

Institut für Biometrie und klinische Epidemiologie

Tag 3 – Statistische Tests & Regression

BKE

Lukas Mödl, Matthias Becher, Erin Sprünken biometrie-rkurs@charite.de

R-Kurs

Aktualisiert: 17. Mai 2023



Statistische Tests

Regressionsanalysen

R Pakete



STATISTISCHE TESTS IN R

- t-Test = t.test()
- Chi-Quadrat Test = chisq.test()
- Wilcoxon-Mann-Whitney-Test = wilcox.test()
- Fisher Test = fisher.test()
- McNemar's Test = mcnemar.test()
- Binomial Test = binom.test()
- ...



T-TFST

```
t.test(x,...)
```

Parameter:

- x = Ein Vektor mit Daten
- y = Ein optionaler Vektor mit Daten, falls man zwei Gruppen vergleichen möchte
- alternative = c(two.sided", less", "greater")
- mu = Der angenommene Mittelwert unter der Nullhypothese
- paired = c(TRUE, FALSE)



BEISPIEL T-TEST:

```
t.test(data$Age)
        One Sample t-test
data: data$Age
t = 57.5, df = 130, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 51, 13222 54, 77617
sample estimates:
mean of x
  52.9542
```



BFISPIFL T-TFST:

```
Welch Two Sample t-test
data: data[data$Klinik == 1, "Age"] and data[data$Klinik == 2, "Age"]
t = 0.10025, df = 119.44, p-value = 0.9203
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -3.506035 3.879984
sample estimates:
mean of x mean of v
 53.04412 52.85714
```

Anmerkung: Per default nimmt R beim Zwei-Stichproben-t-Test ungleiche Varianz an



CHI-QUADRAT TEST:

chisq.test()

Beispiel:

```
table(data[,c("Augenfarbe", "Haarfarbe")]
          Haarfarbe
Augenfarbe blond braun schwarz
     blau.
              15
                     15
              13
     braun
                     13
                              11
              11
                     16
                              14
     grün
```

```
chisq.test(data$Augenfarbe, data$Haarfarbe)
        Pearson's Chi-squared test
      data$Augenfarbe and data$Haarfarbe
X-squared = 2.9076, df = 4, p-value = 0.5734
```



FORMELN IN R

Um eine Regression durchzuführen müssen wir der Funktion sagen, welche Spalten in unseren Daten die unabhängigen Variablen sind und welche Spalte die abhängige Variable ist. Dafür gibt es in R die Formelschreibweise:

• Nur bestimmte Variablen sollen in der Regression verwendet werden:

Alle Variablen im Datensatz sollen in der Regression verwendet werden:

Y~.



LINEARE REGRESSION

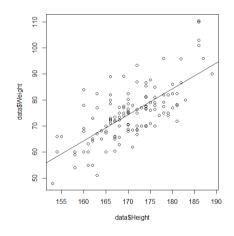
- model <- lm(Weight~Age+Sex+Height+Klinik, data =data)</p>
- summary(model)
- Anmerkung: "o +äm Anfang der Formel führt zu einer Regression ohne Intercept

```
lm(formula = Weight ~ Age + Sex + Height + Klinik, data = data)
Residuals:
               10 Median
-16, 2218 -5, 6996 -0, 2926
                            3.7819 20.1909
coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -94.769974 19.631621 -4.827 3.93e-06
             1.001254
                                   9.071 1.98e-15 ***
Klinik
             -0.832225
                       1.327066 -0.627
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 7.486 on 126 degrees of freedom
 (1 Beobachtung als fehlend gelöscht)
Multiple R-squared: 0.4994,
                               Adjusted R-squared: 0.4835
F-statistic: 31.42 on 4 and 126 DF. p-value: < 2.2e-16
```



LINEARE REGRESSION PLOT

- plot(data\$Height,data\$Weight)
- abline(model)





LOGISTISCHE REGRESSION

- model <- glm(y~., data = logistic_data, family = binomial)
- summary(model)

```
call:
lm(formula = Sex ~ Weight + Height + Augenfarbe, data = data)
Residuals:
     Min
              10 Median
-0.77828 -0.29252 -0.04797 0.28105 1.11699
coefficients:
                 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)
                6.9629560 0.9017111 7.722 2.98e-12 ***
Weight
               -0.0001223 0.0046242 -0.026
Height
               -0.0387331 0.0065085 -5.951 2.43e-08
Augenfarbebraun 0.1370216 0.0838478
                                    1.634
                                               0.105
Augenfarbegrün -0.0021609 0.0810893 -0.027
                                              0.979
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 0.391 on 127 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.3796.
                              Adjusted R-squared: 0.36
F-statistic: 19.43 on 4 and 127 DF. p-value: 1.719e-12
```



ONE-WAY ANOVA

model <- aov(formula, data)



TWO-WAY ANOVA



INTERACTION ANOVA

```
interaction_model <- aov(Height~Augenfarbe*Haarfarbe, data = data)
 summary(interaction_model)
                      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Augenfarbe
                             28
                                  14.14
                                          0.239
                                                 0.788
Haarfarbe
                             10
                                   5.00
                                          0.085
                                                 0.919
Augenfarbe: Haarfarbe
                             40 10.06 0.170
                                                 0.953
Residuals
                     123
                           7266
                                  59.08
```



Jede R Umgebung installiert und lädt standardmäßig die Pakete base, stats, datasets, methods und graphics.

• Installation weiterer Pakete mit:

```
install.packages("name-des-pakets", dependencies = TRUE)
```

 Bei jedem Start von R muss das Paket, wenn es verwendet werden soll, geladen werden:

```
library("name-des-pakets")
```

Aktualisieren der Pakete mit:

```
update.packages()
```



BEISPIEL: INSTALLATION UND LADEN DES R PAKETS MASS

```
> install.packages("MASS")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.1/MASS_7.3-55.zip'
Content type 'application/zip' length 1192198 bytes (1.1 MB)
downloaded 1.1 MR
package 'MASS' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
       \C:\Users\ \AppData\Local\Temp\RtmpSMaYtV\downloaded_packages
  library("MASS")
```



EMPFEHLENSWERTE PAKETE

- MatchIt für Propensity Score Matching
- MASS für Negativ-binomiale Regression
- 1mer bzw. 1me4 für Mixed-Models
- pwr für Power-Analyse und insbesondere zur Fallzahlplanung
- ggplot2 für schöne Plots
- haven für das Einlesen von .sav-Dateien (SPSS)
- ...

