



R-Kurs: Tag 3

Lukas Mödl, Matthias Becher, Erin Sprünken

Institut für Biometrie und Klinische Epidemiologie

Charité - Universitätsmedizin Berlin, Berlin

erin-dirk.spruenken@charite.de

January 26, 2022



- 1 Statistische Tests
- 2 Regressionsanalysen
- 3 Apply-Familie

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-Test

`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(rnorm(100, 0.5))  
  
one sample t-test  
  
data:  rnorm(100, 0.5)  
t = 4.3709, df = 99, p-value = 3.058e-05  
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0  
95 percent confidence interval:  
 0.2449960 0.6523684  
sample estimates:  
mean of x  
0.4486822
```

Beispiel t-Test:

```
> t.test(rnorm(200, 0.5), rnorm(200, 0.3), alternative = "greater")

welch Two sample t-test

data:  rnorm(200, 0.5) and rnorm(200, 0.3)
t = 1.447, df = 397.74, p-value = 0.07434
alternative hypothesis: true difference in means is greater than 0
95 percent confidence interval:
 -0.01962219      Inf
sample estimates:
mean of x mean of y
0.3690431 0.2282294
```

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

Chi-Quadrat Test:

```
chisq.test()
```

Beispiel:

```
> table(data)
      car
color  Sedan Sportscar SUV
black   19      18    24
blue   24      23    17
red    20      28    27
```

```
> chisq.test(data$color,data$car)

Pearson's Chi-squared test

data:  data$color and data$car
X-squared = 3.5854, df = 4, p-value = 0.465
```

Formeln in R

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

- ▶ Nur bestimmte Variablen sollen in der Regression verwendet werden:

$$Y \sim X1 + X2 + X3 + \dots$$

- ▶ Alle Variablen im Datensatz sollen in der Regression verwendet werden:

$$Y \sim .$$

Lineare Regression

▷ `model <- lm(y~., data = linear_data)`

▷ `summary(model)`

```
Call:
glm(formula = y ~ ., data = linear_data)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-16.996   -2.973    1.063    3.127   13.162

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  -5.2497     2.7170  -1.932  0.0652 .
x              2.0629     0.0466  44.272 <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

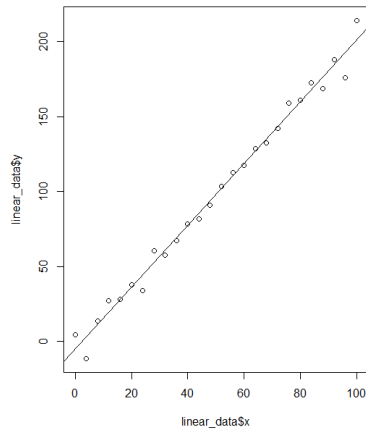
(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 50.80661)

    Null deviance: 100802.2  on 25  degrees of freedom
Residual deviance:  1219.4  on 24  degrees of freedom
AIC: 179.83

Number of Fisher Scoring iterations: 2
```

Lineare Regression Plot

- ▷ `plot(linear_data$x, linear_data$y)`
- ▷ `abline(model)`



Logistische Regression

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

▷ `summary(model)`

```
call:
glm(formula = y ~ ., family = binomial, data = logistic_data)

Deviance Residuals:
    min       1q   median       3q      max
-2.36069  -0.27083   0.05049   0.25806   2.26779

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    6.722      1.050   6.403 1.52e-10 ***
x             -13.155      1.973  -6.666 2.63e-11 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 277.24  on 199  degrees of freedom
Residual deviance: 100.78  on 198  degrees of freedom
AIC: 104.78

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

One-Way ANOVA

▷ `model <- aov(formula, data)`

```
> one.way <- aov(top_speed ~ car_type, data = data)
> summary(one.way)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
car_type	2	866583	433291	1128	<2e-16 ***
Residuals	297	114057	384		

signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Two-Way ANOVA

```
> two.way <- aov(top_speed~., data = data)
> summary(two.way)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
car_type	2	866583	433291	1126.386	<2e-16	***
color	2	578	289	0.751	0.473	
Residuals	295	113479	385			

Interaction ANOVA

```
> interaction <- aov(top_speed~ car_type*color, data = data)
> summary(interaction)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
car_type	2	866583	433291	1123.987	<2e-16	***
color	2	578	289	0.750	0.474	
car_type:color	4	1300	325	0.843	0.499	
Residuals	291	112179	385			

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Apply-Familie

Die Apply-Familie ist eine Reihe von Funktion in R, die es uns erlaubt eine Funktion auf mehrere verschiedenen Inputs nacheinander anzuwenden. Zum Beispiel auf alle Zeilen oder Spalten einer Matrix oder alle Elemente einer Liste. Die verschiedenen Apply-Funktionen sind:

- ▷ `apply()`
- ▷ `lapply()`
- ▷ `sapply()`
- ▷ `tapply()`

apply()

Mit `apply()` können wir Funktionen auf alle Zeilen oder Spalten eines Data Frames oder einer Matrix anwenden um zum Beispiel alle Spaltensummen zu berechnen. Die Grundform der Funktion ist:

▷ `apply(data, margin, function)`

Zum Beispiel:

```
> apply(data, 1, sum)
[1] 28 32 36 40
> apply(data, 2, sum)
[1] 10 26 42 58
```

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 & 4 \\ 5 & 6 & 7 & 8 \\ 9 & 10 & 11 & 12 \\ 13 & 14 & 15 & 16 \end{bmatrix}$$

lapply()

`lapply()` führt eine Funktion auf jedes Element eines Data Frames, einer Matrix, eines Vektors oder einer Liste aus. Das "l" in `lapply()` steht dabei für "list" und bezieht sich darauf, dass `lapply()` immer eine Liste zurück gibt.

► `lapply(object, function)`

Zum Beispiel:

```
> lapply(c("A","B","C"), tolower)
[[1]]
[1] "a"

[[2]]
[1] "b"

[[3]]
[1] "c"
```

apply()

`apply()` macht im Grunde das gleiche wie `lapply()`. Der Unterschied ist, dass `apply()` einen Vektor oder eine Matrix zurück gibt, anstatt eine Liste:

▶ `apply(object, function)`

Zum Beispiel:

```
> apply(c(-1, 2, -3), abs)
[1] 1 2 3
> l <- list(a = 1:10, b = 1:20)
> apply(l, mean)
      a      b
5.5 10.5
```

tapply()

tapply() erlaubt es uns auf Grundlage von factor levels Gruppenzusammenfassungen zu erstellen:

▷ `tapply(object, index, function)`

Zum Beispiel:

```
> data <- data.frame(Sex = as.factor(c(rep("M",100), rep("W",100))))  
> data$Height <- c(rnorm(100,180,5),rnorm(100,166,4))  
> tapply(data$Height, data$Sex, mean)  
      M      W  
180.3354 165.3481
```