

tbl_summary()

Tính toán thống kê mô tả cho các biến liên tục, biến phân loại và biến nhị phân.

tbl_regression()

Chuyển đổi kết quả của mô hình hồi quy thành một bảng được tùy chỉnh và định dạng.

tbl_survfit()

Chuyển đổi đối tượng dạng survfit thành một bảng tùy chỉnh với ước số thời gian-sự kiện.



tbl_summary() Sử dụng cú pháp tidyverse để tóm tắt các cột cụ thể trong một tập dữ liệu với tùy chọn tùy chỉnh linh hoạt (Xem thêm tại vignette!)

Code cơ bản

```
trial %>% select(trt, age, grade, response) %>% tbl_summary()
```

Bảng cơ bản

Characteristic	N = 200 ¹
Chemotherapy Treatment	
Drug A	98 (49%)
Drug B	102 (51%)
Age, yrs	47 (38, 57)
Unknown	11
Grade	
I	68 (34%)
II	68 (34%)
III	64 (32%)
Tumor Response	61 (32%)
Unknown	7
¹ n (%); Median (IQR)	

tbl_svysummary() cho đối tượng khảo sát

Cùng chức năng như *tbl_summary()*, nhưng nhận đối tượng khảo sát (survey object) làm dữ liệu đầu vào, dùng tính toán trọng số và thiết kế khảo sát.

Xem thêm tại:

http://www.danielsjoberg.com/gtsummary/reference/tbl_svysummary.html

Để biết thêm thông tin về các thông số và tùy chọn tùy chỉnh, xem http://www.danielsjoberg.com/gtsummary/reference/tbl_summary.html

Tùy chọn tùy chỉnh

Thông số	Dữ liệu đầu vào	Tác động lên bảng
by	Cột để tạo bảng chéo	Thống kê tóm tắt sẽ được tính riêng biệt cho mỗi mức (level) của biến
label	Danh sách công thức xác định nhãn biến	Thay đổi tên biến trong bảng
statistic	Danh sách công thức xác định loại thống kê tóm tắt cho từng biến	Thay đổi các thống kê tóm tắt được hiển thị cho các biến được xác định trong bảng
digits	Danh sách công thức xác định số lượng chữ số thập phân để hiển thị	Thay đổi số lượng chữ số thập phân được làm tròn trong bảng cho các biến liên tục được xác định
type	Danh sách công thức xác định các loại biến	Thay đổi loại biến cho các biến cụ thể, ảnh hưởng đến các thống kê tóm tắt được hiển thị
value	Danh sách công thức xác định giá trị để hiển thị cho các biến nhị phân	Thay đổi giá trị được hiển thị cho biến loại nhị phân
missing	"no", "ifany", "always"	Thay đổi xem liệu các quan sát bị thiếu có được báo cáo không
missing_text	Chuỗi để hiển thị cho số lượng quan sát bị thiếu	Thay đổi tên của mức dữ liệu bị thiếu cho các biến thích hợp
sort	Danh sách công thức của dạng sắp xếp được thực hiện ("frequency" hoặc "alphanumeric")	Thay đổi cách sắp xếp cho các biến phân loại
percent	"column", "row", hoặc "cell"	Thay đổi cách thống kê phần trăm được tính toán và hiển thị

Code được tùy chỉnh

```
trial %>%  
  select(trt, age, grade, response) %>%  
  tbl_summary(  
    by = trt,  
    label = list(age ~ "Age (years)",  
                  grade ~ "Tumor grade"),  
    percent = "row",  
    digits = list(age ~ 2),  
    statistic = list(age ~ "{mean} ({sd})",  
                     response ~ "{n}/{N} ({p}%)",  
    type = list(response ~ "categorical"),  
    missing = "always",  
    missing_text = "Missing",  
  )
```

Bảng được tùy chỉnh

Characteristic	Drug A, N = 98 ¹	Drug B, N = 102 ¹
Age (years)	47.01 (14.71)	47.45 (14.01)
Missing	7	4
Tumor grade		
I	35 (51%)	33 (49%)
II	32 (47%)	36 (53%)
III	31 (48%)	33 (52%)
Missing	0	0
Tumor Response		
0	67/132 (51%)	65/132 (49%)
1	28/61 (46%)	33/61 (54%)
Missing	3	4
¹ Mean (SD); n (%); n/N (%)		

Hàm trợ giúp Các phần mở rộng hữu ích cho tbl_summary()

Code mở rộng

```
trial %>%  
  select(trt, age,  
         response) %>%  
  tbl_summary(  
    by = trt,  
    missing = "no"  
  ) %>%  
  add_n() %>%  
  add_overall() %>%  
  add_p()
```

Bảng mở rộng

Characteristic	N	Overall, N = 200 ¹	Drug A, N = 98 ¹	Drug B, N = 102 ¹	p-value ²
Age, yrs	189	47 (38, 57)	46 (37, 59)	48 (39, 56)	0.7
Tumor Response	193	61 (32%)	28 (29%)	33 (34%)	0.5
¹ Median (IQR); n (%)					
² Wilcoxon rank sum test; Pearson's Chi-squared test					

add_n()

Thêm một cột với tổng số quan sát không bị thiếu

add_overall()

Thêm một cột với thống kê tổng quan

Xem thêm:
add_q()
bold_p()
bold_labels()
add_stat()

add_p()

Thêm một cột trị số p được tạo ra khi kiểm tra sự khác biệt giữa các nhóm. Sử dụng các thông số dưới đây.

Thông số	Mặc định	Dữ liệu đầu vào	Tác động lên bảng
test	Biến liên tục: "Kruskal.test"; Biến phân loại, số lượng ô dự kiến ≥ 5: "chisq.test.no.correct"; Biến phân loại, số lượng ô dự kiến < 5: "fisher.test"	Danh sách công thức xác định thử nghiệm thống kê để thực hiện cho từng biến: "t.test", "aov", "wilcox.test", "kruskal.test", "chisq.test" và "lme4"; cũng có thể thực hiện các thử nghiệm tùy chỉnh	Thay đổi trị số p trong bảng dựa trên thử nghiệm thống kê được xác định
pvalue_fun	style_pvalue()	Hàm để làm tròn và định dạng các trị số p	Thay đổi định dạng của trị số p trong bảng

Để biết thêm thông tin, xem <http://www.danielsjoberg.com/gtsummary/reference/index.html>

tbl_regression() Trình bày kết quả mô hình hồi quy trong một bảng sẵn-sàng-cho-việc-xuất-bản

Mô hình cox: code cơ bản

```
library(survival)
cox1 = coxph(Surv(ttdeath, death) ~ age + marker,
             data = trial)
tbl_regression(cox1, exponentiate = TRUE)
```

Mô hình cox: bảng cơ bản

Characteristic	HR [†]	95% CI [†]	p-value
Age, yrs	1.01	0.99, 1.02	0.4
Marker Level, ng/mL	0.96	0.76, 1.21	0.7

[†] HR = Hazard Ratio, CI = Confidence Interval

Mô hình glm: code cơ bản

```
m1 <- glm(response ~ age + stage, data = trial,
          family = binomial)
tbl_regression(m1, exponentiate = TRUE)
```

Mô hình glm: code tùy chỉnh sử dụng hàm trợ giúp

```
m1 %>%
tbl_regression(exponentiate = TRUE) %>%
  add_global_p() %>%
  bold_p(t = 0.10) %>%
  bold_labels() %>%
  italicize_levels()
```

Hàm trợ giúp

1. Xây dựng mô hình
 2. Dùng tbl_regression() để trình bày kết quả
- tbl_regression() hỗ trợ các mô hình hồi quy phổ biến, và dùng broom: tidy(x) để thực hiện làm sạch dữ liệu ban đầu.
- Xem thêm tại:
http://www.danielsjoberg.com/gtsummary/reference/tbl_regression.html

Mô hình glm: bảng cơ bản

Characteristic	OR [†]	95% CI [†]	p-value
Age, yrs	1.02	1.00, 1.04	0.091
T Stage			
T1	—	—	
T2	0.58	0.24, 1.37	0.2
T3	0.94	0.39, 2.28	0.9
T4	0.79	0.33, 1.90	0.6

[†] OR = Odds Ratio, CI = Confidence Interval

Mô hình glm: bảng tùy chỉnh

Characteristic	OR [†]	95% CI [†]	p-value
Age, yrs	1.02	1.00, 1.04	0.087
T Stage			0.6
T1	—	—	
T2	0.58	0.24, 1.37	
T3	0.94	0.39, 2.28	
T4	0.79	0.33, 1.90	

[†] OR = Odds Ratio, CI = Confidence Interval

tbl_uvregression() Hiển thị nhiều mô hình hồi quy một biến cùng một lúc

Mô hình cox một biến: code

```
library(survival)
tbl_uvregression(
  trial %>% select(ttdeath, death, age,
                  grade, response),
  method = coxph,
  y = Surv(ttdeath, death),
  exponentiate = TRUE,
  label = list(grade ~ "Tumor grade")
) %>%
  add_global_p()
  add_n(location = "level") %>%
  add_nevent(location = "level")
```

Mô hình cox một biến: bảng

Characteristic	N	Event N	HR [†]	95% CI [†]	p-value
Age, yrs	189	103	1.01	0.99, 1.02	0.3
Tumor grade					0.075
I	68	33	—	—	
II	68	36	1.28	0.80, 2.05	
III	64	43	1.69	1.07, 2.66	
Tumor Response	193	107	0.50	0.31, 0.78	0.001

[†] HR = Hazard Ratio, CI = Confidence Interval

Yêu cầu tham số "method" để xác định loại mô hình. Có thể ước tính các mô hình hồi quy một biến giữ cố định biến phụ thuộc ("y") hoặc biến độc lập ("x"), hoặc cả hai (xem tham số "formula"). Để biết thêm thông tin về "formula" và các tham số khác, xem:
https://www.danielsjoberg.com/gtsummary/reference/tbl_uvregression.html

tbl_survfit() Trình bày đối tượng survfit với các ước số tùy chỉnh trong một bảng sẵn-sàng-cho-việc-xuất-bản

```
library(survival)
tbl_survfit(
  list(
    survfit(Surv(ttdeath, death) ~ 1, trial),
    survfit(Surv(ttdeath, death) ~ trt, trial)
  ),
  times = c(12, 24),
  label_header = "***{time} Month**"
)
```

Tùy chọn để xác định mô hình:

1. x = mô hình survfit tương minh (hoặc danh sách các mô hình) từ dữ liệu (dataframe)
2. x = dataframe và xác định y = đối tượng Surv, include=covariates trong mô hình

Tùy chọn cho kết quả:

1. Ước tính biến cố cụ thể theo thời gian bằng cách sử dụng times=thời điểm quan tâm
2. Ước tính thời gian biến cố theo phân vị (ví dụ: trung vị) bằng cách sử dụng probs=phân vị quan tâm

Xem thêm tại:

http://www.danielsjoberg.com/gtsummary/reference/tbl_survfit.html

Characteristic	12 Month	24 Month
Overall	88% (84%, 93%)	44% (38%, 51%)
Chemotherapy Treatment		
Drug A	91% (85%, 97%)	47% (38%, 58%)
Drug B	86% (80%, 93%)	41% (33%, 52%)

```
library(survival)
tbl_survfit(
  trial,
  y = Surv(ttdeath, death),
  include = c(trt, grade),
  probs = 0.5,
  label_header = "***Median Survival**"
) %>% add_p()
```

Characteristic	Median Survival	p-value [†]
Chemotherapy Treatment		0.2
Drug A	24 (21, —)	
Drug B	21 (18, —)	
Grade		0.072
I	— (22, —)	
II	22 (18, —)	
III	20 (18, 23)	

[†] Log-rank test

tbl_merge(), tbl_stack() Kết hợp bảng bởi hàng hoặc cột

```
t1 = tbl_survfit(
  list(survfit(Surv(ttdeath, death) ~ trt +
               grade, trial),
        times = c(12, 24),
        label_header = "***{time} Month**"
  )
)
```

```
t2 = tbl_survfit(
  trial,
  y = Surv(ttdeath, death),
  include = c(trt, grade),
  probs = 0.5,
  label_header = "***Median Survival**"
) %>% add_p()
```

tbl_merge(list(t1,t2), tab_spanner = FALSE)

Characteristic	12 Month	24 Month	Median Survival	p-value [†]
Chemotherapy Treatment				0.2
Drug A	91% (85%, 97%)	47% (38%, 58%)	24 (21, —)	
Drug B	86% (80%, 93%)	41% (33%, 52%)	21 (18, —)	
Grade				0.072
I	97% (93%, 100%)	51% (41%, 65%)	— (22, —)	
II	82% (74%, 92%)	47% (37%, 61%)	22 (18, —)	
III	86% (78%, 95%)	33% (23%, 47%)	20 (18, 23)	

[†] Log-rank test

tbl_merge() kết hợp các cột, tbl_stack() kết hợp các hàng. Để biết thêm thông tin, xem: <https://www.danielsjoberg.com/gtsummary/reference/>