

Tema V: Representación tabular.

Maicel Monzón

<https://www.danielsjoberg.com/gtsummary/index.html>



- Resumir estadísticas descriptivas (`tbl_summary`)
- Tablas de contingencia (`tbl_cross`)
- Resumir modelos de regresión (`tbl_regression`)
- etc.

- El conjunto de datos tiene atributos de etiqueta (usando el paquete **labelled**) para los nombres de las columnas.
- Etiqueta atributos son impresos automáticamente.

- Comprueba tipos de variables de datos de entrada para determinar las correspondientes medidas resúmenes
- Las variables codificadas como (0/1, T/F y yes/no) se presentan de forma dicotómica
- Los valores NA son reconocidos como “perdidos” y los enumera como missing

```
library(tidyverse)
library(gtsummary)
```

Resumir estadísticas descriptivas (tbl_summary)

- Base de datos

```
trial %>%  
  glimpse()
```

Rows: 200

Columns: 8

```
$ trt      <chr> "Drug A", "Drug B", "Drug A", "Drug A", "Drug A", "Drug B"  
$ age      <dbl> 23, 9, 31, NA, 51, 39, 37, 32, 31, 34, 42, 63, 54, 21, 48  
$ marker   <dbl> 0.160, 1.107, 0.277, 2.067, 2.767, 0.613, 0.354, 1.739, 0  
$ stage    <fct> T1, T2, T1, T3, T4, T4, T1, T1, T1, T3, T1, T3, T4, T4, T  
$ grade    <fct> II, I, II, III, III, I, II, I, II, I, III, I, III, I, I, I  
$ response <int> 0, 1, 0, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0  
$ death    <int> 0, 0, 0, 1, 1, 1, 0, 1, 0, 1, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 0, 0  
$ ttdeath  <dbl> 24.00, 24.00, 24.00, 17.64, 16.43, 15.64, 24.00, 18.43, 7, 24
```

Resumir estadísticas descriptivas (tbl_summary)

```
# Si los datos son correctos se mostrarán las medidas resúmenes
tbl %>%
  select(trt, age, response, grade) %>%
  tbl_summary()
```

Characteristic	N = 200 ¹
Chemotherapy Treatment	
Drug A	98 (49%)
Drug B	102 (51%)
Age	47 (38, 57)
Unknown	11
Tumor Response	61 (32%)
Unknown	7
Grade	

Resumir estadísticas descriptivas (tbl_summary)

```
# personalizar agregando argumentos y nuevas funciones
tbl %>%
  select(trt, age, response, grade) %>%
  tbl_summary(by = trt) %>% # el argumento (by) define la variable dependiente
  add_p() %>% # función que agrega los valores de p
  add_overall() %>% # función que agrega los totales
  bold_labels() # función pone en negrita las etiquetas
```

Characteristic	Overall N = 200 ¹	Drug A N = 98 ¹	Drug B N = 102 ¹	p-value ²
Age	47 (38, 57)	46 (37, 60)	48 (39, 56)	0.7
Unknown	11	7	4	
Tumor Response	61 (32%)	28 (29%)	33 (34%)	0.5
Unknown	7	3	4	
Grade				0.9

Tablas de contingencia (tbl_cross)

```
trial %>%  
  tbl_cross(  
    row = stage,  
    col = trt,  
    percent = "cell"  
  ) %>%  
  add_p()
```

	Chemotherapy Treatment			
	Drug A	Drug B	Total	p-value ¹
T Stage				0.9
T1	28 (14%)	25 (13%)	53 (27%)	
T2	25 (13%)	29 (15%)	54 (27%)	
T3	22 (11%)	31 (16%)	53 (27%)	

```
# ajusto el modelo de regresión
m1 <- glm(response ~ trt + grade + age,
           data = trial,
           family = "binomial")
```

Resumir modelos de regresión (tbl_regression)

```
# Presenta los resultados de la regresión
m1 %>%
  tbl_regression(exponentiate = TRUE)
```

Characteristic	OR	95% CI	p-value
Chemotherapy Treatment			
Drug A	—	—	
Drug B	1.13	0.60, 2.13	0.7
Grade			
I	—	—	
II	0.85	0.39, 1.85	0.7
III	1.01	0.47, 2.15	>0.9
Age	1.02	1.00, 1.04	0.10

Abbreviations: CI = Confidence Interval, OR = Odds Ratio