2	105	1.233	0.2956
<b>vaccino:condizione</b>	7.04	7.04	1	107	5.275	0.02358

```
summary(ritieni.sicuro.mod)
```

```

## Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
## lmerModLmerTest]
## Formula: valutazione_ritieni_sicuro ~ vaccino * condizione + genere +
## (1 | id)
## Data: data.ritieni.sicuro
##

```

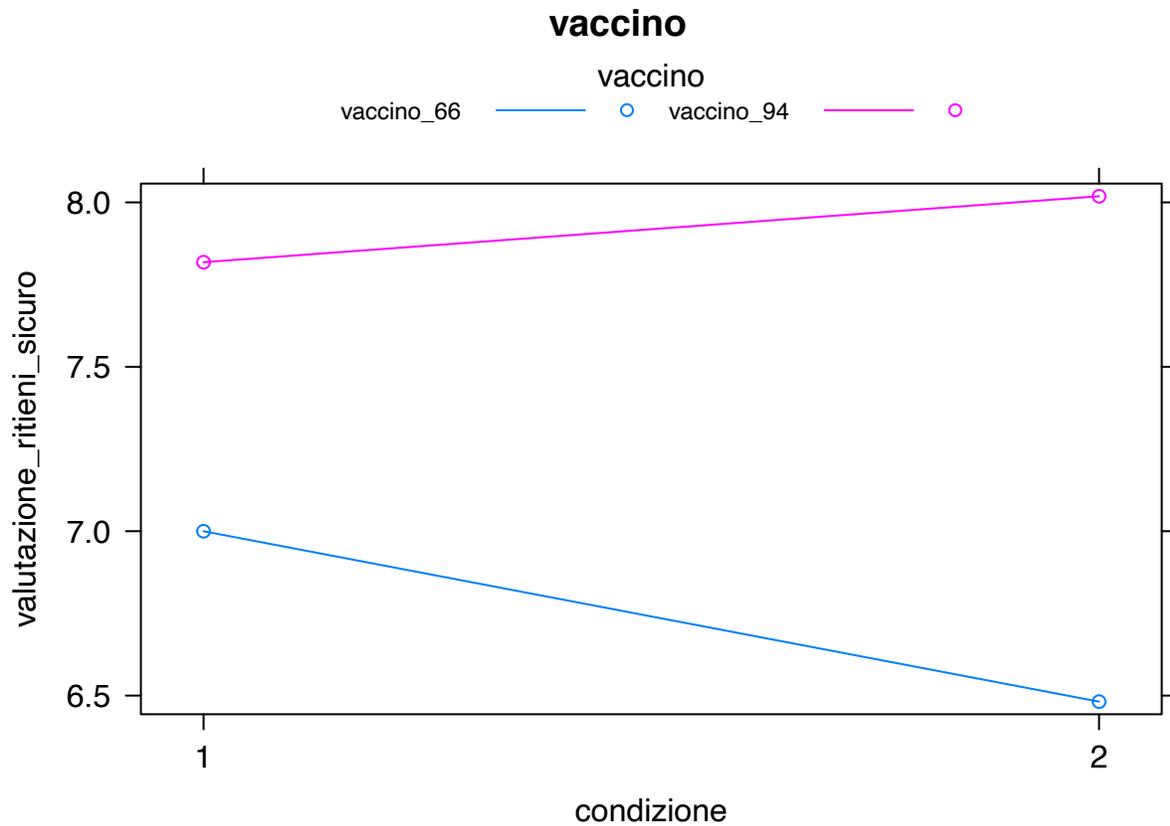
```

## REML criterion at convergence: 875.8
##
## Scaled residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.97242 -0.42948 -0.00311  0.56812  2.62198
##
## Random effects:
##  Groups   Name      Variance Std.Dev.
##  id       (Intercept) 3.549    1.884
##  Residual          1.335    1.155
## Number of obs: 218, groups: id, 109
##
## Fixed effects:
##              Estimate Std. Error    df t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      6.3151    0.7749 109.3294   8.149 6.58e-13 ***
## vaccinovaccino_94  0.8182    0.2203 107.0000   3.714 0.000326 ***
## condizione2      -0.5182    0.4260 137.0497  -1.217 0.225884
## genereAltro       3.2758    2.1920 105.0000   1.494 0.138067
## genereF           0.7136    0.7564 105.0000   0.943 0.347636
## vaccinovaccino_94:condizione2  0.7189    0.3130 107.0000   2.297 0.023580 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
##      (Intr) vcc_94 cndzn2 gnrAlt generF
## vccnvccn_94 -0.142
## condizione2 -0.334  0.259
## genereAltro -0.346  0.000  0.105
## genereF     -0.922  0.000  0.066  0.326
## vccnvc_94:2  0.100 -0.704 -0.367  0.000  0.000

```

- Le persone tendono a valutare il vaccino 94% come più sicuro ( $p < .001$ ).
- L'interazione vaccino \* condizione è significativa ( $p = .023$ ), mostrando che, le persone esposte alla condizione di salienza dei contagi ritengono più sicuro il vaccino a 94% e meno sicuro il vaccino al 66% rispetto alle persone nella condizione di salienza delle ospedalizzazioni. In altre parole, nella condizione di salienza dei contagi la differenza tra le valutazioni dei vaccini è maggiore rispetto alla differenza tra le valutazioni dei vaccini nella condizione di salienza delle ospedalizzazioni (vedere figura sotto).

```
plot(Effect(c("condizione", "vaccino"), ritieni.sicuro.mod), "condizione", "vaccino", multiline = T)
```



```
ritieni.sicuro.mod<-lmer(valutazione_sentiresti_sicuro ~ vaccino * condizione + genere + (1|id), data=d
pander(anova(ritieni.sicuro.mod))
```

VD: quanto ti sentiresti sicuro

Table 48: Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
<b>vaccino</b>	82.89	82.89	1	107	59.37	7.044e-12
<b>condizione</b>	1.863	1.863	1	105	1.334	0.2507
<b>genere</b>	5.043	2.522	2	105	1.806	0.1694
<b>vaccino:condizione</b>	10.23	10.23	1	107	7.329	0.0079

```
summary(ritieni.sicuro.mod)
```

```
## Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
## lmerModLmerTest]
## Formula: valutazione_sentiresti_sicuro ~ vaccino * condizione + genere +
## (1 | id)
## Data: data.sentiresti.sicuro
##
## REML criterion at convergence: 895.2
##
## Scaled residuals:
```

```

##      Min      1Q   Median      3Q      Max
## -2.81830 -0.46763 -0.04892  0.50616  2.54150
##
## Random effects:
## Groups   Name      Variance Std.Dev.
## id       (Intercept) 4.146    2.036
## Residual                1.396    1.182
## Number of obs: 218, groups: id, 109
##
## Fixed effects:
##              Estimate Std. Error      df t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      7.2253    0.3232 133.5560  22.358 < 2e-16 ***
## vaccinovaccino_94  0.8000    0.2253 107.0000   3.550 0.000573 ***
## condizione2     -0.9238    0.4538 134.2963  -2.036 0.043747 *
## genereAltro      2.3747    2.2218 105.0000   1.069 0.287610
## genereM         -1.2563    0.8107 105.0000  -1.550 0.124261
## vaccinovaccino_94:condizione2  0.8667    0.3201 107.0000   2.707 0.007900 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Correlation of Fixed Effects:
##      (Intr) vcc_94 cndzn2 gnrAlt genereM
## vccnvccn_94 -0.349
## condizione2 -0.689  0.248
## genereAltro -0.128  0.000  0.088
## genereM     -0.139  0.000 -0.066  0.020
## vccnvc_94:2  0.245 -0.704 -0.353  0.000  0.000

```

- Le persone si sentirebbero più sicure a farsi vaccinare con il vaccino al 94% ( $p < .001$ ).
- Le persone nella condizione di salienza ospedalizzazioni si sentirebbero più sicure a farsi vaccinare ( $p = .044$ ).
- L'interazione vaccino \* condizione è significativa ( $p = .008$ ), mostrando che, mentre le valutazioni del vaccino 94% non cambiano a seconda della condizione sperimentale di salienza a cui le persone sono state sottoposte, le valutazioni del vaccino 66% sono più basse nella condizione di salienza dei contagi rispetto alla condizione di salienza ospedalizzazioni (vedere figura sotto)

```
plot(Effect(c("condizione", "vaccino"), ritieni.sicuro.mod), "condizione", "vaccino", multiline = T)
```

# vaccino

