

# 기술통계 in 의학연구

김진섭; jinseob2kim

차라투

# Executive Summary

- 연속변수의 2그룹 비교: 정규분포 인정하면 **t-test**, 아니면 **Wilcox-test**
- 연속변수의 3그룹 이상 비교: 정규분포 인정하면 **one-way ANOVA**, 아니면 **Kruskal-Wallis one-way ANOVA**
- 범주형 변수의 그룹 비교: 샘플수 충분하면 **Chisq-test**, 아니면 **Fisher-test**

# 기술통계?

- 평균(mean), 중위수(median), 분산(variance), 빈도표(frequency table)등의 데이터를 설명하는 숫자들, 히스토그램(histogram), 상자그림(box-plot)같은 그래프를 의미한다.
- 그러나 대부분의 의학 연구는 단순한 기술 통계가 아닌 그것들의 그룹 비교(ex: 성별, 질환 유무)가 Table 1에 제시됨.

	Iliac crest graft (n = 20)	rhBMP-2 (n = 13)	rhBMP-2 with zygoma shavings (n = 9)	P value
Mean Age (in years)	6.79 ± 0.94	7.4 ± 1.76	7.11 ± 1.43	0.437 – Not significant
Gender				
Male	6 (30)	4 (30.8)	4 (44.4)	0.727 – Not significant
Female	14 (70)	9 (69.2)	5 (55.6)	
Side				
Bilateral	5 (25)	4 (30.8)	2 (22.2)	0.920 – Not significant
Unilateral - Right	7 (35)	4 (30.8)	2 (22.2)	
Unilateral - Left	8 (40)	5 (38.5)	5 (55.6)	

Figures in parentheses are in percentage

# 연구의 흐름?

1. 기술 통계로 데이터를 보여주고
2. 단변량(univariate) 분석으로 가설검정
3. 다변량(multivariate) or 소그룹(subgroup) 분석 - 다른 변수들의 효과를 보정.

단변량 분석에서 끝나는 간단한 연구도 많고, 이는 본질적으로 기술 통계의 그룹 비교와 같음. 따라서 Table 1에 필요한 통계를 알면 그것만으로도 간단한 의학 연구를 할 수 있다.

# 연속 변수의 그룹 비교

# 2그룹: t-test

## 2 그룹 평균 비교

- 각 그룹의 평균과 표준편차 필요.

<https://www.evanmiller.org/ab-testing/t-test.html> 에서 바로 가능.

Show  entries

Search:

data.t: sex and total cholesterol

	sex	tChol
person 1	Female	185
person 2	Female	181
person 3	Female	156
person 4	Female	126
person 5	Female	140
person 6	Male	189
person 7	Female	145
person 8	Female	139
person 9	Male	146
person 10	Female	185

Showing 1 to 10 of 30 entries

Previous

1

2

3

Next

```
nev.ttest <- t.test(tChol ~ sex, data = data.t, var.equal = F)
nev.ttest
```

```
##
```

```
##      Welch Two Sample t-test
```

```
##
```

```
## data:  tChol by sex
```

```
## t = 0.74283, df = 27.957, p-value = 0.4638
```

```
## alternative hypothesis: true difference in means between group Female and group Male is not equal to 0
```

```
## 95 percent confidence interval:
```

```
##  -11.42555  24.42555
```

```
## sample estimates:
```

```
## mean in group Female    mean in group Male
```

```
##           152.0           145.5
```

여자의 평균 콜레스테롤 값은 152, 남자는 145.5 이고  $p$ -value는 0.464

- `var.equal = F`는 등분산 가정 없이 분석하겠다는 뜻. 등분산 가정이란 두 그룹의 분산이 같다고 가정하는 것인데, 계산이 좀 더 쉽다는 이점이 있으나 아무 근거 없이 분산이 같다고 가정하는 것은 위험한 가정이다.



```
ev.ttest <- t.test(tChol ~ sex, data = data.t, var.equal = T)
ev.ttest
```

```
##
```

```
##      Two Sample t-test
```

```
##
```

```
## data:  tChol by sex
```

```
## t = 0.73386, df = 28, p-value = 0.4691
```

```
## alternative hypothesis: true difference in means between group Female and group Male is not equal to 0
```

```
## 95 percent confidence interval:
```

```
##  -11.64327  24.64327
```

```
## sample estimates:
```

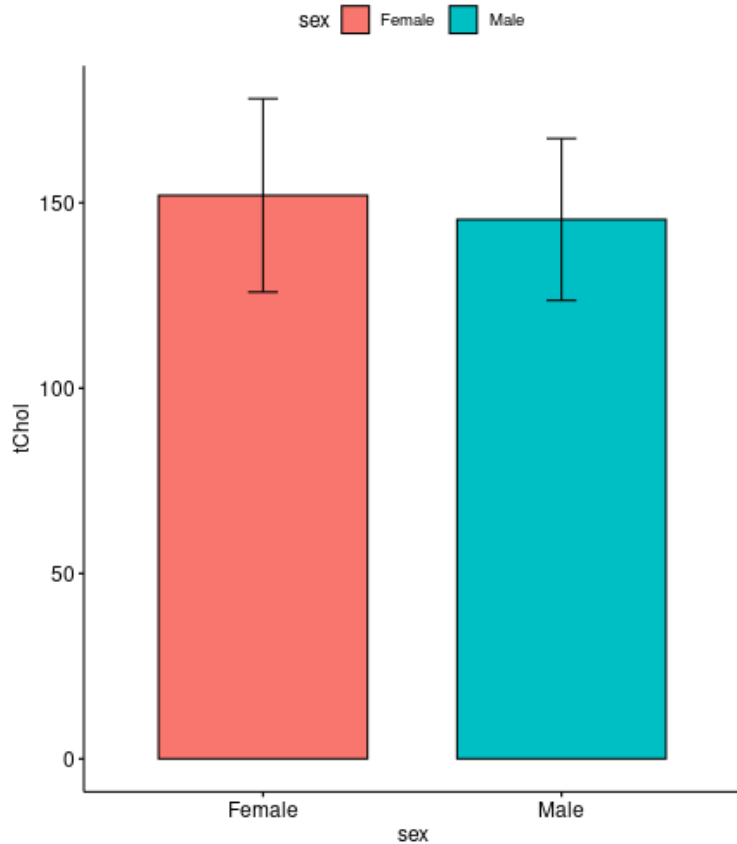
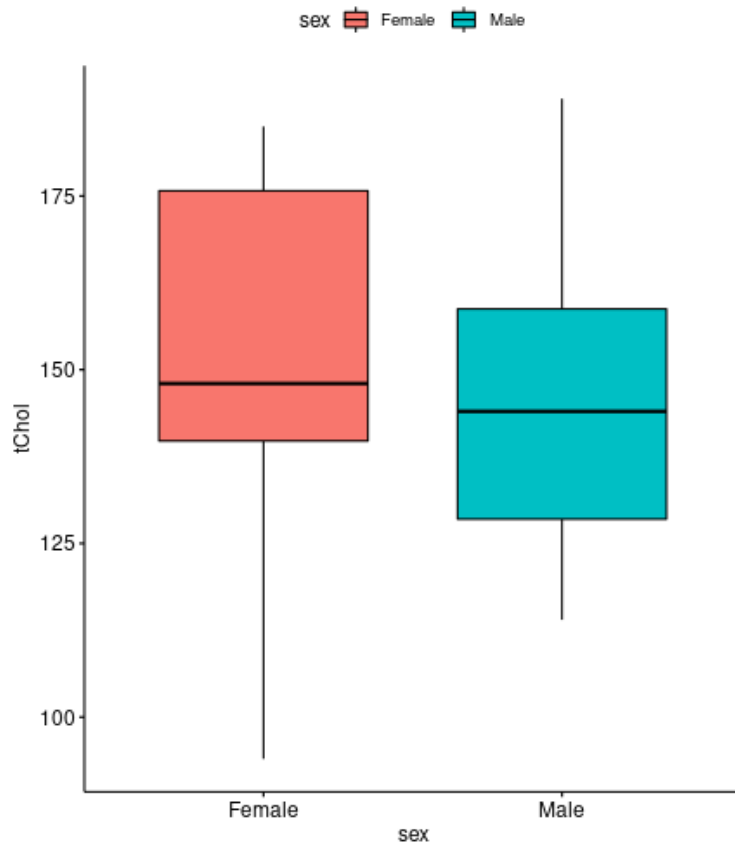
```
## mean in group Female    mean in group Male
```

```
##           152.0           145.5
```

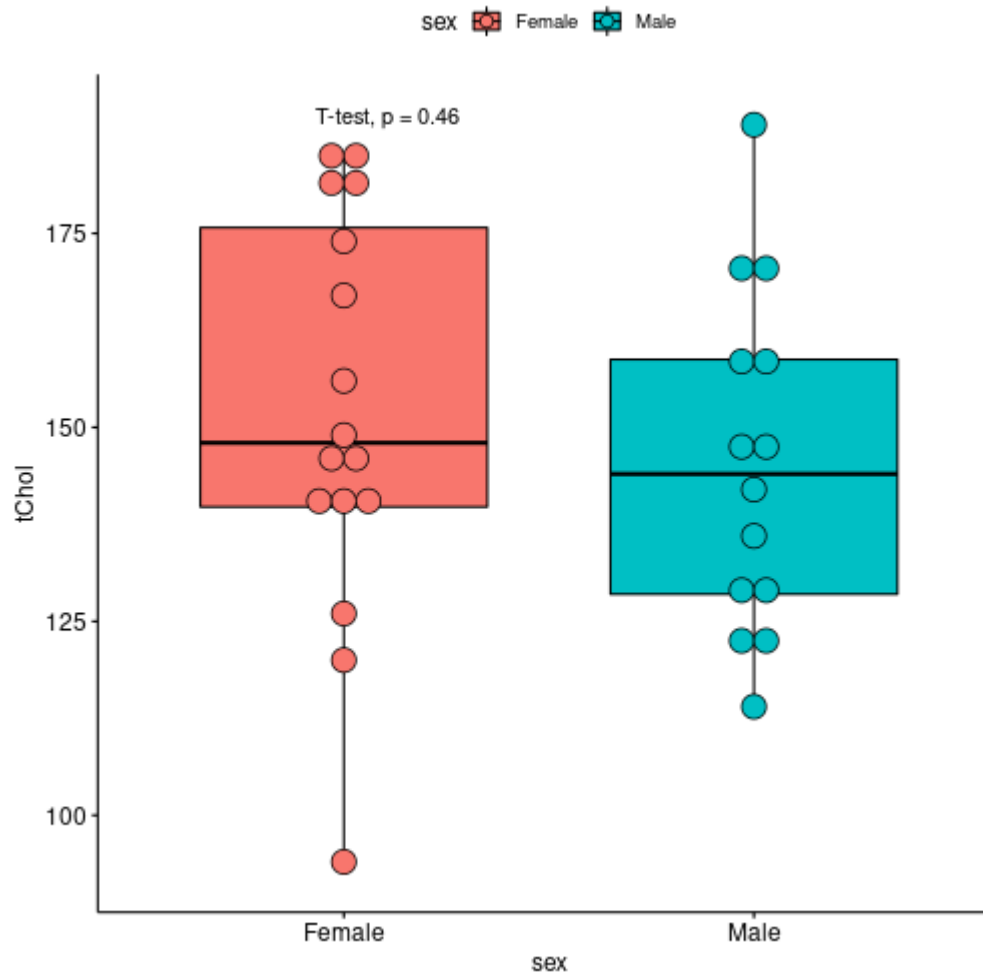
앞서는 **Welch t-test** 였는데 이름이 바뀐 것을 확인할 수 있고  $p$ -value도 0.469로  
다름.

- 특별한 경우가 아니고서야 위험한 등분산가정을 할 필요가 없음.
- R 에서 디폴트도 F 임.
- 2그룹에서 ANOVA 하면 (등분산 가정한) t-test와 동일.  
: 등분산 가정없는 ANOVA 도 있음.

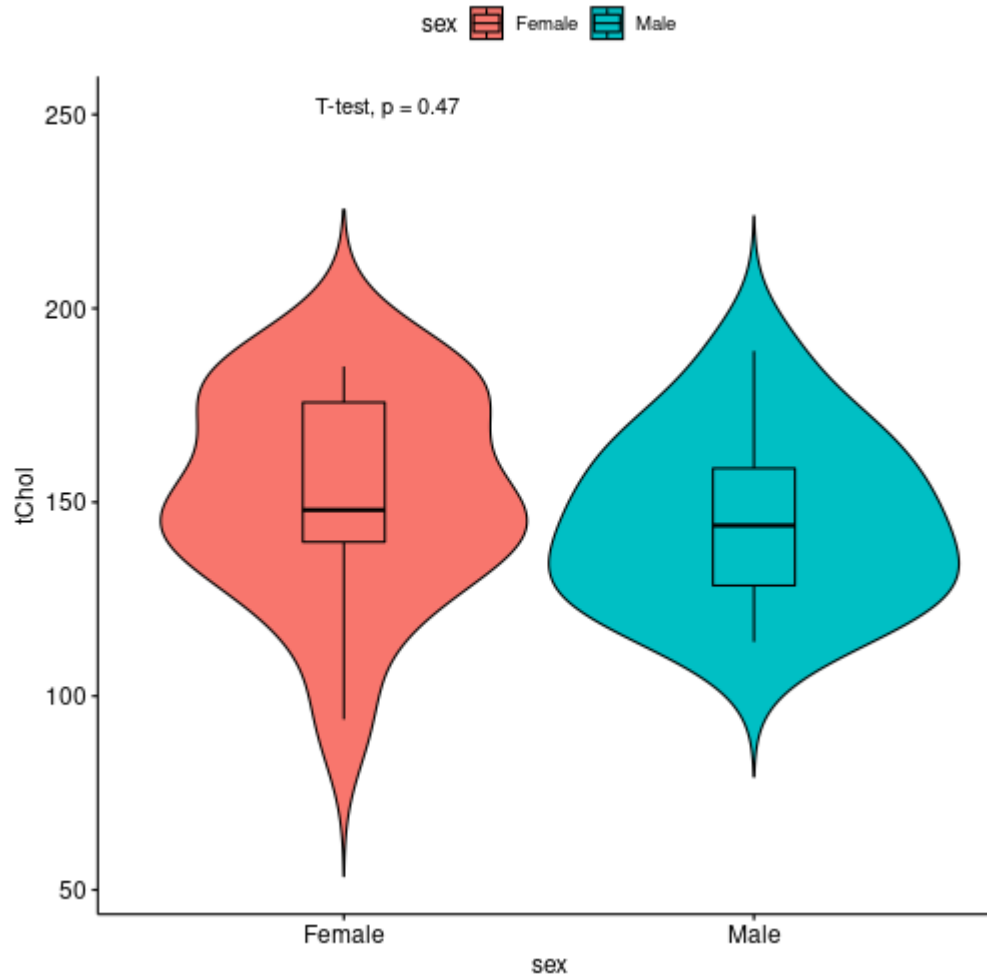
```
library(ggpubr)
ggarrange(
  ggboxplot(data.t, "sex", "tChol", fill = "sex"),
  ggbarplot(data.t, "sex", "tChol", fill = "sex", add = "mean_sd")
)
```



```
ggboxplot(data.t, "sex", "tChol", fill = "sex", add = "dotplot") +  
  stat_compare_means(method = "t.test", method.args = list(var.equal = F))
```



```
ggviolin(data.t, "sex", "tChol", fill = "sex", add = "boxplot") +  
  stat_compare_means(method = "t.test", method.args = list(var.equal = T), label =
```



# 2그룹: wilcox-test

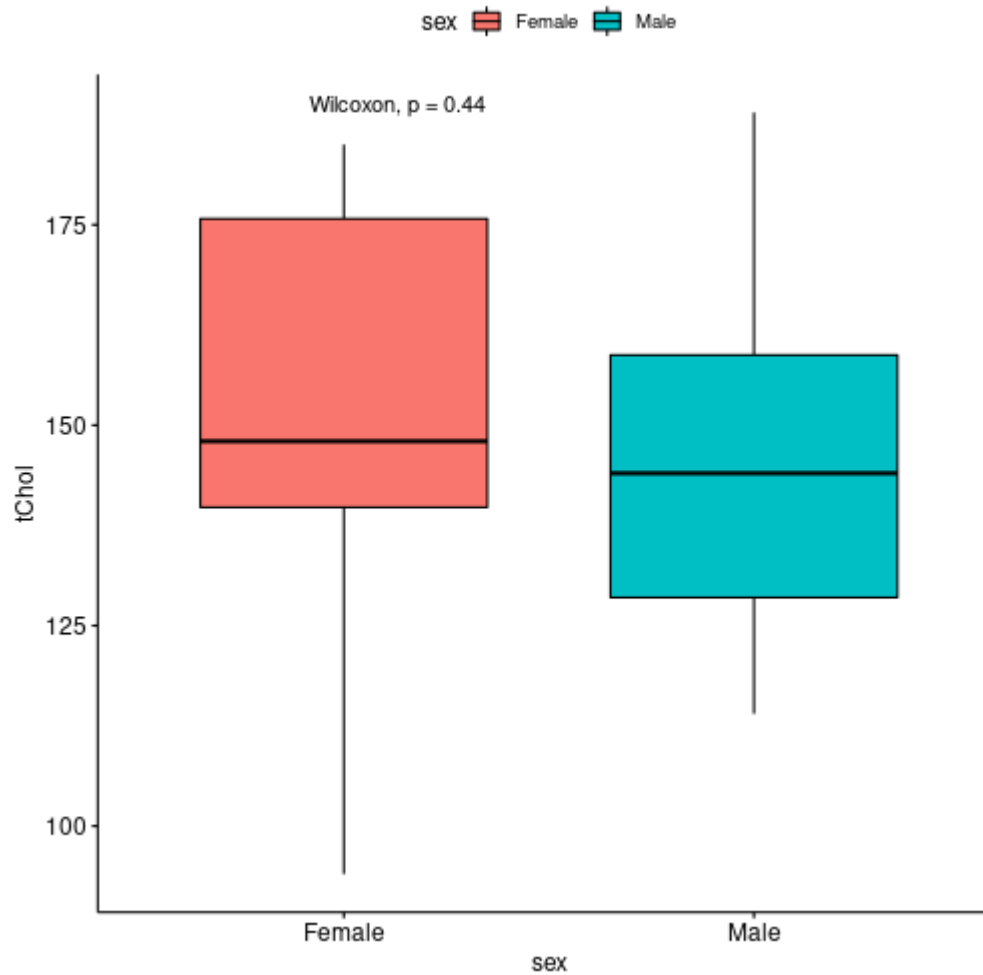
정규분포 못믿을때: 2 그룹 **중위값** 비교

- 값 자체가 아닌 순위정보만 이용 - **비모수검정**
- **Median [IQR(25%-75% quantile)]** 로 표시
- 정규분포 따르는지 아닌지 테스트하는 정규성검정은 불필요.
- 임상적으로 판단하는것이 좋다. 키나 몸무게는 정규분포, CRP나 자녀수는 정규분포 안함.
- 정규분포 참고자료

```
res.wilcox <- wilcox.test(tChol ~ sex, data = data.t)
res.wilcox
```

```
##
##      Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data:  tChol by sex
## W = 131, p-value = 0.4417
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

```
ggboxplot(data.t, "sex", "tChol", fill = "sex") +  
  stat_compare_means(method = "wilcox.test")
```



# 3그룹 이상: One-way ANOVA

## 3 그룹 이상의 평균 비교

- 2그룹씩 짝을 지어서 **t-test**를 반복할 수도 있으나, Table 1은 보통 하나의 (P)-value만 제시함.
- 전체적으로 **튀는 것이 하나라도 있는가?**를 테스트하는 **ANOVA**.
- 어떤 그룹이 차이 나는지는 관심없음.
- 사후(post-hoc) 분석을 이용, 어떤 것이 튀는지를 알아볼 수도 있다.
- 보통 우리가 쓰는 **ANOVA**는 비교할 모든 그룹에서 분산이 같다는 등분산 가정 하에 분석을 수행하며, 실제로 2 그룹일 때 **ANOVA**를 수행하면 등분산 가정 하



Show 

10 ▼

 entries

Search:

data.t: group and total cholesterol

	group	tChol
person 1	C	148
person 2	C	126
person 3	C	128
person 4	B	144
person 5	C	140
person 6	B	117
person 7	B	147
person 8	B	182
person 9	C	146
person 10	A	115

Showing 1 to 10 of 30 entries

Previous

1

2

3

Next

```
res.aov1 <- oneway.test(tChol ~ group, data = data.aov, var.equal = F)
res.aov1
```

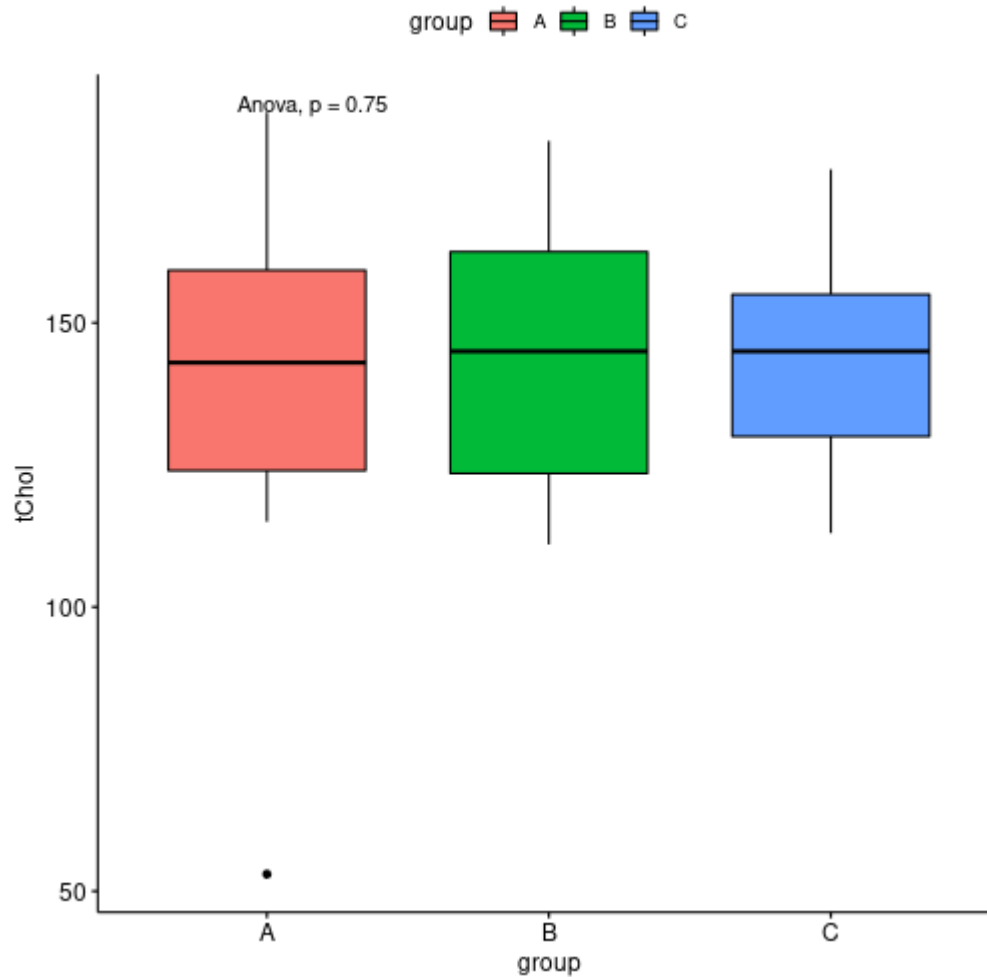
```
##
##      One-way analysis of means (not assuming equal variances)
##
## data:  tChol and group
## F = 0.16299, num df = 2.000, denom df = 14.992, p-value = 0.8511
```

```
res.aov2 <- oneway.test(tChol ~ group, data = data.aov, var.equal = T)
res.aov2
```

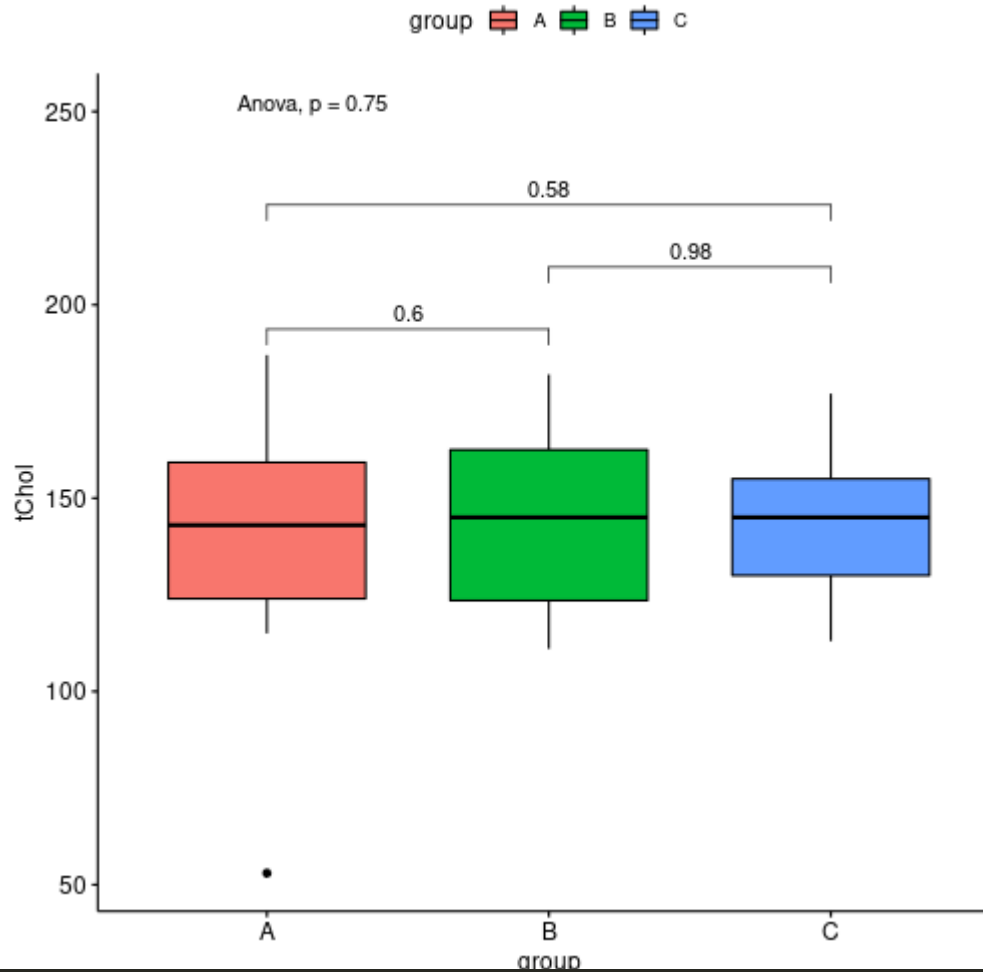
```
##
##      One-way analysis of means
##
## data:  tChol and group
## F = 0.28648, num df = 2, denom df = 27, p-value = 0.7532
```

등분산 가정없는  $p$ -value인 0.851를 이용하며, 의미는  
**"3 그룹에서 총콜레스테롤 값이 비슷하다(다른 것이 있다고 할 수 없다)"** 이다.

```
ggboxplot(data.aov, "group", "tChol", fill = "group", order = c("A", "B", "C")) +  
  stat_compare_means(method = "anova")
```



```
ggboxplot(data.aov, "group", "tChol", fill = "group", order = c("A", "B", "C")) +  
  stat_compare_means(method = "anova", label.y = 250) +  
  stat_compare_means(method = "t.test", comparisons = list(c("A", "B"), c("B", "C")))
```



# 3그룹 이상: Kruskal–Wallis ANOVA

정규분포 못믿을때: 3 그룹 **중위값** 비교

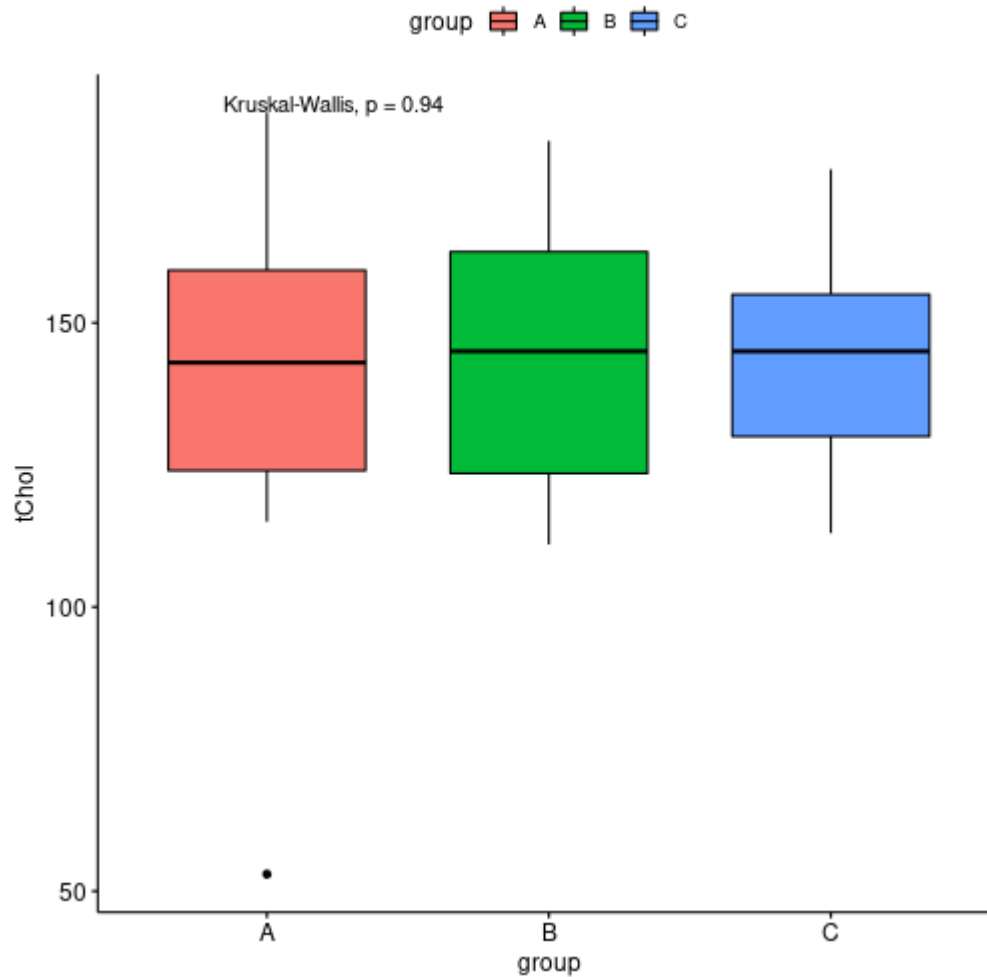
- 값 자체가 아닌 순위정보만 이용 - **비모수검정**
- **Median [IQR(25%-75% quantile)]** 로 표시

```
res.kruskal <- kruskal.test(tChol ~ group, data = data.aov)
res.kruskal
```

```
##
##      Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data:  tChol by group
## Kruskal-Wallis chi-squared = 0.11726, df = 2, p-value = 0.9431
```

|  $p$ -value는 0.943.

```
ggboxplot(data.aov, "group", "tChol", fill = "group", order = c("A", "B", "C")) +  
  stat_compare_means(method = "kruskal.test")
```



# 범주형 변수의 그룹 비교

그룹 수나 정규분포를 고려할 필요가 없어 연속 변수일 때보다 훨씬 간단하며 딱 하나, 샘플 수가 충분한지만 확인하면 된다.



# 샘플 수 충분: Chi-square test



**Chi-square test**는 두 범주형 변수가 관계가 있는지 없는지를 파악하는 테스트.

- 세 범주형 변수일 때도 이용할 수 있으나 본 강의에서는 생략한다.

Show  entries

Search:

data.chi: HTN & DM medication

	HTN_medi 	DM_medi 
person 1	1	0
person 2	0	0
person 3	0	1
person 4	0	1
person 5	1	0
person 6	1	0
person 7	0	0
person 8	0	0
person 9	0	1
person 10	0	1

Showing 1 to 10 of 50 entries

Previous

1

2

3

4

5

Next

```
tb.chi <- table(data.chi)
tb.chi
```

```
##           DM_medi
## HTN_medi  0   1
##           0 15 13
##           1 14  8
```

언뜻 보서는 관계가 있는지 아닌지 잘 모르겠다. **Chi-square test**를 해보자.

```
res.chi <- chisq.test(tb.chi)
res.chi
```

```
##
##      Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction
##
## data:  tb.chi
## X-squared = 0.18246, df = 1, p-value = 0.6693
```

*p*-value는 0.669, **혈압약 복용과 당뇨약 복용은 유의한 관계가 없다고** 말할 수 있다.

# 샘플 수 부족: Fisher's exact test



분석할 테이블에서 샘플 수가 너무 작은 행이 있으면 **chi-square test** 가 부정확해진다. 이 때는 **fisher's exact test**를 쓴다.

- 현 상황보다 더 극한 상황이 나올 확률을 **직접 계산**함.

Show  entries

Search:

data.fisher: HTN & DM medication

	HTN_medi 	DM_medi 
person 1	1	0
person 2	0	0
person 3	0	0
person 4	0	1
person 5	1	0
person 6	1	0
person 7	0	0
person 8	0	0
person 9	0	1
person 10	0	0

Showing 1 to 10 of 50 entries

Previous

1

2

3

4

5

Next

아까와 마찬가지로 테이블로 두 약물 복용상태를 비교하면 아래와 같다.

```
tb.fisher <- table(data.fisher)
tb.fisher
```

```
##           DM_medi
## HTN_medi  0    1
##           0 31   8
##           1  9   2
```

혈압약과 당뇨약을 모두 복용한 사람이 2명으로 좀 작아보이지만 무시하고 **chi-square test**를 수행하면 결과는 나오나 Warning 메시지가 뜬다.

```
chisq.test(tb.fisher)
```

```
## Warning in chisq.test(tb.fisher): Chi-squared approximation may be incorrect
```

```
##
##      Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction
##
## data:  tb.fisher
## X-squared = 4.5971e-31, df = 1, p-value = 1
```

**두 약을 모두 복용한 사람이 2명뿐**, 분석할 테이블에서 샘플 수가 너무 작은 항이 있으면 **chi-square test**의 계산이 부정확해진다.

**fisher's exact test** 를 해 보자.

```
res.fisher <- fisher.test(tb.fisher)
res.fisher
```

```
##
##      Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data:  tb.fisher
## p-value = 1
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.07627205 5.55561549
## sample estimates:
## odds ratio
##  0.8636115
```

$p$ -value는 1, 마찬가지로 혈압약 복용과 당뇨약 복용은  
유의한 관계가 없다고 할 수 있다.

의문: 무조건 **fisher's test**만 하면 간단한데 **chi-square test**는 왜 하나?

- 샘플 수가 작을 때는 **fisher's test**만 하는 것이 실제로 더 간단하고 방법론적으로도 아무 문제가 없다. 그러나 샘플 수나 그룹 수가 늘어날수록 **fisher's test**는 계산량이 급격하게 증가한다. **chi-square test**를 먼저 수행하는 것을 권유한다.

# 연속변수의 짝지은 그룹비교

Paired t-test



# 2그룹 : Paired t-test

각 사람의 혈압을 한 번은 사람이 직접, 한 번은 자동혈압계로 측정했다고 하자. 이때 직접 잰 혈압과 자동혈압계의 측정값을 비교한다면 **t-test**로 충분할까?

- t-test는 혈압 재는 방법마다 **평균을 먼저 구한 후** 그것이 같은지를 테스트하므로 **짜지은 정보를 활용하지 못한다.**
- 각 사람마다 두 혈압값의 **차이를 먼저 구한 후** 평균이 0인지를 테스트하면, **짜지은 정보를 활용하면서** 계산도 더 간단한 방법이 된다.
- **차이값을 먼저 구한 후** 그 평균이 0인지를 테스트하는 방법이 **paired t-test**

Show  entries

Search:

data.pt: systolic blood pressure measured by hand & machine

	SBP_hand ↕	SBP_machine ↕
person 1	128	128
person 2	128	119
person 3	120	119
person 4	119	126
person 5	124	118
person 6	130	124
person 7	127	128
person 8	131	129
person 9	127	117
person 10	120	130

Showing 1 to 10 of 30 entries

Previous

1

2

3

Next

그냥 t-test 로 비교해보자.

```
pt.ttest <- t.test(data.pt$SBP_hand, data.pt$SBP_machine)
pt.ttest
```

```
##
##      Welch Two Sample t-test
##
## data:  data.pt$SBP_hand and data.pt$SBP_machine
## t = -0.45768, df = 57.863, p-value = 0.6489
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -3.224307  2.024307
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      125.0      125.6
```

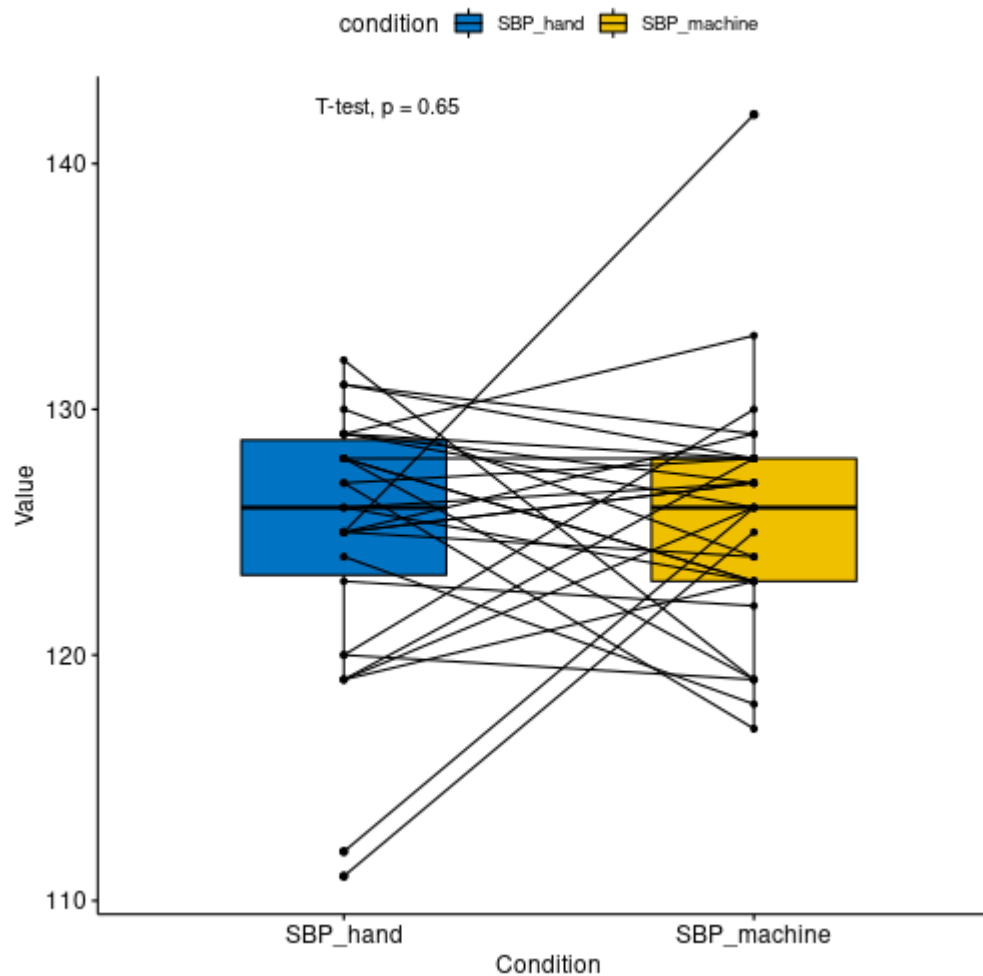
각 방법의 평균을 먼저 구한 후 차이를 비교 했고,  $p$ -value는 0.649이다. 이제 **paired t-test**를 수행하자.

```
pt.ttest.pair <- t.test(data.pt$SBP_hand, data.pt$SBP_machine, paired = TRUE)
pt.ttest.pair
```

```
##
##      Paired t-test
##
## data:  data.pt$SBP_hand and data.pt$SBP_machine
## t = -0.46171, df = 29, p-value = 0.6477
## alternative hypothesis: true mean difference is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -3.257804  2.057804
## sample estimates:
## mean difference
##           -0.6
```

이번에는 사람마다 차이값을 먼저 구한 후 그것이 0인지 테스트 했고,  $p$ -value는 0.648이다.

```
ggpaired(data.pt, cond1 = "SBP_hand", cond2 = "SBP_machine", fill = "condition", p.  
stat_compare_means(method = "t.test", paired = T)
```



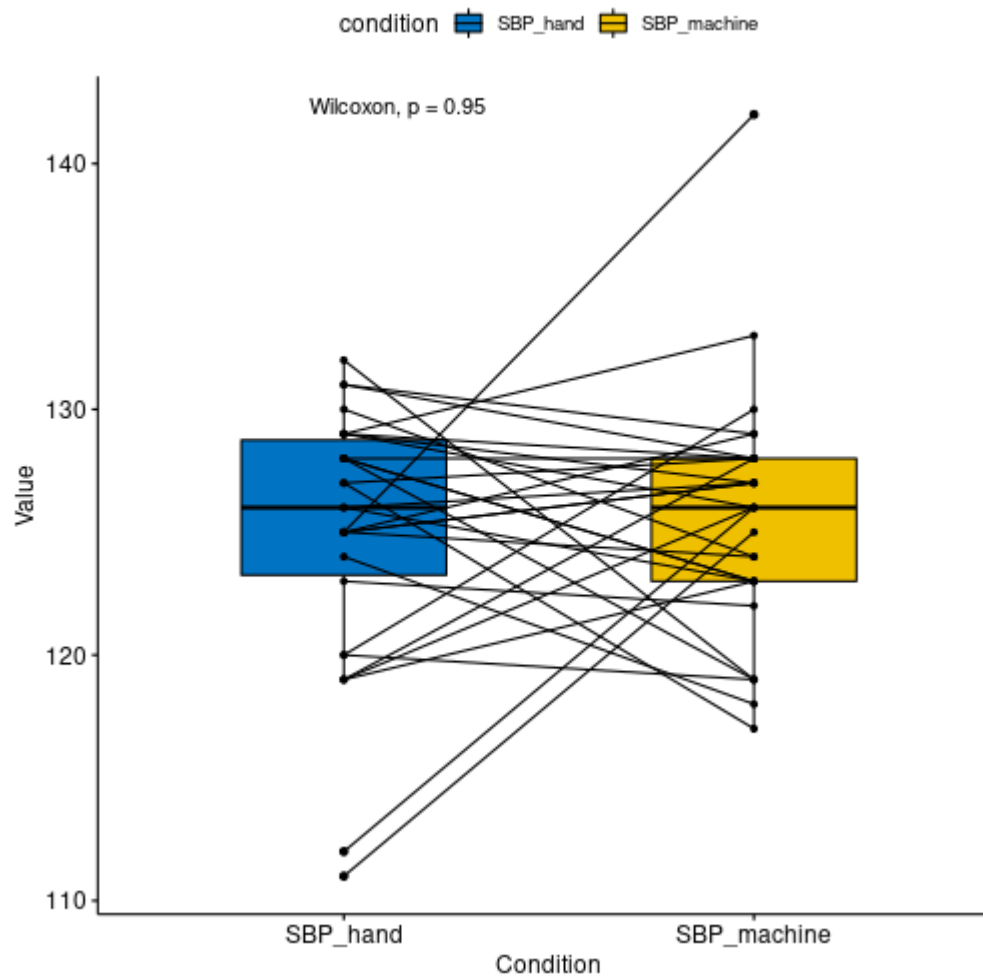
**Paired t-test**의 비모수버전은 **wilcoxon-signed rank test** 이며 아래와 같이 실행한다.

```
pt.wilcox.pair <- wilcox.test(data.pt$SBP_hand, data.pt$SBP_machine, paired = T)
pt.wilcox.pair
```

```
##
##      Wilcoxon signed rank test with continuity correction
##
## data:  data.pt$SBP_hand and data.pt$SBP_machine
## V = 214, p-value = 0.9482
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

- 본 강의에서는 다루지 않겠지만 짝지은 3개 이상의 그룹은 **repeated measure ANOVA** 를 이용한다.

```
ggpaired(data.pt, cond1 = "SBP_hand", cond2 = "SBP_machine", fill = "condition", p.  
stat_compare_means(method = "wilcox.test", paired = T)
```



# 범주형 변수의 짝지은 그룹비 교

**McNemar test, Symmetry test for a paired  
contingency table**



## 2그룹: McNemar test

약 복용 전후로 복통증상 발생에 차이가 있는지 알아본다고 하자.

Show  entries

Search:

data.mc: Abdominal pain - before & after

	Pain_before ↕	Pain_after ↕
person 1	0	0
person 2	1	1
person 3	0	1
person 4	0	0
person 5	0	1
person 6	1	0
person 7	0	0
person 8	0	0
person 9	0	0
person 10	0	1

Showing 1 to 10 of 30 entries

Previous

1

2

3

Next

이 데이터를 2 by 2 테이블로 정리하면 아래와 같다.

```
table.mc <- table(data.mc)
table.mc
```

```
##           Pain_after
## Pain_before 0 1
##           0 8 8
##           1 9 5
```

먼저 앞서 배운 **Chi-square test** 를 이용한 결과를 보자.

```
mc.chi <- chisq.test(table.mc)
mc.chi
```

```
##
##      Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction
##
## data:  table.mc
## X-squared = 0.17514, df = 1, p-value = 0.6756
```

이것은 약 복용 전 복통 증상과 복용 후의 복통 증상이 얼마나 관계가 있는지 알아보는 테스트로 **짜지은 정보를 활용하지 않는다.**

짜지은 정보를 활용하는 **mcnemar test**를 수행하자.

```
mc.mcnemar <- mcnemar.test(table.mc)
mc.mcnemar
```

```
##
##      McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  table.mc
## McNemar's chi-squared = 0, df = 1, p-value = 1
```

**Mcnemar test**는 약 복용후 증상발생이 달라진 사람 즉, **discordant pair**만 분석에 이용한다. 따라서 **condordant pair** 가 어떨든지 통계결과는 동일하게 나온다.

# 3그룹: symmetry test

Symmetry test for a paired contingency table\*

- McNemar test의 일반화, 3그룹 이상에서도 가능.

[http://rcompanion.org/handbook/H\\_05.html](http://rcompanion.org/handbook/H_05.html)

##	Yes.after	No.after	Maybe.after
## Yes.before	6	0	1
## No.before	5	3	7
## Maybe.before	11	1	12

nominalSymmetryTest 함수를 쓴다.

```
## Symmetry test  
nominalSymmetryTest(AndersonRainGarden)
```

```
## $Global.test.for.symmetry  
##   Dimensions  p.value  
## 1          3 x 3 0.000476  
##  
## $Pairwise.symmetry.tests  
##  
##           Comparison p.value p.adjust  
## 1      Yes.before/Yes.after : No.before/No.after  0.0736  0.0771  
## 2 Yes.before/Yes.after : Maybe.before/Maybe.after 0.00937  0.0281  
## 3   No.before/No.after : Maybe.before/Maybe.after  0.0771  0.0771  
##  
## $p.adjustment  
##   Method  
## 1     fdr  
##  
## $statistical.method  
##       Method  
## 1 McNemar test
```

실습

# 웹 애플리케이션

직접 만든 기초통계 웹: <https://app.zarathu.com/basic>.

- 5메가 이하의 **excel**, **csv** 형태 혹은 **sas**, **spss** 프로그램으로 만든 데이터를 업로드하면 Table 1과 회귀분석, 로지스틱 회귀분석을 간단하게 수행하고 결과를 **excel**로 바로 다운받을 수 있다.



←

→

↺

⚠ Not secure

147.47.68.165:2222/basic/

☆

📁

🔍

🗑

🔧

🔒

⋮

Basic statisticsDataTable 1Regression ▾Plot ▾

Upload data (csv/xlsx/sav/sas7bdat)

UserLogout  
anpanman

DataLabel

Browse...

No file selected

# Rstudio Addins

5메가보다 큰 데이터는 **jsmodule** R package 를 개인컴퓨터에 설치하여 이용한다.

```
install.packages("jsmodule")
```

패키지를 설치한 후 **Rstudio** 프로그램의 **Addins** 탭을 누르면 **Basic statistics** 항목이 보일 것이다. 데이터를 읽고 그것의 이름을 드래그 한 상태로 **Basic statistics** 를 누르면 된다.

← → ↻ Not secure | 147.47.68.165:1111

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Untitled1\* basic-biostatistics.Rmd welcome.Rmd

Run Source

```
1 mtcars
2
```

Environment History Connections Build Git

Diff Commit Pull Push History More

Staged Status Path

\_posts/2018-11-24-basic-biostatistics/basic-biostatistics.Rmd

Files Plots Packages Help Viewer

New Folder Upload Delete Rename More

Home > Homepage > blog > \_posts > 2018-11-24-basic-biostatistics

Name	Size	Modified
..		
basic-biostatistics.html	30.5 KB	Nov 24, 2018, 10:55 PM
basic-biostatistics.Rmd	3.8 KB	Nov 24, 2018, 11:06 PM
basic-biostatistics_files		

2.1 (Top Level) R Script

Console Terminal

~/Homepage/blog/

Merc 450SE	16.4	8	275.0	180	3.07	4.070	17.40	0	0	3	3
Merc 450SL	17.3	8	275.0	180	3.07	3.730	17.60	0	0	3	3
Merc 450SLC	15.2	8	275.0	180	3.07	3.780	18.00	0	0	3	3
Cadillac Fleetwood	10.4	8	472.0	205	2.93	5.250	17.98	0	0	3	4
Lincoln Continental	10.4	8	460.0	215	3.00	5.424	17.82	0	0	3	4
Chrysler Imperial	14.7	8	440.0	230	3.23	5.345	17.42	0	0	3	4
Fiat 128	32.4	4	78.7	66	4.08	2.200	19.47	1	1	4	1
Honda Civic	30.4	4	75.7	52	4.93	1.615	18.52	1	1	4	2
Toyota Corolla	33.9	4	71.1	65	4.22	1.835	19.90	1	1	4	1
Toyota Corona	21.5	4	120.1	97	3.70	2.465	20.01	1	0	3	1
Dodge Challenger	15.5	8	318.0	150	2.76	3.520	16.87	0	0	3	2
AMC Javelin	15.2	8	304.0	150	3.15	3.435	17.30	0	0	3	2
Canaro 220	13.3	8	350.0	245	3.73	3.840	15.41	0	0	3	4
Pontiac Firebird	19.2	8	400.0	175	3.08	3.845	17.05	0	0	3	2
Fiat XI-9	27.3	4	79.0	66	4.08	1.935	18.90	1	1	4	1
Porsche 914-2	26.0	4	120.3	91	4.43	2.140	16.70	0	1	5	2
Lotus Europa	30.4	4	95.1	113	3.77	1.513	16.90	1	1	5	2
Ford Pantera L	15.8	8	351.0	264	4.22	3.170	14.50	0	1	5	4
Ferrari Dino	19.7	6	145.0	175	3.62	2.770	15.50	0	1	5	6
Maserati Bora	15.0	8	301.0	335	3.54	3.570	14.60	0	1	5	8
Volvo 142E	21.4	4	121.0	109	4.11	2.780	18.60	1	1	4	2

>

# Executive Summary

- 연속변수의 2그룹 비교: 정규분포 인정하면 **t-test**, 아니면 **Wilcox-test**
- 연속변수의 3그룹 이상 비교: 정규분포 인정하면 **one-way ANOVA**, 아니면 **Kruskal-Wallis one-way ANOVA**
- 범주형 변수의 그룹 비교: 샘플수 충분하면 **Chisq-test**, 아니면 **Fisher-test**

본사가 개발한 웹 과 R 패키지 에서 바로 Table 1 을 얻을 수 있다.

- 강의록은 <https://blog.zarathu.com/posts/2018-11-24-basic-biostatistics> 참고

**END**