



Evaluation Randomisiert-Kontrollierter Studien und Experimente mit ${\sf R}$

Deskriptive Statistik und Analyse von Dropouts

Prof. Dr. David Ebert & Mathias Harrer

Graduiertenseminar TUM-FGZ

Psychology & Digital Mental Health Care, Technische Universität München

Deskriptive Statistik



Es ist sinnvoll, vor der eigentlichen Analyse der Daten deskriptive Statistiken zu "eyeballen," um u.a. einen Eindruck von der Verteilung der Daten zu bekommen.

Die skim Funktion aus dem package {skimr}

Die skim-Funktion bietet sich zur deskriptiven Statistik an, da sie einen guten Überblick über alle Variablen bietet:

- Zugehörigkeit zu Objektklassen (character oder numeric)
- Anzahl der Missings
- Bei characters: Anzahl uniquer Elemente
- Bei numerics: Mittelwert, Standardabweichung, Perzentile und Häufigkeitsverteilung



library(skimr) skim(data)

```
- Data Summary
                           Values
                           data
Name
Number of rows
                           264
Number of columns
                           33
- Variable type: numeric -
   skim variable n missing complete rate
                                                               p25
                                                                     p50
                                                                           p75
                                                                                p100 hist
                                           mean
                                                    sd
                                                          pΘ
12 child
                         0
                                          0.530
                                                 0.500
                                        5.70
                                                                           7
13 sess
                       132
                                   0.5
                                                 2.32
14 cesd.0
                         0
                                         23.6
                                                 8.03
                                                              18
                                                                          28
15 cesd.1
                        22
                                   0.917 18.5
                                                 9.72
                                                              12
                                                                    17
16 cesd.2
                        38
                                   0.856 17.6
                                                 9.33
                                                              11
                                                                    16
                                                                          24
17 hadsa.0
                         0
                                   1
                                         11.0
                                                 3.36
                                                               8
                                                                          13
```

Deskriptive Statistik separat für Interventions- und Kontrollgruppe:

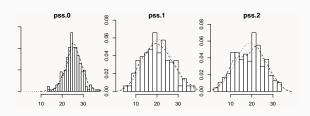
```
library(skimr)
library(tidyverse)
## Interventionsgruppe:
data %>%
  filter(group == 0) %>%
  skim()
## Kontrollgruppe:
data %>%
  filter(group == 1) %>%
  skim()
```



Es ist ratsam, sich die Häufigkeitsverteilung des primären Outcomes genauer anzusehen.

Mithilfe der Funktion multi.hist aus dem {psych} Package können mehrere Histogramme gleichzeitig erstellt werden:

```
library(psych)
library(tidyverse)
multi.hist(data %>% select(pss.0, pss.1, pss.2), ncol = 3)
```



Analyse der Dropouts





Wie klassischerweise in RCTs zu erwarten, gibt es Missings (fehlende Werte) in unserem Datensatz zur Postmessung und zum Follow-up.

→ Empfehlung: Quantifizierung der Missings, gesamt und nach Gruppe



Grundlagen

Wird eine Variable in die Funktion is . na eingespeist, gibt sie einen Vektor der Klasse logical aus, in dem alle Missings als TRUE klassifiziert werden. Über die Funktion sum werden alle als TRUE klassifizierten Werte gezählt, wodurch man die **Anzahl der Missings** erhält.

```
x <- c(1, 2, 3, 4, 5, NA, NA, 200)
sum(is.na(x))
## [1] 2</pre>
```



Cave

Missings in unserem Datensatz fallen patientenweise an, d.h. wenn eine Person einen Fragebogen zu einem Zeitpunkt nicht ausgefüllt wurde, hat sie keinen Fragebögen zu diesem Zeitpunkt ausgefüllt. Deshalb genügt es, wenn wir uns auf die Dropoutanalyse des primary outcome beschränken.

Missings in Interventions- und Kontrollgruppe:

```
with(data, {
    c(sum(is.na(pss.0)),
        sum(is.na(pss.1)),
        sum(is.na(pss.2)))
}) -> na.all
## Werte in Prozent umrechnen
na.all.p <- na.all/nrow(data)</pre>
```



Missings in der Interventionsgruppe:

```
data %>%
  filter(group == 1) %>%
  with({
    c(sum(is.na(pss.0)),
      sum(is.na(pss.1)),
      sum(is.na(pss.2)))
  }) -> na.ig
## Werte in Prozent umrechnen
na.ig.p <- na.ig/nrow(data %>% filter(group == 1))
```

ightarrow Analog für Missings in der Kontrollgruppe!



Alle Werte in einen dataframe binden:

```
na <- data.frame(na.all, na.all.p = na.all.p*100,</pre>
                na.ig, na.ig.p = na.ig.p*100,
                na.cg.p = na.cg.p*100
## Zeilennamen des Dataframe ändern
rownames(na) = c("t0", "t1", "t2")
na
##
     na.all na.all.p na.ig na.ig.p na.cg na.cg.p
## +0
          0
                0.00
                        0
                             0.00
                                      0
                                          0.00
## †1
         21
               7.95 16 12.12 5 3.78
         28
               10.60
                       17 12.87 11
                                          8.33
## t2
```

ightarrow Die Dropout-Rate ist zum Follow-up mit 10.6% am höchsten und es haben mehr Teilnehmende aus der IG als aus der KG die Studie vorzeitig abgebrochen.

Referenzen

Referenzen i

