

# Package ‘sccct’

February 17, 2024

**Type** Package

**Title** Sufficient Condition Conjunction Algorithm Based on Contingency Table

**Version** 1.0

**Date** 2024-02-11

**Author** Wei Xu

**Maintainer** Wei Xu <eric.wxu@hotmail.com>

**Description** Pkg{sccct} is a package to perform the Sufficient Condition Conjunction Algorithm Based on Contingency Table.

**License** GPL (>= 2)

**Encoding** UTF-8

**Imports** plyr, purrr, stringr, admisc, dplyr

**RoxygenNote** 7.1.0

**NeedsCompilation** yes

**ExperimentalWindowsRuntime** ucrt

## R topics documented:

|                              |          |
|------------------------------|----------|
| sccct-package . . . . .      | 2        |
| bocorrection . . . . .       | 2        |
| chi2test . . . . .           | 3        |
| generatecombineall . . . . . | 4        |
| samplescount . . . . .       | 5        |
| scct . . . . .               | 6        |
| sccctonepattern . . . . .    | 7        |
| <b>Index</b>                 | <b>9</b> |

---

|               |  |
|---------------|--|
| scsct-package | <i>Sufficient Condition Conjunction Algorithm Based on Contingency Table</i> |
|---------------|--|

---

### Description

Pkgsccct is a package to perform the Sufficient Condition Conjunction Algorithm Based on Contingency Table.

### Author(s)

**Author:**  
Wei Xu

**Maintainer:**  
Wei Xu <eric.wxu@hotmail.com>

### References

Baumgartner, Michael.(2009). Inferring Causal Complexity. Sociological Methods & Research. 38. 10.1177/0049124109339369.

---

|              |  |
|--------------|--|
| bocorrection | <i>Bonferroni correction for the Chi-squared test.</i> |
|--------------|--|

---

### Description

This function corrects Pearson's Chi-squared test by bonferroni correction.

### Usage

```
bocorrection(screencom,pvaluevec,numofsnps)
```

### Arguments

|           |  |
|-----------|--|
| screencom | the snp combination.                       |
| pvaluevec | the p-value of Pearson's Chi-squared test. |
| numofsnps | the number of SNPs.                        |

### Value

A numeric value of pvalue in the pearsons chisquared by bonferroni correction..

### References

Benjamini, Y. and D. Yekutieli (2001). The control of the false discovery rate in multiple testing under dependency. The Annals of Statistics. 29: 1165-1188.

Examples

```
library(purrr)
library(plyr)
library(stringr)
snps<-data.frame(
V1=c(1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,3,3,1,3,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1),
V2=c(1,3,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,3,1),
V3=c(1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,3,1),
V4=c(2,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1),
V5=c(1,1,2,1,1,1,1,1,3,1,1,2,1,1,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3)
)
class<-c(1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2)
screencom<-c(3,4)
pvalue<-chi2test(screencom,snps,class)
numofsnps<-ncol(snps)
pvaluewithbc<-bocorrection(screencom,pvalue,numofsnps)
```

---

|          |   |
|----------|---|
| chi2test | <i>Chisquaretest for the Pattern in the Source Data</i> |
|----------|---|

---

Description

This function tests whether the pattern is related to the depend variable in the source dataset by Pearson’s Chi-squared test.

Usage

```
chi2test(factor,snps,class)
```

Arguments

- factor            the snp combination.
- snps             the snps matrix,0 denotes the missing data,1 denotes homozygous wild-type alleles, 2 denotes homozygous wild-type alleles,3 denotes homozygous mutant alleles.
- class            the disease vector,1 denotes case and 2 denotes control.

Value

A numeric value of pvalue in the Pearsons Chi-squared test.

References

Haviland MG. Yates’s correction for continuity and the analysis of 2 x 2 contingency tables. Stat Med. 1990 Apr;9(4):363-7; discussion 369-83. doi: 10.1002/sim.4780090403. PMID: 2362976.

**Examples**

```
library(purrr)
library(plyr)
library(stringr)
snps<-data.frame(
  V1=c(1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,3,3,1,3,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1),
  V2=c(1,3,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,3,1),
  V3=c(1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,3,1,3,1),
  V4=c(2,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1),
  V5=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,3,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,2,1,3)
)
class<-c(1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2)
factor<-c(2,3,4)
pvalue<-chi2test(factor,snps,class)
```

---

|                    |  |
|--------------------|--|
| generatecombineall | <i>Generate all the combinations less than or equal to the max order</i> |
|--------------------|--|

---

**Description**

This function generates all the combinations less than or equal to the max order.

**Usage**

```
generatecombineall(conditionalvarvec,maxorder)
```

**Arguments**

|                   |  |
|-------------------|--|
| conditionalvarvec | the vector of the conditional variables. |
| maxorder          | the maximum order specified.             |

**Value**

A list of the combinations.

**References**

Lockwood, Elise,Gibson, Bryan R..Combinatorial tasks and outcome listing: Examining productive listing among undergraduate students[J].Educational Studies in Mathematics.2016,91(2).

**Examples**

```
library(purrr)
library(plyr)
library(stringr)
conditionalvarvec<-c(1:8)
maxorder=3
allcombinations<-generatecombineall(conditionalvarvec,maxorder)
```

---

|              |   |
|--------------|---|
| samplescount | <i>Generate a contingency table for the Source Data</i> |
|--------------|---|

---

## Description

This function generate a contingency table for the source data.

## Usage

```
samplescount(snp, factor, class)
```

## Arguments

|        |  |
|--------|--|
| snp    | the snps matrix,0 denotes the missing data,1 denotes homozygous wild-type alleles, 2 denotes homozygous wild-type alleles,3 denotes homozygous mutant alleles. |
| factor | the snp combination.   |
| class  | the disease vector,1 denotes case and 2 denotes control.   |

## Value

A contingency table for the source data as matrix.

## References

Gravetter, F. J., & Wallnau, L. B. (2010). Essentials of Statistics for the Behavioral Sciences (PSY 200 (300) Quantitative Methods in Psychology). Boston: Cengage Learning.

## Examples

```
library(purrr)
library(plyr)
library(stringr)
snp<-data.frame(
  V1=c(1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,3,3,1,3,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1),
  V2=c(1,3,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,3,1),
  V3=c(1,1,1,1,3,1,1,1,1,2,1,3,1,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,3,1),
  V4=c(2,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1),
  V5=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3)
)
class<-c(1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2)
factor<-c(2,3)
contingencytable<-samplescount(snp,factor,class)
```



```
V1=c(1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,3,3,1,3,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1),
V2=c(1,3,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,3,1),
V3=c(1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,3,1),
V4=c(2,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1),
V5=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V6=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V7=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V8=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2)
)
scctsolution<-scct(scscsamples,mvscscsamples,maxnumofconditions,consistencythreshold,coveragethreshold)
```

---

|                 |   |
|-----------------|---|
| sccttonepattern | <i>Sufficient Condition Conjunction Algorithm Based on Contingency Table by One Pattern</i> |
|-----------------|---|

---

## Description

This function completes the calculation of sccttonepattern analysis.

## Usage

```
sccttonepattern(pattern,scscsamples,mvscscsamples)
```

## Arguments

|               |                                 |
|---------------|---------------------------------|
| pattern       | Pattern.                        |
| scscsamples   | Dataset.                        |
| mvscscsamples | Dataset with multivalue coding. |

## Value

The sccttonepattern solution.

## References

Baumgartner, Michael.(2009). Inferring Causal Complexity. Sociological Methods & Research. 38. 10.1177/0049124109339369.

## Examples

```
#library(cna)
library(purrr)
library(plyr)
library(stringr)
pattern<-c(2,3)
scscsamples<-data.frame(
V1=c(2,1,2,2,2,2,2,2,2,1,2,2,2,1,1,2,1,2,2,2,2,2,2,1,2,2,2,1,2,2,2,2,2,2,2),
V2=c(2,1,2,2,2,1,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,1,2,2,2,2,2,2,1,2,2,2,1,2,2,1,2),
V3=c(2,2,2,2,1,2,2,2,2,1,2,1,2,2,2,2,1,2,2,2,2,2,2,2,2,2,1,2,2,2,2,2,1,2,1,2),
V4=c(1,2,1,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,2,1,2,2,2,2,2,2,1,2,2,2,2,2,2,2,2),
V5=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V6=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V7=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
```

```

V8=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2)
)
mvscsamples<-data.frame(
V1=c(1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,1,1,3,3,1,3,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1),
V2=c(1,3,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,3,1),
V3=c(1,1,1,1,3,1,1,1,2,1,3,1,1,1,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,3,1,3,1),
V4=c(2,1,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1),
V5=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V6=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V7=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2),
V8=c(1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2)
)
sccctonepatternsolution<-sccctonepattern(pattern,sccsamples,mvscsamples)

```



# Index

bocorrection, [2](#)

chi2test, [3](#)

generatecombineall, [4](#)

samplescount, [5](#)

sccct, [6](#)

sccct-package, [2](#)

sccctonepattern, [7](#)