

Práctica 8. Test de comparación de dos proporciones en R.

Juan Manuel Melchor Rodríguez, Manuela Expósito Ruiz y Pedro J. Femia Marzo



**UNIVERSIDAD
DE GRANADA**

Todo el material para el conjunto de actividades de este curso ha sido elaborado y es propiedad intelectual del grupo **BioestadísticaR** formado por:

Antonio Martín Andrés
Juan de Dios Luna del Castillo,
Pedro Femia Marzo,
Miguel Ángel Montero Alonso,
Christian José Acal González,
Pedro María Carmona Sáez,
Juan Manuel Melchor Rodríguez,
José Luis Romero Béjar,
Manuela Expósito Ruíz,
Juan Antonio Villatoro García.

Todos los integrantes del grupo han participado en todas las actividades, en su elección, construcción, correcciones o en su edición final, no obstante, en cada una de ellas, aparecerán uno o más nombres correspondientes a las personas que han tenido la máxima responsabilidad de su elaboración junto al grupo de **BioestadísticaR**.

Todos los materiales están protegidos por la Licencia Creative Commons **CC BY-NC-ND** que permite "descargar las obras y compartirlas con otras personas, siempre que se reconozca su autoría, pero no se pueden cambiar de ninguna manera ni se pueden utilizar comercialmente".

Práctica 8. Comparación de 2 proporciones en R.

Juan Melchor, Manuela Expósito y Pedro Femia – Grupo BioestadísticaR

8.1. Comparación de proporciones

En esta práctica nos planteamos estudiar la comparación de dos proporciones a través de la estimación por intervalos de confianza y el contraste de hipótesis. Puesto que el marco de este tema y el anterior son los *estudios comparativos*, el principal objetivo es establecer y decidir los test más adecuados para comparar *dos proporciones*. Por lo tanto, sabiendo que para comparar dos proporciones existen diferentes test, al igual que ocurría al comparar dos medias, el tipo de test que se debe aplicar, dependerá entre otros aspectos, del diseño y la naturaleza de las muestras (ya sean **independientes** o **apareadas**) y del supuesto de normalidad de la variable considerada, como se introdujo brevemente en la práctica anterior. En cualquier caso, partimos de que tenemos dos poblaciones con una proporción de eventos favorables (p_1 y p_2) y en cada una de ellas se estudia la misma variable cualitativa de dicotómica binomial. De cada población existe un tamaño muestral determinado, n_1 y n_2 , respectivamente. Si se cumplen las condiciones para que sus distribuciones puedan ser aproximadas a una normal, podemos estudiar la diferencia de proporciones de la siguiente manera a través de un test de hipótesis:

$$\begin{cases} \hat{p}_1 \sim \mathcal{N}(p_1; \frac{p_1 q_1}{n_1}) \\ \hat{p}_2 \sim \mathcal{N}(p_2; \frac{p_2 q_2}{n_2}) \end{cases}$$

donde q_1 es $1 - p_1$ y q_2 es $1 - p_2$, es decir, la proporción del resto de eventos no favorables de la población.

Por lo tanto, podemos calcular la diferencia de proporciones, es decir, $p_1 - p_2$ que se distribuirá de forma normal, al igual que la diferencia de los estimadores muestrales $\hat{p}_1 - \hat{p}_2$:

$$\hat{p}_1 - \hat{p}_2 \sim \mathcal{N}\left(p_1 - p_2; \sqrt{\frac{p_1 q_1}{n_1} + \frac{p_2 q_2}{n_2}}\right)$$

y

$$\frac{(\hat{p}_1 - \hat{p}_2) - (p_1 - p_2)}{\sqrt{\frac{p_1 q_1}{n_1} + \frac{p_2 q_2}{n_2}}} = z_\alpha \sim \mathcal{N}(0, 1)$$

8.1.1. Contraste de hipótesis para comparar dos proporciones en 2 muestras independientes. Test-z en R.

En concreto, pretendemos comparar mediante un test de hipótesis (a dos colas) la hipótesis nula de igualdad de proporciones, frente a la alternativa de que sean distintas:

$$\begin{cases} \mathcal{H}_0 : p_1 = p_2 \\ \mathcal{H}_1 : p_1 \neq p_2 \end{cases}$$

Pero para simplificar cálculos, y no siendo lo más correcto, se utiliza como aproximación \bar{p} , definida como la media ponderada de las estimaciones de las proporciones:

$$\bar{p} = \frac{(n_1\hat{p}_1 - n_2\hat{p}_2)}{n_1 + n_2}$$

En este caso, la distribución de las diferencias de las proporciones estimadas sigue una distribución normal, con la siguiente formulación:

$$\hat{p}_1 - \hat{p}_2 \sim \mathcal{N}\left(\mu = 0; SE = \sqrt{\frac{\bar{p}\bar{q}}{n_1} + \frac{\bar{p}\bar{q}}{n_2}}\right)$$

Esta aproximación es útil si se dan las condiciones de independencia, y si el tamaño muestral de las proporciones es inferior al 10% de la población.

En R, La función **prop.test()** permite comparar las proporciones bajo estos supuestos en el caso de que los tamaños de los grupos sean iguales. La función, además, nos permite calcular el intervalo de confianza, introduciendo como vectores el número de eventos verdaderos y los tamaños muestrales n_1 y n_2 .

Es decir,

prop.test(x, n, p = NULL, alternative = "two.sided", correct = TRUE)

donde x es el vector que contiene el n^o de veces que ocurre el suceso de interés en cada muestra, n el vector que contiene los tamaños muestrales, p se introduce como nulo, *alternative* es el tipo de test que generalmente en este caso pondremos a dos colas y *correct* es la corrección de continuidad de Yates, que se introduce por defecto para cuando el número esperado de éxitos o fracasos es <5 . Cabe destacar que el estadístico de contraste es el χ^2 de Pearson, donde *df* son los grados de libertad.

EJEMPLO:Se pretende comparar si existen diferencias en la eficacia de un tratamiento, medido como proporción, entre hombres y mujeres, según los datos de la siguiente tabla:

E. Tratamiento / Género	Hombre	Mujer	Totales
Sí	20	50	70
No	120	110	230
Totales	140	160	300

```
prop.test(x=c(20,50), n=c(140,160), alternative="two.side", conf.level=0.95, correct=FALSE)

##
## 2-sample test for equality of proportions without continuity
## correction
##
## data:  c out of c20 out of 14050 out of 160
## X-squared = 12.012, df = 1, p-value = 0.0005286
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
## -0.26193633 -0.07734938
## sample estimates:
##  prop 1    prop 2
## 0.1428571 0.3125000
```

Como se observa en la última línea de la salida del programa, la proporción de eficacia del fármaco en los hombres es del 14.28%, y del 31.25% en las mujeres. El intervalo de confianza par la diferencia de

proporciones, no contiene al valor 0, lo que indica que con un 95% de confianza, la diferencia entre las dos proporciones va a ser un valor distinto de 0, concretamente estará ente 0.0773 y 0.2619. A la misma conclusión se llega observando el p-valor, 0.0005, menor que 0.05, por lo que existe suficiente evidencia muestral para rechazar la hipótesis nula, y por lo tanto se puede concluir que la proporción de éxito con el medicamento es distinta entre hombres y mujeres.

A continuación se detalla el mismo ejemplo usando la corrección de continuidad de Yates, que podría o no introducirse o añadirse a través de la orden lógica TRUE al final de la sentencia como correct=TRUE:

```
prop.test(x=c(20,50), n=c(140,160), alternative="two.side", correct=TRUE)
```

```
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  c out of c20 out of 14050 out of 160
## X-squared = 11.082, df = 1, p-value = 0.0008715
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  -0.26863276 -0.07065295
## sample estimates:
##   prop 1   prop 2
## 0.1428571 0.3125000
```

Cabe destacar que si damos un nombre al resultado como por ejemplo *prop.2*, podemos como siempre imprimir el resultado tan solo ejecutando *prop.2* después de definirlo o hacerlo por partes.

```
prop.2=prop.test(x = c(20, 50), n = c(140, 160), alternative = "two.side", correct = TRUE)
prop.2
```

```
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  c out of c20 out of 14050 out of 160
## X-squared = 11.082, df = 1, p-value = 0.0008715
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  -0.26863276 -0.07065295
## sample estimates:
##   prop 1   prop 2
## 0.1428571 0.3125000
```

Por ejemplo, para imprimir el resultado del p-valor, la estimación de las dos proporciones o el intervalo de confianza se añadirían las ordenes siguientes:

```
prop.2$p.value
```

```
## [1] 0.0008715181
```

```
prop.2$estimate
```

```
##   prop 1   prop 2
## 0.1428571 0.3125000
```

```
prop.2$conf.int
```

```
## [1] -0.26863276 -0.07065295
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

Si ahora queremos introducir una base de datos en la que comparemos las proporciones podría utilizarse **osteosav**. Debemos instalar el paquete **mosaic**. Una vez cargado, la función **prop.test()** puede configurarse añadiendo las variables que queramos comparar y la base de datos de la que parten.

En este caso, podríamos comparar si el porcentaje de fumadores es igual entre los pacientes que tienen osteoporosis en el cuello del fémur y los que no tienen. Para ello podemos definir la función con los siguientes argumentos:

```
prop.test(tabaco ~ osteo_cue)
```

```
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  tally(tabaco ~ osteo_cue)
## X-squared = 3.6986, df = 1, p-value = 0.05446
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  0.001259384 0.505883473
## sample estimates:
##   prop 1    prop 2
## 0.6250000 0.3714286
```

Por defecto se añade el nivel de confianza del 95% pero podríamos cambiarlo al igual que se hizo en prácticas anteriores al 99%, con lo que quedaría:

```
prop.test(tabaco~osteo_cue, conf=.99)
```

```
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  tally(tabaco ~ osteo_cue)
## X-squared = 3.6986, df = 1, p-value = 0.05446
## alternative hypothesis: two.sided
## 99 percent confidence interval:
## -0.06923205 0.57637491
## sample estimates:
##   prop 1    prop 2
## 0.6250000 0.3714286
```

En la salida del programa podemos ver que la proporción de pacientes con osteoporosis entre los fumadores es del 62.5%, y en los no fumadores, del 37.14%. Como se observa en la salida, el p-valor obtenido en este caso, 0.05446, no es inferior al nivel de significación $\alpha=0.05$, por lo que no tenemos suficiente evidencia muestral para rechazar la hipótesis nula. En este caso, al ser un valor comprendido entre 0.05 y 0.10, existen indicios de significación, lo que nos sugiere repetir el experimento aumentando el tamaño muestral.

Otra opción para introducir la sentencia sería elegir la variable a estudiar y en qué grupos, podría ser si hay osteoporosis en el cuello del fémur y por grupos según sexo:

```
prop.test( ~ osteo_cue, groups=sexo)
```

```
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  tally(osteo_cue ~ sexo)
## X-squared = 2.5375e-05, df = 1, p-value = 0.996
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
## -0.1761567  0.2196941
## sample estimates:
##   prop 1   prop 2
## 0.2666667 0.2448980
```

Podríamos utilizar la base de datos **hsd.sav** para relizar ejemplos sobre comparación de proporciones e inferirlos. Para ello descargamos la base datos:

```
hsd <- read_sav("L:/PID/Practica 8/hsd.sav")
attach(hsd)
```

Ahora factorizamos las variables alcohol, y tabaco, en este caso alco y smoke.

```
falco<-factor(x=alco, levels=c(0,1), labels=c("No","Sí"),exclude=NA)
head(falco)
```

```
## [1] No No No No No No
## Levels: No Sí
```

```
fsmoke<-factor(x=smoke, levels=c(0,1), labels=c("No","Sí"),exclude=NA)
head(fsmoke)
```

```
## [1] No No No No No No
## Levels: No Sí
```

Para compararlos con la presencia de cardiopatías factorizada como Sí ó No:

```
fcardio<-factor(x=cardio, levels=c(0,1), labels=c("No","Sí"),exclude=NA)
head(fcardio)
```

```
## [1] No Sí Sí Sí No No
## Levels: No Sí
```

Por lo tanto, haciendo uso de la librería **mosaic** podemos compararlas con la función **prop.test**:

```
hsd2<-cbind(hsd,fcardio, fsmoke, falco) # previamente añadimos las nuevas variables al data.frame
```

```
prop.test(~hsd2$fsmoke,groups=hsd2$fcardio, conf=.95)
```

```
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  tally(hsd2$fsmoke ~ hsd2$fcardio)
## X-squared = 16.583, df = 1, p-value = 4.657e-05
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
## -0.012989996 -0.004529435
## sample estimates:
##  prop 1    prop 2
## 0.9074444 0.9162042
```

```
prop.test(~hsd2$falco,groups=hsd2$fcardio, conf=.95)
```

```
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  tally(hsd2$falco ~ hsd2$fcardio)
## X-squared = 3.6639, df = 1, p-value = 0.0556
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
## -6.664839e-03 7.799875e-05
## sample estimates:
##  prop 1    prop 2
## 0.9445809 0.9478743
```

En el primer caso el p-valor es muy bajo $4.657e-05$, por debajo del nivel de significación $\alpha=0.05$ por lo que es significativo y se rechaza la hipótesis nula asegurando diferencias entre las proporciones. En el segundo caso, el p-valor es 0.0556 , por lo tanto al no ser significativo para $\alpha=0.05$, no hay evidencias suficientes para rechazar la hipótesis nula, pero hay indicios de significación y se propondría un aumento del tamaño muestral.

Podríamos preguntarnos por el cálculo de un tamaño muestral en la comparación de proporciones dada una potencia en el caso de que la hipótesis nula no fuese fiable. En tal caso, existe la función **power.prop.test()** para resolverlo.

Supongamos que deseamos estimar un tamaño de muestra para dos proporciones $p_1 = 0.55$ y $p_2 = 0.3$ con una potencia deseada del 80% (en esta función también es posible cambiar el error tipo I como se vio en las prácticas anteriores pero usando **sig.level=0.05**).

```
power.prop.test(p1=0.55,p2=0.3, power=0.80, sig.level=0.05)
```

```
##
##      Two-sample comparison of proportions power calculation
##
##              n = 60.18568
##              p1 = 0.55
##              p2 = 0.3
##      sig.level = 0.05
##              power = 0.8
##      alternative = two.sided
##
## NOTE: n is number in *each* group
```

El resultado propone un tamaño muestral de 60.1857, por que haría falta una muestra de 61 en cada grupo, para asegurarnos que la hipótesis nula sería rechazada o aceptada a esa potencia.

Además, esta función nos permite conocer la potencia dado un tamaño muestral en cada grupo y las dos proporciones. Supongamos por tanto el ejemplo anterior con un tamaño muestral de 62 casos:

```
power.prop.test(n= 62, p1=0.55,p2=0.3)

##
##      Two-sample comparison of proportions power calculation
##
##           n = 62
##           p1 = 0.55
##           p2 = 0.3
##      sig.level = 0.05
##           power = 0.8117922
##      alternative = two.sided
##
## NOTE: n is number in *each* group
```

El resultado nos muestra las características del cálculo de la potencia para ese tamaño muestral en los grupos y las mismas proporciones con una potencia del 81.18% aproximadamente.

Para utilizar tamaños muestrales distintos es necesario hacer una transformación a partir del arcoseno de las raíces de las proporciones restadas (el tamaño de efecto de Cohen) usando la distribución binomial mediante el paquete *pwr*.

8.1.2. Contraste de hipótesis para comparar dos proporciones en 2 muestras apareadas. Test de McNemar

Cuando las proporciones a comparar no son independientes, se puede decir que los datos son apareados, y en el caso de variables de naturaleza dicotómica es posible calcular mediante **R** a través del contraste de hipótesis la diferencia entre proporciones haciendo uso del **Test de McNemar**. Las condiciones para el uso del Test de Mc Nemar son las siguientes: se trata de datos no independientes, las variables han de ser de tipo dicotómico y se tiene que cumplir la condición de que la suma de sucesos que cambian, es decir, que pasan de positivo a negativo y de negativo a positivo es > 10 . De lo contrario se emplearía un test binomial en el que el número de aciertos es el número de eventos que han pasado de positivos a negativos y el número total de intentos es la suma de todos los que han cambiado.

```
datos_trat <- data.frame( sujeto = rep(1:30, each = 2),
  tratamiento = c("pre","post","pre","post","pre","post","pre","post","pre",
    "post","pre","post","pre","post","pre","post","pre","post",
    "pre","post","pre","post","pre","post","pre","post","pre",
    "post","pre","post","pre","post","pre","post","pre","post",
    "pre","post","pre","post","pre","post","pre","post","pre",
    "post","pre","post","pre","post","pre","post","pre","post",
    "pre","post","pre","post","pre","post"),
  respuesta = c("NO","SI","SI","SI","NO","SI","SI","NO","SI","SI","NO","SI",
    "NO","SI","NO","SI","NO","SI","SI","SI","NO","NO","SI","SI",
    "NO","SI","NO","NO","NO","SI","NO","SI","SI","SI","NO","SI",
    "SI","NO","SI","SI","NO","SI","NO","SI","NO","SI","NO","SI",
    "SI","SI","NO","NO","SI","SI","NO","SI","NO","NO","NO","SI"))
head(datos_trat)
```

```
##  sujeto tratamiento respuesta
## 1      1      pre      NO
## 2      1      post     SI
## 3      2      pre      SI
## 4      2      post     SI
## 5      3      pre      NO
## 6      3      post     SI
```

```
datos <- spread(data = datos_trat, key = tratamiento, value = respuesta)
head(datos)
```

```
##  sujeto post pre
## 1      1  SI  NO
## 2      2  SI  SI
## 3      3  SI  NO
## 4      4  NO  SI
## 5      5  SI  SI
## 6      6  SI  NO
```

```
tabla <- table(Pre_Tratamiento = datos$pre, Post_Tratamiento = datos$post)
tabla
```

```
##           Post_Tratamiento
## Pre_Tratamiento NO SI
##                NO  4 16
##                SI  2  8
```

```
mcnemar.test(tabla)
```

```
##
## McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  tabla
## McNemar's chi-squared = 9.3889, df = 1, p-value = 0.002183
```

Ojo supongamos que el número de variables que cambian en función de otra no es >10, debería entonces hacerse con la función de distribución binomial.

```
binom.test(x = 2, n = 2 + 16, p = 0.5 )
```

```
##
##
##
## data:  2 out of 18
## number of successes = 2, number of trials = 18, p-value = 0.001312
## alternative hypothesis: true probability of success is not equal to 0.5
## 95 percent confidence interval:
##  0.01375122 0.34712044
## sample estimates:
## probability of success
##          0.1111111
```

Como el p-valor 0.001312 es menor que 0.05, por lo tanto existirían diferencias significativas entre las proporciones y se podría rechazar la hipótesis nula.

Si quisieramos ahora introducir una base de datos, por ejemplo la de `osteo.sav`, podríamos proponer el siguiente ejemplo de proporciones apareadas:

Se pretende comparar las proporciones de la presencia de osteoporosis en el cuello del femur con la presencia de osteoporosis en el triángulo. Para ello definimos una segunda tabla, `tabla2` en la que los datos corresponden a las variables `osteo_cue` y `osteo_tri`, como la presencia de osteoporosis en el cuello del femur con la presencia de osteoporosis en el triángulo, respectivamente.

```
tabla2 <- table(osteo_cue, osteo_tri)
```

Ahora llamamos a la función de `mcnemar.test` en la `tabla2`

```
mcnemar.test(tabla2)
```

```
##
##      McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  tabla2
## McNemar's chi-squared = 4.7619, df = 1, p-value = 0.0291
```

Y se obtiene el p-valor correspondiente, en esta caso 0.0291. Por lo que se puede rechazar la hipótesis nula y aceptamos que las proporciones son distintas.

Si queremos realizar los análisis con el paquete `Bioest`, es posible realizar algunos de los cálculos mediante la función `tablas2x2()`, `t2x2.dberkson()` para intervalos de confianza, o `tablasnms()` para estimar un tamaño muestral, que se verán con mayor detalle en la próxima práctica.