

R en Biomedicina: Curso práctico de introducción



Unidad de Bioestadística Clínica
Hospital Ramón y Cajal



Contrastes de hipótesis

Contraste de hipótesis

Hipotesis Nula (H_0)

- La que contrastamos
- Los datos pueden refutarla

Hipotesis Alternativa (H_1)

- Niega H_0
- Los datos pueden mostrar evidencia a favor



Creemos que en nuestro
C. Salud la proporción
de diabéticos es del
10%

$$\begin{cases} H_0 : p = 10\% \\ H_1 : p \neq 10\% \end{cases}$$

Contraste de hipótesis.

Pasos a seguir

- Establecer la hipótesis nula en términos de igualdad

$$H_0: \theta = \theta_0$$

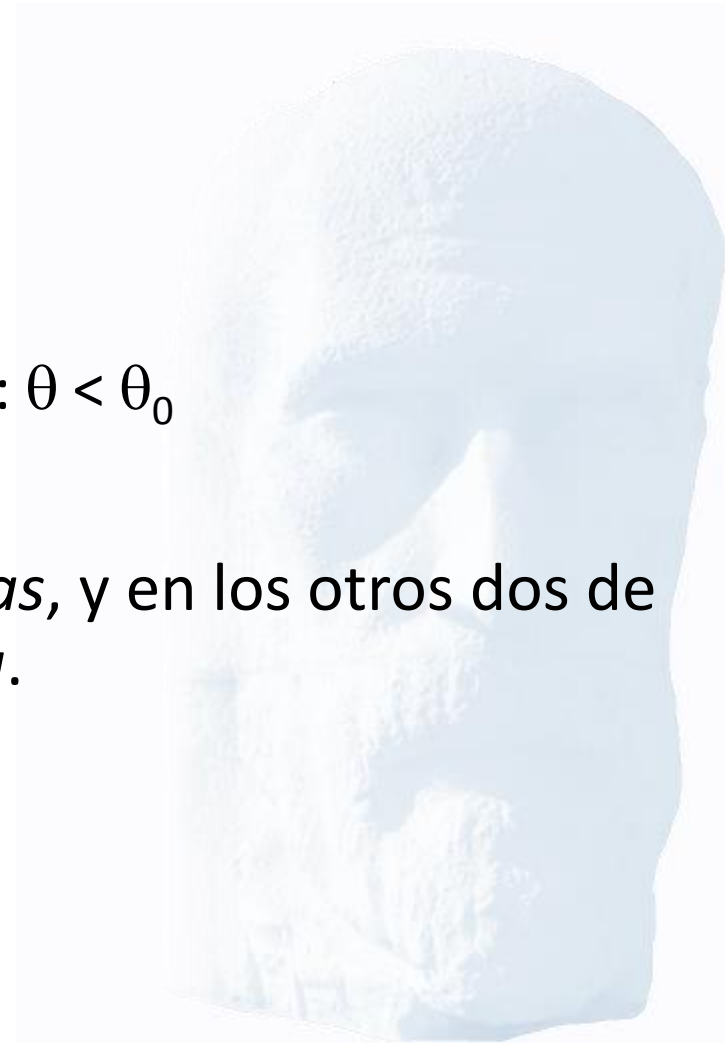
- Establecer la hipótesis alternativa

$$H_1: \theta \neq \theta_0$$

$$H_1: \theta > \theta_0$$

$$H_1: \theta < \theta_0$$

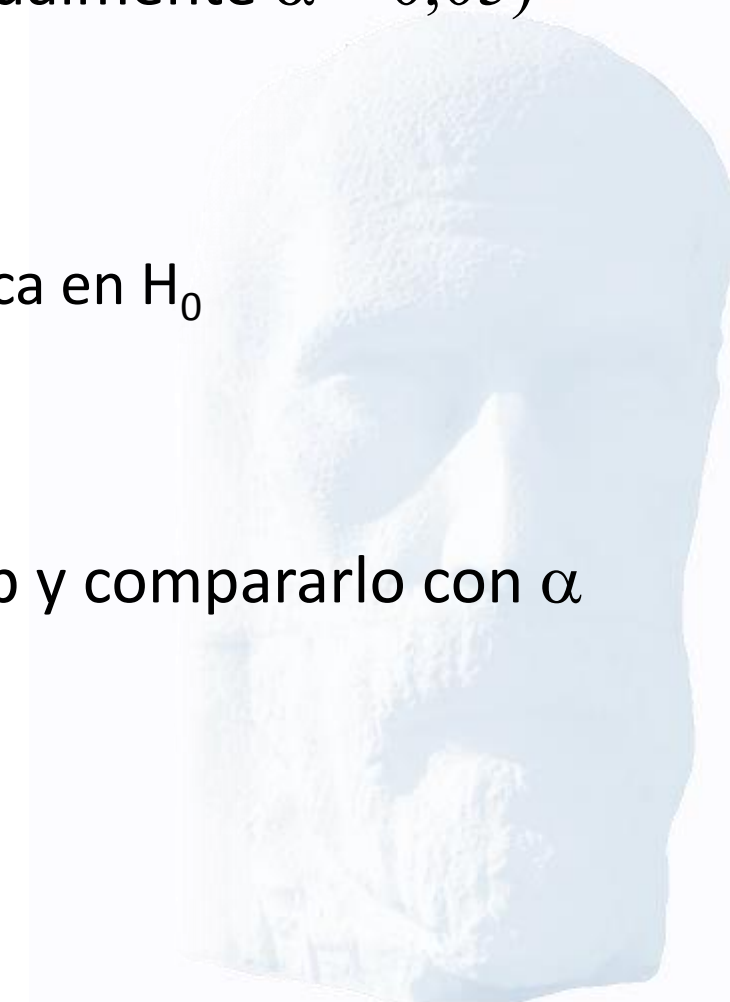
en el primer caso se habla de contraste *bilateral* o de *dos colas*, y en los otros dos de *lateral* (*derecho* en el 2º caso, o *izquierdo* en el 3º) o *una cola*.



Contraste de hipótesis.

Pasos a seguir

- Elegir un *nivel de significación*: nivel crítico para α (habitualmente $\alpha = 0,05$)
- Elegir un *estadístico de contraste*
estadístico cuya distribución muestral se conozca en H_0
que esté relacionado con θ
- Realizar el experimento, calcular el estadístico y el valor p y compararlo con α



Contraste de hipótesis.

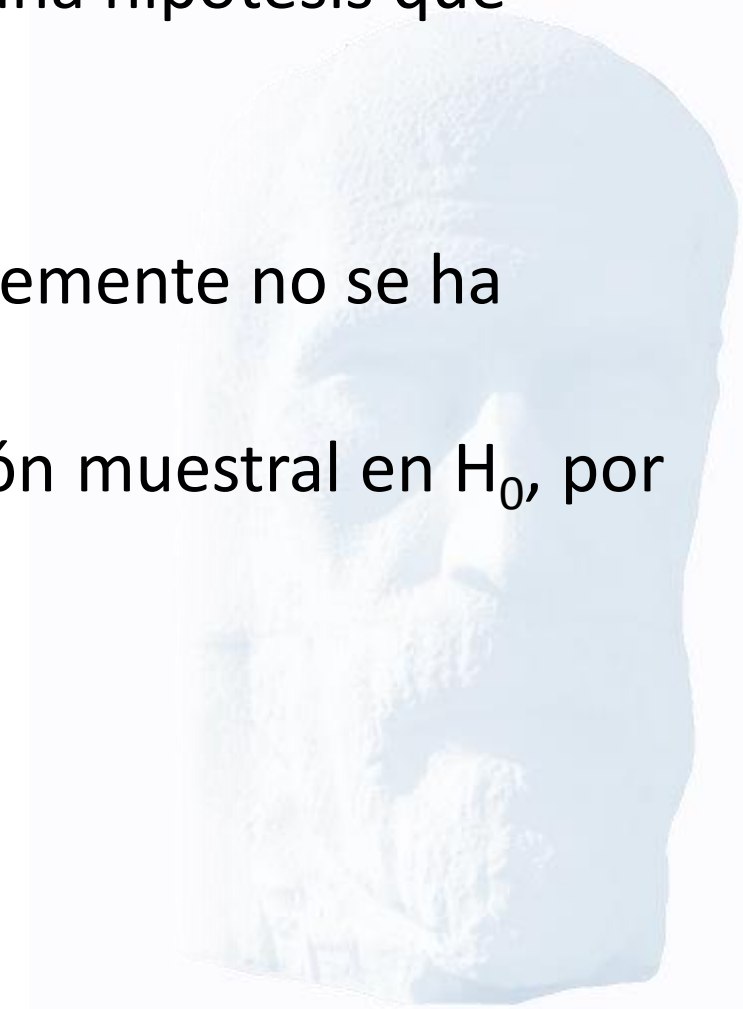
Notas

De esta manera, se está más seguro cuando se rechaza una hipótesis que cuando no.

Por eso se fija como H_0 lo que se quiere rechazar.

Cuando no se rechaza, no se ha demostrado nada, simplemente no se ha podido rechazar.

Por otro lado, la decisión se toma en base a la distribución muestral en H_0 , por eso es necesario que tenga la igualdad.



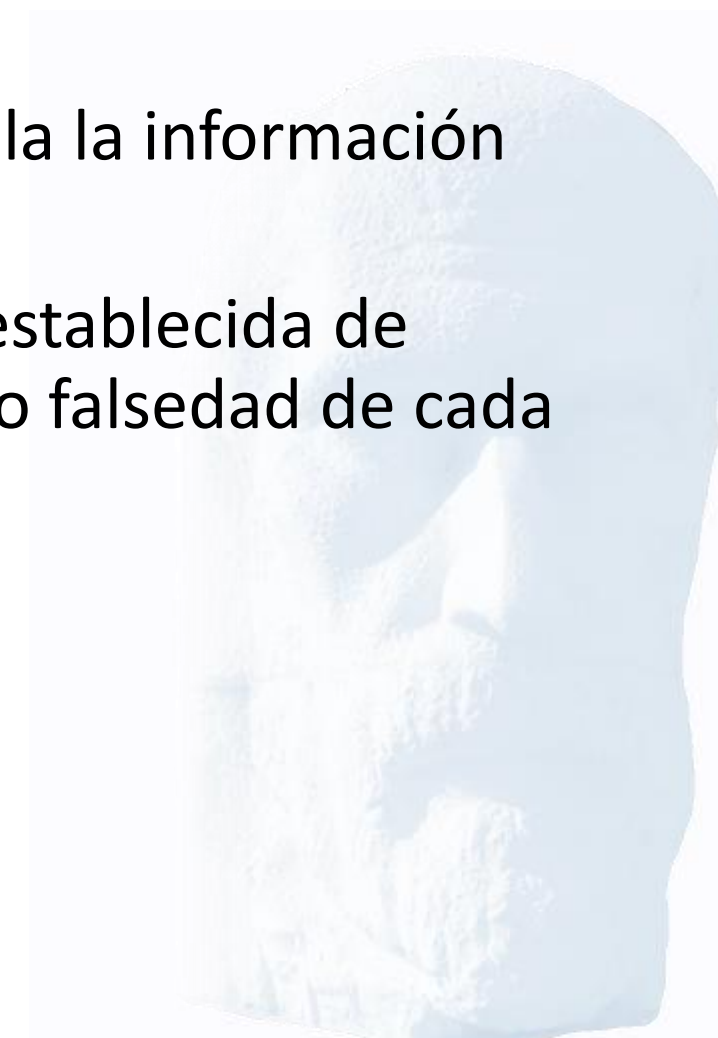
Contraste de hipótesis.

Criticas

El valor p depende sobre todo del tamaño muestral.

El formalismo de los contrastes de hipótesis no contempla la información proveniente de otros estudios.

El procedimiento garantiza a la larga una frecuencia preestablecida de decisiones correctas, pero no dice nada sobre la verdad o falsedad de cada hipótesis concreta.



Resumen del proceso

Se fija a priori una tasa aceptable para el error (habitualmente, $\alpha = 0,05$)

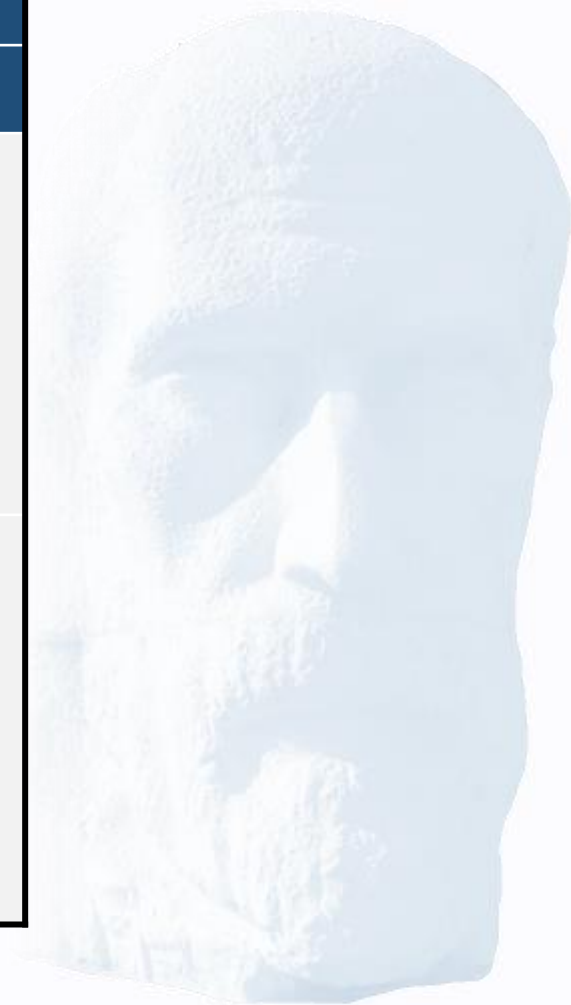
Se calcula el **valor p** como la probabilidad de encontrar unos resultados muestrales tan alejados o más de la hipótesis nula como el encontrado.

Se usa para **tomar una decisión**: si p es menor que la tasa aceptada de error tipo I (α) se rechaza la hipótesis nula a favor de la alternativa, de lo contrario no se rechaza.

Contraste de hipótesis.

Tipos de error

	Realidad	
	H0 cierta	H0 Falsa
No Rechazo H0	Correcto La hipótesis nula es cierta y no se rechaza	Error de tipo II La hipótesis nula es falsa y no lo detectamos Probabilidad β
Rechazo H0 Acepto H1	Error de tipo I La hipótesis nula es cierta pero lo rechazamos Probabilidad α	Correcto La hipótesis nula es falsa y así aceptamos la hipótesis alternativa



Contraste de hipótesis.

Nivel de significación y potencia

Para un tamaño muestral fijo, no se pueden reducir a la vez ambos tipos de error.

Para reducir β , hay que aumentar el tamaño muestral.

$$\alpha = p(\text{rechazar } H_0 \mid \text{Cierta})$$

$$\beta = p(\text{aceptar } H_0 \mid \text{Falsa})$$

$$\text{Potencia} = 1 - \beta$$



Test estadísticos de asociación

VARIABLE INDEPENDIENTE (X)	VARIABLE DEPENDIENTE (Y)		
	Cualitativa	Cuantitativa (normal)	Cuantitativa (no normal)
Cualitativa	Chi-cuadrado	t de Student	Mann-Whitney
	Fisher si freq esperadas < 5 en 25% de casillas	Anova	Kruskal-Wallis
Cuantitativa	Regresión logística	Correlación Pearson Regresión lineal	Correlación Spearman



Contrastes de hipótesis

2 variables categóricas

Test estadísticos de asociación

2 variables categóricas

VARIABLE INDEPENDIENTE (X)	VARIABLE DEPENDIENTE (Y)		
	Cualitativa	Cuantitativa (normal)	Cuantitativa (no normal)
Cualitativa	Chi-cuadrado	t de Student	Mann-Whitney
	Fisher si freq esperadas < 5 en 25% de casillas	Anova	Kruskal-Wallis
Cuantitativa	Regresión logística	Correlación Pearson Regresión lineal	Correlación Spearman

Test estadísticos de asociación

2 variables categóricas

1. Hipótesis nula: Independencia (igualdad)
2. Se calculan las posibles frecuencias que deberían haber aparecido, asumiendo independencia (T_i) para todo el experimento y se comparan con las observadas (O_i).
3. Se busca un índice (estadístico) que cuantifique las diferencias y que siga una distribución de probabilidad conocida para decidir si las diferencias son o no significativas

$$\chi^2 = \sum (O_i - T_i)^2 / T_i$$

Test Chi cuadrado

- Si $\chi^2_{\text{exp}} \leq \chi^2_{\text{teor}} \rightarrow$ Las diferencias pueden explicarse por azar y no hay evidencia de diferencia o desajuste entre ambas distribuciones

Mantengo la hipótesis nula.

La distribución experimental se ajusta a la teórica

No se detecta asociación \rightarrow Las proporciones son “iguales”

- Si $\chi^2_{\text{exp}} > \chi^2_{\text{teor}} \rightarrow$ Las diferencias no se explican por azar y la distribución experimental no se ajusta a la teórica

Rechazo la hipótesis nula.

La distribución experimental es diferente a la teórica

Existe una asociación estadísticamente significativa con probabilidad de error $p < 0,05 \rightarrow$ Las proporciones son diferentes.

Test Chi cuadrado

	Recaída			
ATB		Sí	No	Total
	Sí	10	190	200
	No	10	90	100
	Total	20	280	300

La pregunta a responder es si las probabilidades condicionadas son diferentes o iguales, o sea , si dependen o no del grupo de referencia.

Ho: $P(\text{recaída} | \text{ATB=Sí}) = P(\text{recaída} | \text{ATB=No})$

H1: Las proporciones son diferentes

Test Chi cuadrado

	Recaída			
ATB		Sí	No	Total
	Sí	10/13,3	190/186,7	200
	No	10/6,7	90/93,3	100
	Total	20	280	300

$$\chi^2 = \sum (O_i - T_i)^2 / T_i$$

$$\chi^2_{\text{exp}} = 2,67 < \chi^2_{\text{teor}} = 3,84$$

No hay asociación estadísticamente significativa
entre el antibiótico y la recaída - ($p > 0,05$)

DISTRIBUCION DE χ^2

Grados de libertad	Probabilidad									0,05	0,01	0,001
	0,95	0,90	0,80	0,70	0,50	0,30	0,20	0,10				
1	0,004	0,02	0,06	0,15	0,46	1,07	1,64	2,71	3,84	6,64	10,83	
2	0,10	0,21	0,45	0,71	1,39	2,41	3,22	4,60	5,99	9,21	13,82	
3	0,35	0,58	1,01	1,42	2,37	3,66	4,64	6,25	7,82	11,34	16,27	
4	0,71	1,06	1,65	2,20	3,36	4,88	5,99	7,78	9,49	13,28	18,47	
5	1,14	1,61	2,34	3,00	4,35	6,06	7,29	9,24	11,07	15,09	20,52	
6	1,63	2,20	3,07	3,83	5,35	7,23	8,56	10,64	12,59	16,81	22,46	
7	2,17	2,83	3,82	4,67	6,35	8,38	9,80	12,02	14,07	18,48	24,32	
8	2,73	3,49	4,59	5,53	7,34	9,52	11,03	13,36	15,51	20,09	26,12	
9	3,32	4,17	5,38	6,39	8,34	10,66	12,24	14,68	16,92	21,67	27,88	
10	3,94	4,86	6,18	7,27	9,34	11,78	13,44	15,99	18,31	23,21	29,59	
No significativo										Significativo		

Test Chi cuadrado

chisq.test

A partir de un conjunto de datos

```
table(base1$Trat, base1$Recaida)
```

```
chisq.test(base1$Trat, base1$Recaida, correct=FALSE)
```

```
> table(base1$Trat, base1$Recaida)
```

	No	Si
No	90	10
Si	190	10

```
> chisq.test(base1$Trat, base1$Recaida, correct=FALSE) #Pearson's Chi-squared test
```

Pearson's Chi-squared test

data: base1\$Trat and base1\$Recaida

X-squared = 2.6786, df = 1, p-value = 0.1017

p valor > 0,05

No hay asociación estadísticamente significativa entre el antibiótico y la recaída

Test Chi cuadrado

chisq.test

```
# A partir de la tabla de contingencia
```

```
No_tratado = c(90, 10)
```

```
Si_tratado = c(190, 10)
```

```
# Combinar los dos vectores en matriz, luego convertir la matriz en data frame
```

```
datos = as.data.frame(rbind(No_tratado, Si_tratado))
```

```
# Asignamos nombres a las columnas data frame
```

```
names(datos) = c('No recaida', 'Si recaida')
```

```
# Aplicamos el test chi-cuadrado
```

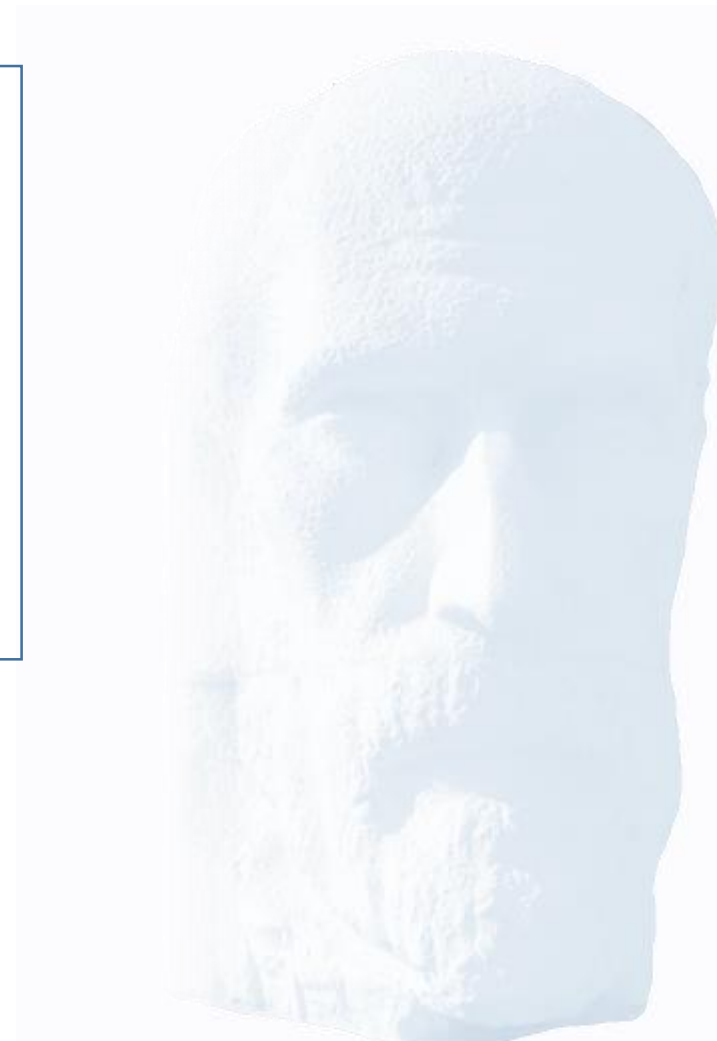
```
chisq.test(datos, correct = FALSE)
```

```
> chisq.test(datos, correct = FALSE)
```

Pearson's Chi-squared test

```
data: datos
```

```
X-squared = 2.6786, df = 1, p-value = 0.1017
```



Test Chi cuadrado y Test exacto de Fisher

tab2by2.test

A partir de un conjunto de datos

```
library(epitools)
```

```
tab2by2.test(base1$Trat, base1$Recaida, correction = FALSE)
```

```
> tab2by2.test(base1$Trat, base1$Recaida, correction = FALSE)
```

```
$x
```

Predictor	Outcome	
	No	Si
No	90	10
Si	190	10

```
$p.value
```

Predictor	two-sided			
	midp.exact	fisher.exact	chi.square	
No	NA	NA	NA	
Si	0.1171378	0.1388231	0.1017069	



Medidas de asociación

Presentación más usual del efecto (resultado binario):

- Riesgo relativo (RR)
- Reducción absoluta del riesgo (RAR)
- Reducción relativa del riesgo (RRR)
- Número necesario a tratar (NNT)
- “Odds ratio” (OR)



Medidas de asociación

Riesgo o tasa de eventos

El **riesgo** o **tasa de eventos**, es el cociente entre el número de eventos y el número total de personas entre las que pudo ocurrir, estima la probabilidad de que ocurra el evento.

Ejemplo:

En el grupo con Tratamiento enferman 14 de 140 tratados

$$\text{Riesgo} = 14/140 = 0,1 = 10 \%$$



Medidas de asociación

Riesgo relativo (RR)

El **riesgo relativo (RR)** es el cociente del riesgo en los tratados dividido por el riesgo en los no tratados

Propiedades

No tiene dimensión

Varía de 0 a infinito

Si es 1 el riesgo de los tratados coincide con el de los no tratados.

Ejemplo

En el grupo con Tratamiento enferman 14 de 140 tratados

$$\text{Riesgo} = 14/140 = 0,1 = 10\%$$

En el grupo Control enferman 57 de 142 con placebo

$$\text{Riesgo} = 57/142 = 0,4 = 40\%$$

$$\text{RR} = 0,1/0,4 = 0,25$$



Medidas de asociación

Reducción absoluta del riesgo (RAR)

La **Reducción absoluta del Riesgo (RAR)** es la diferencia del riesgo de evento en el grupo no tratado menos el riesgo en el grupo tratado

Ejemplo

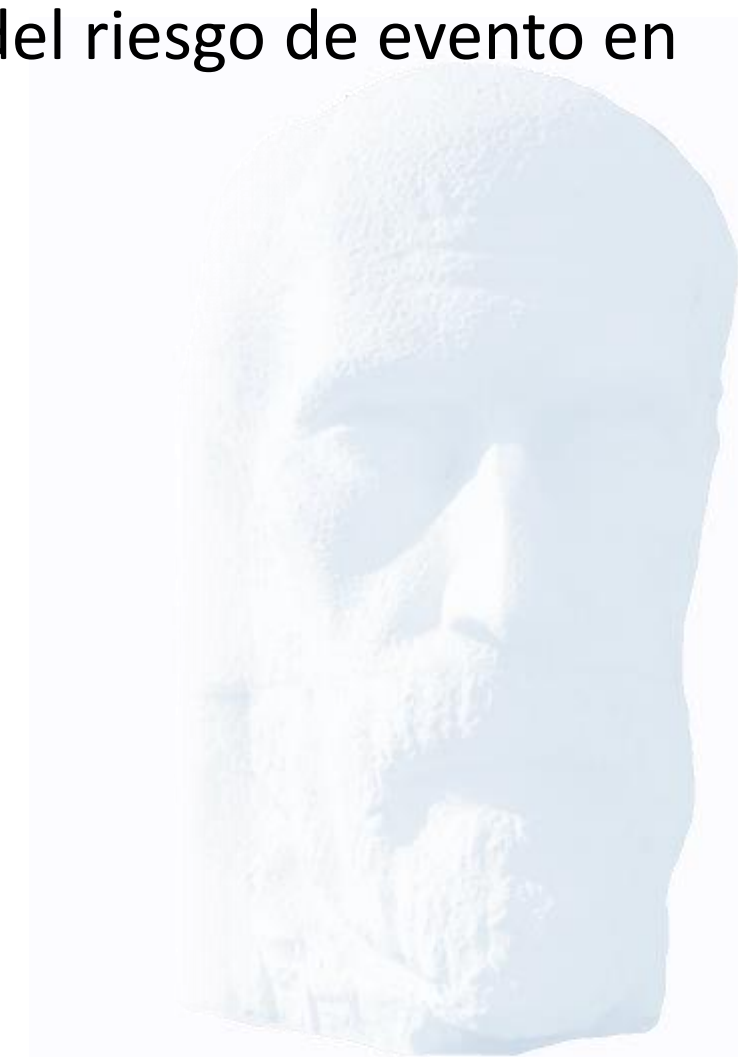
En el grupo con Tratamiento enferman 14 de 140 tratados

$$\text{Riesgo} = 14/140 = 0,1 = 10\%$$

En el grupo Control enferman 57 de 142 con placebo

$$\text{Riesgo} = 57/142 = 0,4 = 40\%$$

$$\begin{aligned}\text{RAR} &= 0,4 - 0,1 = 0,3 \\ \text{RAR} &= 40\% - 10\% = 30\%\end{aligned}$$



Medidas de asociación

Reducción relativa del riesgo (RRR)

La **Reducción relativa del Riesgo (RRR)** es el cociente del RAR y el riesgo del grupo control

Ejemplo

En el grupo con Tratamiento enferman 14 de 140 tratados

$$\text{Riesgo} = 14/140 = 0,1 = 10\%$$

En el grupo Control enferman 57 de 142 con placebo

$$\text{Riesgo} = 57/142 = 0,4 = 40\%$$

$$\begin{aligned}\text{RRR} &= 0,3/0,4 = 0,75 \\ \text{RRR} &= 30\% / 40\% = 75\%\end{aligned}$$



Medidas de asociación

Número necesario a tratar (NNT)

El **número necesario a tratar (NNT)** es el número de personas que se necesitaría tratar con el tratamiento para producir, o evitar, una ocurrencia adicional del evento.

Se calcula como el inverso del RAR

Ejemplo

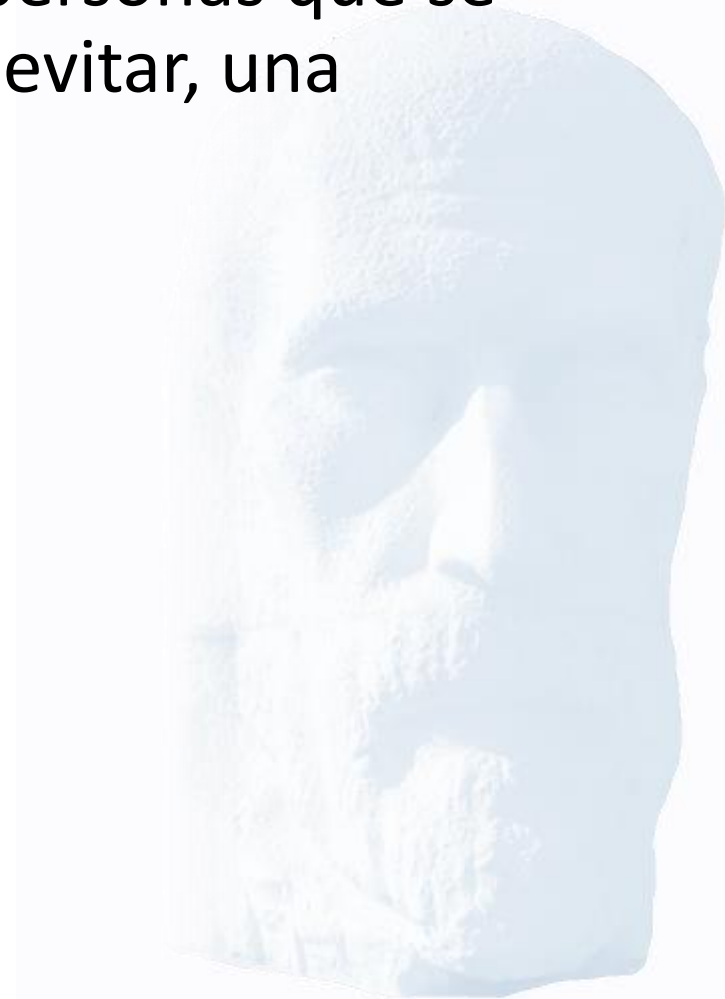
En el grupo con Tratamiento enferman 14 de 140 tratados

$$\text{Riesgo} = 14/140 = 0,1 = 10\%$$

En el grupo Control enferman 57 de 142 con placebo

$$\text{Riesgo} = 57/142 = 0,4 = 40\%$$

$$\text{NNT} = 1/0,3 = 3,3 = 3$$



Medidas de asociación

Número necesario a tratar (NNT)

El **Odds Ratio (OR)** Es el cociente entre los "odds" (cociente entre la probabilidad de que ocurra un evento y la probabilidad de que no ocurra) del grupo experimental y del grupo control.

Ejemplo

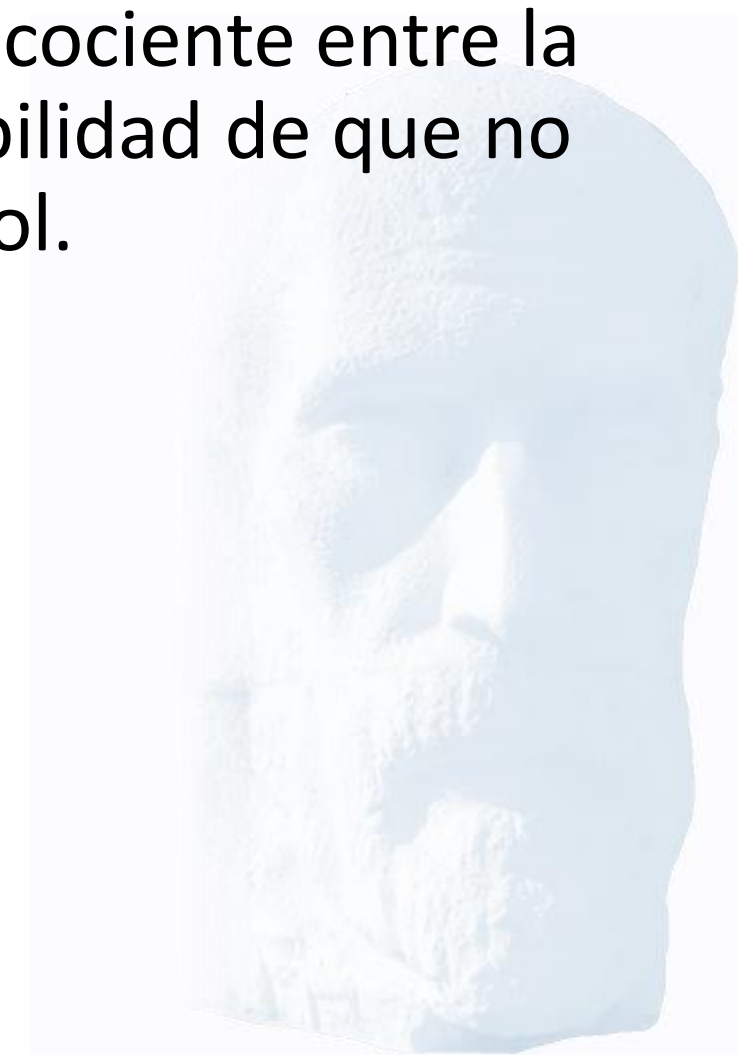
En el grupo con Tratamiento enferman 14 de 140 tratados

$$\text{Riesgo} = 14/140 = 0,1 = 10\%$$

En el grupo Control enferman 57 de 142 con placebo

$$\text{Riesgo} = 57/142 = 0,4 = 40\%$$

$$\text{OR} = (0,1/0,9) / (0,4/0,6) = 0,66$$



Medidas de asociación

Epi.2by2

```
library(Rcmdr)
library(RcmdrPlugin.EBM)
library(RcmdrMisc)
library(sandwich)
head(base1)
base1$Trat <- factor(base1$Trat, levels = c("Si","No"))
base1$Recaida <- factor(base1$Recaida, levels = c("Si","No"))
tabla1 <- table(base1$Trat, base1$Recaida, dnn = c("Tratamiento", "Recaida"))
print(tabla1)
## Calculamos las medidas de asociación
epi.2by2(dat = tabla1, method = "cohort.count",
  conf.level = 0.95, units = 100, homogeneity = "breslow.day",
  outcome = "as.columns")
```



Medidas de asociación

	Outcome +	Outcome -	Total	Inc risk *	Odds
Exposed +	10	190	200	5.00	0.0526
Exposed -	10	90	100	10.00	0.1111
Total	20	280	300	6.67	0.0714

Point estimates and 95 % CIs:

Inc risk ratio	0.50 (0.22, 1.16)
Odds ratio	0.47 (0.19, 1.18)
Attrib risk *	-5.00 (-11.61, 1.61)
Attrib risk in population *	-3.33 (-9.86, 3.19)
Attrib fraction in exposed (%)	-100.00 (-364.67, 13.92)
Attrib fraction in population (%)	-50.00 (-129.07, 1.78)

X2 test statistic: 2.679 p-value: 0.102

Wald confidence limits

* Outcomes per 100 population units





Contrastes de hipótesis

Variable independiente cualitativa y
variable dependiente cuantitativa

Test estadísticos de asociación

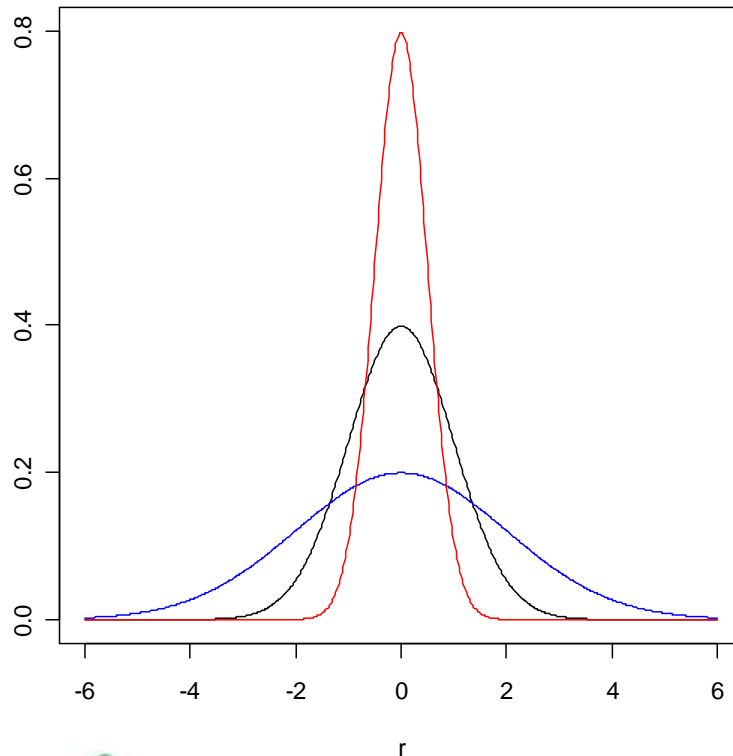
Variable cualitativa y variable cuantitativa

VARIABLE INDEPENDIENTE (X)	VARIABLE DEPENDIENTE (Y)		
	Cualitativa	Cuantitativa (normal)	Cuantitativa (no normal)
Cualitativa	Chi-cuadrado	t de Student	Mann-Whitney
	Fisher si freq esperadas < 5 en 25% de casillas	Anova	Kruskal-Wallis
Cuantitativa	Regresión logística	Correlación Pearson Regresión lineal	Correlación Spearman

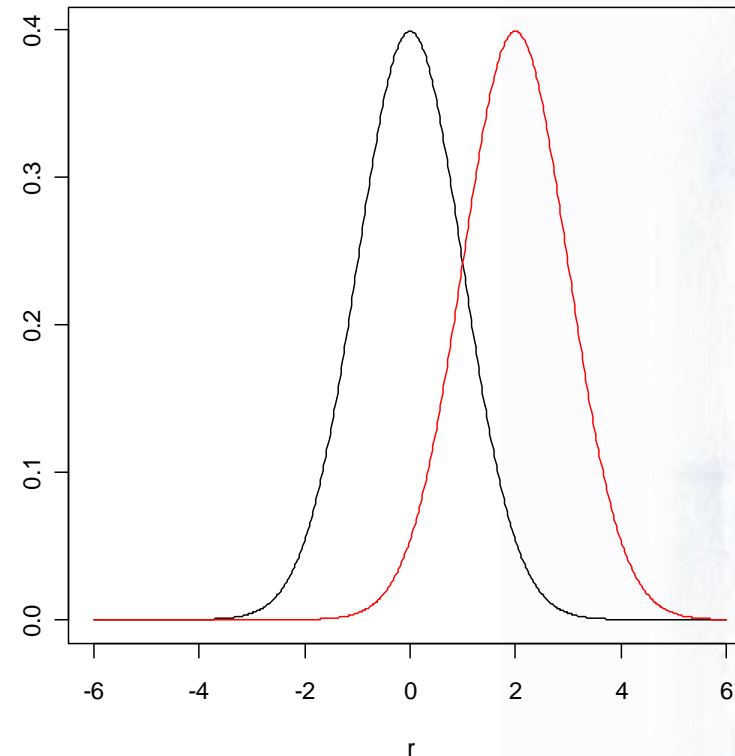
Asunción de normalidad

Gran parte de los test estadísticos (T-Student, ANOVA, Correlación, Regresión lineal..) exigen normalidad

$N(0,0.5)$ rojo, $N(0,1)$ negro, $N(0,2)$ azul



$N(0,1)$ negro, $N(2,1)$ rojo

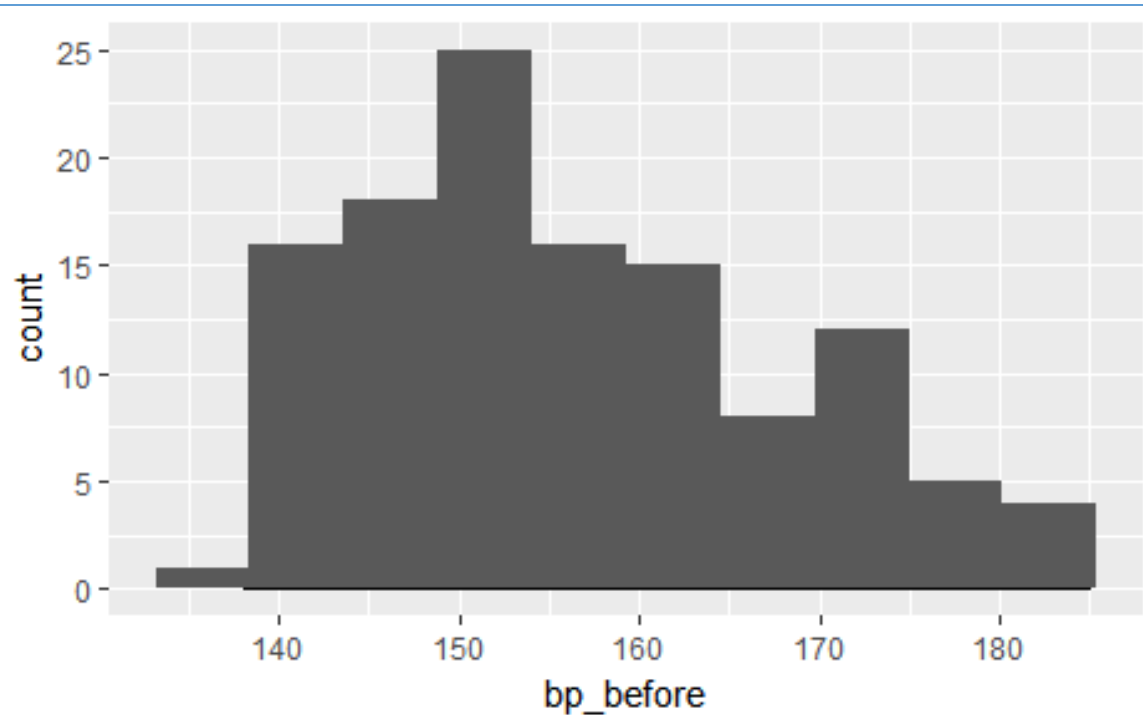


Asunción de normalidad

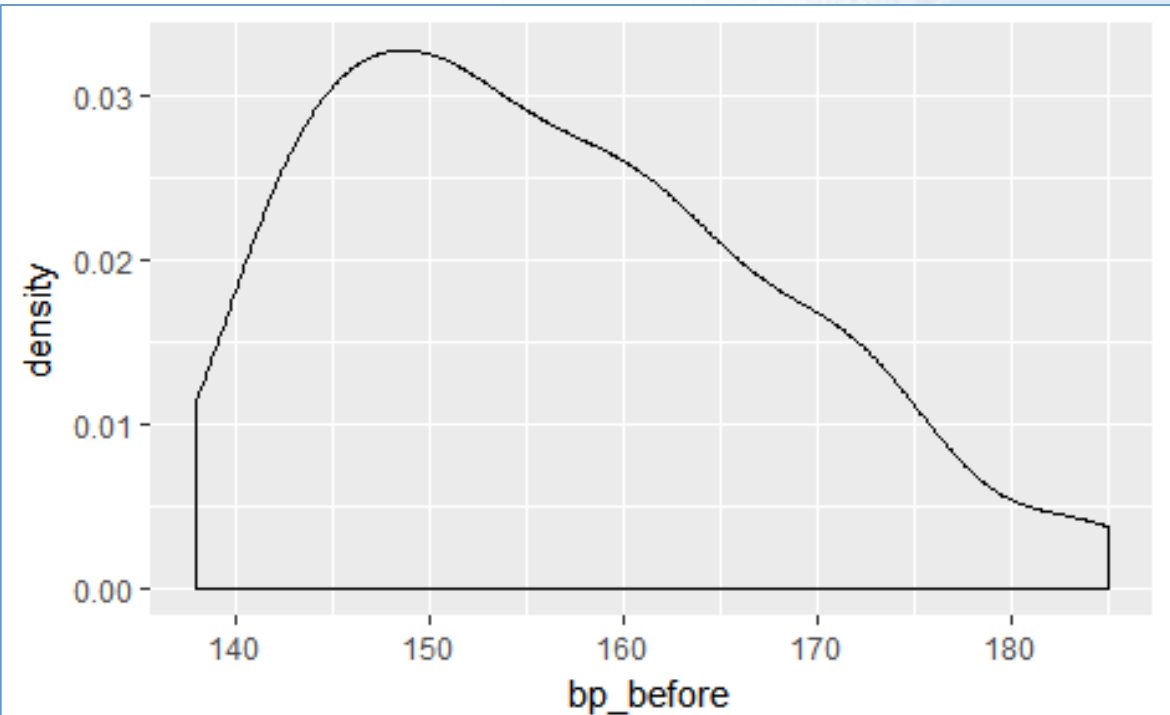
Histograma

Gráficamente: Histograma o gráfico de densidad

```
bp %>% ggplot(aes(x = bp_before)) + geom_histogram(bins = 10)
```



```
bp %>% ggplot(aes(x = bp_before)) + geom_density()
```

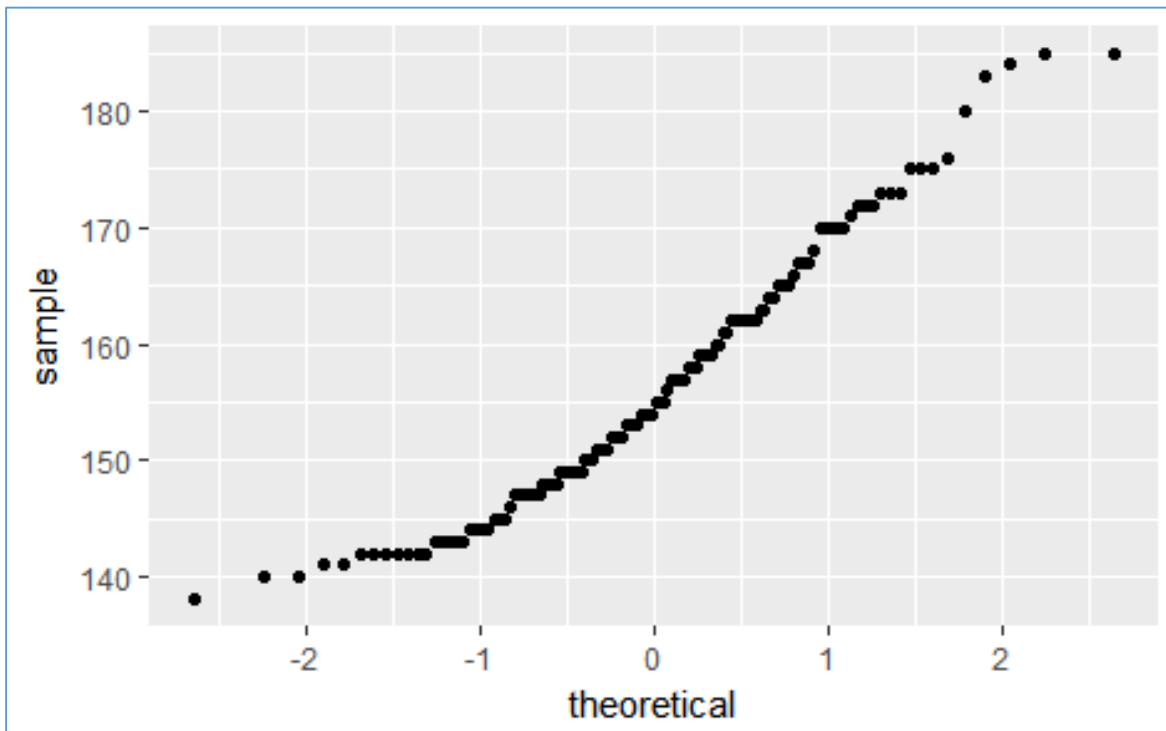


Asunción de normalidad

QQ - Plot

Gráficamente: QQ-plot

```
bp %>% ggplot(aes()) + geom_qq(aes(sample = bp_before))
```



¿Es normal?



Contraste de normalidad

Prueba de Shapiro-Wilk

shapiro.test

```
# Contraste de normalidad  
Shapiro.test(bp$bp_before)
```

```
> shapiro.test(bp$bp_before) #Shapiro-wilk
```

shapiro-wilk normality test

data: bp\$bp_before

W = 0.95478, p-value = 0.0004929

¿Es normal?

p valor < 0,05

Rechazamos la hipótesis de normalidad



Comparación de dos muestras

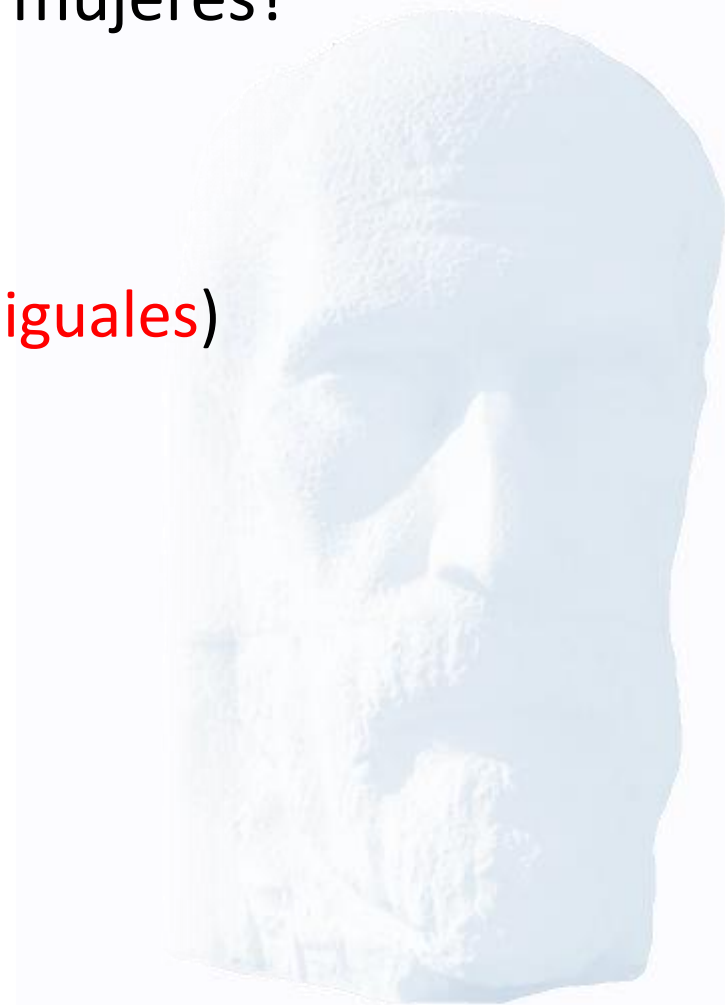
¿Es igual la distribución de presión arterial en hombres y mujeres?

- Si asumimos normalidad:

t-Student pruebas independientes (**verificar varianzas iguales**)

- Si no podemos asumir normalidad:

Wilcoxon no emparejado (**U Mann-Whitney**)



Comparación de dos muestras

Asumimos normalidad

Hipótesis

$$H_0: \mu_1 = \mu_2$$

$$H_1: \mu_1 \neq \mu_2$$

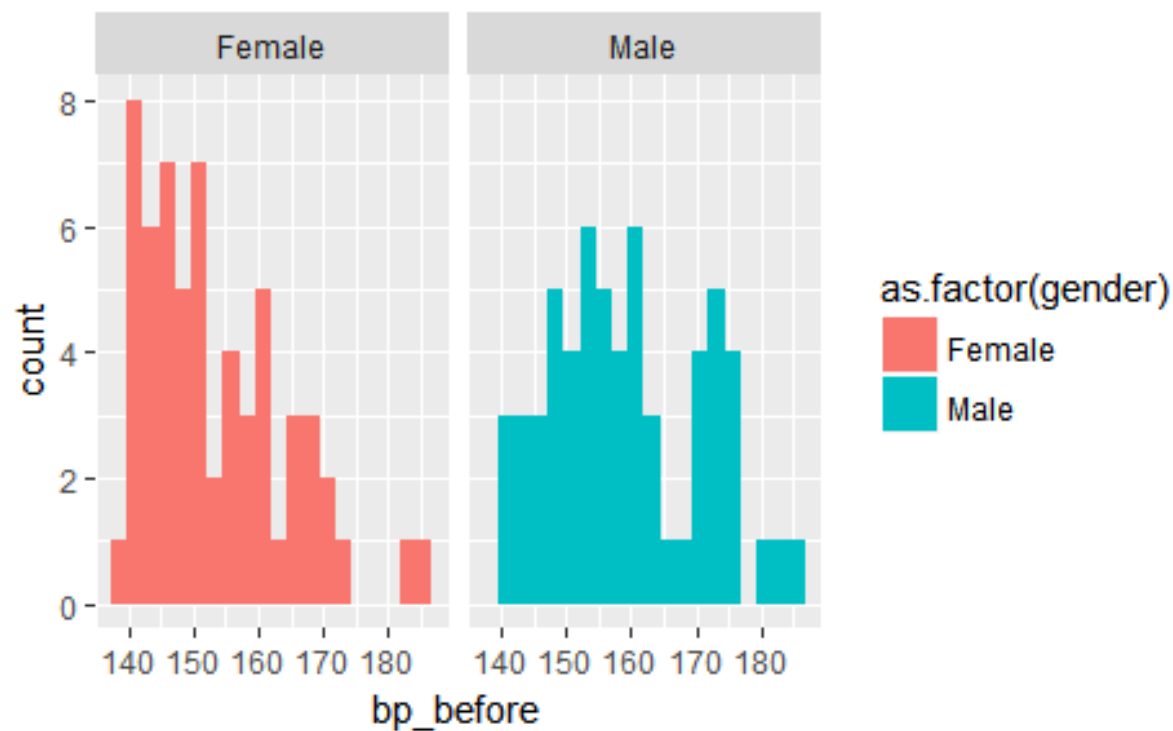
Estadístico de contraste muestras independientes (varianzas iguales)

$$T = \frac{(\bar{X}_1 - \bar{X}_2)}{\sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}} \sqrt{\frac{(n_1 - 1)S_1^2 + (n_2 - 1)S_2^2}{n_1 + n_2 - 2}}} \sim t_{n_1 + n_2 - 2}$$

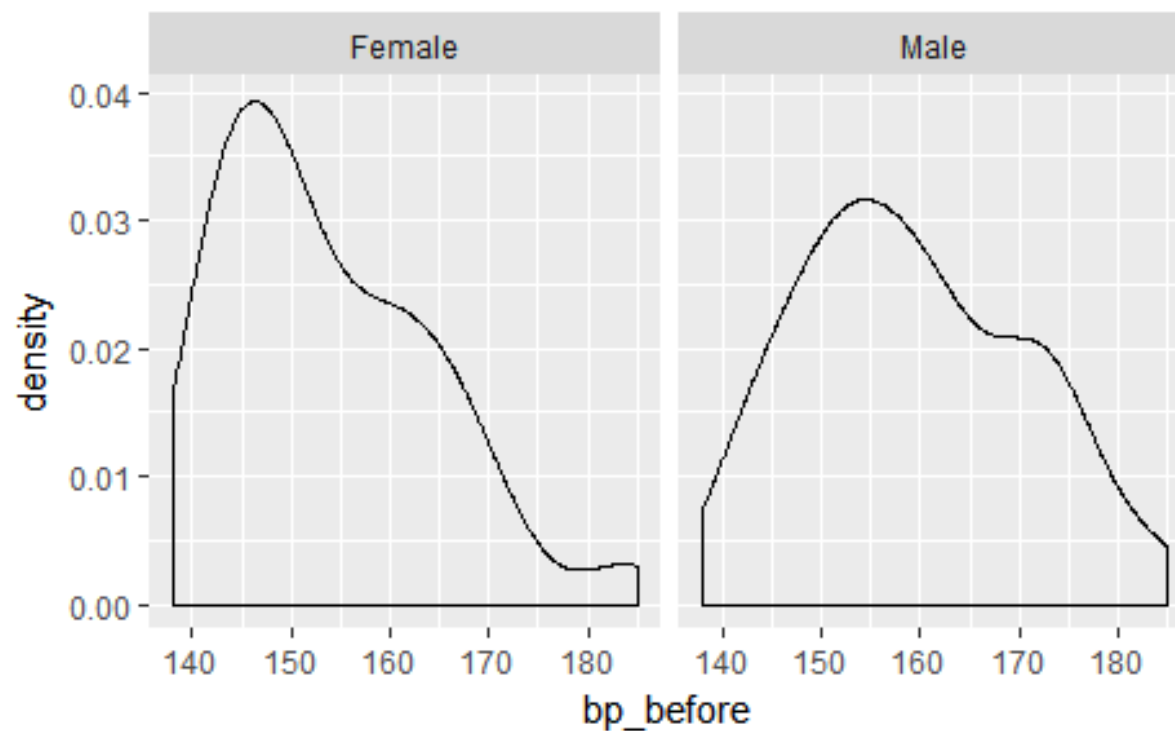
Si T calculado en nuestros datos es mayor que el t teórico rechazamos H_0

Contraste de normalidad

Histogramas



Gráficos densidad



Contraste de normalidad

##Contraste de normalidad según sexo

```
tmp = bp %>% filter(gender == "Male") %>% select(bp_before)
```

```
shapiro.test(tmp$bp_before)
```

```
tmp = bp %>% filter(gender == "Female") %>% select(bp_before)
```

```
shapiro.test(tmp$bp_before)
```

```
> tmp = bp %>% filter(gender == "Female") %>% select(bp_before)
> shapiro.test(tmp$bp_before)
```

shapiro-wilk normality test

data: tmp\$bp_before

W = 0.92775, p-value = 0.001596

```
> tmp = bp %>% filter(gender == "Male") %>% select(bp_before)
> shapiro.test(tmp$bp_before)
```

shapiro-wilk normality test

data: tmp\$bp_before

W = 0.96899, p-value = 0.1302



Contraste de varianzas (Homocedasticidad)

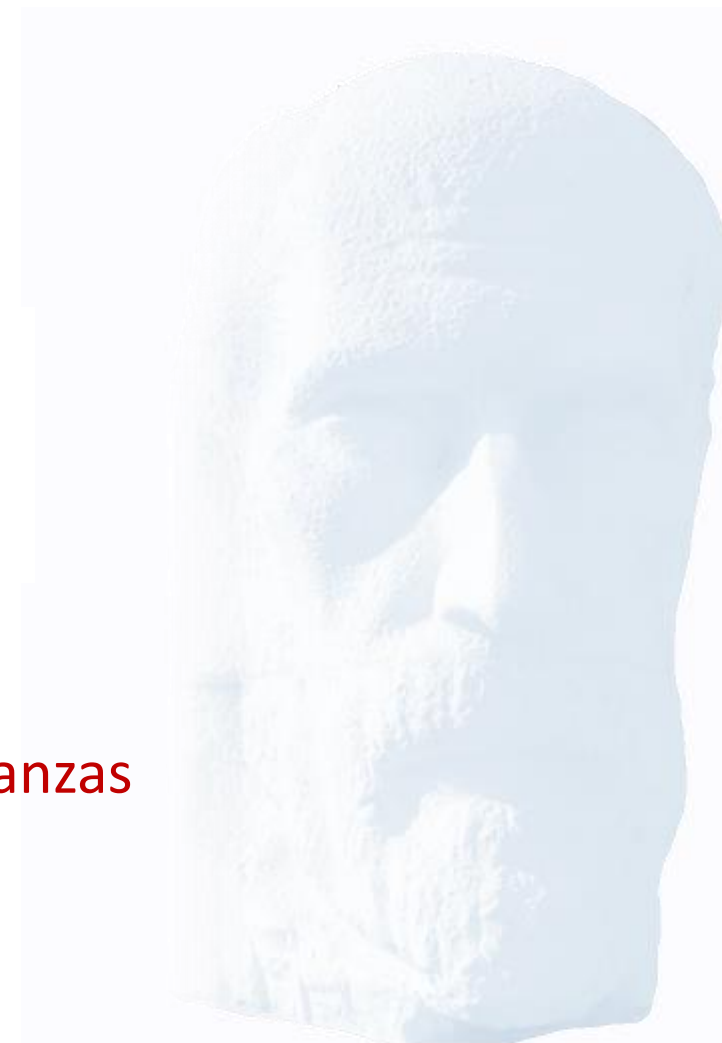
leveneTest

```
##Contraste de homocedasticidad  
leveneTest(bp$bp_before, bp$gender)
```

```
> leveneTest(bp$bp_before, bp$gender)  
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)  
      Df F value Pr(>F)  
group  1  0.4644 0.4969  
      118  
.
```

P – valor > 0,05

Mantenemos la hipótesis de igualdad de varianzas



Test T-Student muestras independientes

t.test ¿Es igual la media de presión arterial en hombres y mujeres?

```
## Test T student. muestras independientes varianzas iguales  
t.test(bp$bp_before~bp$gender, var.equal = TRUE)
```

```
> t.test(bp$bp_before~bp$gender, var.equal = TRUE)
```

Two sample t-test

data: bp\$bp_before by bp\$gender

t = -2.7848, df = 118, p-value = 0.006241

alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-9.639163 -1.627503

sample estimates:

mean in group Female	mean in group Male
153.6333	159.2667

P – valor < 0,05

Rechazamos la hipótesis de igualdad medias

Test T-Student muestras pareadas

t.test ¿Es igual la media de presión arterial antes y después del tratamiento?

```
## Test T student. muestras pareadas
```

```
t.test(bp$bp_before, bp$bp_after, paired = TRUE)
```

```
> t.test(bp$bp_before, bp$bp_after, paired = TRUE)
```

Paired t-test

data: bp\$bp_before and bp\$bp_after

t = 3.3372, df = 119, **p-value = 0.00113**

alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0

95 percent confidence interval:

2.070557 8.112776

sample estimates:

mean of the differences

5.091667

```
mean(bp$bp_before)
```

```
> mean(bp$bp_before)
[1] 156.45
```

```
mean(bp$bp_after)
```

```
> mean(bp$bp_after)
[1] 151.3583
```

P – valor < 0,05

Rechazamos la hipótesis de igualdad medias

Test T-Student una muestra

t.test ¿La media de presión arterial de mi muestra es igual a 154?

```
##Test T student. 1 muestra  
t.test(bp$bp_before, mu = 154)
```

```
> t.test(bp$bp_before, mu = 154)
```

One Sample t-test

```
data: bp$bp_before  
t = 2.3563, df = 119, p-value = 0.02009  
alternative hypothesis: true mean is not equal to 154  
95 percent confidence interval:  
 154.3912 158.5088  
sample estimates:  
mean of x  
 156.45
```

P – valor < 0,05

Rechazamos la hipótesis de igualdad medias

Test U-Mann Whitney

Hipótesis

H_0 : las 2 muestras provienen de la misma población (Igualdad de medianas)

H_1 : las 2 muestras provienen de la misma población (Igualdad de medianas)

wilcox.test

```
##Test U-Mann Whitney
```

```
wilcox.test(bp$bp_before ~ bp$gender, correct=FALSE)
```

```
> wilcox.test(bp$bp_before ~ bp$gender, correct=FALSE)
```

```
wilcoxon rank sum test
```

```
data: bp$bp_before by bp$gender
```

```
W = 1261.5, p-value = 0.004682
```

```
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

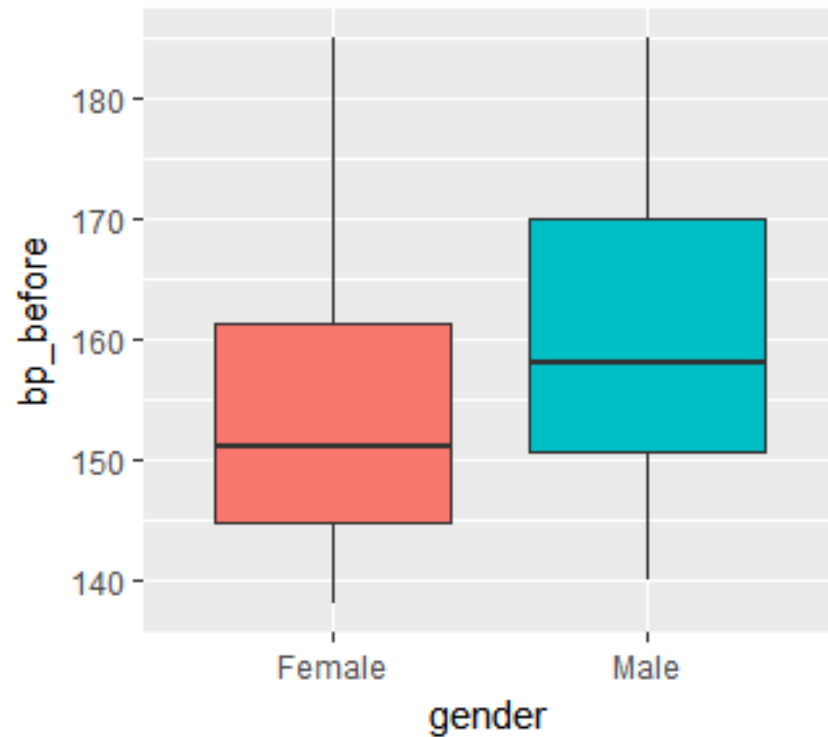
P – valor < 0,05

Rechazamos H_0

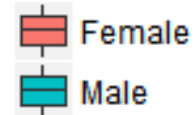
Test U-Mann Whitney

Box-plot

```
bp %>% group_by(gender) %>% ggplot(aes(x = gender, y=bp_before, fill=as.factor(gender))) + geom_boxplot()
```



as.factor(gender)



```
bp %>% group_by(gender) %>% summarise(median(bp_before))
```

gender	median(bp_before)
<chr>	<dbl>
1 Female	151
2 Male	158

Test Wilcoxon muestras emparejadas

wilcox.test

```
##Test rangos de Wilcoxon para datos pareados
```

```
wilcox.test(bp$bp_before, bp$bp_after, correct=FALSE, paired = TRUE)
```

```
> wilcox.test(bp$bp_before, bp$bp_after, correct=FALSE, paired = TRUE)
```

```
    wilcoxon signed rank test
```

```
data:  bp$bp_before and bp$bp_after
```

```
V = 4551.5, p-value = 0.001411
```

```
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

P – valor < 0,05

Rechazamos H_0



Contrastes de hipótesis

Variable cualitativa (más de 2 categorías) y
variable dependiente cuantitativa

Test estadísticos de asociación

Variable cualitativa (más de 2 categorías) y 1 variable cuantitativa

VARIABLE INDEPENDIENTE (X)	VARIABLE DEPENDIENTE (Y)		
	Cualitativa	Cuantitativa (normal)	Cuantitativa (no normal)
Cualitativa	Chi-cuadrado	t de Student	Mann-Whitney
	Fisher si freq esperadas < 5 en 25% de casillas	Anova	Kruskal-Wallis
Cuantitativa	Regresión logística	Correlación Pearson Regresión lineal	Correlación Spearman

ANOVA

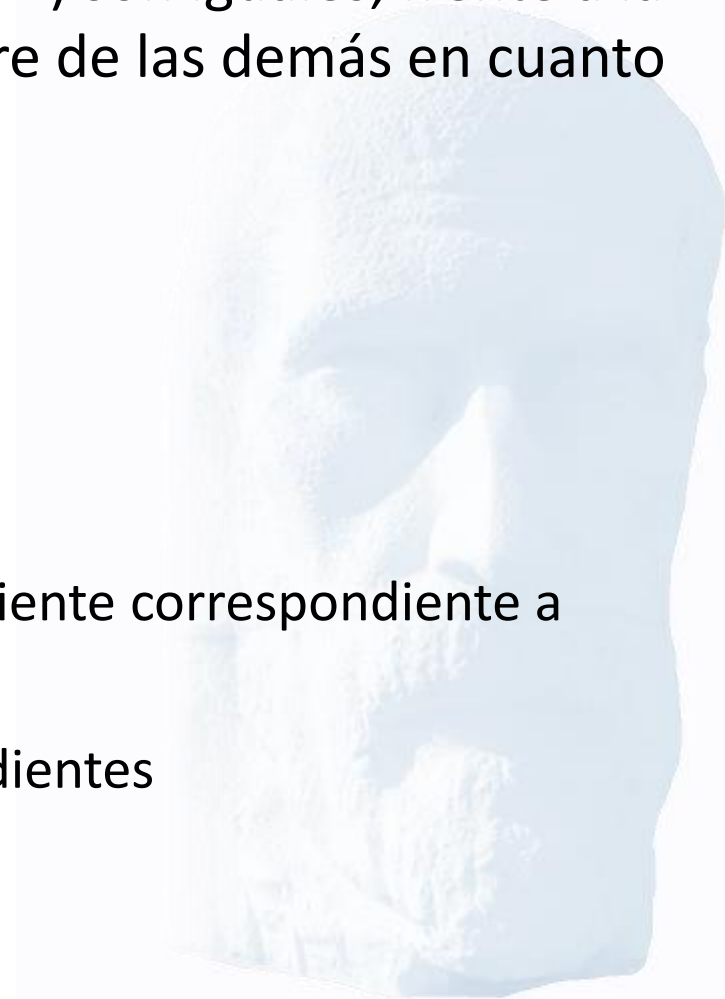
Contrasta la hipótesis nula de que las medias de K poblaciones ($K > 2$) son iguales, frente a la hipótesis alternativa de que al menos una de las poblaciones difiere de las demás en cuanto a su valor esperado.

$$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k = \mu$$

$$H_1: \exists \mu_j \neq \mu \quad j=1, 2, \dots, k$$

Asunciones:

- Las poblaciones (distribuciones de probabilidad de la variable dependiente correspondiente a cada factor) son normales
- Las K muestras sobre las que se aplican los tratamientos son independientes
- Las poblaciones tienen todas igual varianza (homoscedasticidad)



ANOVA

Basada en la descomposición de la variación total de los datos con respecto a la media global (SCT), que bajo el supuesto de que H_0 es cierta es una estimación de σ^2 obtenida a partir de toda la información muestral, en dos partes:

- Variación dentro de las muestras (SCD) o Intra-grupos, cuantifica la dispersión de los valores de cada muestra con respecto a sus correspondientes medias.
- Variación entre muestras (SCE) o Inter-grupos, cuantifica la dispersión de las medias de las muestras con respecto a la media global.

ANOVA

Las expresiones para el cálculo de los elementos que intervienen en el ANOVA:

Media Global: $\bar{X} = \frac{\sum_{j=1}^K \sum_{i=1}^{n_j} x_{ij}}{n}$.

Variación Total: $SCT = \sum_{j=1}^K \sum_{i=1}^{n_j} (x_{ij} - \bar{X})^2$

Variación Intra-grupos: $SCD = \sum_{j=1}^K \sum_{i=1}^{n_j} (x_{ij} - \bar{X}_j)^2$

Variación Inter-grupos: $SCE = \sum_{j=1}^K (\bar{X}_j - \bar{X})^2 n_j$

x_{ij} : el i-ésimo valor de la muestra j-ésima

n_j : el tamaño de dicha muestra

: su media. \bar{X}_j



ANOVA

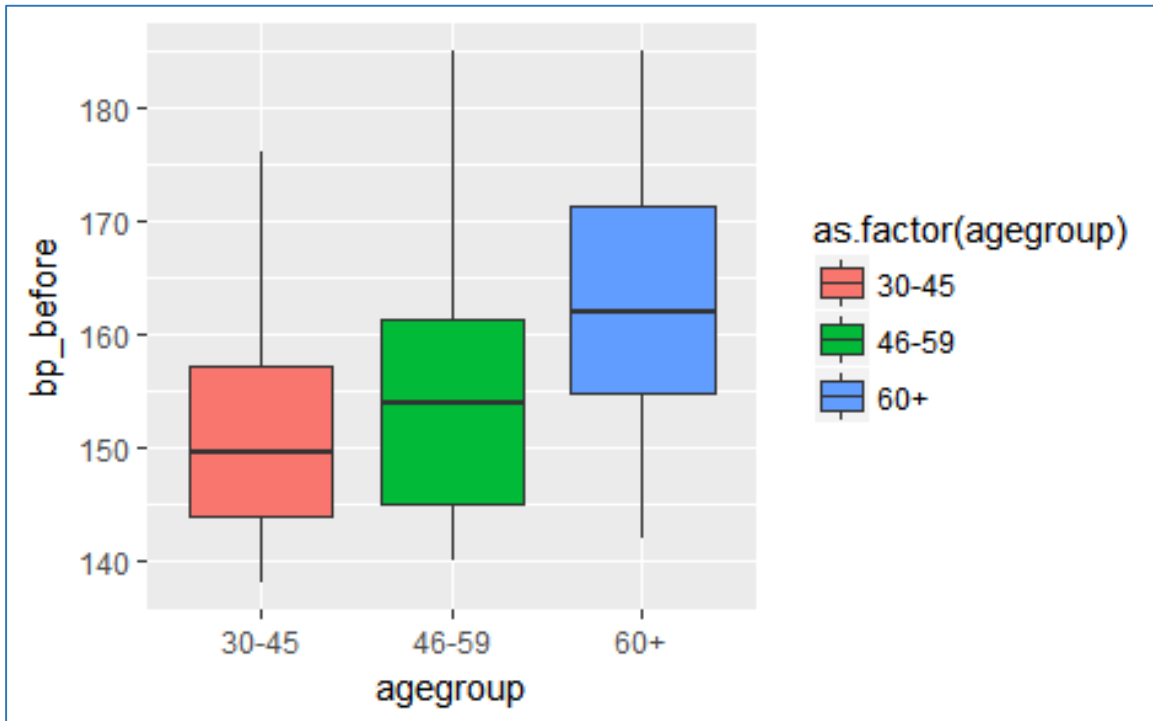
Factor de variación	Suma de cuadrados (SC)	Grados de libertad (g.l.)	Varianzas (media cuadrática-MC)	F-test
Intergrupos	SCE	k-1	$MCE = SCE/k-1$	MCE/MCD
Intragrupos (Residual)	SCD	N-k	$MCD = SCD/N-k$	
Total	SCT	N-1		

K = nº grupos

N = nº total sujetos

ANOVA

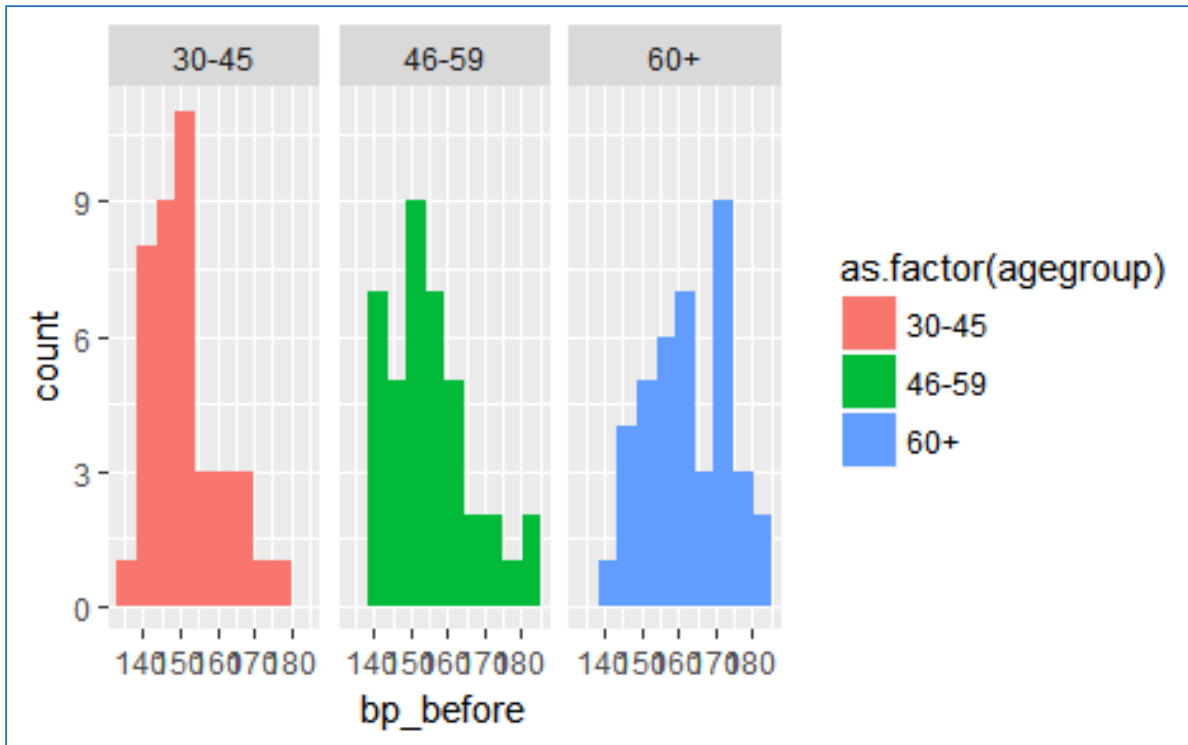
```
bp %>% group_by(agegroup) %>% ggplot(aes(x = agegroup, y= bp_before, fill=as.factor(agegroup))) + geom_boxplot()
```



ANOVA

Contrastamos normalidad

```
bp %>% group_by(agegroup) %>% ggplot(aes(x = bp_before, fill=as.factor(agegroup))) + geom_histogram(bins = 10) + facet_grid(~agegroup)
```



ANOVA

aov

```
##Anova de un factor
```

```
unifact<-aov(bp$bp_before ~ bp$agegroup)  
summary(unifact)
```

```
> summary(unifact)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
bp\$agegroup	2	2486	1242.8	11.23	3.47e-05 ***
Residuals	117	12952	110.7		

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



ANOVA

Comparaciones múltiples

TukeyHSD(unifact)

```
##Comparaciones múltiples por el método de Tukey  
TukeyHSD(unifact)
```

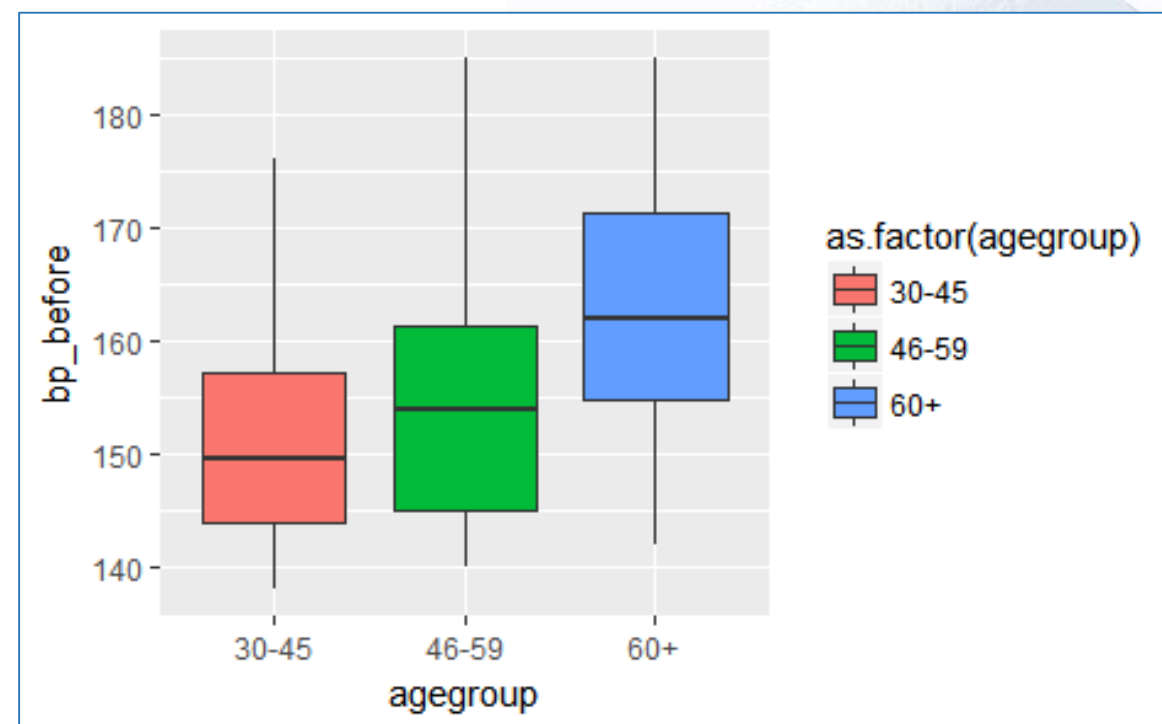
```
> TukeyHSD(unifact)
```

```
Tukey multiple comparisons of means  
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = bp$bp_before ~ bp$agegroup)
```

```
$`bp$agegroup`
```

	diff	lwr	upr	p adj
46-59-30-45	3.425	-2.160056	9.010056	0.3160217
60+-30-45	10.900	5.314944	16.485056	0.0000279
60+-46-59	7.475	1.889944	13.060056	0.0053646



Kruskal-Wallis

Kruskal.test

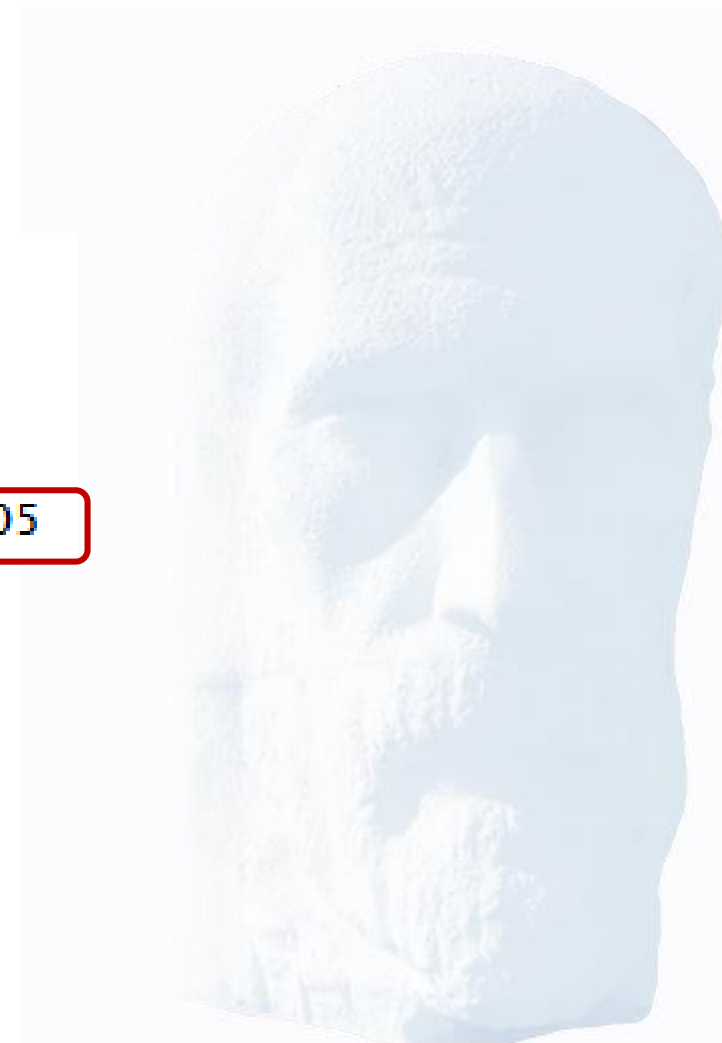
```
kruskal.test(bp$bp_before ~ as.factor(bp$agegroup))
```

```
> kruskal.test(bp$bp_before ~ as.factor(bp$agegroup))
```

```
kruskal-wallis rank sum test
```

```
data: bp$bp_before by as.factor(bp$agegroup)
```

```
Kruskal-wallis chi-squared = 19.564, df = 2, p-value = 5.645e-05
```



Kruskal-Wallis

Comparaciones múltiples

Comparamos los grupos por parejas.

```
##-Selecciono los grupos de comparación y aplico el test  
tmp = bp %>% filter(agegroup != "30-45")  
wilcox.test(tmp$bp_before ~ tmp$agegroup,  
correct=FALSE)
```

45-59 vs 60+

wilcoxon rank sum test

```
data: tmp1$bp_before by as.factor(tmp1$agegroup)  
W = 484.5, p-value = 0.00238  
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```



Kruskal-Wallis

Comparación grupos

30-45 vs 60+

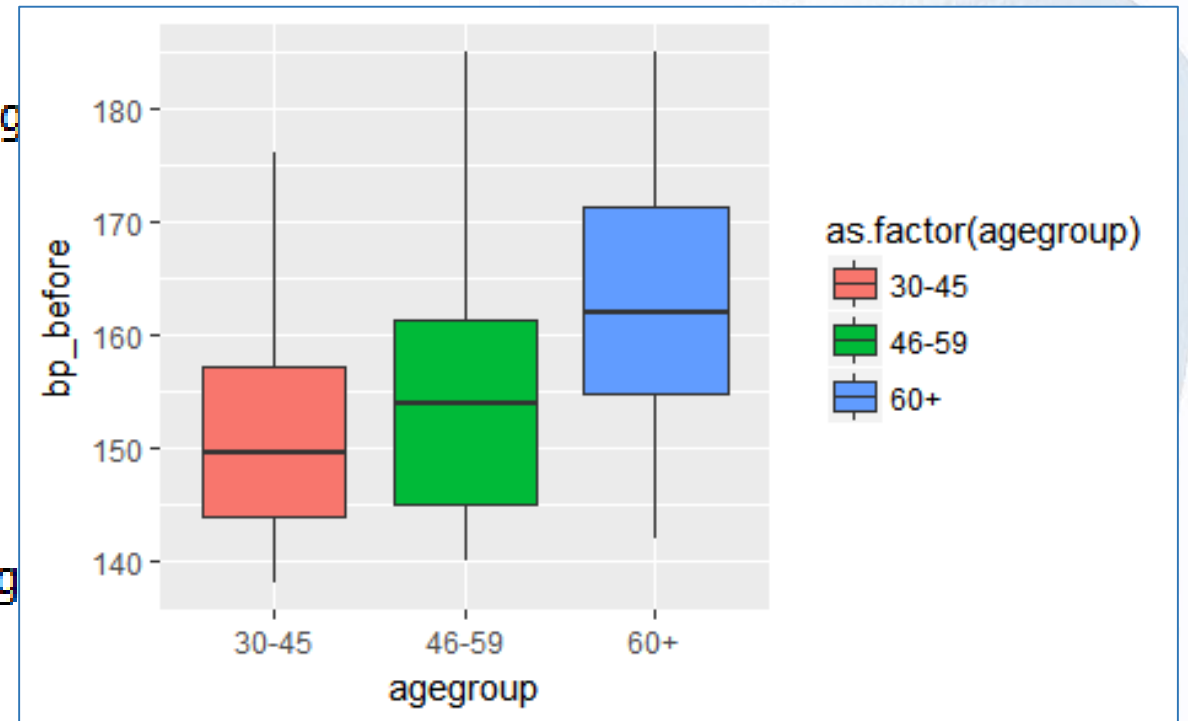
wilcoxon rank sum test

```
data: tmp1$bp_before by as.factor(tmp1$agegroup)
W = 355, p-value = 1.826e-05
alternative hypothesis: true location shift
```

30-45 vs 45-59

wilcoxon rank sum test

```
data: tmp1$bp_before by as.factor(tmp1$agegroup)
W = 667, p-value = 0.2002
alternative hypothesis: true location shift
```



Test estadísticos de asociación

Variable independiente cuantitativa

VARIABLE INDEPENDIENTE (X)	VARIABLE DEPENDIENTE (Y)		
	Cualitativa	Cuantitativa (normal)	Cuantitativa (no normal)
Cualitativa	Chi-cuadrado	t de Student	Mann-Whitney
	Fisher si freq esperadas < 5 en 25% de casillas	Anova	Kruskal-Wallis
Cuantitativa	Regresión logística	Correlación Pearson Regresión lineal	Correlación Spearman

Correlación de Pearson

cor.test

```
##Correlacion
```

```
cor.test(bp$bp_before, bp$bp_after)
```

```
> cor.test(bp$bp_before, bp$bp_after)
```

Pearson's product-moment correlation

data: bp\$bp_before and bp\$bp_after

t = 1.7508, df = 118, p-value = 0.08258

alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-0.02071401 0.32897684

sample estimates:

cor

0.1591181



Correlación de Spearman

cor.test

```
##Correlacion
```

```
cor.test(bp$bp_before, bp$bp_after, method = "spearman")
```

```
> cor.test(bp$bp_before, bp$bp_after, method = "spearman")
```

```
Spearman's rank correlation rho
```

```
data: bp$bp_before and bp$bp_after
```

```
S = 243890, p-value = 0.09503
```

```
alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
```

```
sample estimates:
```

```
rho  
0.1530998
```



Gráfico de dispersión

```
bp %>% ggplot(aes(x = bp_before, y = bp_after, color = gender)) + geom_point()
```

