

# Guía del Paquete BioestadísticaR versión 2.0

Pedro Jesús Femia Marzo, Pedro Carmona Sáez, Juan de Dios Luna del Casillo



**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:

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".

# Package ‘BioestadisticaR2’

September 28, 2022

**Type** Package

**Title** Rutinas de Bioestadistica en R

**Description** Libreria de funciones que automatizan algunos procedimientos analiticos propios de la Bioestadistica.

**Version** 2.0.0

**Author** Pedro Femia Marzo [aut, cre],  
Pedro Carmona Saez [aut],  
Juan de Dios Luna [aut]  
Grupo BioestadisticaR [cph]

**Maintainer** Pedro Femia Marzo <pfemia@ugr.es>

**Depends** R (>= 3.5.0)

**Imports** ggplot2,  
methods,  
graphics,  
stats

**usethis** use\_package("`ggplot2", "`methods", "`graphics", "`stats")

**License** LGPL-3

**EnableCodeIndexing** Yes

**Encoding** UTF-8

**LazyData** true

**RoxygenNote** 7.2.1

## R topics documented:

freq . . . . .	2
grps . . . . .	3
icl . . . . .	4
icm . . . . .	5
icp . . . . .	6
icpexact . . . . .	7
icpwald . . . . .	8
icpwaldajustado . . . . .	9
icpwilson . . . . .	9
nl . . . . .	10
nm . . . . .	11

np	12
osteo	13
rls	15
t2x2dberkson	15
t2x2or	16
t2x2Ra	17
t2x2Rr	17
tabla2x2	18
tablarxc	20
testf	21
testmcnemar	22
testnormal	23
testp	24
testt	25
testwx	28
<b>Index</b>	<b>30</b>

---

freq	<i>Obtencion de la tabla de frecuencias absolutas y relativas de las categorias de una variable</i>
------	---

---

### Description

Permite obtener la tabla de frecuencias observadas para un vector de datos x o cada columna de un data.frame x (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres).

### Usage

```
freq(x = NULL, acum = TRUE, cuts = 0, agrup = TRUE, decs = 3, grf = TRUE, ...)
```

### Arguments

x	vector: vector o data.frame a describir
acum	valor logico: TRUE=proporciona la frecuencia relativa acumulada
cuts	valor entero: numero de intervalos a realizar. Si se omite se utiliza el criterio de Sturges
agrup	valor logico: si agrup=FALSE no se hace agrupacion en intervalos aunque haya mas de 10 categorias
decs	valor entero: numero de decimales a mostrar en la salida
grf	valor logico: si TRUE/FALSE se proporciona/omite salida grafica
...	parametros de configuracion de la funcion grpsggp

### Value

si x es un vector, se devuelve un data.frame con la tabla de frecuencias. Si x es un data.frame, se muestra la tabla de frecuencias de cada columna, pero la funcion no devuelve ningun objeto

**Examples**

```

dat<-c(12,15,13,12,11,14,15,15,15,12,11,13,14,15,NA)
freq(dat)

cats<-c('a','b','c','b','c','b','c','a','c','c','a','a','a')
freq(cats,acum=FALSE,grf=TRUE)

dat2<-rnorm(550,212.3,6.3)
freq(dat2, agrup=TRUE,cuts=5)

t<-rbinom(25,20,0.65)
freq(t,agrup=FALSE,cuts=5,decs=2)

nrm<-rnorm(50,250,2)
bnm<-rbinom(50,80,0.5)
df<-data.frame(nrm,bnm)
freq(nrm)
freq(bnm,agrup=TRUE,grf=TRUE)
freq(df,acum=FALSE,grf=TRUE,hnmin=60)

```

grps

*Tabla de medias y desviaciones por niveles de un factor***Description**

Obtencion de las medidas descriptivas, n, media, desviacion tipica para de una variable para cada nivel de un factor. (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres) Se pueden indicar como parametro adicional (...) hnmin, que indica el n minimo requerido para hacer el histograma

**Usage**

```
grps(x = NULL, f = NULL, ic = FALSE, grf = TRUE, conf = 0.95, decs = 3, ...)
```

**Arguments**

x	vector: variable cuantitativa a resumir
f	vector: factor cuyos niveles segmentan a la variable cuantitativa (si falta se da la descriptiva de x)
ic	valor logico: si ic=TRUE, proporciona el intervalo de confianza para la media (sin correccion de tipo Bonferroni)
grf	valor logico: indica si se requiere salida grafica o no
conf	valor real entre 0 y 1: nivel de confianza para la elaboracion de intervalos
decs	entero: precision decimal de la salida
...	parametros de configuracion de la funcion grpsggp

**Value**

Tabla con medidas descriptivas (n, media, y dt, y opcionalmente el IC) por niveles del factor f (si no hay factor se analiza la variable x)

**Examples**

```
nivel<-c(1.1,2.1,2.2,3.2,0.1,.2,1.0,0.4,0.7,1.3,1.5,3.1,2.4,3.6,1.1,2.4,
        3.2,2.6,1.5,6.1,2.1,1.9,1,2.1,1.3,4.1,1.2)
grupo<-c(3,2,2,1,2,1,2,2,2,3,1,3,2,3,1,2,2,1,2,1,1,1,3,3,2,2,1)
grps(x=nivel)
grps(x=nivel, f=grupo)
grps(x=nivel, f=grupo, ic=TRUE,conf=0.99)
grps(x=nivel, hmin=10)
```

icl

*Estimacion del parametro de la distribucion de Poisson***Description**

Obtencion del intervalo de confianza para el parametro de la distribucion de Poisson por los metodos exacto y aproximando a la normal (transformacion de la raiz).

**Usage**

```
icl(x = 0, n = 0, conf = 0.95, alfa = 1 - conf, decs = 4, d = 0, eco = TRUE)
```

**Arguments**

x	valor entero: vector de observaciones de una v.a. con distribucion de Poisson o valor medio observado en una muestra de tamaño n.
n	valor entero: tamaño de la muestra piloto cuando x representa su media.
conf	valor < 1: nivel de confianza (alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor < 1: error alfa (alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
decs	valor entero: precisión decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.
d	valor real < 1: precisión deseada para el intervalo de confianza. Si d>0 se invoca a la función nl()
eco	valor lógico: si eco=TRUE la función genera un informe (no devuelve valores), si eco=FALSE devuelve el IC exacto y el basado en la aprox normal con su precisión respectiva

**Value**

Informe con intervalos de confianza exacto y aproximado a la normal (con cpc) (eco=TRUE) o los límites y precisión correspondientes a cada intervalo

**Examples**

```

# Introduciendo datos observados
# Una sola observacion (muestra de tamaño n=1)
ic1(3)
# muestra con mas de una observacion
ic1(c(3,6,3,1,2,5))
# Introduciendo media x de n datos observados
ic1(x=25, n=210)

ic1(x=25, n=210, eco=FALSE)->IC
IC

# solicitud del tamaño de muestra necesario para estimar con una precisión d=1 unidad
ic1(x=25, n=210, d=1)

```

---

icm	<i>Estimacion de la media de una variable aleatoria con distribucion normal</i>
-----	---

---

**Description**

Permite obtener el intervalo de confianza a partir de una variable o bien de las medidas resumidas. Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres.

**Usage**

```

icm(
  x = 0,
  n = 0,
  m = 0,
  s = 0,
  conf = 0.95,
  alfa = 0.05,
  decs = 4,
  d = 0,
  vac = TRUE,
  eco = TRUE
)

```

**Arguments**

x	vector de datos cuya media se va a estimar
n	valor entero: tamaño muestral cuando se indican los datos resumidos
m	valor real: media de la variable (previamente calculada)
s	valor real: desviación típica de la variable (previamente calculada)
conf	valor < 1: nivel de confianza (parámetro alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor < 1: error alfa (parámetro alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.

decs	valor entero: precision decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.
d	valor real < 1: precision deseada para el intervalo de confianza. Si d>0 se invoca a la funcion nm() para estimar el tamaño de muestra
vac	valor logico: TRUE=se trata de una variable aleatoria continua; FALSE= la variable es discreta y se aplica cpc. Por defecto = TRUE.
eco	valor logico: si eco=TRUE la funcion genera un informe (no devuelve valores), si eco=FALSE devuelve los limites del IC y su precision

### Value

Informe (si eco=T) con el intervalo de confianza para estimar la media poblacional de una variable aleatoria normal. Limites inferior y superior del IC y su precision.

### Examples

```
icm(x=c(25.4, 14.6, 23.1, 26.0, 14.4, 24.3, 36.1, 21.0, NA, 41.9))
icm(x=c(25,14,23,26,14,24,36,21,NA,41), vac=FALSE)
icm(n=100, m=25.3, s=4.1)
icm(n=100, m=25.3, s=4.1, conf=.99)
icm(n=100, m=25.3, s=4.1, alfa=.01)

icm(n=100, m=25.3, s=4.1, alfa=.01, eco=FALSE)->IC
IC
```

---

icp	<i>Estimacion de una proporcion binomial por los metodos: Wilson (con cpc), Wald (con cpc) y Wald ajustado</i>
-----	--

---

### Description

Obtencion del intervalo de confianza para una proporcion binomial considerando los metodos de Wilson (con cpc), Wald (con cpc) y Wald ajustado. Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres

### Usage

```
icp(
  x = 0,
  n = 0,
  level = "",
  conf = 0.95,
  alfa = 0.05,
  decs = 4,
  d = 0,
  eco = TRUE
)
```

**Arguments**

x	valor entero: numerador de la proporcion binomial (si se da la informacion resumida) o valor a seleccionar del vector v (si se ha dado un vector de datos)
n	valor entero: denominador de la proporcion binomial (si se da la informacion resumida)
level	entero o texto: es el valor o la etiqueta del nivel de seleccion de x cuando este ultimo es un vector
conf	valor < 1: nivel de confianza (alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor < 1: error alfa (alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
decs	valor entero: precision decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.
d	valor real < 1: precision deseada para el intervalo de confianza. Si d>0 se invoca a la funcion np()
eco	valor logico: si eco=TRUE/false la funcion genera/omite un informe. En cualquier caso devuelve los limites del IC y su precision

**Value**

Informe con los intervalos de confianza de Wilson, Wald (ambos con cpc) y Wald ajustado. Limites de cada intervalo y su precision en forma de tabla.

**Examples**

```
# Introduciendo frecuencias
icp(x=25, n=210)
icp(x=25, n=210, conf=.90, decs=8)

# Introduciendo datos
datos<-c(1,1,1,2,2,2,2,1,1,1,2,1,2,2,2,2,1,1,1,2,1,2,1,2,1,2,1,2,2,2,2,1,1)
icp(x=datos, level=1)
icp(x=datos, level=1, conf=.99)
sexo<-as.factor(c("H","H","M","M","H","M","M","H","H","M","H","M","H"))
icp(x=sexo, level="M")

# Omitir el informe
icp(x=sexo, level="M",eco=FALSE)->tabla
tabla
```

---

 icpexact

*IC(p) - metodo exacto de Clooper-Pearson*


---

**Description**

Obtencion del intervalo de confianza para una proporcion binomial a partir del metodo clasico de Wald ajustado (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

**Usage**

```
icpexact(x = 0, n = 0, conf = 0.95, alfa = 0.05)
```

**Arguments**

x	valor entero: numero de casos favorables (numerador de la proporcion binomial)
n	valor entero: numero de casos posibles (denominador de la proporcion binomial)
conf	valor real (0,1): nivel de confianza (parametro alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor real (0,1): error alfa (parametro alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.

**Value**

Intervalo de confianza de Wald ajustado para estimar la proporcion binomial

**Examples**

```
icpexact(x=25, n=210)
icpexact(x=25, n=210, conf=.99)
icpexact(x=25, n=210, alfa=.01)
```

---

icpwald	<i>IC(p) - metodo de Wald con cpc</i>
---------	---------------------------------------

---

**Description**

Obtencion del intervalo de confianza para una proporcion binomial a partir del metodo clasico de Wald, con correccion por continuidad. (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

**Usage**

```
icpwald(x = 0, n = 0, conf = 0.95, alfa = 0.05)
```

**Arguments**

x	valor entero: numero de casos favorables (numerador de la proporcion binomial)
n	valor entero: numero de casos posibles (denominador de la proporcion binomial)
conf	valor real < 1: nivel de confianza (parametro alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor real < 1: error alfa (parametro alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.

**Value**

Intervalo de confianza de Wald con cpc para estimar la proporcion binomial

**Examples**

```
icpwald(x=25, n=210)
icpwald(x=25, n=210, conf=.99)
icpwald(x=25, n=210, alfa=.01)
```

---

icpwaldajustado	<i>IC(p) - metodo de Wald ajustado</i>
-----------------	--

---

**Description**

Obtencion del intervalo de confianza para una proporcion binomial a partir del metodo clasico de Wald ajustado (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

**Usage**

```
icpwaldajustado(x = 0, n = 0, conf = 0.95, alfa = 0.05)
```

**Arguments**

x	valor entero: numero de casos favorables (numerador de la proporcion binomial)
n	valor entero: numero de casos posibles (denominador de la proporcion binomial)
conf	valor real < 1: nivel de confianza (parámetro alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor real < 1: error alfa (parámetro alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.

**Value**

Intervalo de confianza de Wald ajustado para estimar la proporcion binomial

**Examples**

```
icpwaldajustado(x=25, n=210)
icpwaldajustado(x=25, n=210, conf=.99)
icpwaldajustado(x=25, n=210, alfa=.01)
```

---

icpwilson	<i>IC(p) - metodo de Wilson</i>
-----------	---------------------------------

---

**Description**

Obtencion del intervalo de confianza para una proporcion binomial a partir del metodo de Wilson con correccion por continuidad (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

**Usage**

```
icpwilson(x = 0, n = 0, conf = 0.95, alfa = 0.05)
```

**Arguments**

x	valor entero: numero de casos favorables (numerador de la proporcion binomial)
n	valor entero: numero de casos posibles (denominador de la proporcion binomial)
conf	valor real entre 0 y 1: nivel de confianza (parametro alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor real entre 0 y 1: error alfa (parametro alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.

**Value**

Intervalo de confianza de Wilson con cpc para estimar la proporcion binomial

**Examples**

```
icpwilson(x=25, n=210)
icpwilson(x=25, n=210, conf=.99)
icpwilson(x=25, n=210, alfa=.01)
```

---

nl	<i>Tamano de muestra para estimar el parametro de la distribucion de Poisson</i>
----	--

---

**Description**

Estimacion del tamano de muestra para estimar el parametro de la distribucion de Poisson con la precision deseada

**Usage**

```
nl(
  x = NA,
  n = 0,
  d = 0,
  lmax = 0,
  conf = 0.95,
  alfa = 0.05,
  decs = 3,
  eco = TRUE
)
```

**Arguments**

x	valor entero: observacion o vector de observaciones de una v.a. con distribucion de Poisson o valor medio observado en una muestra de tamano n
n	valor entero: tamano de la muestra piloto cuando x representa su media
d	valor real entero: precision deseada para estimar el parametro de la distribucion de Poisson
lmax	valor real: maximo valor del parametro de la Poisson cuando se cuenta con esta informacion

conf	valor < 1: nivel de confianza (alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor < 1: error alfa (alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
decs	valor entero: precision decimal para la salida de resultados.
eco	valor logico: si eco=TRUE devuelve informe, de lo contrario valores estimados de n, sin y con cpc

### Value

Estimacion del tamano de muestra sin y con correccion por continuidad (cpc)

### Examples

```
# Introduciendo datos observados
# una observacion (muestra de tamano 1). Precision deseada de 1 unidad
nl(3, d=1)
# si se dispone del valor maximo del parametro (precision = 1 unidad)
nl(lmax=4.5, d=1)
# muestra con mas de una observacion
nl(c(3,6,3,1,2,5),d=1)
# Introduciendo media x de n datos observados
nl(x=25, n=210, d=2)
```

---

nm	<i>Tamano de muestra para estimar la media de una variable aleatoria con distribucion normal con una precision determinada</i>
----	--

---

### Description

Permite estimar el tamano muestral para estimar una media con una precision deseada a partir de la informacion dada por una muestra piloto, que puede aparecer como variable o bien dando sus medidas resumidas. Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres.

### Usage

```
nm(
  x = 0,
  n = 0,
  m = 0,
  s = 0,
  d = 0,
  conf = 0.95,
  alfa = 0.05,
  decs = 4,
  vac = TRUE,
  eco = TRUE
)
```

**Arguments**

x	vector de datos de la muestra piloto
n	valor entero: tamaño muestral de la muestra piloto cuando se indican sus parámetros muestrales resumidos
m	valor real: media de la de la muestra piloto (previamente calculada)
s	valor real: desviación típica de la muestra piloto (previamente calculada)
d	valor real: precisión deseada para el intervalo de confianza
conf	valor real < 1: nivel de confianza (parámetro alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor real < 1: error alfa (parámetro alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
decs	valor entero: precisión decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.
vac	valor lógico: TRUE=se trata de una variable aleatoria continua; FALSE= la variable es discreta y se aplica cpc. Por defecto = TRUE.
eco	valor lógico: si eco=TRUE la función genera un informe (no devuelve valores), si eco=FALSE devuelve el tamaño de muestra estimado

**Value**

Informe (si eco=T) con el tamaño de muestra estimado para obtener un intervalo de confianza para estimar una media con la precisión deseada

**Examples**

```
nm(x=c(25.4, 14.6, 23.1, 26.0, 14.4, 24.3, 36.1, 21.0, NA, 41.9), d=1.5)
nm(d=1.0, n=100, m=25.3, s=4.1)
nm(d=1.0, n=100, m=25.3, s=4.1, conf=.99)
nm(d=1.0, n=100, m=25.3, s=4.1, alfa=.01)
```

np

*Tamaño de muestra para estimar una proporción binomial***Description**

Obtención del tamaño muestral para estimar una proporción binomial con la precisión deseada a partir de información piloto (método de Wald ajustado) o sin ella. Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres.

**Usage**

```
np(
  x = 0,
  n = 0,
  d = 0,
  v = 0,
  level = "",
  conf = 0.95,
```

```

    alfa = 0.05,
    decs = 4,
    eco = TRUE
)

```

### Arguments

x	valor entero: numerador de la proporción binomial (si se da la información resumida) o valor de selección (si se da un vector)
n	valor entero: denominador de la proporción binomial (si se da la información resumida)
d	valor real < 1: precisión deseada para el intervalo de confianza
v	vector: número de casos favorables (numerador de la proporción binomial)
level	texto: si se indica v como factor, level es la etiqueta del nivel de selección
conf	valor < 1: nivel de confianza (parámetro alternativo al error alfa, en tanto por uno). Por defecto =.95.
alfa	valor < 1: error alfa (parámetro alternativo al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
decs	valor entero: precisión decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.
eco	valor lógico: si eco=TRUE devuelve informe, de lo contrario, los valores estimados de n con y sin información

### Value

Informe con el tamaño de muestra necesario para estimar una proporción binomial con la precisión deseada

### Examples

```

np(x=25, n=210, d=.05, decs=3)
np(x=115, n=210, d=.10)
np(x=25, n=210, d=.05, conf=.90, decs=5)
np(x=25, n=210, d=.05, conf=.90, decs=5, eco=FALSE)

```

---

oste

*Datos sobre pacientes diabéticos*

---

### Description

Archivo de datos con información sobre algunas variables antropométricas demográficas y clínicas de un conjunto de 94 diabéticos (por compatibilidad se omiten acentos y caracteres no anglosajones)

### Usage

oste

**Format**

data frame con 27 variables y 94 casos:

**num** numero de historia,

**edad** edad del paciente, en anos

**grupo\_edad** categoria de edad del paciente, en anos

**sexo** sexo del paciente

**peso** peso del paciente, en kg

**talla** talla del paciente, en cm

**imc** indice de masa corporal de Quetelet

**tevol** tiempo de evolucion de la enfermedad, en anos

**tabaco** variable binaria, indicadora de si el paciente es fumador

**alcohol** variable binaria, indicadora de si el paciente bebe alcohol o no

**ingca** variable binaria, indicadora de si el paciente toma suficiente calcio o no

**acfis** variable binaria, indicadora de la realizacion de actividad fisica regular

**retin** presencia y gravedad de retinopatia

**nefro** presencia y gravedad de nefropatia

**neuro** presencia y gravedad de neuropatia

**hb1c** porcentaje de hemoglobina glicosilada

**ca** nivel de calcio, mg/dL

**p** nivel de fosforo, mg/dL

**cr** nivel de creatinina, mg/dL

**pthm** nivel de hormona paratiroidea media, ng/ml

**pthi** nivel de hormona paratiroidea intacta, pg/ml

**bmdcue** densidad de masa osea en el cuello del femur

**szl24** densidad de masa osea tipificada en l24

**szl24** densidad de masa osea tipificada en el triangulo de Ward

**szcue** densidad de masa osea tipificada en el cuello del femur

**osteo\_cue** presencia de osteoporosis en el cuello del femur

**osteo\_tri** presencia de osteoporosis en el triangulo

**Source**

<http://www.ugr.es/local/bioest/osteo.RData>

---

rls	<i>Regresion lineal simple</i>
-----	--------------------------------

---

**Description**

Ajuste del modelo de regresion lineal simple de acuerdo a la especificacion  $y \sim x$

**Usage**

```
rls(y = NA, x = NA, grf = TRUE, alfa = 0.05, conf = 1 - alfa, decs = 3)
```

**Arguments**

y	vector: variable explicada
x	vector: variable explicativa
grf	valor logico: si grf=FALSE se omite la salida grafica
alfa	valor real < 1: error alfa (parametro alternativamente al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
conf	valor real < 1: nivel de confianza para la elaboracion del IC para la estimacion del efecto
decs	valor entero: precision decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.

**Value**

Informe con medidas descriptivas, correlaciones, estimacion de los parametros de regr. lineal, descriptiva residual y graficos de dispersion y de la distribucion residual

**Examples**

```
pre <-c(200.1, 190.9, 192.7, 213, 241.4, 196.9, 172.2, 185.5, 205.2, 193.7)
post <-c(392.9, 393.2, 345.1, 393, 434, 427.9, 422, 383.9, 392.3, 352.2)
rls(post, pre) #ajusta el modelo post~pre
```

---

t2x2dberkson	<i>Estimacion de la diferencia de Berkson (a partir de una tabla de contingencia 2x2)</i>
--------------	---

---

**Description**

Procedimiento para tablas 2x2. Calculo de la diferencia de Berkson con IC. (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

**Usage**

```
t2x2dberkson(x = NULL, decs = 0, alfa = 0.05, conf = 0.95)
```

**Arguments**

x                    vector con frecuencias del interior de la tabla (o11, o12, o21,o22)  
 decs                entero: Numero de decimales en las salidas  
 alfa                real en (0,1): Nivel de error de los intervalos (alternativa a conf)  
 conf                real en (0,1): Nivel de confianza de los intervalos (alternativa a alfa)

**Value**

vector con [1] estimacion clasica, [2] m?todo mejorado,[3] L-IC, [4] U-IC

**Examples**

```
# formato de x <- c(o11, o12, o21, o22)
t2x2dberkson(x=c(20,26,60,294))
```

---

t2x2or	<i>Estimacion de la odds ratio (a partir de una tabla de contingencia 2x2)</i>
--------	--

---

**Description**

Procedimiento para tablas de contingencia 2x2. Calculo de la odds ratio con IC - Metodo clasico. (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

**Usage**

```
t2x2or(x = NULL, decs = 0, alfa = 0.05, conf = 0.95)
```

**Arguments**

x                    vector con frecuencias de una tabla 2x2 (o11, o12, o21,o22)  
 decs                entero: Numero de decimales en las salidas  
 alfa                real en (0,1): Nivel de error de los intervalos (alternativa a conf)  
 conf                real en (0,1): Nivel de confianza de los intervalos (alternativa a alfa)

**Value**

vector con [1] estimacion clasica, [2] metodo mejorado,[3] L-IC, [4] U-IC

**Examples**

```
# formato de x x<- c(o11, o12, o21, o22)
t2x2or(x=c(20,26,60,294))
```

---

t2x2Ra	<i>Estimacion del riesgo atribuible (a partir de una tabla de contingencia 2x2)</i>
--------	---

---

### Description

Procedimiento para tablas de contingencia 2x2. Calculo del riesgo atribuible con IC. (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

### Usage

```
t2x2Ra(x = NULL, retro = FALSE, alfa = 0.05, conf = 0.95, decs = 0)
```

### Arguments

x	vector con frecuencias de una tabla 2x2 (o11, o12, o21,o22)
retro	valor logico: indicador de estudio retrospectivo
alfa	real en (0,1): Nivel de error de los intervalos (alternativa a conf)
conf	real en (0,1): Nivel de confianza de los intervalos (alternativa a alfa)
decs	entero: Numero de decimales en las salidas

### Value

vector con [1] estimacion clasica, [2] metodo mejorado,[3] L-IC, [4] U-IC

### Examples

```
# formato de x <- c(o11, o12, o21, o22)
t2x2Ra(x=c(20,26,60,294))
```

---

t2x2Rr	<i>Estimacion del riesgo relativo (a partir de una tabla de contingencia 2x2)</i>
--------	---

---

### Description

Procedimiento interno para tablas de contingencia 2x2. Calculo del riesgo relativo con IC. (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

### Usage

```
t2x2Rr(x = NULL, decs = 0, alfa = 0.05, conf = 0.95)
```

**Arguments**

x	vector con frecuencias de una tabla 2x2 (o11, o12, o21,o22)
decs	entero: Numero de decimales en las salidas
alfa	real en (0,1): Nivel de error de los intervalos (alternativa a conf)
conf	real en (0,1): Nivel de confianza de los intervalos (alternativa a alfa)

**Value**

vector con [1] estimacion clasica, [2] metodo mejorado,[3] L-IC, [4] U-IC

**Examples**

```
# formato de x <- c(o11, o12, o21, o22)
t2x2Rr(x=c(20,26,60,294))
```

---

tabla2x2	<i>Analisis de una tabla de contingencia 2x2</i>
----------	--

---

**Description**

Analisis de tablas 2x2. Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres.

**Usage**

```
tabla2x2(
  frecs = NULL,
  fvar = NULL,
  cvar = NULL,
  o = NULL,
  o11 = 0,
  o12 = 0,
  o21 = 0,
  o22 = 0,
  fcat = c("F1", "F2"),
  ccat = c("C1", "C2"),
  estudio = "T",
  tablas = "",
  medidas = TRUE,
  alfa = 0.05,
  conf = 0.95,
  decs = 4,
  ptol = 0.001
)
```







---

testmcnemar	<i>test de homogeneidad de dos proporciones apareadas (McNemar)</i>
-------------	---

---

### Description

Comparacion de dos proporciones apareadas. Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres.

### Usage

```
testmcnemar(
  pre = NULL,
  post = NULL,
  n = NULL,
  n11 = 0,
  n12 = 0,
  n21 = 0,
  n22 = 0,
  fcat = c("+ /+", "+ /-"),
  ccat = c("- /+", "- /-"),
  alfa = 0.05,
  conf = 0.95,
  decs = 4,
  delta = NULL,
  beta = 0.2
)
```

### Arguments

pre	vector de observaciones en el pretest
post	vector de observaciones en el posttest
n	vector de enteros: frecuencias observadas con el formato n=c(n11,n12,n21,n22)
n11	entero: frecuencia observada en la fila 1 y columna 1
n12	entero: frecuencia observada en la fila 1 y columna 2
n21	entero: frecuencia observada en la fila 2 y columna 1
n22	entero: frecuencia observada en la fila 2 y columna 2
fcat	vector de cadenas de texto: Nombres de fila
ccat	vector de cadenas de texto: Nombres de columna
alfa	real en (0,1): Nivel de error de los intervalos (alternativa a conf) y error de tipo I para la determinacion de n
conf	real en (0,1): Nivel de confianza de los intervalos (alternativa a alfa)
decs	entero: Numero de decimales en las salidas
delta	real: diferencia a detectar
beta	real en (0,1): Nivel de error de tipo II para la determinacion de n

**Value**

Informe analisis de dos proporciones apareadas mediante test de McNemar, intervalo de conf. para la diferencia y estimacion de tamano muestral

**Examples**

```
#
#Uso basico de la funcion introduciendo frecuencias observadas conforme a la tabla
#      post+ post- |
# pre+  n11  n12  |
# pre-  n21  n22  |
#      -----
#              |n
#
# Tabla de frecuencias. Son equivalentes las llamadas
testmcnemar(n=c(27,35,43,20))
testmcnemar(n11=27,n12=35,n21=43,n22=20)

# Determinacion del tamano de muestra para declarar significativa una
# diferencia delta con potencia 1-beta y error alfa
testmcnemar(n11=27,n12=35,n21=43,n22=20,delta=0.05,alfa=0.05,beta=0.15)

# Informacion en forma de vector
xpre<-c(1,1,2,2,1,2,1,2,2,2,1,1,2,2,1,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2)
xpost<-c(1,2,2,1,2,1,2,2,2,1,1,2,2,1,1,2,2,1,2,1,1,1,1,2,2,2,1)
testmcnemar(xpre,xpost)

# Determinacion del tamano muestral
testmcnemar(xpre,xpost,delta=0.05, beta=0.15)
```

---

testnormal

*Estudio de la normalidad de una variable*


---

**Description**

Representa el histograma de una variable x, superponiendo la densidad normal ajustada asi como un estimador del nucleo de la densidad. Permite obtener el diagrama QQ y el resultado del test de Shapiro-Wilk

**Usage**

```
testnormal(
  x,
  obs = TRUE,
  mod = TRUE,
  dens = TRUE,
  ks = 1,
  ky = 1.2,
  qq = FALSE,
  sw = FALSE,
  decs = 3,
  ...
)
```

**Arguments**

x	vector de datos a analizar
obs	valor logico: TRUE=representar el histograma
mod	valor logico: TRUE=representar el modelo ajustado de densidad normal
dens	valor logico: TRUE=Superponer estimador de nucleo de la densidad
ks	valor real: factor multiplicador del numero de intervalos calculados (el calculo se hace por la regla de Sturges o la de Freedman-Diaconis)
ky	valor real: factor multiplicador de la escala del eje de ordenadas
qq	valor logico: representa el diagrama QQ normal
sw	valor logico: realiza el test de Shapiro-Wilk
decs	valor entero: numero de decimales en la salida
...	parametros de configuracion de la funcion grpsggp

**Value**

Histograma con densidad normal superpuesta, diagrama probabilistico normal, test de Shapiro-Wilk

**Examples**

```
x=rnorm(500,10,2)
testnormal(x);
testnormal(x,ks=3);
testnormal(x,dens=FALSE)
testnormal(x,mod=FALSE,dens=FALSE,ks=3)
testnormal(x,obs=FALSE)
testnormal(x,col="white")
testnormal(x,sw=TRUE)
testnormal(x,sw=TRUE,qq=TRUE,ks=3)
testnormal(x,sw=TRUE,qq=TRUE,ks=3)
```

---

testp

---

*Test de homogeneidad de dos proporciones binomiales independientes*


---

**Description**

Test de homogeneidad de dos proporciones binomiales independientes (Texto intencionadamente sin tildes u otros caracteres especiales por la incompatibilidad de los mapas de caracteres)

**Usage**

```
testp(
  vf = NULL,
  vc = NULL,
  byrow = TRUE,
  x1 = 0,
  n1 = 0,
  x2 = 0,
  n2 = 0,
  conf = 0.95,
```

```

    alfa = 0.05,
    decs = 3,
    eco = TRUE
  )

```

### Arguments

vf	vector: variable por filas en la tabla de contingencia 2x2 a elaborar.
vc	vector: variable por columnas en la tabla de contingencia 2x2 a elaborar.
byrow	valor logico: si byrow=TRUE el analisis de la tabla 2x2 se hace por filas, en caso contrario, por columnas.
x1	valor entero: casos favorables en la muestra 1.
n1	valor entero: tamaño de la muestra 1.
x2	valor entero: casos favorables en la muestra 2.
n2	valor entero: tamaño de la muestra 2.
conf	real en (0,1): Nivel de confianza de los intervalos (alternativa a alfa)
alfa	real en (0,1): Nivel de error de los intervalos (alternativa a conf)
decs	entero: Numero de decimales en las salidas
eco	valor logico (= TRUE): muestra por pantalla la tabla

### Value

Informe con test de homogeneidad e IC (si eco=TRUE)

### Examples

```

sexo=c("H", "H", "H", "M", "M", "H", "M", "M", "H", "H", "M", "M", "M", "M", "H", "M",
       "M", "M", "M", "M", "H", "M", "H", "H", "H", "H")
fuma=c("S", "N", "S", "S", "N", "N", "S", "N", "S", "S", "N", "N", "N", "N", "S", "N",
       "N", "N", "S", "N", "S", "N", "S", "N", "N", "N")
testp(sexo, fuma)

a<-rbinom(250, 1, 0.4)
b<-rbinom(250, 1, 0.6)
testp(a, b)

testp(x1=15, n1=45, x2=34, n2=49)

```

---

testt

*Test de student con una y dos muestras (independientes o apareadas)*

---

### Description

t-test con una y dos muestras, independientes o relacionadas (se han omitido acentos deliberadamente por la incompatibilidad de caracteres de texto)

**Usage**

```

testt(
  m = NULL,
  m1 = NULL,
  m2 = NULL,
  n = 0,
  n1 = 0,
  n2 = 0,
  s = 0,
  s1 = 0,
  s2 = 0,
  par = TRUE,
  m0 = 0,
  grupos = NULL,
  conf = 0.95,
  vac = TRUE,
  alfa = 0.05,
  delta = 0,
  potencia = 0.8,
  beta = 0.2,
  deca = 4,
  grf = TRUE
)

```

**Arguments**

m	vector o valor real: vector de datos cuando se indica una muestra o la variable a analizar en el caso de muestras independientes. Media de la variable a analizar, previamente calculada, cuando se indica una sola muestra con la informacion resumida
m1	vector o valor real: vector de datos de la primera muestra cuando se indican dos muestras apareadas. El contraste sera $\text{Media}(m1) - \text{Media}(m2) = m0$ , o medias muestrales cuando se indican dos muestras independientes con las medidas de sintesis
m2	vector o valor real: vector de datos de la segunda muestra cuando se indican dos muestras apareadas. El contraste sera $\text{Media}(m1) - \text{Media}(m2) = m0$ , o medias muestrales cuando se indican dos muestras independientes con las medidas de sintesis
n	valor entero: tamano muestral cuando se indican los datos resumidos de una sola muestra
n1	valor entero: tamano de la muestra 1 cuando se indican los datos resumidos de dos muestras independientes,
n2	valor entero: tamano de la muestra 2 cuando se indican los datos resumidos de dos muestras independientes
s	valor real: desviacion tipica de la variable en el test con una muestra.
s1	valor real: desviacion tipica de las muestras 1 para la comparacion de 2 muestras independientes especificadas por sus medidas de sintesis.
s2	valor real: desviacion tipica de las muestras 2 para la comparacion de 2 muestras independientes especificadas por sus medidas de sintesis.

par	valor logico: si los tamanos de m1 y m2 son iguales se asumen muestras apareadas, pero si par=FALSE se asumen independientes
m0	valor real: valor a contrastar en el test de una muestra o magnitud de la diferencia (efecto bruto) en los test con dos muestras
grupos	variable binaria o factor con dos niveles: variable de agrupacion en la comparacion de dos muestras independientes especificadas con los datos individuales de cada caso
conf	valor real < 1: nivel de confianza para la elaboracion del IC para la estimacion de la media o del tamaño del efecto
vac	valor logico: TRUE=se trata de una variable aleatoria continua; FALSE= la variable es discreta y se aplica cpc_ Por defecto = TRUE.
alfa	valor real < 1: error alfa (parametro alternativamete al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
delta	valor real: tamaño del efecto a detectar, es decir, a declarar significativo con la potencia deseada
potencia	valor real <1: potencia deseada para estudiar la fiabilidad de la decision por la hipotesis nula y el tamaño de muestra.
beta	valor real: error de tipo II, parametro alternativo a la potencia
decs	valor entero: precision decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.
grf	valor logico: Si TRUE/FALSE se genera/omite la salida grafica

### Value

Informe con medidas descriptivas, test de normalidad (si se aportan datos individuales), test del cociente de varianzas de Fisher (si procede), t-test con estimacion del tamaño del efecto bruto, estudio de la potencia y estimacion de tamaño muestral.

### Examples

```
# [A] Test con una muestra
# [A.1] Con los datos individuales
datos<-c(76,54,12,47,13,15,25,14,19,32,7)
testt(m=datos, m0=25)

# [A.2] Con informacion muestral sintetizada
testt(m=37, s=5, n=158, m0=25)

# [B] Test con dos muestras independientes
# [B.1] 2 muestras independientes con datos individuales
sexo<-c( 1,2,2,2,1,1,2,2,1,1)
peso<-c(54,64,76,84,45,74,76,95,63,62)
testt(m=peso, grupos=sexo)
fuma<-c("si","no","si","no","no","no","no","si","no","si")
testt(m=peso, grupos=fuma)

# [B.2] 2 muestras independientes con datos sintetizados
testt(n1=123, m1=25, s1=6, n2=87, m2=20, s2=8)

# [C] Test con dos muestras relacionadas
# [C.1] 2 muestras apareadas con datos individuales
pre<-c(3.2,4.5,1.7,2.6,1.7,4.3,2.1,3.8,4.9,5.1)
post<-c(3.8,4.1,2.2,3.1,2.7,9.3,7.9,3.1,5.7,5.3)
```

```

testt(m1=pre, m2=post)

# [C.2] 2 muestras apareadas con datos sintetizados (es el test con una sola
#      muestra, habitualmente m0=0)
testt(m=0.65, s=1.2, n=17)

# [D] Estudio de la fiabilidad por H0 y estimacion del tamaño de muestra (basta
#      añadir el parametro delta a cualquiera de las opciones anteriores)
testt(m=peso, grupos=fuma, delta=5, potencia=0.95)
testt(m1=pre, m2=post, delta=0.5, potencia=0.85)
testt(m1=pre, m2=post, delta=0.5, beta=0.15)

```

---

testwx	<i>Test no parametricos con dos muestras independientes (Wilcoxon/Mann-Whitney) y apareadas (Wilcoxon)</i>
--------	--

---

### Description

Test de homogeneidad no parametricos para dos muestras independientes (test de Wilcoxon/Mann-Whitney con aprox. a la normal) y con dos muestras apareadas (Wilcoxon). Se dan algunas medidas de tamaño del efecto. (Omisión deliberada de tildes por compatibilidad)

### Usage

```

testwx(
  m1 = NULL,
  m2 = NULL,
  par = TRUE,
  m = NULL,
  grupos = NA,
  grf = TRUE,
  alfa = 0.05,
  conf = 1 - alfa,
  decs = 3,
  mess = -1
)

```

### Arguments

m1	vector: vector de datos de la primera muestra cuando se indican dos muestras apareadas y también válido para muestras independientes.
m2	vector: vector de datos de la segunda muestra cuando se indican dos muestras apareadas y también válido para muestras independientes.
par	valor lógico: si los tamaños de m1 y m2 son iguales se asumen muestras apareadas, pero si par=FALSE se asumen independientes
m	vector: vector de datos a contrastar en formato longitudinal. Es preciso especificar el vector grupos para segmentar a este vector
grupos	vector factor con dos niveles: variable de agrupación en la comparación de dos muestras independientes con valores dados en m
grf	valor lógico: si grf=FALSE se omite la salida gráfica

alfa	valor real < 1: error alfa (parametro alternativamente al nivel de confianza, en tanto por uno). Por defecto =.05.
conf	valor real < 1: nivel de confianza para la elaboracion del IC para la estimacion del efecto
decs	valor entero: precision decimal para la salida de resultados. Por defecto = 4.
mess	valor entero: -1 desactiva mensajes de aviso (ver documentacion de Rs para options(warn = valor))

### Value

Informe con estadisticos de orden, rangos, resultado del test y estimacion del tamano del efecto

### Examples

```
#[A] Muestras independientes
#[A.1] Como vectores independientes (distinto tamano)
y1<-c(78,64,75,45,82,55,48)
y2<-c(110,70,53,51,63,87)
testwx(m1=y1,m2=y2)

#[A.2] Como vectores independientes (con el mismo tamano)
y1<-c(78,64,75,45,82,55,48)
y2<-c(110,70,53,51,63,87,99)
testwx(m1=y1,m2=y2,par=FALSE)

#[A.3] En formato longitudinal (vector de valores y vector de agrupacion)
y<-c(78,64,75,45,82,55,48, 110,70,53,51,63,87)
g<-c(1,1,1,1,1,1,1,2,2,2,2,2)
testwx(m=y,grupos=g)

#[B] Muestras apareadas (y1 e y2 deben tener el mismo tamano)
y1<-c(78,64,75,45,82,55,48)
y2<-c(110,70,53,51,63,87,99)
testwx(m1=y1,m2=y2)
```

# Index

## \* datasets

osteop, 13

freq, 2

grps, 3

icl, 4

icm, 5

icp, 6

icpexact, 7

icpwald, 8

icpwaldajustado, 9

icpwilson, 9

nl, 10

nm, 11

np, 12

osteop, 13

rls, 15

t2x2dberkson, 15

t2x2or, 16

t2x2Ra, 17

t2x2Rr, 17

tabla2x2, 18

tablarxc, 20

testf, 21

testmcnemar, 22

testnormal, 23

testp, 24

testt, 25

testwx, 28