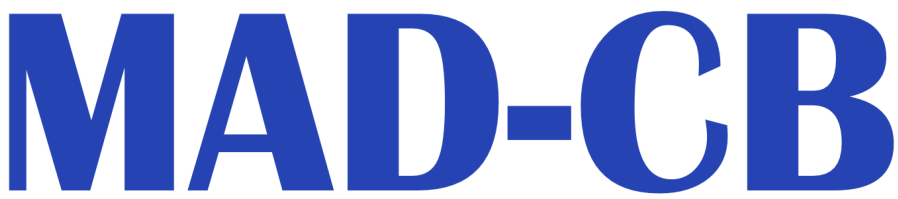


Figure 1:

Estatística Descritiva – Entender as Variáveis

Variáveis Categóricas – Proporções, Taxas e Relações (ratios)

Livro Que Forneceu Alguns Exemplos Hoje

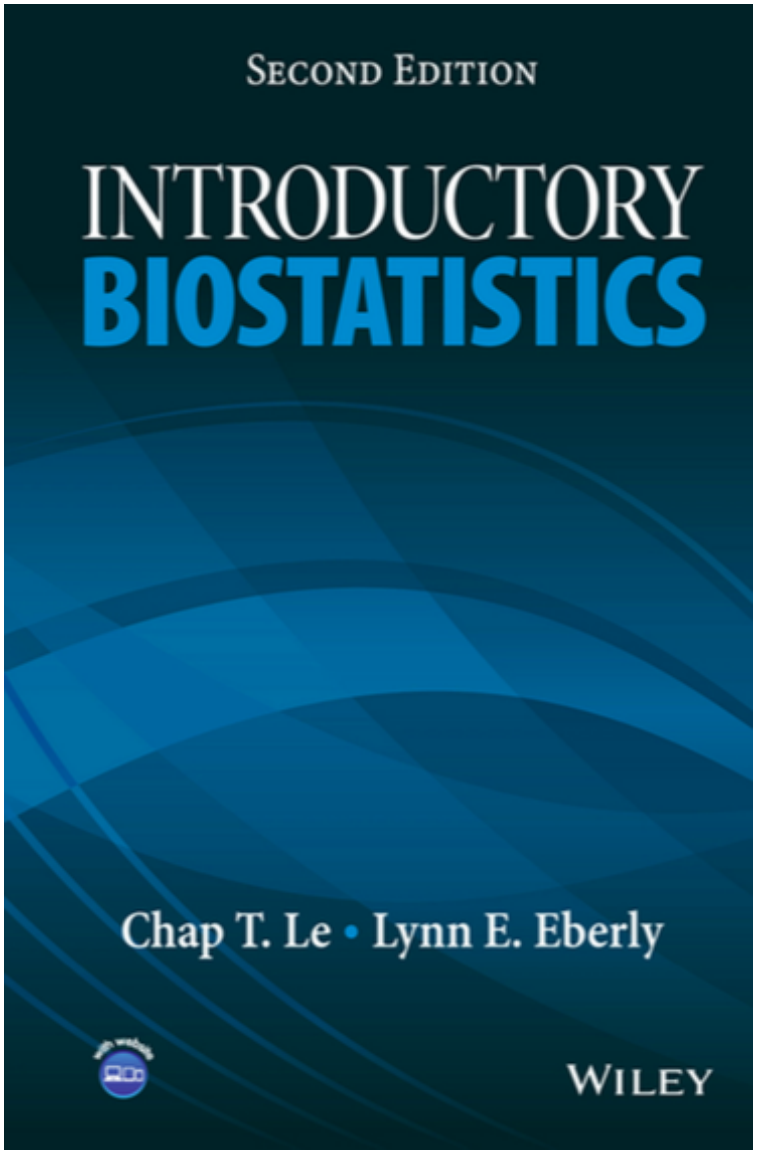


Figure 2:

Dados Exemplares

- Estudo sobre diferenças raciais para incidência de cegueira por causa de glaucoma

```r
str(cegGlauc)
```

```
## Classes 'tbl_df', 'tbl' and 'data.frame':    2 obs. of  3 variables:
##  $ raca : chr  "branco" "naobranco"
##  $ pop  : num  32930233 3933333
##  $ casos: num  2832 3227
```

```r
kable(cegGlauc)
```

raca	pop	casos
branco	32930233	2832
naobranco	3933333	3227

- Contagem pura dos casos não ajuda muito para entender os dados
  - Diferença em tamanho das populações precisa ser tomado em conta

Proporção a Resgate

- Proporção dos casos a população por raça pode esclarecer o problema
- Proporção um número entre 0 e 1
  - Proporção acima de 1 não faz sentido
- Quando fala de incidência das doenças, esse proporção = **prevalência** da doença

$$prevalência = \frac{número\ dos\ casos}{número\ total\ na\ população\ examinada}$$

Calcular as Proporções

```
cegGlauc <- cegGlauc %>% mutate(prop = casos/pop)
kable(cegGlauc)
```

raca	pop	casos	prop
branco	32930233	2832	0.0000860
naobranco	3933333	3227	0.0008204

- Proporção é um número muito pequeno
- Pode fazer ele mais significativo se multiplica por 10.000 ou 100.000
  - Coloca em termos de proporção por 10 mil ou 100 mil de população

Calcular Proporção por 100.000 Habitantes

```
cegGlauc <- cegGlauc %>% mutate(prop100mil = prop*100000)
kable(cegGlauc)
```

raca	pop	casos	prop	prop100mil
branco	32930233	2832	0.0000860	8.60000
naobranco	3933333	3227	0.0008204	82.04238

- Agora, têm 2 números que podemos comparar
- Não brancos têm 82.0423798 casos por 100.000 pessoas
- Brancos só têm 8.5999999 casos por 100.000 pessoas
- Não brancos têm 9.54 o número de casos da doença que os brancos
- Doença desproporcionadamente afeta pessoas não brancos.

Valor das Proporcões para os Dados Categóricos

- As proporções permitem que nós comparamos os grupos
  - Dá para os grupos uma base comum
- Proporção é a forma mais simples de normalização dos dados

Proporções e Testes Diagnosticos

- Como vimos semana passada, testes diagnósticos não são 100% exatos
  - Pessoas que têm doença com resultado negativo – **falso negativo**
  - Pessoas que não têm doença com resultado positivo – **falso positivo**
  - Classificação errada

Teste Diagnóstico para Câncer Cervical

- Teste com amostra de 24.103 mulheres para câncer cervical
- (Teste velho – só para demonstração)

Duas Proporções Que Nos Interessem

- Sensibilidade (Positivos Verdadeiros)
  - Teste pode identificar essas pessoas que realmente são doentes?

$$sensibilidade = \frac{número\ das\ pessoas\ doentes\ que\ testam\ positivo}{número\ total\ das\ pessoas\ doentes}$$

- Especificidade (Negativos Verdadeiros)
  - Teste pode só identificar pessoas doentes e não as saudáveis?

$$especificidade = \frac{número\ das\ pessoas\ saudáveis\ que\ testam\ negativo}{número\ total\ das\ pessoas\ saudáveis}$$

Dados de Amostra

```
kable(cervCan)
```

Estado	Neg	Pos	Tot
saudável	23362	362	23724
doente	225	154	379

```
sensib <- cervCan$Pos[Estado == "doente"] / cervCan$Tot[Estado == "doente"]
paste("Sensibilidade = ", sensib * 100, "%")
```

```
## [1] "Sensibilidade =  40.6332453825858 %"
```

```
specif <- cervCan$Neg[Estado == "saudável"] / cervCan$Tot[Estado == "saudável"]
paste("Especifidade = ", specif * 100, "%")
```

```
## [1] "Especifidade =  98.4741190355758 %"
```

Taxas

- Taxa é semelhante a uma proporção normalmente com referência a tempo
  - Taxa de mudança; Ex: taxa de crescimento de um tumor
- Taxas podem exceder 1
  - Se algo dobre em tamanho num período, taxa de crescimento seria 100% ou 1

$$taxa = \frac{valor\ novo - valor\ velho}{valor\ velho} = \frac{mudança}{valor\ velho}$$

Exemplo: Crescimento em Número de Genotipagens para Pacientes com HIV

```
kable(genotip, captions = "Genotipagens por Ano")
```

yr	n
2010	3444
2011	3639
2012	5102
2013	5945
2014	6856
2015	6304

- Qual é a taxa de crescimento entre 2010 e 2015 em porcentagem?

```
taxacres <- 100 * (genotip$n[genotip$yr == 2015] -
                   genotip$n[genotip$yr == 2010]) /
                   genotip$n[genotip$yr == 2010]
```

- Taxa de crescimento = 83.0429733 %

Relações (Ratios)

- Relação das duas quantidades semelhantes medidas em grupos diferentes ou sob condições diferentes
- Ex: relação de homens e mulheres que fumam
- Se temos 200 homens na amostra que fumam e 150 mulheres,
  - Relação seria 200/150 ou 1,33 homens que fumam por cada mulher

Risco Relativo – Relação Chave para Epidemiologia

- Relação dos riscos de uma doença entre dois grupos diferentes

$$\textit{risco relativo}\,(RR) = \frac{\textit{incidência da doença em grupo}\,1}{\textit{incidência da doença em grupo}\,2}$$

Doença Cardíaca Coronária (CHD) e Fumar

- Amostra de Americanos do Estudo Framingham
- Estudo case-control
  - Case - tem CHD nos últimos 10 anos
  - Control - saudável
- Fumar – Fator Confounding
  - Quanto fumar muda os resultados de CHD

```r
suppressWarnings(tabCHD)
```

```
##         CHD10Anos
## fumante  Nao  Sim
##     Nao 1834  311
##     Sim 1762  333
```

```r
print(paste("Fumantes Total:", "Não = ", fumtots[1], "| Sim = ", fumtots[2]))
```

```
## [1] "Fumantes Total: Não =  2145 | Sim =  2095"
```

```r
print(paste("CHD 10 Anos Total:", "Não = ", CHDtots[1], "| Sim = ", CHDtots[2]))
```

```
## [1] "CHD 10 Anos Total: Não =  3596 | Sim =  644"
```

Calcular Incidência nos Dois Grupos

- Fumantes(Sim)

fumantes e doentes / todos os fumantes = 333 / 2095 = 0.1589499

- Não-fumantes

não-fumantes e doentes / todos os não-fumantes = 311 / 2145 = 0.1449883

- Risco Relativo (RR)

$$RR = \frac{incidência\ fumantes}{incidência\ nãofumantes}$$

```
rr <- fumincid / naofumincid
```

- RR = 1.0962942

Resumo de Métodos Descritivos para os Dados Categoricos

- Proporções
  - Prevalência
  - Proporção por Unidade de População (Normalização)
  - Testes Diagnósticos
  - Sensibilidade e Especificidade
- Taxas
  - Medir mudanças
- Relações
  - Risco Relativo

Variáveis Continuas

Distribuição de Frequência

- Exemplo simples: pesos de 57 crianças numa creche
- O que podemos aprender sobre a distribuição de frequência dos pesos?

Medidas de Tendência Central

- Tem um ponto que melhor descreve a distribuição?
- Qual número ocorre mais frequentemente? (**Modo**)
- Qual número sente do meio da distribuição? (**Mediana**)
- Qual número melhor representa o centro da distribuição? (**Média**)

Modo

- Mais simples
- O valor mais frequente da distribuição
- Entre os pesos, o modo é 27 lbs.
- É o mais frequente, ocorre 4 vezes
- R não tem uma função por modo.
  - Compartilhei uma função `modex` nas versões .RMD e .R destes slides
  - Outra função usa o nome `mode`

Modo Função – modex

- Função para ajudar com o cálculo de modo
- Com funções, não precisa repetir a teclagem dos cálculos
- Tecle uma vez e chame a função depois

```
modex <- function(x) { ## R has another function mode that doe
  ux <- unique(x)
  ux[which.max(tabulate(match(x, ux)))]
}
modo <- modex(peso_lb)
```

Mediana

- Representa o valor diretamente no meio da distribuição
- Barra central num boxplot
- Para calcular, primeiro pôr os itens em ordem de menor até maior
- Se tiver um número impar dos itens, selecione aquele no meio
- Se tiver um número par dos itens, selecione os dois no meio e divide a diferença em dois
  - Mesma coisa que a média dos 2 itens no meio
- R tem a função `median` que faz todo o trabalho
- Muito útil quando tem distribuições bastante skewed
- A mediana de nossos pesos é 32

Média

- Estatística mais usada (e abusada) hoje
- Mede o centro de gravidade de todos os itens
- É a soma de todos os valores dos itens dividido por o número dos itens
- População

$$\mu = \sum_{i=1}^{n} X_i$$

- Amostra

$$\bar{x} = \sum_{i=1}^{n} x_i$$

- A média de nossos pesos é 36.7192982

Medidas de Dispersão

- Mais simples: quais são os valores máximos e mínimos? **range**
  - Para nossos dados: 12, 79
- Diferença entre 1º e 3º Quarteis: Inter-Quartile Range **IQR**
  - Mais restrito para 50% da distribuição em volta da mediana
  - para nossos dados: 21
- Medir a dispersão em volta da média **desvio padrão**
  - Falamos semana passada sobre ele
  - Média das divergências entre os dados individuais e a média
  - É o raiz quadrado da variança $\sqrt{\sigma^2}$
  - Com a média, constitui os 2 parâmetros que definam a distribuição normal

Coeficiente de Variação

- Mede quanto dispersão tem in termos de uma relação
- Definido como $c_v = \frac{\sigma}{\mu}$
- Quantas média é o desvio padrão
- Não é padronizado
- Mas indica se o desvio padrão é alto demais para fazer análises muito subtis

descTools:Desc Mostra Medidas Descritivas Bem

```
> Desc(peso, plotit = TRUE)
-------------------------------------------------------------------

peso (numeric)

  length        n     NAs  unique      0s    mean  meanCI
      57       57       0      31       0   36.72   32.51
          100.0%    0.0%            0.0%           40.93

     .05      .10     .25  median     .75     .90     .95
   15.20    21.60   25.00   32.00   46.00   59.40   68.20

   range       sd   vcoef     mad     IQR    skew    kurt
   67.00    15.87    0.43   14.83   21.00    0.72   -0.69

lowest : 12.0 (3), 16.0, 19.0, 21.0, 22.0 (2)
highest: 65.0, 68.0, 69.0, 74.0, 79.0
```

Figure 3:

Inclui Gráficos Úteis

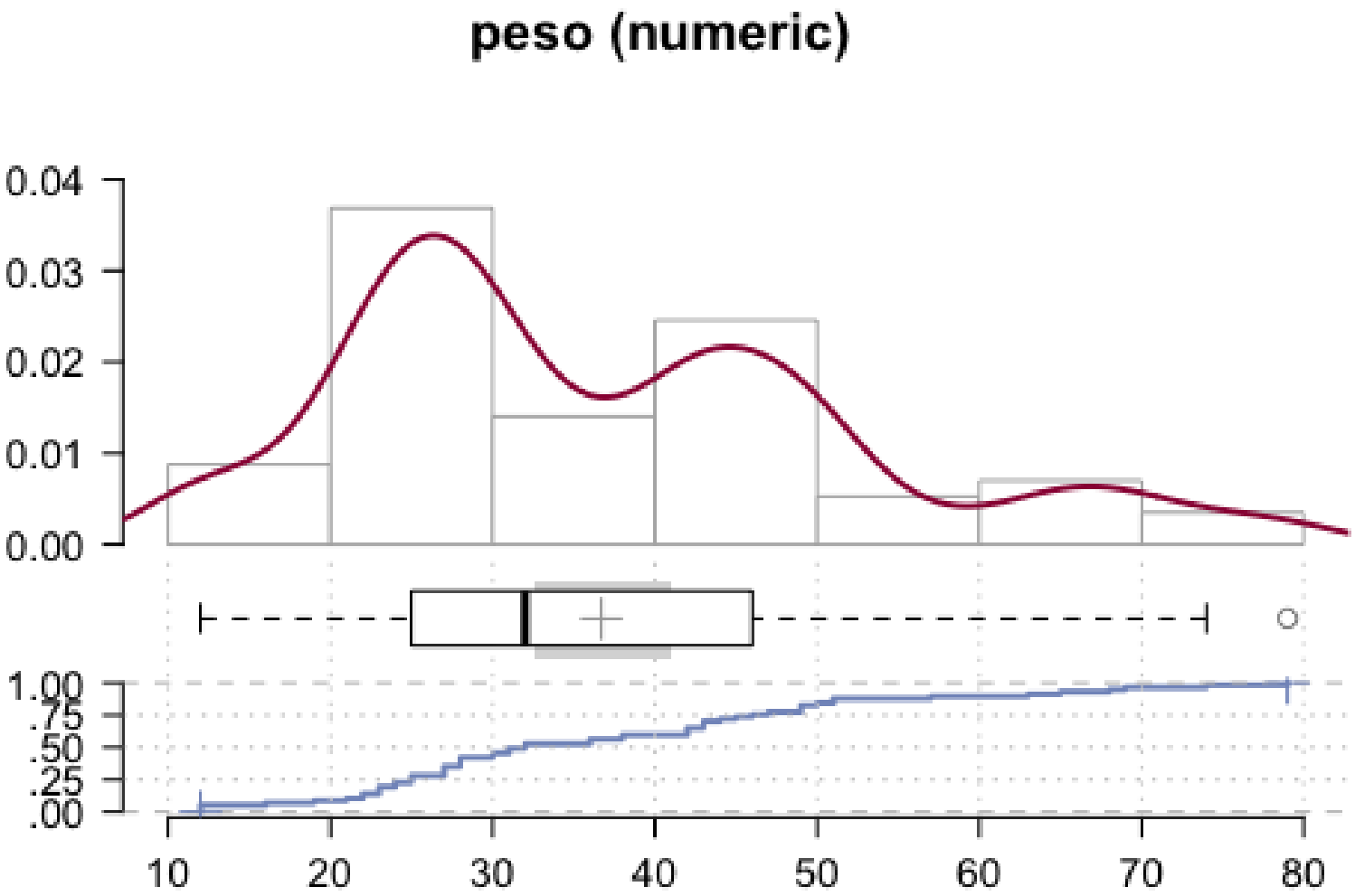
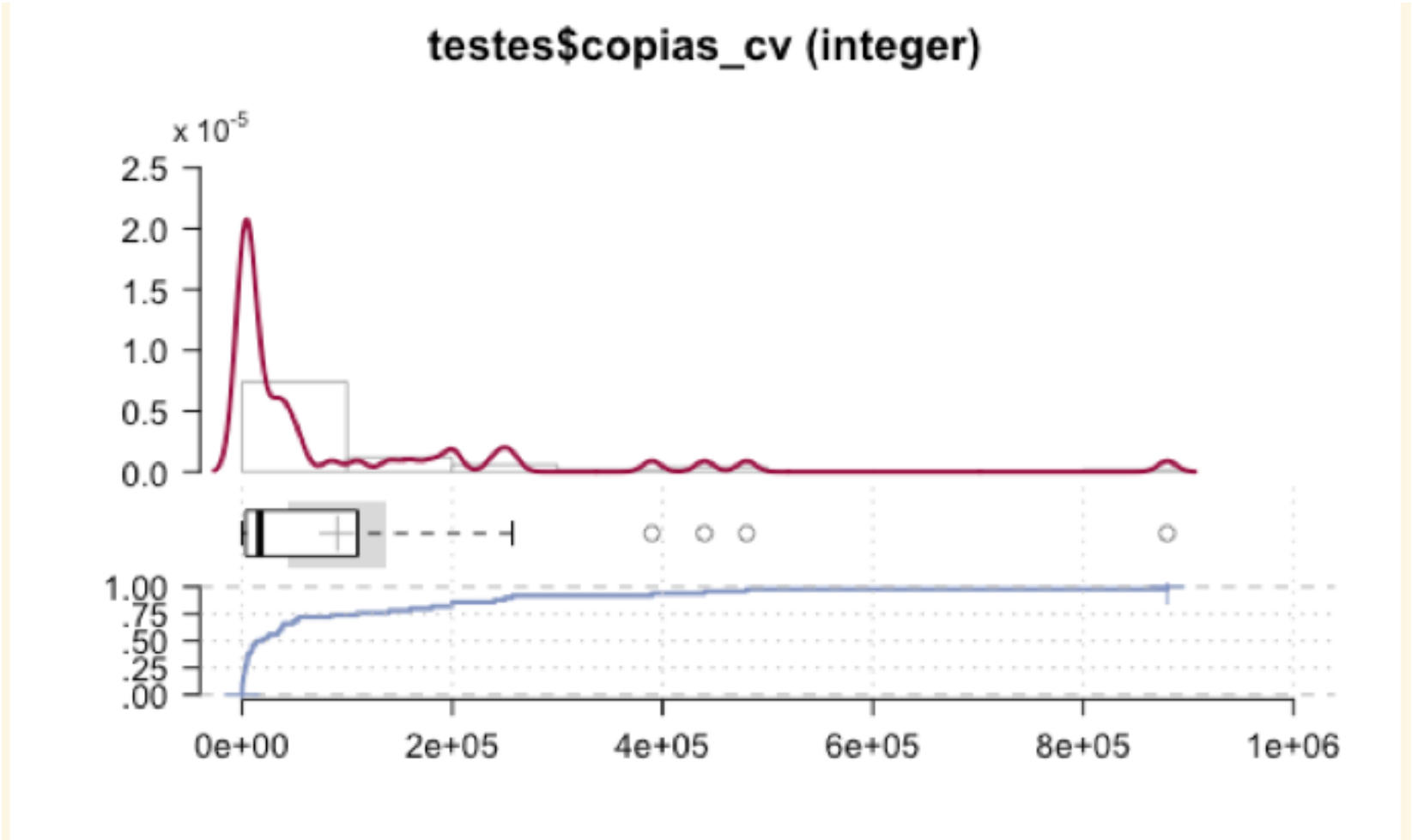


Figure 4:

Transformações das Variáveis

- Os dados da carga viral de semana passada
  - Altamente skewed



Pode Mudar a Escala da Variável para Fazer ele Mais Útil para Análise

- Agora, tem range de 879916
- Coeficiente de variação é 1.809823
- Pode transformar a escala de variável
  - Raiz quadrado
  - Logaritmo (ou base 10 ou base e [logaritmo Neperiano])

Raiz Quadrado Primeiro

```
## ------------------------------------------------------------------------
## Raiz Quadrado de Cópias CV
##
##       length            n          NAs       unique           0s         mean
##           50           50            0           46            0   214.096456
##                     100.0%         0.0%                     0.0%
##
##          .05          .10          .25       median          .75          .90
##    17.407906    26.897525    60.827625   129.871476   321.633758   500.726029
##
##        range           sd        vcoef          mad          IQR         skew
##   928.918001   213.941456     0.999276   133.272443   260.806133     1.347936
##
##       meanCI
##   153.294967
##   274.897945
##
##          .95
##   645.853637
##
##         kurt
##     1.241788
##
## lowest : 9.165151, 15.491933, 16.431677, 18.601075, 19.235384
## highest: 507.260288, 624.4998, 663.324958, 692.820323, 938.083152
```

Gráfico de Transformação de Raiz Quadrado

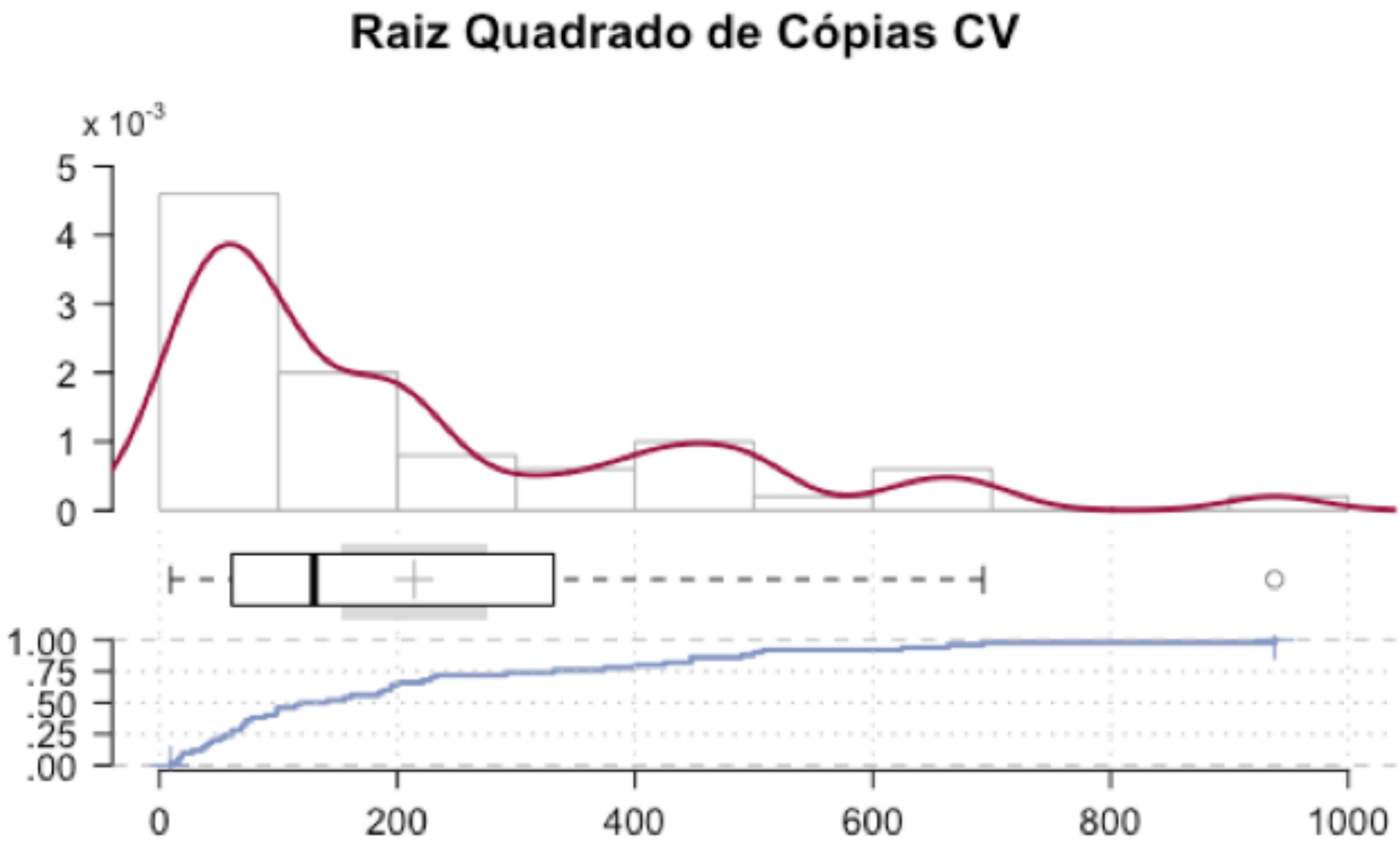


Figure 5:

Transformação Log Base 10 – Típico para CV

```
## ------------------------------------------------------------------------
## Log Base 10 de Cópias CV
##
##     length         n       NAs    unique        0s       mean     meanCI
##         50        50         0        46         0   4.191073   3.909999
##              100.0%      0.0%                0.0%              4.472147
##
##        .05       .10       .25    median       .75        .90        .95
##   2.479834  2.854662  3.568202  4.223579  5.013399   5.399192   5.619878
##
##      range        sd     vcoef       mad       IQR       skew       kurt
##   4.020203  0.989011  0.235980  1.076588  1.445198  -0.259269  -0.793700
##
## lowest : 1.924279, 2.380211, 2.431364, 2.539076, 2.568202
## highest: 5.410462, 5.591065, 5.643453, 5.681241, 5.944483
```

Gráfico da Transformação Log Base 10